



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

CAUÊ AZEVEDO TOMAZ OLIVEIRA

**CONTRIBUIÇÕES TAXONÔMICAS E STATUS DE CONSERVAÇÃO
EM *LAETIPORUS* S.L. (POLYPORALES, BASIDIOMYCOTA)**

Florianópolis

2020

Cauê Azevedo Tomaz Oliveira

**CONTRIBUIÇÕES TAXONÔMICAS E STATUS DE CONSERVAÇÃO
EM *LAETIPORUS* S.L. (POLYPORALES, BASIDIOMYCOTA)**

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

Orientador: Prof. Dr. Elisandro Ricardo Drechsler-Santos

Coorientador: Prof. Dr. Diogo Henrique Costa-Rezende

Florianópolis

2020

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

Oliveira, Cauê Azevedo Tomaz
CONTRIBUIÇÕES TAXONÔMICAS E STATUS DE CONSERVAÇÃO EM
LAETIPORUS S.L. (POLYPORALES, BASIDIOMYCOTA) / Cauê
Azevedo Tomaz Oliveira ; orientador, Elisandro Ricardo
Drechsler-Santos, coorientador, Diogo Henrique Costa
Rezende, 2020.
60 p.

Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Santa
Catarina, Centro de Ciências Biológicas, Programa de Pós
Graduação em Biologia de Fungos, Algas e Plantas,
Florianópolis, 2020.

Inclui referências.

1. Biologia de Fungos, Algas e Plantas. 2. Funga. 3.
Sistemática. 4. Taxonomia. 5. Conservação. I. Drechsler
Santos, Elisandro Ricardo. II. Costa-Rezende, Diogo
Henrique. III. Universidade Federal de Santa Catarina.
Programa de Pós-Graduação em Biologia de Fungos, Algas e
Plantas. IV. Título.

Cauê Azevedo Tomaz Oliveira
**Contribuições taxonômicas e status de conservação em *Laetiporus* s.l. (Polyporales,
Basidiomycota)**

O presente trabalho em nível de mestrado foi avaliado e aprovado por banca examinadora composta pelos seguintes membros:

Prof. Dr. Elisandro Ricardo Drechsler dos Santos
Universidade Federal de Santa Catarina

Prof. Dr. Gerardo Lucio Robledo
Universidad Nacional de Córdoba

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

Certificamos que esta é a **versão original e final** do trabalho de conclusão que foi julgado adequado para obtenção do título de mestre em Biologia de Fungos, Algas e Plantas.

Prof. Dra. Mayara Krasinski Caddah
Coordenadora do Programa

Prof. Dr. Elisandro Ricardo Drechsler-Santos
Orientador

Florianópolis, 2020

Este trabalho é dedicado aos meus queridos pais, Maria Izabel e Milton (em memória), família e aos fungos e pesquisadores micologistas do Brasil.

AGRADECIMENTOS

Primeiramente gostaria de agradecer a Universidade Federal de Santa Catarina, como instituição e em nome dos seus funcionários. Já sou um aluno da UFSC há 15 anos, quando entrei em meu primeiro curso em 2005. Que essa Universidade seja sempre o lugar do conhecimento.

Agradeço profundamente meu orientador, Elisandro Ricardo Drechsler dos Santos, e meu coorientador, Diogo Henrique Costa Rezende, pela contribuição essencial para a conclusão desse trabalho.

Essa dissertação só foi possível graças a contribuição de órgãos de fomento como a CAPES, CNPq e Fapesc que contribuíram com bolsas, pagamento de viagens e compra de insumos e materiais para a realização desse trabalho.

Agradeço ao Programa de Pós-Graduação na Biologia de Fungos, Algas e Plantas dessa Universidade estendendo esse agradecimento ao seu corpo docente, assim como os alunos que ombream junto a mim esse período de estudos.

Esse trabalho não seria possível sem a contribuição de toda a infraestrutura existente no Departamento de Botânica dessa Universidade através dos serviços prestados no Herbário FLOR e LAMEB, especialmente aos seus funcionários que foram importantíssimos para cumprir essa nova etapa em minha formação.

Um grande agradecimento ao Micolab/UFSC, em nome de todos os colegas e seus coordenadores.

Além disso, preciso agradecer os colaboradores externos como o professor Dr. Aristóteles Góes Neto, que foi essencial para conseguirmos realizar os sequenciamentos de material genético e que contribui enormemente para a micologia brasileira com sua grande função de criar laços para que avancemos nessa área de pesquisa.

Agradeço também a colegas espalhados no mundo que contribuíram diretamente para a realização desse trabalho, assim como apoiando e incentivando conexões para conhecer grandes pesquisadores na área. Agradeço à Giuliana Furci, Nico Arze, Britt Bunyard e Daniel Lindner pelas grandes contribuições, pelos convites para conhecer seus países e poder ampliar horizontes no contato científico que muito me ajudou a ter ideias para realizar essa pesquisa.

E, por fim, e não menos importante, agradeço profundamente meu irmão, Lucas Oliveira, minha mãe, Maria Izabel, e Deus pela força que sempre me dão para enfrentar todos os desafios da vida.

“A sapiência é a mais perfeita das ciências. Quem a detém deve saber não só o que deriva dos princípios, mas também a verdade acerca dos princípios. Assim, a sapiência pode ser chamada ao mesmo tempo de intelecto e ciência, e, encabeçando todas as ciências, será a ciência das coisas mais excelentes.”
Aristóteles, em *Ética a Nicômano* (IV a.C.)

RESUMO

Tradicionalmente, o gênero *Laetiporus* era definido por apenas duas espécies, *L. sulphureus* e *L. persicinus*. Essas duas espécies eram caracterizadas por serem causadoras de podridão marrom, por produzirem basidiomas grandes e macios, pelo sistema hifal dimítico e pela esporada branca, e se diferenciavam pelas suas características macroscópicas. Porém, recentemente, com o advento da biologia molecular na investigação das relações de espécies do gênero, descobriu-se que estes dois nomes escondem sob a sua morfologia dezenas de espécies crípticas de acordo com a localização geográfica e hospedeiros vegetais em que os espécimes são encontrados. Ao investigar espécimes de *Laetiporus* recentemente coletados e de coleções micológicas, observamos que havia um hiato no conhecimento sobre a taxonomia desse grupo. Neste trabalho revisamos as relações filogenéticas de espécimes depositados em herbário e de novas coletas, previamente identificadas como *L. sulphureus* ou *L. persicinus*, totalizando 52 amostras. Assim, analisamos morfologicamente e tomamos notas ecológicas, bem como procedemos com reconstruções filogenéticas moleculares a fim de contribuir com novas informações para a discussão desses problemas taxonômicos. Como resultado, apresentamos uma nova espécie derivada do complexo taxonômico *L. sulphureus* com distribuição para a América do Sul, *L. furciae* sp. nov. Propomos um novo gênero baseado na nova combinação nomenclatural de *L. squalidus*, *Atlantisporus squalidus* comb. nov., a partir dos estudos do tipo e de uma nova coleta realizada deste táxon realizada no âmbito deste trabalho. Adicionalmente, o status de conservação deste táxon foi analisado e proposto para lista vermelha global da IUCN como um táxon Vulnerável (VU). Dessa forma contribuimos para um melhor entendimento das relações entre espécies em Laetiporaceae, mostrando que é essencial o estudo de espécimes ocorrentes em todo mundo para melhor definição taxonômica deste grupo de fungos.

Palavras-chave: Funga, Fungos Neotropicais, *Laetiporus*, filogenia multiloci

ABSTRACT

Traditionally, the genus *Laetiporus* comprised only two species: *L. sulphureus* (Bull.) Murrill and *L. persicinus* (Berk. & M.A. Curtis) Gilb. Those two were characterized as brown rot wood decomposers, producing large and soft basidiomata, dimitic hyphal system and white spore print. Both were easy to identify macroscopically with this delimitation. But recently, using molecular tools to test evolutionary trends within the genus, researchers found that both *Laetiporus* species represent a morphological complex hiding tens of species names around the world in accordance with their tree host and geographical location. New collections and reviewed specimens revealed a knowledge gap in *Laetiporus* taxonomy. We reviewed *Laetiporus* specimens in herbaria collections and made new ones totalizing 52 basidiomata looking at macroscopic, microscopic, ecology and molecular level. We described one new species in *L. sulphureus* species complex with distribution in South America, *L. furciae* sp. nov. We are proposing a new genus from a new taxonomic combination for the rare *L. squalidus*, *Atlantiporus squalidus* comb. nov., from studies using the holotype and a new collection made during this study. We analyzed its conservation status and proposed it to be included in IUCN Global Red List as a Vulnerable (VU) taxon. We contributed for a better understanding about taxonomic relations in Laetiporaceae and showed the importance to investigate specimens from all the world to get a better delimitation within the group.

Keywords: Funga, Neotropical Fungi, *Laetiporus*, multiloci phylogeny

LISTA DE FIGURAS

Figure 1: Maximum Likelihood ITS <i>Laetiporus</i> s.s.....	30
Figure 2: Maximum Likelihood LSU <i>Laetiporus</i> s.s.....	31
Figure 3: Maximum Likelihood tef1- α <i>Laetiporus</i> s.s.....	32
Figure 4: Bayesian inference ITS and LSU <i>Laetiporus</i> s.s.....	33
Figure 5: Bayesian inference ITS, LSU and tef1- α <i>A. squalidus</i>	34
Figure 6: Macroscopic features of <i>L. furciae</i>	36
Figure 7: Microscopic features <i>L. furciae</i>	37
Figure 8: Macroscopic features <i>Atlantisorus squalidus</i>	43
Figure 9: Microscopic features <i>A. squalidus</i>	43

LISTA DE TABELAS

Table 1. Synoptic comparison among taxa related.....	39
Tabela 2. Discriminação dos espécimes coletados e revisão de material de herbário.....	59

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

ABNT: Associação Brasileira de Normas Técnicas

AOO: Area of occupancy

CFMR: Herbarium Center for Forest Mycology Research

FLOR: Herbário da Universidade Federal de Santa Catarina

IBGE: Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística

ICN: Herbário da Universidade Federal do Rio Grande do Sul

ITS: rRNA Internal Transcribed Spacer ribonucleic acid

IUCN: International Union for Conservation of Nature

LSU: rRNA Large subunit ribosomal ribonucleic acid

PACA: Herbário Anchieta

s.l.: sensu lato

s.s.: sensu stricto

SP: Herbário Maria Eneyda P.K. Fidalgo

Tef1- α : Translation elongation factor 1- α

URM: Herbário Padre Camille Torrend

SUMÁRIO

1	APRESENTAÇÃO	15
2	INTRODUÇÃO	16
2.1	Breve caracterização sobre o Reino Fungi	16
2.2	Espécies crípticas e implicações taxonômicas	16
3	OBJETIVOS	20
3.1	OBJETIVO GERAL	20
3.2	OBJETIVOS ESPECÍFICOS	20
4	MATERIAL E MÉTODOS	21
4.1	Materiais analisados	21
4.2	Análises morfológicas	21
4.3	Análises filogenéticas	22
4.4	Status de conservação	23
5	RESULTADOS E DISCUSSÃO	24
	CAPÍTULO ÚNICO: ASSESSING LAETIPORUS SENSU LATO (LAETIPORACEAE) OF SOUTH AMERICA FUNGI: INTEGRATIVE TAXONOMY ALLOWS REVEALING <i>ATLANTIPORUS</i> GEN. NOV. AND <i>L. FURCIAE</i> SP. NOV.	25
6	CONSIDERAÇÕES FINAIS	51
	REFERÊNCIAS	54
	APÊNDICE A – Tabelas	59

1 APRESENTAÇÃO

Neste trabalho incluímos na filogenia existente para a família Laetiporaceae (Polyporales, Basidiomycota) amostras de novas coletas realizadas na América do Sul, principalmente no Brasil. Para isso, conciliamos descrições morfológicas, anotações sobre ecologia (hospedeiros vegetais), distribuição geográfica e análises do status de conservação das espécies estudadas. Este trabalho está dividido em seções: Introdução; Objetivos; Material e Métodos, Resultados e Discussão; e Conclusão. Os Resultados e Discussão são apresentados em capítulo único em que descrevemos uma nova espécie para *Laetiporus* s.s. cuja macromorfologia não é usual para o gênero. Também apresentamos um novo gênero para Laetiporaceae cujos espécimes são raramente encontrados, sendo a coleta realizada durante este trabalho apenas a segunda registrada para o mundo. Este táxon é uma nova combinação para *Laetiporus squalidus* R.M. Pires, Motato-Vásquez & Gugliotta, onde analisamos seu status de conservação, em formato de artigo em inglês a ser submetido para publicação em periódico internacional.

Todas as referências bibliográficas citadas nesta dissertação, menos aquelas apresentadas em cada um dos capítulos cujas referências são apresentadas ao fim de cada um deles, estão apresentadas ao final do texto após a seção “Conclusão”.

2 INTRODUÇÃO

2.1 Breve caracterização sobre o Reino Fungi

Os fungos são um grupo de seres eucarióticos que incluem diversos organismos como leveduras, mofo, carvões, ferrugens, cogumelos, entre outros. Caracterizam-se pela digestão heterotrófica externa e pela presença de uma parede celular de quitina. Podem ser encontrados em um largo espectro de habitats, incluindo ambientes de clima extremo, desde desertos até o sedimento do fundo oceânico profundo. Na ecologia, os fungos, junto com as bactérias, são os grandes responsáveis pela reciclagem da matéria orgânica, sendo responsáveis pela decomposição e retorno de nutrientes para o solo (MUELLER et al. 2004; WEBSTER & WEBER 2007; MOORE et al. 2011). Estima-se que existam entre 2,2 a 3,8 milhões de espécies de fungos no planeta Terra (HAWKSWORTH & LÜCKING, 2017), sendo que apenas cerca de 144.000 espécies estão descritas e reconhecidas pela Ciência (WILLIS, 2018).

2.2 Espécies crípticas e implicações taxonômicas

Um dos grandes problemas da Biologia é a delimitação de espécies. Esse debate se estende há muito tempo, colocando em disputa ao menos 24 conceitos diferentes para se definir o que é uma espécie. A resolução desse problema é muito importante para a elucidação de questões levantadas sobre a evolução e biodiversidade do planeta (DE QUEIROZ, 2007).

A classificação das espécies de fungos tradicionalmente se baseou em suas estruturas morfológicas, como tamanho dos esporos, formato e tipo de esporomas (estruturas reprodutivas). Com o desenvolvimento de técnicas de análise molecular, houve uma verdadeira revolução na taxonomia de fungos, evidenciando inclusive uma diversidade ainda escondida sob as formas morfológicas (WHITE et al., 1990; BRUNS et al., 1991; HIBBET et al., 2007).

Dentro do Reino Fungi podemos encontrar organismos que apresentam variadas formas morfológicas, diferentes estratégias de vida, funções ecológicas e que habitam diferentes habitats no planeta. Estas diferentes características são muito heterogêneas para o grupo e faz-se necessária a combinação de estratégias diversas para uma melhor definição das relações taxonômicas dentro do Reino (RAJA et al. 2017). Faz-se necessário integrar em uma mesma análise os dados morfológicos, ecológicos, geográficos e moleculares para conseguir chegar mais próximo da história natural das espécies existentes.

Essa metodologia integrativa leva os pesquisadores a considerar os táxons propostos como hipóteses de espécies, assim, torna-se possível juntar dois pontos essenciais para a elucidação da história evolutiva dos seres vivos no planeta, levando em conta o processo de especiação e o seu produto; a espécie propriamente dita (FIŠER; ROBINSON; MALARD, 2018). A partir dessa investigação sobre a história natural das espécies observamos as entidades conhecidas como espécies crípticas (MAYR, 1999), que se formam por conversão de características morfológicas. As espécies crípticas são confundidas como unidades taxonômicas pertencentes, mas que escondem abaixo dessas características histórias evolutivas diferentes. As espécies crípticas são ubíquas em todos os domínios da vida no planeta e entre os fungos, principalmente aqueles pouco estudados de forma mais aprofundada (ecologia, biogeografia, biologia molecular), acabam escondendo a verdadeira diversidade existente.

O estudo de espécies crípticas nos levam a diferentes questões de grandes problemas dentro da Biologia como, por exemplo, a ação da seleção natural em características que não se expressam em diferenças morfológicas como foi definido na obra seminal de Charles Darwin (1859). Além disso, o estudo de espécies crípticas é muito importante para termos um real panorama da biodiversidade do planeta e assim chegar a um número efetivamente real para embasar estratégias na conservação de espécies (BICKFORD et al., 2006).

2.3 Delimitação de Laetiporaceae e seus problemas taxonômicos

Os fungos Polyporales (Basidiomycota) estão entre os principais degradadores de madeira e, conseqüentemente, apresentam grande interesse nas áreas de ecologia dos fungos assim como em áreas de Ciência aplicada (Bioquímica, Engenharia Florestal, entre outras). Recentemente foi publicado um estudo que revisou as relações entre os grupos que formam esta ordem de fungos para resolução da organização das famílias através do uso de informações filogenéticas disponíveis até o momento associadas com dados morfológicos para uma melhor classificação (JUSTO et al., 2017).

Entre os resultados obtidos, recuperou-se o nome Laetiporaceae Jülich 1981. Os autores, depois de investigar a publicação original (JÜLICH, 1981), decidiram incluir os gêneros *Laetiporus* Murrill, *Wolfiporia* Ryvardeen & Gilb. e *Phaeolus* (Pat.) Pat. nesta família, que tem como sinonímia Phaeolaceae Jülich 1981, através de sequências moleculares

provenientes de trabalhos também recentes sobre estes táxons (BINDER et al., 2013; HAN et al., 2016; ORTIZ-SANTANA et al., 2013).

Para o Brasil, os táxons representantes da família ainda são subamostrados sendo apenas dois gêneros registrados (*Laetiporus* e *Phaeolus*) com apenas quatro espécies reconhecidas na lista de Fungos do livro “Flora do Brasil 2020” (JARDIM BOTÂNICO DO RIO DE JANEIRO, 2020), sendo elas *L. sulphureus* (Murrill) Gilb., *L. persicinus* (Berk. & M.A. Curtis) Gilb., *L. gilbertsonii* Burds., *L. squalidus* R.M Pires, Motato-Vásquez & Gugliotta e *Phaeolus subbulpis* (Henn.) O. Fidalgo & M. Fidalgo.

O gênero *Laetiporus* foi proposto por Murrill (1904) a partir da combinação para o nome dado por Fries (1821), *Polyporus sulphureus* (Bull.) Fr. A espécie foi descrita macroscopicamente apresentando basidiomas em prateleira, mas também imbricado e cespitoso, com coloração variável entre o amarelo vivo e o laranja avermelhado na parte superior do píleo, que é glabro. O basidioma apresenta himenóforo poroide com coloração amarela cítrica, como enxofre. Somente nos anos 90, com o advento das técnicas de biologia molecular e análises filogenéticas a partir de dados de DNA, este gênero passou por uma revisão onde se descobriu existirem espécies crípticas em que a morfologia escondia relações ecológicas diversas. Ao estudar os espécimes nomeados como *L. sulphureus* da América do Norte (BANIK; BURDSALL; VOLK, 1998a), descobriu-se que este táxon se tratava de um complexo taxonômico que não poderia ser resolvido apenas com as ferramentas de taxonomia clássica baseada na morfologia. Atualmente, são considerados 21 clados no gênero *Laetiporus* (SONG; CUI, 2017), sendo que as espécies *L. persicinus* e *L. squalidus* parecem não ter relações com outros táxons do gênero, tanto em sua morfologia como em sua relação filogenética com o clado *Laetiporus* s.s.

A espécie *Laetiporus squalidus* R.M. Pires, Motato-Vásquez & Gugliotta foi descrita para o gênero *Laetiporus*, porém, os autores do trabalho já demonstravam desconfiança no protólogo de que talvez o táxon fosse um gênero ainda não descrito (PIRES; MOTATO-VÁSQUEZ; DE MELLO GUGLIOTTA, 2016). Essa espécie é conhecida por apresentar basidioma ressupinado, uma característica não encontrada em *Laetiporus*, além da coloração branca o que dificultaria muito uma delimitação morfológica. Apesar dessas fortes evidências para não considerar *L. squalidus* como pertencente ao gênero, com os estudos filogenéticos ainda incipientes, os autores decidiram por uma decisão mais ortodoxa considerando uma delimitação mais ampla para o gênero já que a espécie foi descrita a partir de apenas um espécime coletado.

Essa única coleta pode indicar que *L. squalidus* seja uma espécie rara. Isso nos leva a tentar entender sua provável distribuição e seu status de conservação. Saber isso é muito importante já que espécies raras podem ser úteis para o planejamento de conservação de ecossistemas (LAWLER et al., 2003). Além disso, espécies raras podem ter um papel muito importante em funções essenciais mesmo em um ambiente com alta diversidade e sua perda pode levar ao desequilíbrio desses ecossistemas (MOUILLOT et al., 2013).

Levando em consideração que somente as ferramentas taxonômicas clássicas não conseguem resolver os problemas sobre as relações entre os táxons (HUGENHOLTZ; PACE, 1996; LODGE et al., 2004), sugere-se a inclusão de espécimes que ocorrem no Brasil e que são morfologicamente relacionados a estes táxons nas análises filogenéticas moleculares, trará uma resolução mais confiável sobre as relações e delimitação das espécies.

3 OBJETIVOS

3.1 OBJETIVO GERAL

Dar tratamento taxonômico para uma espécie de *Laetiporus* ainda não descrita e delimitar um novo gênero fazendo uma nova combinação para *L. squalidus*.

3.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS

Delimitar gêneros e espécies pertencentes à Laetiporaceae através de uma investigação integrando dados morfológicos, ecológicos e filogenéticos.

Apresentar uma classificação mais natural para o grupo considerando suas relações filogenéticas, distribuição e morfologia em nível genérico.

Avaliar o status de conservação de *L. squalidus* segundo os critérios da IUCN.

4 MATERIAL E MÉTODOS

4.1 Materiais analisados

Foram analisados, através de análises morfológicas e filogenias moleculares, espécimes previamente determinados como pertencentes à Laetiporaceae, ou com morfologia semelhante, de diferentes áreas do Brasil, oriundos de coleções de herbários (FLOR, SP, URM, ICN, PACA) e de coletas periódicas na Mata Atlântica nas regiões Sul (Parque Nacional de São Joaquim), além de espécimes coletados eventualmente em diferentes regiões da América do Sul no decorrer do trabalho. As pranchas taxonômicas e descrições existentes na literatura, principalmente dos protólogos também foram consultadas, assim como revisão morfológica de tipos nomenclaturais (herbários CFMR, SP).

Foram fotografados e coletados espécimes de Laetiporaceae e espécies relacionadas. Os basidiomas foram levados para o laboratório de Micologia/UFSC e em seguida mantidos por 12 a 24h em estufa para desidratação (30 a 40 °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 aprovação deste trabalho, as novas coletas serão depositadas no herbário FLOR (UFSC).

4.2 Análises morfológicas

Os basidiomas, provenientes de coletas e/ou de coleções de herbários, foram analisados quanto aos caracteres macro e microscópicos. Entre os caracteres macromorfológicos foram observados para a descrição o 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. Também foram levantadas em informações do substrato (hospedeiro: possível identificação e condição “vivo ou morto”).

Dentre os caracteres microscópicos observados estão os tipos de hifas (sistema hifal) e suas características particulares como septação, espessura de parede hifal e presença de grânulos ou pigmentação. Também foram observadas a presença ou ausência de elementos

estéreis no himênio, basídios e basidiósporos (tamanho, formato, espessura da parede, presença ou não de reações).

Foram realizados cortes dos basidiomas (contexto e tubos) à mão livre, sob microscópio estereoscópico. Os cortes foram montados em lâminas e lamínulas seguindo Teixeira (TEIXEIRA, 1995): Água destilada (para hidratar e observar a coloração natural das hifas e basidiósporos), KOH 3% (hidratante e reagente para observação de reação xantocroica das hifas e basidiósporos) e KOH 20% (dissolução de tipos hifais específicos), Floxina 1% (corante para observar as características das hifas generativas, himênio e basidiósporos), reagente de Melzer (para observar a presença ou ausência das reações dextrinoide e amiloide nas hifas e basidiósporos) e Azul de cresyl (para observar a presença ou ausência da reação de metacromática nos basidiósporos e outras estruturas celulares dos indivíduos analisados) utilizados de modo combinado ou individualmente. Os cortes de contexto e tubos foram analisados em solução de NaOH 5% para observação das características particulares do sistema hifal do basidioma.

A observação e mensuração ($n = 40$) das estruturas foram realizadas em microscópio óptico com ocular micrométrica e os valores foram tabulados em planilha do Microsoft Excel para calcular média e desvio padrão na variação dos valores ($\Delta s = 5\%$), bem como a razão entre o comprimento e a largura dos basidiósporos (Q).

4.3 Análises filogenéticas

A análise filogenética foi realizada a partir de matriz montada com sequências das regiões rDNA nuclear ITS, LSU e *tef1- α* , tanto disponibilizadas no GenBank (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Genbank/>), quanto provenientes da extração e amplificação e sequenciamento dos materiais de herbário e coletados durante a execução do projeto, com conjuntos de dados específicos para cada capítulo.

Para a extração do DNA dos materiais foi seguido o Protocolo de Doyle (DOYLE, 1991) modificado por Góes-Neto e colaboradores (GÓES-NETO; LOGUERCIO-LEITE; GUERRERO, 2005). Para amplificação das regiões ITS, LSU e *tef1- α* rDNA nuclear, foram utilizados os pares de primers LR0R/LR5 (CUBETA, 1991; VILGALYS & HESTER, 1990), ITS-6R /ITS-8F (DENTINGER, MARGARITescu, & MONCALVO, 2010) e 2218-R/983-F (REHNER & BUCKLEY, 2005). Os produtos da amplificação foram enviados para sequenciamento em empresa particular (Myleus Biotecnologia, Belo Horizonte, Minas Gerais)

com recursos provenientes de projetos associados ao grupo de pesquisa e ao programa de pós-graduação.

As sequências foram alinhadas utilizando o programa MEGA 7 (KATO; STANDLEY, 2013) com a ferramenta MUSCLE. Os alinhamentos foram posteriormente editados manualmente. Para a construção e análise das árvores filogenéticas foram utilizados os métodos de Verossimilhança Máxima (em inglês, *Maximum Likelihood*: ML) com 1000 pseudoreplicações (*bootstrap*) usando o modelo Tamura-Nei com distribuição-gama, que foi determinado como melhor modelo através da opção de “teste de estimação de distância” (TAMURA et al., 2013). Também fizemos uma análise de Inferência Bayesiana utilizando o pacote BEAST v.1.8.0 (DRUMMOND et al., 2012).

4.4 Status de conservação

Para acessar o status de conservação seguimos as recomendações sugeridas pela IUCN (2008) modificadas para a avaliação de espécies de fungos (DAHLBERG; MUELLER, 2011), utilizando os dados geográficos e ecológicos e submetemos a proposta para a *Global Fungal Red List Initiative* para avaliação e publicação na lista vermelha global da IUCN. Calculamos a área de ocupação (*area of occupancy*, AOO) usando os critérios para populações muito pequenas e restritas. Para chegar às estimativas de área de ocupação provável da espécie utilizamos a ferramenta online GeoCAT (BACHMAN et al., 2011).

5 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Para este trabalho estudamos 52 espécimes de novas coletas ou de materiais provenientes de coleções depositadas em herbários. Destes, obtivemos sequências e três marcadores genéticos (ITS: 13; LSU: 9; tef1- α : 10) para 18 espécimes. Obtivemos espécimes provenientes de sete estados brasileiros (Bahia, Espírito Santo, Minas Gerais, Rio Grande do Sul, Rio de Janeiro, Santa Catarina e São Paulo), além de um espécime do Chile. Uma tabela com as coleções estudadas é apresentada no final deste trabalho na seção “Apêndice”, onde são apresentados dados morfológicos e ecológicos de cada material. Apenas dois desses espécimes foram incluídos no artigo escrito para esse trabalho. Os outros espécimes necessitam mais dados e talvez sejam explorados em trabalhos futuros.

Após análises morfológicas preliminares, conseguimos separar os espécimes estudados e agrupá-los em três morfotipos (espécimes relacionados com *Kusaghiporia* spp., *Laetiporus* s.s. e *L. squalidus*). Nessa dissertação apresentamos uma nova espécie em *Laetiporus* s.s. e uma combinação nova para *L. squalidus*, que discutimos mais profundamente no capítulo único.

Descrevemos uma nova espécie para o gênero *Laetiporus* que apresenta uma macromorfologia pouco usual para o gênero que se considerava apenas uma variação dentro de *L. sulphureus*. Neste trabalho apresentamos a nova espécie e sua relação filogenética com outras espécies já descritas para o gênero. Apresentamos a ampliação da distribuição de *L. squalidus* R.M. Pires, Motato-Vásquez & Gugliotta, até então registrado apenas para localidade do tipo, no estado de São Paulo (PIRES et al., 2016). Apresentamos um novo tratamento taxonômico a partir da revisão morfológica do espécime-tipo e do espécime do Parque Nacional de São Joaquim, do estado de Santa Catarina, que representa o novo registro. Também, realizamos uma análise filogenética a partir de diferentes marcadores moleculares, como suporte para nossa proposta de elevar o táxon para um gênero monotípico, *Atlantiporus* gen. nov. Além disso, também apresentamos neste capítulo uma análise sobre o status de conservação da espécie segundo critérios da IUCN (DAHLBERG & MUELLER, 2011; IUCN, 2014).

**CAPÍTULO ÚNICO: ASSESSING LAETIPORUS SENSU LATO
(LAETIPORACEAE) OF SOUTH AMERICA FUNGI: INTEGRATIVE TAXONOMY
ALLOWS REVEALING *ATLANTIPORUS* GEN. NOV. AND *L. FURCIAE* SP. NOV.**

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

Assessing *Laetiporus* s.l. (Laetiporaceae) of South America Fungi: Integrative Taxonomy Allows Revealing *Atlantiporus* gen. nov. And *L. furciae* sp. nov.

CAUÊ AZEVEDO TOMAZ OLIVEIRA^{1*}, GERARDO LUCIO ROBLEDO², DIOGO HENRIQUE COSTA-REZENDE³, NICHOLAS ARZE⁴, ELISANDRO RICARDO DRECHSLER-SANTOS¹

¹Universidade Federal de Santa Catarina, Departamento de Botânica, Campus Universitário, Trindade, CEP: 88040- 900, Florianópolis, SC, Brasil.

²BioTecA3, Centro de Biotecnología Aplicada al Agro y Alimentos, Facultad de Ciencias Agropecuarias - Universidad Nacional de Córdoba

³Laboratório de Pesquisa em Microbiologia, Universidade Estadual de Feira de Santana, Bahia, Brasil.

⁴Peekamoose Fungarium. Fungarium of the Catskills Forest Preserve. New York, USA.

*E-mail for author correspondence: cauecato@gmail.com

Abstract

Recent studies using molecular data (phylogenetic analysis of DNA sequence data) in the Northern hemisphere revealed a series of phylogenetic cryptic species in the genus *Laetiporus*. Until the 1990's *Laetiporus* comprised only two species, *L. sulphureus* and *L. persicinus*. Molecular techniques have led to a recovery of Laetiporaceae inside the “antrodia clade”, the brown rot wood decomposers in Polyporales. In the present study we collected, described, and sequenced 35 specimens of Laetiporaceae fungi from Argentina, South Brazil, Paraguay, and Uruguay. We describe one new species, *Laetiporus furciae* sp. nov.; one new genus, *Atlantiporus* gen. nov. and make four one new combinations, *Atlantiporus squalidus* comb. nov., We also present a table clarifying the relations inside Laetiporaceae that includes morphological and ecological traits following genetic information. Our new taxonomic proposal provides a better understanding of *Laetiporus* evolution and natural history.

Introduction

The Genus *Laetiporus* Murrill was described for the first time in 1904 with type species, *Laetiporus speciosus* Battara ex Murrill (1904), a very distinct fungus characterized with big and soft flabellate pilei and bright yellow pores, causing brown rot on wood. In 1920, Murrill

reviewed collections of *Boletus sulphureus* Bull. (1789) demonstrating that both specimens were the same species. *Laetiporus sulphureus* (Bull.) Murrill came to be known having a worldwide distribution considering a wide macroscopic characteristics and tree hosts (GILBERTSON, 1981). Banik *et al.* (1998) tested *L. sulphureus* collections from United States through compatibility crossing between different monosporic cultures strains and found some varieties were not compatible each other. *Laetiporus sulphureus* showed to be a cryptic species complex with five different genetic groups in this study. The authors discussed species correlating pore layer color, host tree, growing position on wood and geographic distribution. One species described was *Laetiporus cincinnatus* (Morgan) Burdsall, Banik & Volk who develops a rosette basidiome, quite different from regular shelving pilei disposed on vertical on tree host.

Studies carried out in the Caribbean islands and Asia described new species confirming the hypothesis that *Laetiporus* morphology hides species complexes. To date, fifteen new species were described only for the *L. sulphureus* species complex (BANIK *et al.*, 2012; BURDSALL; BANIK, 2001; KOUT *et al.*, 2019; LINDNER; BANIK, 2008; OTA *et al.*, 2009; SONG *et al.*, 2014; SONG; CUI, 2017). Among them, a new species was described from Brazil: *L. squalidus* R.M. Pires, Motato-Vásquez & Gugliotta (Pires *et al.*, 2016). *Laetiporus squalidus* is a resupinate polypore with white and grayish basidiome, compared to *Wolfiporia cocos*, another resupinate species of Laetiporaceae. Although the species did not group with the main clade of *Laetiporus*, authors proposed the new species within the genus. Few studies with a phylogenetic approach have been carried in South America (PIRES; MOTATO-VÁSQUEZ; DE MELLO GUGLIOTTA, 2016). However, it was shown the occurrence of undescribed species in the region (SONG; CUI, 2017).

We found a different *Laetiporus* specimen growing on urban area with characteristics resemble *L. cincinnatus* with a very odd and large basidiome and another specimen collected in high altitude forest related to *L. squalidus*. The present work aims to describe this species using detailed morphologic description, ecologic data and molecular phylogenetic analyses using Internal Transcribed Spacer (ITS) and nuclear large subunit (nrLSU) and Transcribed Elongator Factor (*tef1- α*) markers from ribosomal DNA.

Materials and Methods

Specimens analyzed, morphological analysis and conservation status

Two specimens were collected, one from *Paulownia tomentosa* Steud. tree in the urban area of Santiago, Chile, and a new specimen previously identified as *L. squalidus* (FLOR 67251). We also reviewed *L. squalidus* holotype (SP466047) to compare and made more detailed description for the taxon. We measured pore diameters, dissepiments thickness, basidiospores size (length and width) and calculated their ratio ($Q = \text{length/width}$). Forty elements ($n=40$) were measured per character. Basidiomes were analyzed on lens (WILD Heerbrugg) and microscope (ZEISS Primo Star). Melzer's reagent, sodium hydroxide (3%), potassium hydroxide (3%, 5% and 20%) and floxin were used, but as a rule all measurements were conducted on Melzer's reagent. Conservation status was assessed using the IUCN Criteria adapted for Fungi (DAHLBERG; MUELLER, 2011). We used

Extraction, amplification and DNA sequencing

DNA extraction was carried out from dry basidiomes with CTAB method of Doyle and Doyle (1990) modified by Góes-Neto et al. (GÓES-NETO; LOGUERCIO-LEITE; GUERRERO, 2005). Samples were pulverized and put into thermostatic bath with 800 μl of CTAB and β -Mercaptoetanol (0.2 %). After 60 minutes, samples were centrifuged for 15 minutes, 14000 rpm. Then we put 800 μl of isoamyl-chloroform and centrifuged. After that, 500 μl were recovered and we repeat the last step. Then 400 μl were recovered and put into the fridge (-80°C) with 700 μl of isopropanol and 50 μl of sodium acetate. An hour later, samples were centrifuge and washed with ethanol 70%; and ethanol was evaporated, and samples were resuspended with water.

PCR amplifications were performed with the GoTaq® Green Master Mix following the manufacturer protocol (Promega Corporation, Madison, Wisconsin, USA). PCR amplification parameters and primers pairs used were: LR0R and LR5 (CUBETA, 1991; VILGALYS; HESTER, 1990), ITS-6R and ITS-8F (DENTINGER; MARGARITescu; MONCALVO, 2010) and 2218-R and 983-F (REHNER; BUCKLEY, 2005) to the amplification of the nuclear ribosomal ITS regions (Internal Transcribed Spacer, including 5.8S), nLSU rRNA gene (28S) and partial *tef1- α* gene (Translation Elongation Factor 1-a), respectively. The amplification products were purified and sequenced through the Sanger dideoxy method in Macrogen Incorporation© (Seoul, Republic of Korea) and Myleus (Belo Horizonte, Brazil). The obtained sequences were manually inspected and assembled by BioEdit

v. 7.0.0 (HALL, 1999). Both newly and previously published sequences used in the phylogenetic reconstruction are listed in Table, in the Results section.

Phylogenetic analyses

Nucleotide sequences were aligned and manually inspected using MAFFT (KATOHI & STANDLEY, 2013) as implemented in MEGA v 7 (Tamura et al., 2013), with default settings. Each genetic marker (nLSU, ITS and *tef1- α*) was individually aligned. A matrix of the codified indels from the ITS matrix were generated using FastGap v 1.2 (BORCHSENIUS, 2009). Bayesian Inference (BI) was applied to the combined dataset, which was performed by MrBayes v 3.2.6 (RONQUIST et al., 2012), with base frequencies, rates of nucleotide substitution, gamma shape and proportion of invariant sites estimated by the software. BI was implemented by five independent runs starting from random trees, with four simultaneous chains, five million MCMC generations, keeping one tree every 1000th generation. Four rate categories were used to approximate the gamma distribution, and 40% of the sampled trees were discarded as burn-in. Because of the computational cost of the analysis, the five runs were done separately, and the trees generated for each one was combined afterwards with the software LogCombiner as implemented in the BEAST package v1.8.0 (DRUMMOND et al., 2012). The remaining trees from each run were used to reconstruct a 50% majority-rule consensus tree, as well as to estimate Bayesian posterior probabilities (BPP) of the branches. Those nodes receiving $BPP \geq 0.95$ were considered strongly supported, while nodes with BPP (0.7, 0.94) were considered moderately supported. Convergence diagnostics statistics were analyzed in Tracer v.1.7 (Rambaut et al., 2018).

Maximum Likelihood (ML) analysis were conducted with MEGA 7 using Tamura-Nei model with gamma-distribution, determined as the best model through “Model testing for estimation of distance” option (TAMURA et al., 2013). *Pycnoporellus fulgens* (Fr.) Donk was assigned as an outgroup to root trees (LINDNER; BANIK, 2008). FigTree v1.4.4 (RAMBAUT, 2007) and Photoshop CS6 v. 13.0 (64 bit) were used for showing the topologies obtained.

Results

Phylogenetic analysis

The analyzed dataset included ITS, LSU and *tef1- α* Maximum Likelihood trees and concatenated ITS and LSU and ITS, LSU and *tef1- α* Bayesian Inference trees. There were a

total of 1749 positions in the final dataset. Five main lineages were recovered, representing 11 species.



Figure 1: Molecular Phylogenetic analysis by Maximum Likelihood method based on ITS. Species clade related with *L. furciae* and *Atlantiporus squalidus* indicated with vertical bars. Bootstrap from 1000 replicates are shown.

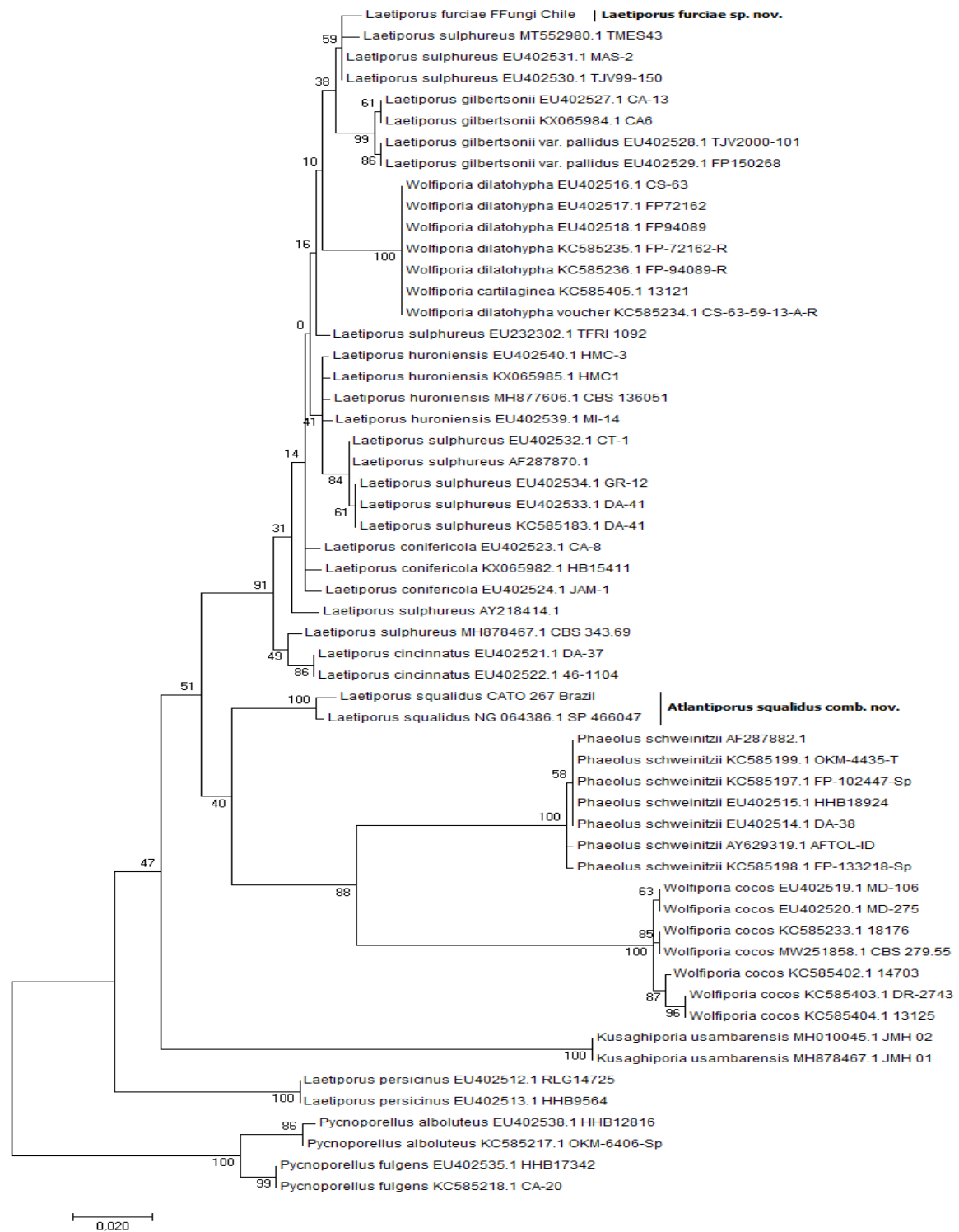


Figure 2: Molecular Phylogenetic analysis by Maximum Likelihood method based on LSU. Species clade related with *L. furciae* and *Atlantiporus squalidus* indicated with vertical bars. Bootstrap from 1000 replicates are shown.

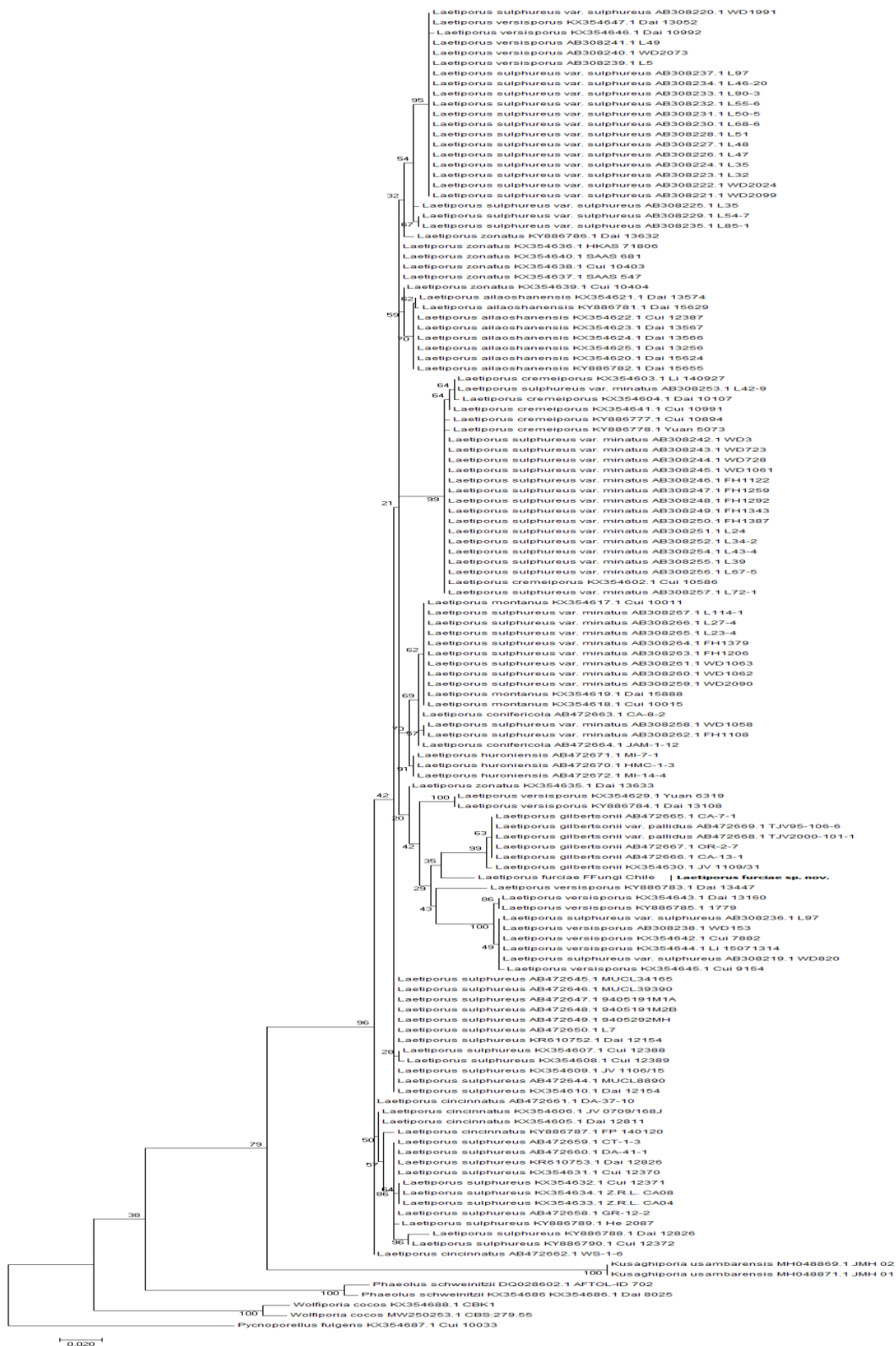


Figure 3: Molecular Phylogenetic analysis by Maximum Likelihood method based on *tef-1 α* . Species clade related with *L. furciae* indicated with vertical bars. Bootstrap from 1000 replicates are shown.

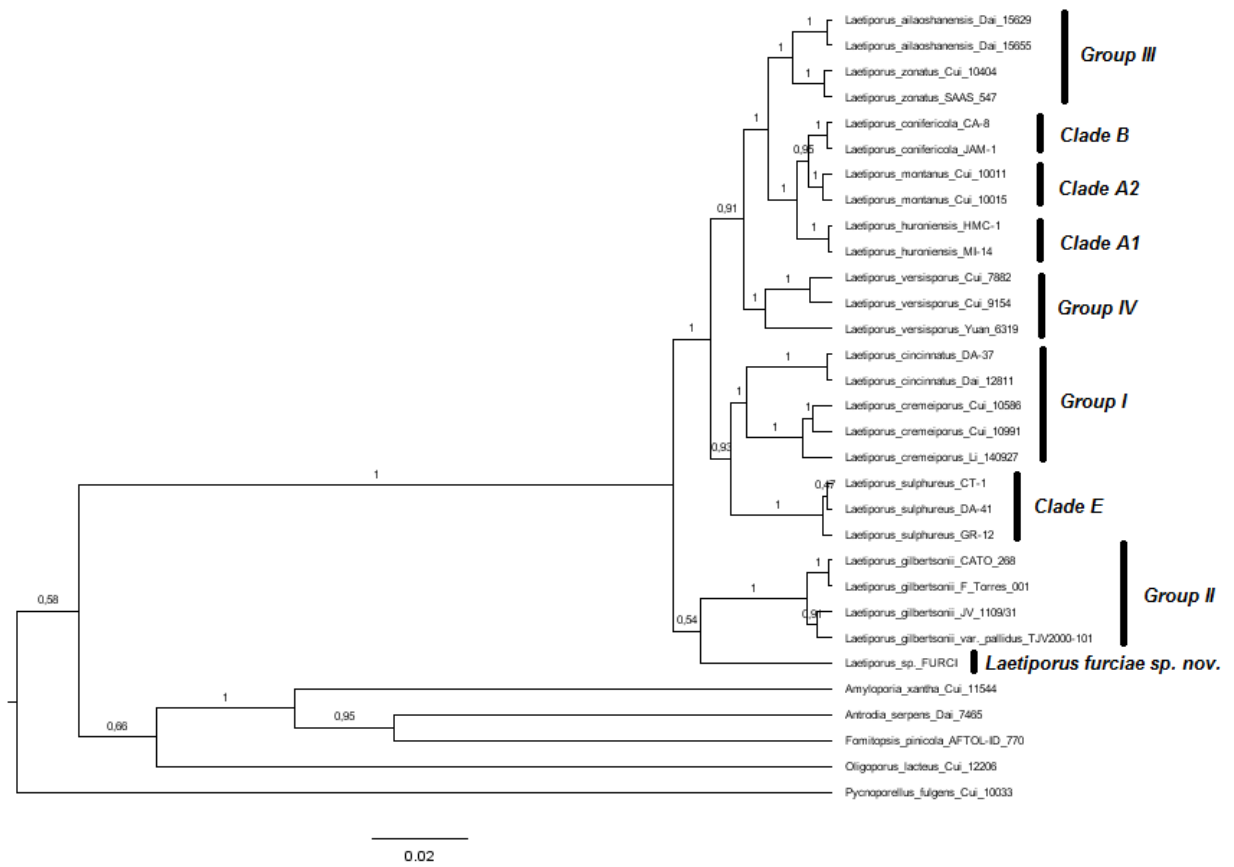


Figure 4: Molecular Phylogenetic analysis by Bayesian Inference method based on ITS, nLSU and *tef-1 α* . Clades and groups showed with a vertical bar as in Cui & Song (2017). Posterior probability (PP) are shown in the nodes.

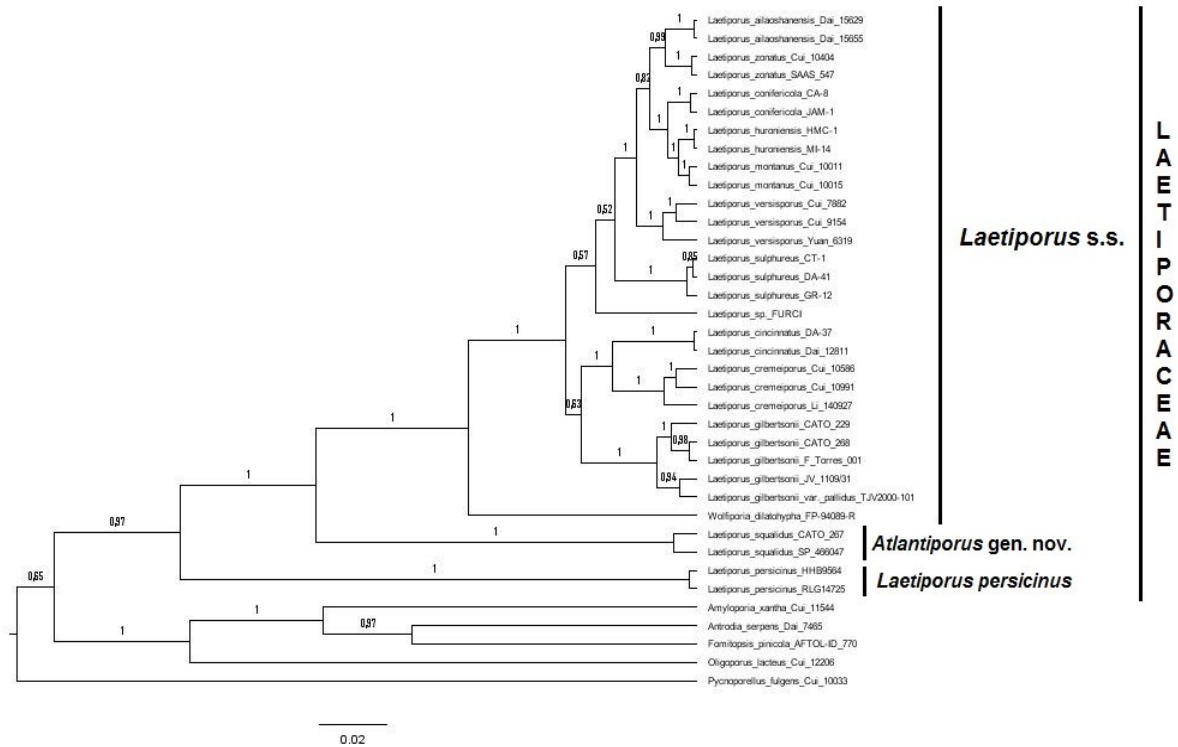


Figure 6: Molecular Phylogenetic analysis by Bayesian Inference method based on ITS and nLSU. Vertical bars indicate generic taxa and show Laetiporaceae species. Posterior probability are shown in the nodes.

Taxonomy

Laetiporus furciae Azevedo-Oliveira, Arze & Drechsler-Santos sp. nov.

Holotype: Chile, Region Metropolitana Santiago, La Reina, 33° 26' 41 " S 70° 34' 0" W, alt. 570 m a.s.l., on living tree of *Pawlonia tomentosa*, 12 April 2018, col. Gabriel Díaz & Nicolas Arze (FFungi).

Etimology: in honor of Chilean mycologist Giulina Furci.

Annual basidiome, sessile, multipileate cespitose in crown shape, imbricate, attached to living tree host at its base through a single point, 350 mm diameter, single pileus 70-170 mm long and 15-30 mm thick, soft and fleshy when fresh, light and brittle like a chalk when dried. Pileus surface velutinous when young, smooth when mature, pale yellow to almost white in mature when dried, generally with grooves and radial undulations during basidiome development. Margin sterile, round, entire, white in fresh specimen. Context white, 10-25 mm thick, becoming slender through margin. Tubes layer 5 mm thick, yellow creamy, darker than context, fading to white when dried, pores round, 3-4 pores/mm with entire dissepiments, sometimes lacerate.

Context dimitic composed of generative and binding hyphae; generative hyphae 9-11 μm diameter, walls 1 μm thick, simple septa, hyaline. Binding hyphae 5-12 μm diameter, hyaline, much branched and entwined, thin walled dissolving in KOH 5%. Tube's trama dimitic, composed of generative hyphae and skeletal hyphae; generative hyphae 4-6 μm diameter, thin walled, simple septa; skeletal hyphae 5-7 μm diameter, straight, sometimes wavy, 1 μm thick walls dissolving in KOH 5%. Subhymenium compact composed of generative hyphae 4-5 μm diameter entwined forming hymenium elements (basidioles and basidia). Basidia tetrasporic, clavate, 23 x 5-6 μm . Basidiospores ellipsoid, 6-6,5 x 3,8-5,2 μm (Q=1,3, N=1, n=30), thin walled, smooth, IKI⁻.

Examined material: Chile, Region Metropolitana Santiago, La Reina, 33° 26' 41 " S 70° 34' 0" W, alt. 570 m a.s.l., on living tree of *Pawlonia tomentosa*, 12 April 2018, col. Gabriel Díaz & Nicolas Arze (FFungi)

Additional examined material: *Laetiporus gilbertsonii*: BRAZIL. SÃO PAULO: São Paulo, Universidade de São Paulo (USP), Campus Cidade Universitária, col. Gurgel, F.: CATO 268; SANTA CATARINA: Blumenau, Victor Konder. Col. F. Torres: FTorres 001. Both growing on: *Pleroma granulosa* (Desr.) D. Don.

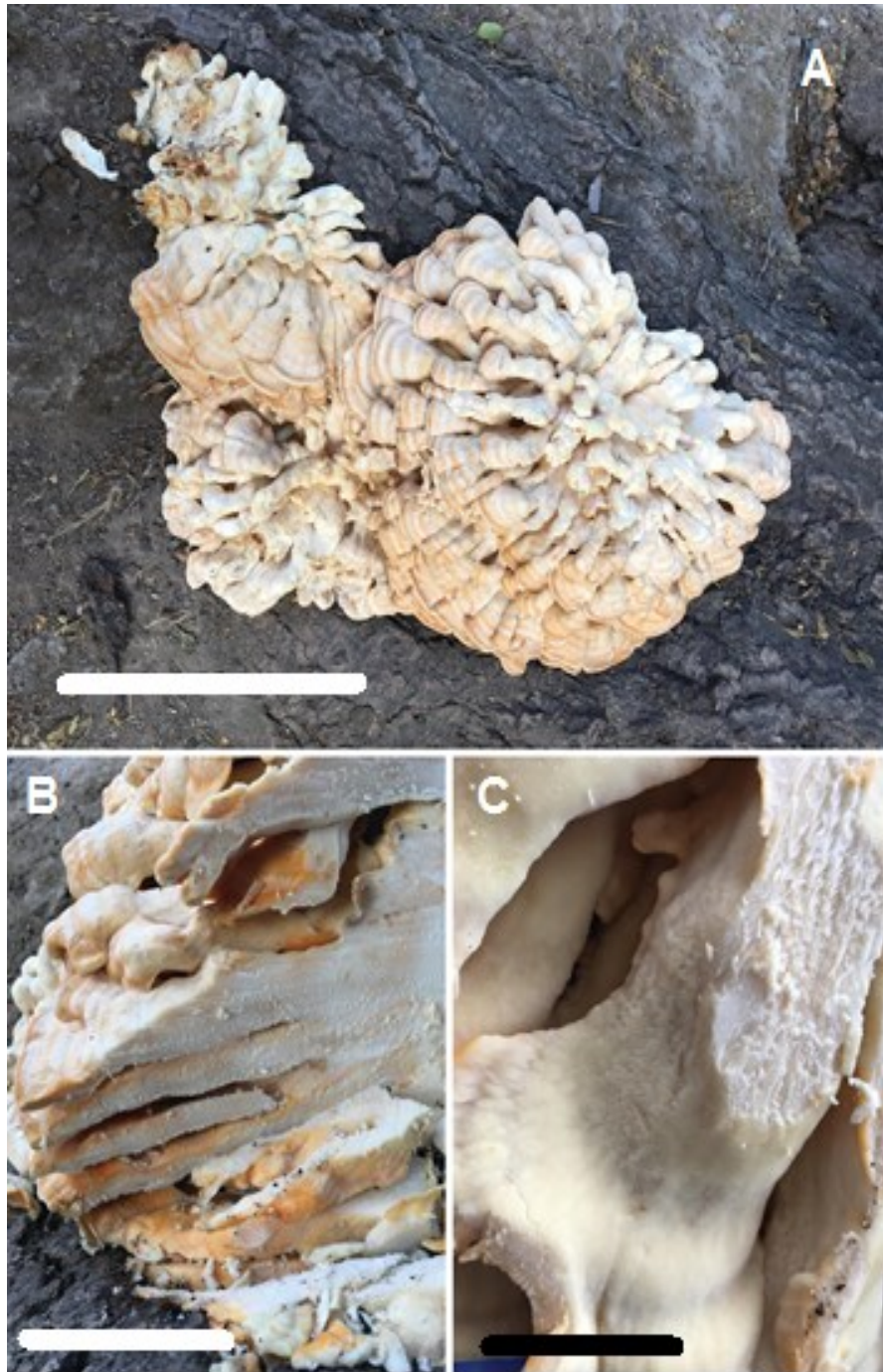


Figure 3: Macroscopic features of *L. furciae*. (A) basidiome growing on the base of living *Paulownia tomentosa* in urban area (bar = 30cm). (B) multipileate basidiome cut in half showing white context with some tones of orange (bar = 10cm). (C) Details from white pore layer (bar = 3cm).

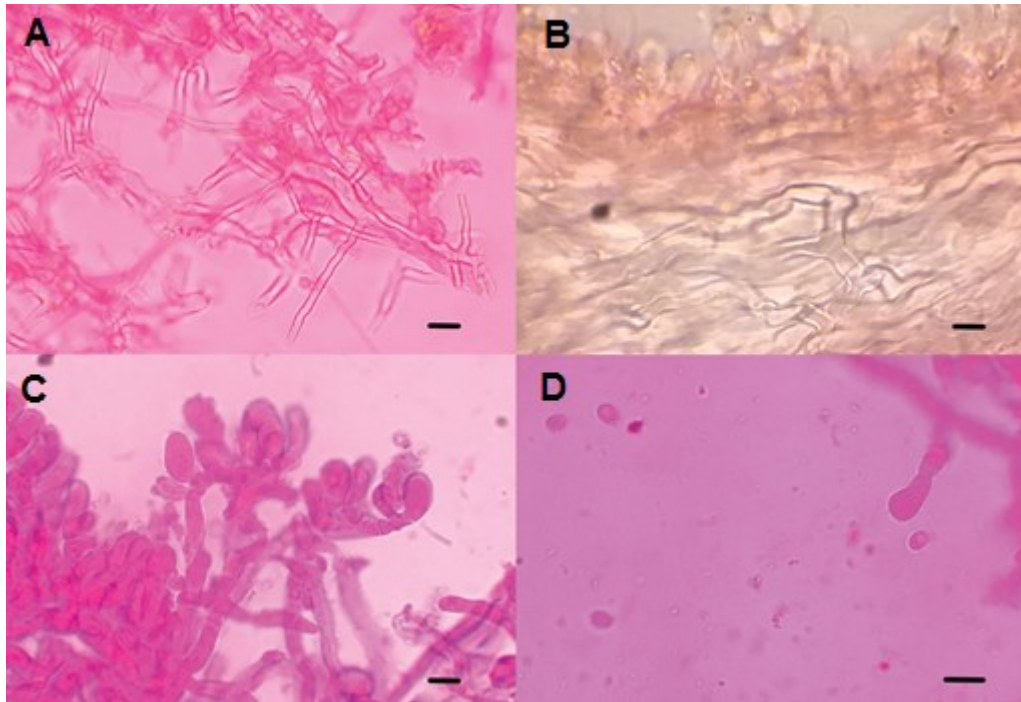


Figure 4: Microscopic features *L. furciae*. (A) Binding hyphae, multibranched in context (bar = 10 μ m). (B) Skeletal hyphae thick and wavy walled from tube's trama (bar = 10 μ m). (C) Basidioles and basidia (bars = 10 μ m). (D) 4-sterigma basidia and discharged ellipsoid spores. (bars = 10 μ m).

Remarks

L. furciae specimen shows up similar as some collections of *L. cincinnatus* (Morgan) Burds., Banik & T.J. Volk in macromorphology with big rosette disposed cespitose pilei and grow from tree host base. They differ in color, where Chilean collection is paler than colorful bright orange and milk white pores seen in *L. cincinnatus*. *Laetiporus cincinnatus* grows on *Quercus* spp. Phylogenetic analyses showed relationship with *Laetiporus* specimens from Central e South American. The specimen was growing in urban site causing butt rot in living *Paulownia tomentosa*.

Interest finding confirms *L. furciae* is a sister group to Caribbean and South America *L. gilbertsonii* (Group II) (fig.2) as stated in the biogeography for the genus (SONG; CUI, 2017). Authors follow the division made by Lindner (2012) where phylogeny follows geographical location around the world. *Laetiporus furciae* could have similar traits as *L. cincinnatus* and *L. cremeiporus* (Group I), and it is related to South American *Laetiporus* spp.

Atlantiporus Drechsler-Santos & Robledo gen. nov.

Type species: *Atlantiporus squalidus* (R.M. Pires, Motato-Vásquez & Gugliotta) Azevedo-Oliveira, Drechsler-Santos & Robledo

Etymology: in reference to Atlantic Forest, where the genus was found and up to now is endemic.

Description: Basidiomata seasonal, resupinate forming narrow, small, and imbricated pilei, soft when fresh to hard when dry. Pileus amorphous, broadly attached, upper surface glabrous, azonate, slightly rugose, cream to pale brown when fresh and light ochraceous when dried. Margin irregular. Context homogeneous, azonate, concolorous. Pore surface present only under parts of resupinate and/or pileate basidiomata, cream when fresh to brown when dry, pores rounded and decurrent, tubes concolorous with pore surface, dissepiments entire, thin to slightly thick. Hyphal system dimitic; tubes composed by generative hyphae simple-septate, thin to thick-walled and skeleto-binding hyphae hyaline, thick-walled, branched with not so short branches, and tortuous, not dissolving in KOH; context composed by gloeohyphae simple-septate, straight and unbranched, unusually branched and binding hyphae richly branched, sometimes with many thick-walled short branches, not dissolving in KOH. Basidia clavate, hyaline, 4-sterigmate. Basidiospores ellipsoid to broadly ellipsoid, hyaline, smooth, slightly thick-walled, inamyloid, IKI-.

Ecology and Distribution: growing on dead or dead parts of alive angiosperms. The host of type specimen was not identified, but the specimen from Parque Nacional de São Joaquim (Santa Catarina states) is *Schinus engleri* F.A. Barkley. Up to now, the genus is known from Brazilian Atlantic Forest, recorded for the Tropical Upper Hills Broadleaved Forest of type locality (above 700 m alt.) at São Paulo and Subtropical Upper Highlands Cloud Broadleaved Dwarf-Forest of Santa Catarina (above 1600 m alt.) States.

Notes: *Atlantiporus* is recognized by the pale color of resupinate basidiomata, with small imbricate and whitish and amorphous pilei. Additionally, hyphal system is dimitic and different of *Laetiporus*, which is trimitic with binding hyphae dissolving in KOH, characteristic absent in *Atlantiporus*. In addition, *Atlantiporus* presents characteristic gloeohyphae restrict to context and skeletal cystidia to hymenium. Gloeopleural hyphae can be found in *Kusaghiporia* spp. and the skeletal cystidia can only be found in *Atlantiporus* in Laetioporaceae.

TABLE 1. Synoptic comparison among taxa related (*GH*= generative hyphae, *BH*= binding hyphae, *SH*= skeletal hyphae, *SB*= skeletal binding hyphae)

	Hyphal system	Basidiospores	Basidiomata	Ecology & Distribution
	✓ All taxa with simple septa.	✓ All taxa with smooth, thin walled, hyaline, IKI-	✓ Annual in all species	
<i>Laetiporus</i> s.s	Trimitic GH hyaline, thin to distinct walled BH thick-walled, profusely branched, only in the context. Dissolving in KOH SH thick walled, straight restricted to the tubes. Gloepleurous hyphae absent. Cystida absent	Ovoid to broadly ellipsoid,	Annual, sessile to stipitate; upper surface orange at first, becoming brown, strigose to fibrillose; pore surface orange to greenish brown, pores daedaleoid to circular, up to 2 mm in diam; context orange to brown	<i>Laetiporus sulphureus</i> occurs as a brown heart-rot of hardwood species (especially <i>Quercus</i> spp.) throughout the eastern USA and Mexico.

<i>Kusaghiporia</i>	<p>Dimitic GH hyaline, thin to distinct walled SH thick walled, straight hyaline, thick-walled, often branching dichotomously, mostly restricted to the context Gloepleurous hyphae with granular content, refringent and yellowish in context Cystida absent</p>	<p>Globose to subglobose,</p>	<p>Basidioma annual, centrally or excentrically stipitate, several pileus arising from a central stipe, upper surface grayish to chestnut color, with dark pillars zoned from the center towards the margin, velvety. Pore surface whitish in fresh, turning brown, pores up to 3/mm. Context whitish or grayish, rusts when cutting, with dark pink tones that then darken to graphite color.</p>	<p>Found growing at the base of the trees <i>Maesopsis eminii</i> and <i>Ficus natalensis</i>. Tanzania, Central Africa. Colonizing roots of native species of <i>Handrohantus</i>, <i>Inga marginata</i> and exotic species of <i>Delonix regia</i>, <i>Tipuana tipu</i>, <i>Bauhinia</i> sp. Paraguay, South America</p>
<i>Atlantiporus</i>	<p>Dimitic GH hyaline, thin to thick-walled, frequently branched. BH richly branched, hyaline, thick-walled, restricted to context, not dissolving in KOH SH straightabsent Gloeohyphae present in the context. SB present in the trama of the tubes. Skeletocystida present</p>	<p>Ellipsoid to broadly ellipsoid, hyaline, smooth, slightly thick-walled, IKI-</p>	<p>Basidiomata annual, resupinate, upper surface glabrous, azonate, slightly rugose, cream to pale brown. Pore surface cream when fresh to brown when dried, pores 3–5 /mm. Context concolorous with the pileus.</p>	<p>Atlantic Forest, Brazil.</p>

<i>Phaeolus</i>	<p>Monomitic GH, thin walled, brown, sparsely to freely branched Cystidia frequent, yellowish, cylindrical</p>	<p>Broadly ellipsoid to ovoid,</p>	<p style="text-align: center;">Basidiomata</p> <p>annual, stipitate or sessile, spatulate to orbicular, single or imbricate, upper surface strigose, tomentose to velutinate, zonate, deep reddish brown to ochre. Pore surface yellow to olive when young, bruising dark brown, 1–3/mm. Context yellowish brown, oxidising dark brown</p>	<p>Coniferous forests in Europe. Circunglobal species.</p>
<i>Laetiporus persicinus</i>	<p>Dimitic GH hyaline, thin-walled BH dendritically branched, hyaline, occasionally septate, thick-walled Dissolving in KOH, restricted to the context. SH sinuous and undulating, occasionally septate, thick-walled- Gloepleurous hyphae with granular content, refringent and yellowish in context Cystida absent</p>	<p>Broadly ovoid, hyaline, thin-walled, smooth</p>	<p>Basidioma annual, centrally or excentrically stipitate, with a single pileus or several arising from a central stipe, upper surface of pileus light to dark, finely tomentose to hispid. Pore surface pinkish tan to creamy tan, 3-4/mm. Context pale tan to pinkish tan.</p>	<p>Roots of hard hardwoods especially <i>Quercus</i> spp. and <i>Pinus</i> spp. Southeast of the United States and Puerto Rico</p>

Atlantiporus squalidus (R.M. Pires, Motato-Vásq. & Gugliotta) Azevedo-Oliveira, Drechsler-Santos & Robledo comb. nov.

Basionym: *Laetiporus squalidus* R.M. Pires, Motato-Vásq & Gugliotta, Nova Hedwigia 102 (3-4):482, 2016. – Holotype: Mycobank MB 811581. BRAZIL. SÃO PAULO: São Luiz do Paraitinga, Parque Estadual da Serra do Mar, Núcleo Santa Virgínia, Feb. 11, 2014, Col. Pires, R.M.: RP232, C.M. Ishida (SP466047).

Description: basidiomata resupinate, adhering entire on substrate forming small and imbricated pilei, 1 cm diameter, white when fresh becoming darker when dried. Basidiome margin adhered, irregular and pale orange. Context white, homogenous, soft and fleshy when fresh becoming light and brittle when dried, 3-20 mm thick. Pore surface occurring only on resupinate parts, white to cream when fresh and brown when dried, pores rounded and decurrent. Tubes concolor with pores, 7-10 mm long.

Context composed of refringent gloeopelural hyphae measuring 120-350 μm long and 10-25 μm width, thin to thick wall, tortuous lumen, rarely branched and with simple septa, usually one but can present more septa in longer ones and very branched without septa binding hyphae, 15-20 μm wide, thick walled, 1-3 μm . Tube's trama, binding hyphae less branched and more parallel, 4-6 μm wide. True skeletal hyphae were not observed as well. In hymenium we observed skeletal cystidia 30-70 μm long and 5-7 μm wide, thick walled (2-3 μm) with subhymenial origin from septa of tube's trama binding hyphae.

Causing brown rot on host.

Examined material: BRAZIL. SÃO PAULO: São Luiz do Paraitinga, Parque Estadual da Serra do Mar, Núcleo Santa Virgínia, 23°26'23" S, 45°14'18" W, Feb. 11, 2014, Col. Pires, R.M.: RP232, C.M. Ishida (SP466047); SANTA CATARINA: Urubici, Parque Nacional de São Joaquim, Núcleo Santa Bárbara, 28°09'13.9" S, 49°38'24.5" W, Feb. 27, 2019, Col. Oliveira, C.A.T.: CATO267, Funez, L.A., Costa-Rezende, D.H., Ribeiro-Nardes, W. (FLOR 67251). Growing on: *Schinus engleri* F.A. Barkley.

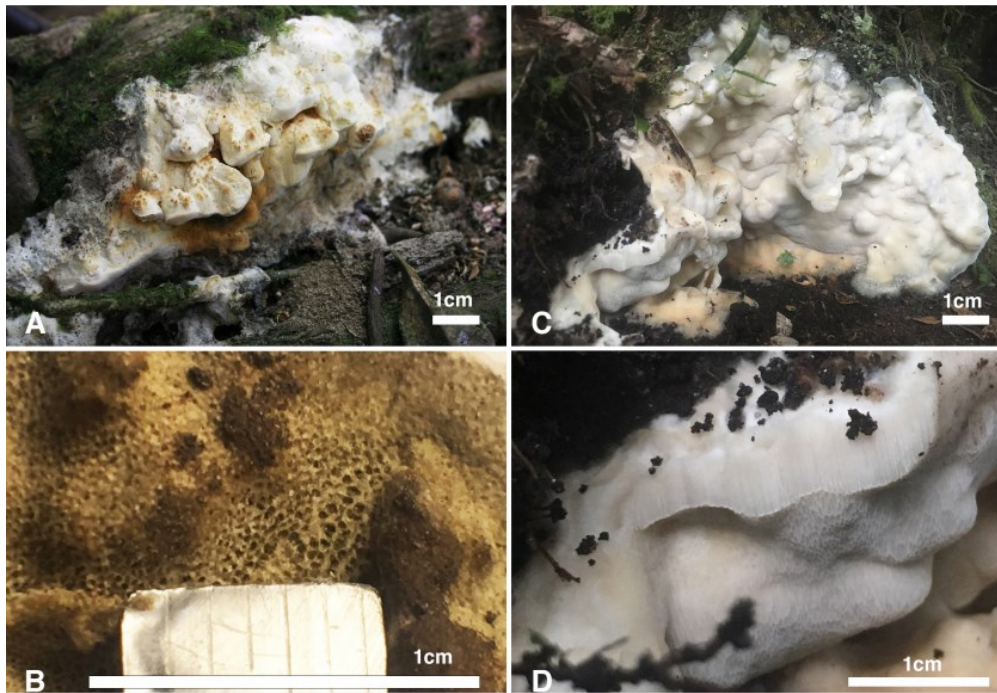


Figure 7: Macroscopic features *A. squalidus*. (A) Resupinate basidiome from type specimen (SP466047) in situ (Photo: Ricardo M. Pires) (B) *A. squalidus* new collection (FLOR67251) growing on dead *Schinus engleri*. (C) Detail from pore surface from type species dried. (D) Fresh specimen cut in half showing the white context and tubes.

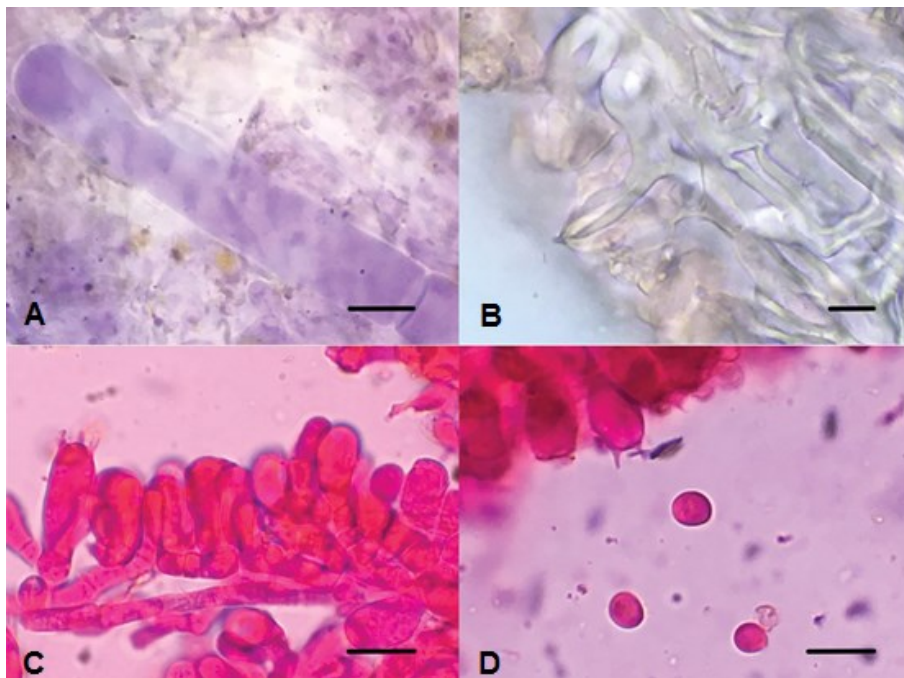


Figure 8: Microscopic features *A. squalidus*. (A) Gloeopleural hyphae, simple septate, thin walled in context (bar = 10µm) (B) Skeletal cystidia thick walled emerging in the hymenium

(bar = 10 μ m). (C) 4-sterigma basidia and basidioles in the hymenium (bar = 10 μ m). (D) broadly ellipsoid spores discharged and 4-sterigma basidia (bars = 10 μ m).

Status conservation

Currently, *Atlantiporus squalidus* basidiomes are known only from two localities in high altitude environments in the southern/south-eastern Atlantic Forest domain of Brazil, in the Dense Ombrophilous Forest (above 700 m alt.) in São Paulo State and in Cloud Forests (Mixed Ombrophilous Forest) of Santa Catarina State (above 1500 m alt.). These two sites are separated by over 1,000 km. In Santa Catarina the species was collected on *Schinus englerii* (Anacardiaceae), but no substrate identification was given from the São Paulo specimens. Up to now, the species is considered rare and it is expected to occur as endemic for Atlantic Forest, likely restricted to montane environments in the Serra do Mar mountain range.

We assessed its conservation status to see population trends according actual collections that seems to be rare (DAHLBERG; MUELLER, 2011). Based on the extent of potential appropriate habitat, the species could occur in up to 1,000 additional sites, each supporting 2-4 mature individuals resulting in an estimation of no more than 4,000 mature individuals; restricted to one subpopulation. The population is inferred to decline by at least 10-15% over the next 30 years, due to continued loss and degradation of the required habitat in the Atlantic Forest due to human activity and impact of climate change. According ICUN parameters present species should be labeled Vulnerable (VU), according C2A(ii) list of categories and criteria (http://iucn.ekoo.se/iucn/species_view/1000268).

Discussion

Laetiporus is a growing taxon when we study about delimitation of species within it. Since Volk, Burdsall and Banik (1998) started to study its phylogenetic relationship between North American specimens, more and more new species have been described around the world showing *L. sulphureus* is a taxon hiding a lot of cryptic species to be named to discover their real natural history (SONG; CUI, 2017). Here we present one new species for *Laetiporus* s.s. from Southern South America contributing with more knowledge about it. For a complete picture inside the genus, some specimens that still receive the name of *L. sulphureus* in Oceania, Africa, Central America and Northern South America should be tested with molecular phylogenies. As stated by Song & Cui (2017), *Laetiporus* is a relative recent genus aroused

almost 1 million years ago and probably is speciating right now, adapting to new environment and new plant host showing a great opportunity to study mechanisms for speciation.

Authors of *L. squalidus* discussed its phylogenetic position when it was described (Pires et al., 2016), suggesting that probably *L. squalidus* belongs to a different genus. From our new collection and type morphological analysis we observed different features those described by the original work, i.e., gloeopleural hyphae in context and skeletal cystidia. Skeletal cystidia are different from those elements observed in other taxa from Laetiporaceae, being in this case considered as an important taxonomical feature for recognition of the new genus. Also, we observed that the spores from our new collection are little smaller than those from type specimen (5-6x4-5 μm , Q=1,2 versus 6-7 x 4-5.5 μm , Q=1,3; respectively).

Phylogenetic analysis showed that we should treat *Laetiporus* with a more defined circumscription. Probably, *Laetiporus* s.s. only cover the common big, soft, and yellow basidiome. *Laetiporus persicinus* should be considered in a new genus and *Wolfiporia dilatohypha* combined inside *Laetiporus* s.s. Laetiporaceae would comprehends brown-rot wood fungi with generative simple septa hyphae, grouping *Laetiporus* s.s., *Atlantiporus*, *L. persicinus* clade and *Kusaghiporia*.

There is a record of *Laetiporous squalidus* from New Zealand environmental sample isolated from *Eucalyptus fastigata*, an introduced species that is native to south-eastern Australia. The material was identified through DNA sequencing, with only a three base pair difference in ITS sequence between our examined Brazilian material. Internal Transcribed Spacer (ITS) sequences alone are not always able to discriminate species in Laetiporaceae (LINDNER; BANIK, 2011c). Fungi on species of *Eucalyptus* have been well studied in Australia and worldwide, and no records of *L. squalidus* basidiomes have been made from that part of the world, only a cultured specimen took from environmental sample. Given the uncertainty of the identification and lack of data of a mature individual (it is only known from a single culture), further information is needed to determine conspecific of the New Zealand material and its presence in Australasia.

The species is known from two localities in the Atlantic Forest domain. The deforestation rate of the Atlantic Forest largely declined in the last two decades. However, it was the most exploited ecosystem, and only 28% of its natural coverage remains, largely composed of small forest fragments and secondary forests (REZENDE et al., 2018;

TABARELLI et al., 2010). The type locality is an area inside the most developed state in Brazil, and natural areas are under threat from continued expanded agricultural and urban growth. The southernmost locality is in the Cloud Forests of São Joaquim National Park, about 1,000 km south of the type locality. Cloud Forests are a naturally fragmented environment, and their dependence on the fog regime makes them particularly vulnerable to climate change, as changes in temperature alters the occurrence of clouds (FOSTER, 2001). Although it is a legally protected area for biodiversity, the area still faces many problems, such as alien invasive species, and increased fire frequency. Additionally, Conservation Units in Brazil often have problems with a conflict of land use and ownership within their borders, which severely compromises the effectiveness of biodiversity conservation (DA ROCHA; DRUMMOND; GANEM, 2010).

References

- AGAPOW, P.-M. et al. The impact of species concept on biodiversity studies. **The Quarterly review of biology**, v. 79, n. 2, p. 161–79, jun. 2004.
- AMALFI, M.; DECOCK, C. *Fomitiporia castilloi* sp. nov. and multiple clades around *F. apiahyana* and *F. texana* in Meso- and South America evidenced by multiloci phylogenetic inferences. **Mycologia**, v. 105, n. 4, p. 873–887, 20 jul. 2013.
- BANIK, M. T. et al. A new species of *Laetiporus* (Basidiomycota, Polyporales) from the Caribbean basin. **Tomo Kurtziana**, v. 37, n. 371, p. 15–21, 2012.
- BANIK, M. T.; BURDSALL, H. H.; VOLK, T. J. Identification of groups within *Laetiporus sulphureus* in the United States based on RFLP analysis of the nuclear ribosomal DNA. v. 33, p. 9–14, 1998a.
- BANIK, M. T.; BURDSALL, H. H.; VOLK, T. J. Identification of groups within *Laetiporus sulphureus* in the United States based on RFLP analysis of the nuclear ribosomal DNA. **Folia cryptog. Estonica**, v. 33, p. 9–14, 1998b.
- BINDER, M. et al. Phylogenetic and phylogenomic overview of the Polyporales. **Mycologia**, v. 105, n. 6, p. 1350–1373, 20 nov. 2013.
- BLACKWELL, M. The fungi: 1, 2, 3 ... 5.1 million species? **American Journal of Botany**, v. 98, n. 3, p. 426–438, 1 mar. 2011.
- BORCHSENIUS, F. **FastGap 1.2** Denmark University Arhus, , 2009. Disponível em: <https://www.aubot.dk/FastGap_home.htm>. Acesso em: 11 out. 2019
- CUBETA, M. A. Characterization of Anastomosis Groups of Binucleate Rhizoctonia

Species Using Restriction Analysis of an Amplified Ribosomal RNA Gene. **Phytopathology**, v. 81, n. 11, p. 1395, 1991.

DA ROCHA, L. G. M.; DRUMMOND, J. A.; GANEM, R. S. Parques nacionais brasileiros: Problemas fundiários e alternativas para a sua resolução. **Revista de Sociologia e Política**, v. 18, n. 36, p. 205–226, jun. 2010.

DAHLBERG, A.; MUELLER, G. M. Applying IUCN red-listing criteria for assessing and reporting on the conservation status of fungal species. **Fungal Ecology**, v. 4, n. 2, p. 147–162, abr. 2011.

DE QUEIROZ, K. Species Concepts and Species Delimitation. **Systematic Biology**, v. 56, n. 6, p. 879–886, 1 dez. 2007.

DENTINGER, B. T. M.; MARGARITescu, S.; MONCALVO, J. M. Rapid and reliable high-throughput methods of DNA extraction for use in barcoding and molecular systematics of mushrooms. **Molecular Ecology Resources**, v. 10, n. 4, p. 628–633, 2010.

DOYLE, J. DNA Protocols for Plants. In: **Molecular Techniques in Taxonomy**. Berlin, Heidelberg: Springer Berlin Heidelberg, 1991. p. 283–293.

DOYLE, J. J.; DOYLE, J. L. A rapid total DNA preparation procedure for fresh plant tissue. v. 12, p. 13–15, 1990.

DRUMMOND, A. J. et al. Bayesian phylogenetics with BEAUti and the BEAST 1.7. **Molecular biology and evolution**, v. 29, n. 8, p. 1969–73, ago. 2012.

EDGAR, R. C. MUSCLE: multiple sequence alignment with high accuracy and high throughput. **Nucleic Acids Research**, v. 32, n. 5, p. 1792–1797, 8 mar. 2004.

FIDALGO, O.; FIDALGO, M. E. P. K. Polyporaceae from Trinidad and Tobago. II. **Mycologia**, v. 59, n. 5, p. 833, set. 1967.

FIŠER, C.; ROBINSON, C. T.; MALARD, F. Cryptic species as a window into the paradigm shift of the species concept. **Molecular Ecology**, v. 27, n. 3, p. 613–635, 1 fev. 2018.

FOSTER, P. **The potential negative impacts of global climate change on tropical montane cloud forests** *Earth-Science Reviews*. [s.l: s.n.]. Disponível em: <www.elsevier.com/locate/earscrev>. Acesso em: 19 out. 2020.

GILBERTSON, R. L. North American wood-rotting fungi that cause brown rots. **Mycotaxon**, v. 12, n. 2, p. 372–416, 1981.

GÓES-NETO, A.; LOGUERCIO-LEITE, C.; GUERRERO, R. T. DNA extraction

from frozen fieldcollected and dehydrated herbarium fungal basidiomata: performance of SDS and CTAB-based methods. **Biotemas**, v. 18, n. 2, p. 19–32, 1 jan. 2005.

HALL, F. R. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis for Windows 95/98/NT. p. 96–116, 16 jul. 1999.

HAN, J.-J. et al. Phaeolschidins A–E, Five Hispidin Derivatives with Antioxidant Activity from the Fruiting Body of *Phaeolus schweinitzii* Collected in the Tibetan Plateau. **Journal of Natural Products**, v. 76, n. 8, p. 1448–1453, 23 ago. 2013.

HAN, M.-L. et al. Taxonomy and phylogeny of the brown-rot fungi: *Fomitopsis* and its related genera. **Fungal Diversity**, v. 80, n. 1, p. 343–373, set. 2016.

HUGENHOLTZ, P.; PACE, N. Identifying microbial diversity in the natural environment: A molecular phylogenetic approach. **Trends in Biotechnology**, v. 14, n. 6, p. 190–197, jun. 1996.

HUSSEIN, J. M.; TIBUHWA, D.; TIBELL, S. Phylogenetic position and taxonomy of *Kusaghiporia usambarensis* gen. et sp. nov. (Polyporales) Phylogenetic position and taxonomy of *Kusaghiporia usambarensis* gen. et sp. nov. (Polyporales). **Mycology**, 2018.

JARDIM BOTÂNICO DO RIO DE JANEIRO. **Flora do Brasil 2020**. Disponível em: <<http://floradobrasil.jbrj.gov.br/reflora/listaBrasil/PrincipalUC/PrincipalUC.do#CondicaoTaxonCP>>. Acesso em: 31 dez. 2017.

JÜLICH, W. **Higher taxa of Basidiomycetes**. [s.l.] J. Cramer, 1981.

JUSTO, A. et al. A revised family-level classification of the Polyporales (Basidiomycota). **Fungal Biology**, v. 121, n. 9, p. 798–824, set. 2017.

KATOH, K.; STANDLEY, D. M. MAFFT multiple sequence alignment software version 7: Improvements in performance and usability. **Molecular Biology and Evolution**, v. 30, n. 4, p. 772–780, 2013.

KOUT, J. et al. *Laetiporus lobatus* (Basidiomycota, Polyporales), a new fungal species from Costa Rica. **Phytotaxa**, v. 408, n. 3, p. 208–214, 1 jul. 2019.

LINDNER, D. L.; BANIK, M. T. Molecular phylogeny of *Laetiporus* and other brown rot polypore genera in North America. **Mycologia**, v. 00, n. 3, p. 417–430, 2008b.

LINDNER, D. L.; BANIK, M. T. Intragenomic variation in the ITS rDNA region obscures phylogenetic relationships and inflates estimates of operational taxonomic units in genus *Laetiporus*. **Mycologia**, v. 103, n. 4, p. 731–740, 20 jul. 2011c.

LODGE, D. J. et al. Collecting and describing macrofungi. **Biodiversity of fungi : inventory and monitoring methods**. Amsterdam : Elsevier Academic Press, 2004: Pages

128-158., 2004.

MAYR, E. **Systematics and the origin of species, from the viewpoint of a zoologist.** [s.l.] Harvard University Press, 1999.

OLIVEIRA, C. A. T.; TOMAZ, C. A. Estudo sistemático do complexo taxonômico *Laetiporus sulphureus* (Bull.) Murrill (Polyporales, Basidiomycota) no Brasil. 30 jun. 2017.

ORTIZ-SANTANA, B. et al. A phylogenetic overview of the antrodia clade (Basidiomycota, Polyporales). **Mycologia**, v. 105, n. 6, p. 1391–1411, 20 nov. 2013.

OTA, Y. et al. The genus *Laetiporus* (Basidiomycota, Polyporales) in East Asia. **Mycological Research**, v. 113, n. 11, p. 1283–1300, 2009.

PIRES, R. M.; MOTATO-VÁSQUEZ, V.; DE MELLO GUGLIOTTA, A. A new species of *Laetiporus* (Basidiomycota) and occurrence of *L. gilbertsonii* Burds. in Brazil. **Nova Hedwigia**, v. 102, n. 3, p. 477–490, 1 maio 2016a.

PIRES, R. M.; MOTATO-VÁSQUEZ, V.; DE MELLO GUGLIOTTA, A. A new species of *Laetiporus* (Basidiomycota) and occurrence of *L. gilbertsonii* Burds. in Brazil. **Nova Hedwigia**, v. 102, n. 3, p. 477–490, 1 maio 2016b.

POSADA, D. jModelTest: Phylogenetic Model Averaging. **Molecular Biology and Evolution**, v. 25, n. 7, p. 1253–1256, 3 abr. 2008.

RAMBAUT, A. **FigTree 1.4**, 2007. Disponível em: <<http://tree.bio.ed.ac.uk/software/figtree/>>. Acesso em: 11 out. 2019

RAMBAUT, A. et al. Posterior Summarization in Bayesian Phylogenetics Using Tracer 1.7. **Systematic Biology**, v. 67, n. 5, p. 901–904, 1 set. 2018.

REHNER, S. A.; BUCKLEY, E. A *Beauveria* phylogeny inferred from nuclear ITS and EF1-alpha sequences: evidence for cryptic diversification and links to *Cordyceps* teleomorphs. **Mycologia**, v. 97, n. 1, p. 84–98, 2005.

REZENDE, C. L. et al. From hotspot to hopespot: An opportunity for the Brazilian Atlantic Forest. **Perspectives in Ecology and Conservation**, v. 16, n. 4, p. 208–214, 1 out. 2018.

RIDGWAY, R. **Color standards and color nomenclature.** 1. ed. Washington DC: Roger Ridgway, 1912.

RONQUIST, F. et al. MrBayes 3.2: efficient Bayesian phylogenetic inference and model choice across a large model space. **Systematic biology**, v. 61, n. 3, p. 539–42, maio

2012.

SANTORUM, J. M. et al. jmodeltest.org: selection of nucleotide substitution models on the cloud. **Bioinformatics (Oxford, England)**, v. 30, n. 9, p. 1310–1, 1 maio 2014.

SONG, J. et al. Morphological and molecular evidence for two new species of *Laetiporus* (Basidiomycota, Polyporales) from southwestern China. **Mycologia**, v. 106, n. 5, p. 1039–1050, 20 set. 2014.

SONG, J.; CUI, B.-K. Phylogeny, divergence time and historical biogeography of *Laetiporus* (Basidiomycota, Polyporales). **BMC Evolutionary Biology**, v. 17, n. 1, p. 102, 20 dez. 2017.

STAMATAKIS, A. **The RAxML v8.2.X Manual**. [s.l: s.n.]. Disponível em: <<http://sco.h-its.org/exelixis/web/software/raxml/index.html>>. Acesso em: 18 jul. 2019.

TABARELLI, M. et al. Prospects for biodiversity conservation in the Atlantic Forest: Lessons from aging human-modified landscapes. **Biological Conservation**, v. 143, n. 10, p. 2328–2340, 1 out. 2010.

TAMURA, K. et al. MEGA6: Molecular evolutionary genetics analysis version 6.0. **Molecular Biology and Evolution**, v. 30, n. 12, p. 2725–2729, 2013.

TEIXEIRA, A. **Método para estudo das hifas do basidiocarpo de fungos poliporáceos**. São Paulo: Instituto de Botânica, 1995.

TEIXEIRA, A. R. New combinations and new names in the Polyporaceae. **Revista Brasileira de Botânica**, v. 15, n. 2, p. 125–127, 1992.

UENO, A. et al. Studies on the Components of *Phaeolus schweinitzii* (FR.) PAT. **CHEMICAL & PHARMACEUTICAL BULLETIN**, v. 12, n. 3, p. 376–378, 25 mar. 1964.

VILGALYS, R.; HESTER, M. Rapid genetic identification and mapping of enzymatically amplified ribosomal DNA from several *Cryptococcus* species. **Journal of bacteriology**, v. 172, n. 8, p. 4238–46, ago. 1990.

WRIGHT, J. E. The Genus *Phaeotrametes*. **Mycologia**, v. 58, n. 4, p. 529, jul. 1966.

6 CONSIDERAÇÕES FINAIS

As novas coletas e revisões de espécimes realizadas neste trabalho ajudaram a melhor entender as relações entre táxons da família Laetiporaceae. Aumentamos o conhecimento sobre distribuição, classificação, assim como testamos o status de conservação de uma espécie rara. Realizamos revisões de nomenclatura e estamos propondo uma nova espécie e um novo gênero.

Em nossas análises descrevemos uma nova espécie para o gênero *Laetiporus* (*L. furciae*) e reforçamos as hipóteses sugeridas pelos trabalhos pioneiros sobre a filogenia molecular de espécimes dentro do gênero colaborando para identificar que realmente *L. sulphureus* é um taxon que esconde sob sua ampla morfologia muitas espécies preliminarmente consideradas crípticas.

No entanto, *L. furciae* demonstra que não apenas análises filogenéticas moleculares são importantes para a resolução do complexo, neste caso, a morfologia detalhada demonstrou ser resolutive para delimitação da espécie. O problema com o complexo taxonômico de *L. sulphureus* continua, mas a descrição dessa nova espécie evidencia que é possível nomear novas espécies de *Laetiporus* sob toda a variação que observamos entre os espécimes que acabam recebendo esse nome.

Entre as coletas que fizemos, também nos deparamos com espécimes identificados como *L. gilbertsonii*, encontrados decompondo *Eucalyptus* spp. Além das coletas nessas árvores exóticas, também encontramos a mesma espécie crescendo sobre árvores nativas (*Pleroma granulosa* (Desr.) D. Don), o que poderia corresponder a um salto de hospedeiro. Seria necessário um estudo mais extensivo para saber como isso ocorre e quais problemas podem estar envolvidos nesse processo.

As nossas análises indicam a necessidade de investigar os problemas taxonômicos dentro de *Laetiporus* s.s em diversas partes do mundo que ainda não tem uma pesquisa sistemática para o táxon, como na África e Oceania, e dessa forma organizar corretamente os rankings de classificação, evidenciando que a morfologia de *L. sulphureus* é a que corresponde ao senso estrito do gênero.

Além disso, uma maior cobertura de análises moleculares para *Laetiporus* s.s. possibilita levantar outras questões ainda mais profundas da área da Biologia porque, como já indica o trabalho de Cui & Song (2017), o gênero teria surgido recentemente na história

geológica do planeta e possivelmente estamos observando casos de especiação em diferentes partes do mundo com espécies se adaptando a novos hospedeiros e climas. Essa hipótese é ainda mais forte se consideramos que para *Laetiporus s.l.* o marcador molecular intragênico ITS, considerados como “barcode” para espécies, não é bom para distinguir os limites entre as espécies do gênero (LINDNER; BANIK, 2011c).

Outra novidade que trazemos nesse trabalho é a coleta de uma espécie rara e que até o momento se registrava apenas um basidioma coletado. Trata-se de *A. squalidus* que apresenta uma morfologia muito diferente de outras espécies do gênero *Laetiporus* (PIRES; MOTATO-VÁSQUEZ; DE MELLO GUGLIOTTA, 2016b). Com essa coleta foi possível rever dados morfológicos e moleculares que corroboram com a hipótese de que esse táxon deve ser considerado como um gênero a parte dentro de Laetiporaceae e por isso sugerimos uma nova combinação descrevendo o gênero *Atlantiporus* que reúne essas características.

Por causa da sua raridade, aproveitamos para analisar o status de conservação para a espécie utilizando os critérios e classificando segundo as regras da IUCN (DAHLBERG; MUELLER, 2011). A classificação obtida nos mostrou que *A. squalidus* é uma espécie vulnerável e que pode estar suscetível ao perigo de extinção com a diminuição da sua possível área de distribuição.

Outros espécimes que coletamos estão relacionados ao gênero recém descrito, *Kusaghiporia* (HUSSEIN; TIBUHWA; TIBELL, 2018). Não tratamos mais profundamente porque recebemos a informação de que o tratamento taxonômico desses espécimes ocorrentes na América do Sul já estava sendo feito e contribuímos mais uma vez com esse grupo de pesquisa (Gerardo Robledo, comunicação pessoal).

Dessa forma, reunindo a informação que trazemos nessa dissertação e os trabalhos a que estamos associados no momento, temos um retrato mais fiel sobre a diversidade em Laetiporaceae e uma relação mais próxima ao natural de suas espécies.

Os resultados obtidos neste trabalho nos mostram a importância da taxonomia e a necessidade de se priorizar esses trabalhos para aumentar o conhecimento sobre a diversidade de fungos no mundo. A defasagem existente entre o que realmente conhecemos e a diversidade estimada é muito grande (BLACKWELL, 2011) e o trabalho do taxonomista é necessário em grandes partes do mundo em que a Funga ainda é desconhecida como acontece no Brasil. Além disso, uma abordagem mais ampla que leve em consideração dados morfológicos, ecológicos e moleculares mostra-se essencial para um tratamento mais próximo da realidade quando o objetivo é acessar a diversidade de fungos.

Outro fator importante para os trabalhos com ênfase na Taxonomia é o acesso a dados que indicam o status de conservação de espécies de fungos. A reunião desses dados para uma classificação do status de conservação pode ser um bom meio de chamar atenção para a necessidade de se estudar esses organismos, assim como registrar ao longo do tempo como os fungos reagem às mudanças que ocorrem nos mais variados ambientes do planeta.

REFERÊNCIAS

AGAPOW, P.-M. et al. The impact of species concept on biodiversity studies. **The Quarterly review of biology**, v. 79, n. 2, p. 161–79, jun. 2004.

AMALFI, M.; DECOCK, C. *Fomitiporia castilloi* sp. nov. and multiple clades around *F. apiahyna* and *F. texana* in Meso- and South America evidenced by multiloci phylogenetic inferences. **Mycologia**, v. 105, n. 4, p. 873–887, 20 jul. 2013.

BANIK, M. T. et al. A new species of *Laetiporus* (Basidiomycota, Polyporales) from the Caribbean basin. **Tomo Kurtziana**, v. 37, n. 371, p. 15–21, 2012.

BANIK, M. T.; BURDSALL, H. H.; VOLK, T. J. Identification of groups within *Laetiporus sulphureus* in the United States based on RFLP analysis of the nuclear ribosomal DNA. v. 33, p. 9–14, 1998a.

BANIK, M. T.; BURDSALL, H. H.; VOLK, T. J. Identification of groups within *Laetiporus sulphureus* in the United States based on RFLP analysis of the nuclear ribosomal DNA. **Folia cryptog. Estonica**, v. 33, p. 9–14, 1998b.

BINDER, M. et al. Phylogenetic and phylogenomic overview of the Polyporales. **Mycologia**, v. 105, n. 6, p. 1350–1373, 20 nov. 2013.

BLACKWELL, M. The fungi: 1, 2, 3 ... 5.1 million species? **American Journal of Botany**, v. 98, n. 3, p. 426–438, 1 mar. 2011.

BORCHSENIUS, F. **FastGap 1.2** Denmark University Aarhus, , 2009. Disponível em: <https://www.aubot.dk/FastGap_home.htm>. Acesso em: 11 out. 2019

CUBETA, M. A. Characterization of Anastomosis Groups of Binucleate *Rhizoctonia* Species Using Restriction Analysis of an Amplified Ribosomal RNA Gene. **Phytopathology**, v. 81, n. 11, p. 1395, 1991.

DA ROCHA, L. G. M.; DRUMMOND, J. A.; GANEM, R. S. Parques nacionais brasileiros: Problemas fundiários e alternativas para a sua resolução. **Revista de Sociologia e Política**, v. 18, n. 36, p. 205–226, jun. 2010.

DAHLBERG, A.; MUELLER, G. M. Applying IUCN red-listing criteria for assessing and reporting on the conservation status of fungal species. **Fungal Ecology**, v. 4, n. 2, p. 147–162, abr. 2011.

DE QUEIROZ, K. Species Concepts and Species Delimitation. **Systematic Biology**, v. 56, n. 6, p. 879–886, 1 dez. 2007.

DENTINGER, B. T. M.; MARGARITescu, S.; MONCALVO, J. M. Rapid and

reliable high-throughput methods of DNA extraction for use in barcoding and molecular systematics of mushrooms. **Molecular Ecology Resources**, v. 10, n. 4, p. 628–633, 2010.

DOYLE, J. DNA Protocols for Plants. In: **Molecular Techniques in Taxonomy**. Berlin, Heidelberg: Springer Berlin Heidelberg, 1991. p. 283–293.

DOYLE, J. J.; DOYLE, J. L. A rapid total DNA preparation procedure for fresh plant tissue. v. 12, p. 13–15, 1990.

DRUMMOND, A. J. et al. Bayesian phylogenetics with BEAUti and the BEAST 1.7. **Molecular biology and evolution**, v. 29, n. 8, p. 1969–73, ago. 2012.

EDGAR, R. C. MUSCLE: multiple sequence alignment with high accuracy and high throughput. **Nucleic Acids Research**, v. 32, n. 5, p. 1792–1797, 8 mar. 2004.

FIDALGO, O.; FIDALGO, M. E. P. K. Polyporaceae from Trinidad and Tobago. II. **Mycologia**, v. 59, n. 5, p. 833, set. 1967.

FIŠER, C.; ROBINSON, C. T.; MALARD, F. Cryptic species as a window into the paradigm shift of the species concept. **Molecular Ecology**, v. 27, n. 3, p. 613–635, 1 fev. 2018.

FOSTER, P. **The potential negative impacts of global climate change on tropical montane cloud forests** *Earth-Science Reviews*. [s.l: s.n.]. Disponível em: <www.elsevier.com/locate/earscrev>. Acesso em: 19 out. 2020.

GILBERTSON, R. L. North American wood-rotting fungi that cause brown rots. **Mycotaxon**, v. 12, n. 2, p. 372–416, 1981.

GÓES-NETO, A.; LOGUERCIO-LEITE, C.; GUERRERO, R. T. DNA extraction from frozen fieldcollected and dehydrated herbarium fungal basidiomata: performance of SDS and CTAB-based methods. **Biotemas**, v. 18, n. 2, p. 19–32, 1 jan. 2005.

HALL, F. R. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis for Windows 95/98/NT. p. 96–116, 16 jul. 1999.

HAN, J.-J. et al. Phaeolschidins A–E, Five Hispidin Derivatives with Antioxidant Activity from the Fruiting Body of *Phaeolus schweinitzii* Collected in the Tibetan Plateau. **Journal of Natural Products**, v. 76, n. 8, p. 1448–1453, 23 ago. 2013.

HAN, M.-L. et al. Taxonomy and phylogeny of the brown-rot fungi: *Fomitopsis* and its related genera. **Fungal Diversity**, v. 80, n. 1, p. 343–373, set. 2016.

HUGENHOLTZ, P.; PACE, N. Identifying microbial diversity in the natural environment: A molecular phylogenetic approach. **Trends in Biotechnology**, v. 14, n. 6, p.

190–197, jun. 1996.

HUSSEIN, J. M.; TIBUHWA, D.; TIBELL, S. Phylogenetic position and taxonomy of *Kusaghiporia usambarensis* gen. et sp. nov. (Polyporales) Phylogenetic position and taxonomy of *Kusaghiporia usambarensis* gen. et sp. nov. (Polyporales). **Mycology**, 2018.

JARDIM BOTÂNICO DO RIO DE JANEIRO. **Flora do Brasil 2020**. Disponível em: <<http://floradobrasil.jbrj.gov.br/reflora/listaBrasil/PrincipalUC/PrincipalUC.do#CondicaoTaxonCP>>. Acesso em: 31 dez. 2017.

JÜLICH, W. **Higher taxa of Basidiomycetes**. [s.l.] J. Cramer, 1981.

JUSTO, A. et al. A revised family-level classification of the Polyporales (Basidiomycota). **Fungal Biology**, v. 121, n. 9, p. 798–824, set. 2017.

KATOH, K.; STANDLEY, D. M. MAFFT multiple sequence alignment software version 7: Improvements in performance and usability. **Molecular Biology and Evolution**, v. 30, n. 4, p. 772–780, 2013.

KOUT, J. et al. *Laetiporus lobatus* (Basidiomycota, Polyporales), a new fungal species from Costa Rica. **Phytotaxa**, v. 408, n. 3, p. 208–214, 1 jul. 2019.

LINDNER, D. L.; BANIK, M. T. Molecular phylogeny of *Laetiporus* and other brown rot polypore genera in North America. **Mycologia**, v. 100, n. 3, p. 417–430, 2008a.

LINDNER, D. L.; BANIK, M. T. Molecular phylogeny of *Laetiporus* and other brown rot polypore genera in North America. **Mycologia**, v. 00, n. 3, p. 417–430, 2008b.

LINDNER, D. L.; BANIK, M. T. Intragenomic variation in the ITS rDNA region obscures phylogenetic relationships and inflates estimates of operational taxonomic units in genus *Laetiporus*. **Mycologia**, v. 103, n. 4, p. 731–740, 2011a.

LINDNER, D. L.; BANIK, M. T. Intragenomic variation in the ITS rDNA region obscures phylogenetic relationships and inflates estimates of operational taxonomic units in genus *Laetiporus*. **Mycologia**, v. 103, n. 4, p. 731–740, 20 jul. 2011b.

LINDNER, D. L.; BANIK, M. T. Intragenomic variation in the ITS rDNA region obscures phylogenetic relationships and inflates estimates of operational taxonomic units in genus *Laetiporus*. **Mycologia**, v. 103, n. 4, p. 731–740, 20 jul. 2011c.

LODGE, D. J. et al. Collecting and describing macrofungi. **Biodiversity of fungi: inventory and monitoring methods**. Amsterdam : Elsevier Academic Press, 2004: Pages 128-158., 2004.

MAYR, E. **Systematics and the origin of species, from the viewpoint of a zoologist**. [s.l.] Harvard University Press, 1999.

OLIVEIRA, C. A. T.; TOMAZ, C. A. Estudo sistemático do complexo taxonômico *Laetiporus sulphureus* (Bull.) Murrill (Polyporales, Basidiomycota) no Brasil. 30 jun. 2017.

ORTIZ-SANTANA, B. et al. A phylogenetic overview of the antrodia clade (Basidiomycota, Polyporales). **Mycologia**, v. 105, n. 6, p. 1391–1411, 20 nov. 2013.

OTA, Y. et al. The genus *Laetiporus* (Basidiomycota, Polyporales) in East Asia. **Mycological Research**, v. 113, n. 11, p. 1283–1300, 2009.

PIRES, R. M.; MOTATO-VÁSQUEZ, V.; DE MELLO GUGLIOTTA, A. A new species of *Laetiporus* (Basidiomycota) and occurrence of *L. gilbertsonii* Burds. in Brazil. **Nova Hedwigia**, v. 102, n. 3, p. 477–490, 1 maio 2016a.

PIRES, R. M.; MOTATO-VÁSQUEZ, V.; DE MELLO GUGLIOTTA, A. A new species of *Laetiporus* (Basidiomycota) and occurrence of *L. gilbertsonii* Burds. in Brazil. **Nova Hedwigia**, v. 102, n. 3, p. 477–490, 1 maio 2016b.

POSADA, D. jModelTest: Phylogenetic Model Averaging. **Molecular Biology and Evolution**, v. 25, n. 7, p. 1253–1256, 3 abr. 2008.

RAMBAUT, A. **FigTree 1.4**, 2007. Disponível em: <<http://tree.bio.ed.ac.uk/software/figtree/>>. Acesso em: 11 out. 2019

RAMBAUT, A. et al. Posterior Summarization in Bayesian Phylogenetics Using Tracer 1.7. **Systematic Biology**, v. 67, n. 5, p. 901–904, 1 set. 2018.

REHNER, S. A.; BUCKLEY, E. A *Beauveria* phylogeny inferred from nuclear ITS and EF1-alpha sequences: evidence for cryptic diversification and links to *Cordyceps* teleomorphs. **Mycologia**, v. 97, n. 1, p. 84–98, 2005.

REZENDE, C. L. et al. From hotspot to hopespot: An opportunity for the Brazilian Atlantic Forest. **Perspectives in Ecology and Conservation**, v. 16, n. 4, p. 208–214, 1 out. 2018.

RIDGWAY, R. **Color standards and color nomenclature**. 1. ed. Washington DC: Roger Ridgway, 1912.

RONQUIST, F. et al. MrBayes 3.2: efficient Bayesian phylogenetic inference and model choice across a large model space. **Systematic biology**, v. 61, n. 3, p. 539–42, maio 2012.

SANTORUM, J. M. et al. jmodeltest.org: selection of nucleotide substitution models on the cloud. **Bioinformatics (Oxford, England)**, v. 30, n. 9, p. 1310–1, 1 maio 2014.

SONG, J. et al. Morphological and molecular evidence for two new species of *Laetiporus* (Basidiomycota, Polyporales) from southwestern China. **Mycologia**, v. 106, n. 5, p. 1039–1050, 20 set. 2014.

SONG, J.; CUI, B.-K. Phylogeny, divergence time and historical biogeography of *Laetiporus* (Basidiomycota, Polyporales). **BMC Evolutionary Biology**, v. 17, n. 1, p. 102, 20 dez. 2017.

STAMATAKIS, A. **The RAxML v8.2.X Manual**. [s.l: s.n.]. Disponível em: <<http://sco.h-its.org/exelixis/web/software/raxml/index.html>>. Acesso em: 18 jul. 2019.

TABARELLI, M. et al. Prospects for biodiversity conservation in the Atlantic Forest: Lessons from aging human-modified landscapes. **Biological Conservation**, v. 143, n. 10, p. 2328–2340, 1 out. 2010.

TAMURA, K. et al. MEGA6: Molecular evolutionary genetics analysis version 6.0. **Molecular Biology and Evolution**, v. 30, n. 12, p. 2725–2729, 2013.

TEIXEIRA, A. **Método para estudo das hifas do basidiocarpo de fungos poliporáceos**. São Paulo: Instituto de Botânica, 1995.

TEIXEIRA, A. R. New combinations and new names in the Polyporaceae. **Revista Brasileira de Botânica**, v. 15, n. 2, p. 125–127, 1992.

UENO, A. et al. Studies on the Components of *Phaeolus schweinitzii* (FR.) PAT. **CHEMICAL & PHARMACEUTICAL BULLETIN**, v. 12, n. 3, p. 376–378, 25 mar. 1964.

VILGALYS, R.; HESTER, M. Rapid genetic identification and mapping of enzymatically amplified ribosomal DNA from several *Cryptococcus* species. **Journal of bacteriology**, v. 172, n. 8, p. 4238–46, ago. 1990.

WRIGHT, J. E. The Genus *Phaeotrametes*. **Mycologia**, v. 58, n. 4, p. 529, jul. 1966.

APÊNDICE A – Tabelas

Tabela 2. Discriminação dos espécimes investigados quanto a morfologia, ecologia e distribuição.

Morfotipo	Hospedeiro	Espécime	Localidade	Tamanho esporos (em μm)
<i>L. gilbertsonii</i>	<i>Eucalyptus</i> spp.	DS575	Florianópolis/SC	4,2x6,0
		CS523	Santa Teresa/ES	4,0x6,0
		MAN647	Florianópolis/SC	3,8x6,5
		CATO155A	Florianópolis/SC	4,3x6,0
		CATO230	Florianópolis/SC	4,5x6,2
		CATO133	Florianópolis/SC	3,5x5,5
		CATO224	Florianópolis/SC	4,0x6,0
		CATO81	Florianópolis/SC	4,5x6,2
		CATO263	Florianópolis/SC	3,8x6,0
		CATO156	Florianópolis/SC	4,3x6,0
		CATO232	Florianópolis/SC	4,5x7,0
		CATO182	Florianópolis/SC	3,3x5,0
		CATO157	Florianópolis/SC	3,2x5,0
		FLOR11772	Florianópolis/SC	4,0x6,0
		ICN6578	Porto Alegre/RS	4,2x6,5
		SP307884	Curitiba/PR	3,6x5,4
		SP250696	S. Paulo/SP	3,8x6,2
	SP307821	S. Paulo/SP	4,2x6,6	
	<i>Pleuroma granulosa</i>	CATO268	Florianópolis/SC	3,5x6,0
		CATO229	S. Paulo/SP	3,8x6,2
		FTORRES001	Blumenau/SC	3,5x6,2
		MPD325	S. Paulo/SP	3,5x6,0
	<i>Mimosa</i> sp.	TKC364	Florianópolis/SC	3,8x6,2
	Sem identificação	CS563	Florianópolis/SC	4,0x7,0
		PACA85521	Cachoeirinha/RS	3,6x5,8
		PACA113980	São Leopoldo/RS	3,4x6,0
		PACA111981	Sapiranga/RS	3,2x5,9
		FLOR11800	Florianópolis/Sc	3,6x6,0
		FLOR52949	Clevelândia/PR	3,8x6,5
		HURB9802	Gandu/BA	4,2x6,8
FLOR10262		Florianópolis/SC	3,9x6,7	
<i>Laetiporus</i> sp.	<i>Paulownia tomentosa</i>	ARZE & FURCII	Santiago/Chile	3,8x6,5
<i>L. squalidus</i>	<i>Schinus engleri</i>	CATO267	Urubici/SC	4,5x5,6
	Sem identificação	SP466047	São Luiz do Paraitinga/SP	5,1x6,8
<i>K. cf. usambarensis</i>	<i>Delonix regia</i>	CATO270	Florianópolis/SC	7,0x7,0

	<i>Vernonanthura discolor</i>	DS1354	Itaiópolis/SC	7,2x8,0
	<i>Luetzelburgia guaissara</i>	DS1291	Aurora/SC	6,8x7,2
	<i>Joanesia princeps</i>	CATO196	Maridá de Minas/MG	7,6 x8,0
		FURB47339	Blumenau/SC	6,4x6,4
		CATO215	Seropédica/RJ	6,8x7,1
		CATO202	Serra/ES	6,9x7,3
		CATO200	Sto. Amaro da Imperatriz/SC	7,0x8,0
		CATO262	Blumenau/SC	6,8x7,8
		DS1290	Laurentino/SC	7,2x8,0
		URM84274	Recife/PE	6,2x6,5
		URM79688	Melgaço/PA	6,4x6,8