



T.C.  
NİĞDE ÖMER HALİSDEMİR ÜNİVERSİTESİ  
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ  
BİTKİSEL ÜRETİM VE TEKNOLOJİLERİ ANABİLİM DALI

ÜZÜMSÜ MEYVELERDE HASTALIĞA SEBEP OLAN BAZI  
FUNGUSLARIN MOLEKÜLER TEŞHİSİ

GÖZDEM PAMUKCU

AĞUSTOS 2019



T.C.  
NİĞDE ÖMER HALİSDEMİR ÜNİVERSİTESİ  
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ  
BİTKİSEL ÜRETİM VE TEKNOLOJİLERİ ANABİLİM DALI

ÜZÜMSÜ MEYVELERDE HASTALIĞA SEBEP OLAN BAZI FUNGUSLARIN  
MOLEKÜLER TEŞHİSİ

GÖZDEM PAMUKCU

Yüksek Lisans Tezi

Danışman

Prof. Dr. Çiğdem ULUBAŞ SERÇE

AĞUSTOS 2019

Gözdem PAMUKCU tarafından Prof. Dr. Çiğdem ULUBAŞ SERÇE danışmanlığında hazırlanan “Üzümsü Meyvelerde Hastalığa Sebep Olan Bazı Fungusların Moleküler Teşhisi” adlı bu çalışma jürimiz tarafından Niğde Ömer Halisdemir Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Bitkisel Üretim ve Teknolojileri Ana Bilim Dalı’nda Yüksek Lisans tezi olarak kabul edilmiştir.



Başkan :Prof. Dr. Çiğdem ULUBAŞ SERÇE, Niğde Ömer Halisdemir Üniversitesi



Üye : Prof. Dr. Şibel DERVİŞ, Mardin Artuklu Üniversitesi



Üye : Prof. Dr. Sedat SERÇE, Niğde Ömer Halisdemir Üniversitesi

**ONAY:**

Bu tez, Fen Bilimleri Enstitüsü Yönetim Kurulunca belirlenmiş olan yukarıdaki jüri üyeleri tarafından ....../....../20.... tarihinde uygun görülmüş ve Enstitü Yönetim Kurulu’nun ....../....../20.... tarih ve ..... sayılı kararıyla kabul edilmiştir.

...../...../20...

**Doç. Dr. Murat BARUT**  
**MÜDÜR**

## **TEZ BİLDİRİMİ**

Tez içindeki bütün bilgilerin bilimsel ve akademik kurallar çerçevesinde elde edilerek sunulduğunu, ayrıca tez yazım kurallarına uygun olarak hazırlanan bu çalışmada bana ait olmayan her türlü ifade ve bilginin kaynağına eksiksiz atıf yapıldığını bildiririm.

Gözdem PAMUKCU

## ÖZET

### ÜZÜMSÜ MEYVELERDE HASTALIĞA SEBEP OLAN BAZI FUNGUSLARIN MOLEKÜLER TEŞHİSİ

PAMUKCU, Gözdem

Niğde Ömer Halisdemir Üniversitesi

Fen Bilimleri Enstitüsü

Bitkisel Üretim ve Teknolojileri Anabilim Dalı

Danışman : Prof. Dr. Çiğdem ULUBAŞ SERÇE

Ağustos 2019, 64 sayfa

Üzüksü meyve yetiştiriciliğinin önemli sorunlarından birisi de fungal hastalıklardır. Fungus hastalıklarından dolayı üzüksü meyvelerde önemli verim kayıpları yaşanmaktadır. Bu çalışmada, Doğu Karadeniz Bölgesi ve Kahramanmaraş ilindeki yabani üzüksü meyve bitkileri (çilek, ahududu, böğürtlen, maviyemiş, mürver) ve Akdeniz Bölgesi çilek yetiştiriciliği yapılan alanlardan toplanan çilek bitkileri ile PCR ve DNA dizi analizleri gibi moleküler tanı teknikleri kullanılarak fungal türler belirlenmiştir. Funguslar, PDA besi ortamında geliştirildikten sonra DNA'ları izole edilmiştir. Multi-lokus sekans tiplendirme yöntemi ile ITS ve LSU gen bölgeleri PCR ile çoğaltılmış ve elde edilen DNA dizilerinden fungal türler tespit edilmiştir. BLAST analizlerine göre, izole edilen fungusların *Boeremia exigua*, *Colletotrichum gloeosporioides*, *Epicoccum nigrum*, *Didymella glomerata*, *Preussia minima*, *Peyronellaea prosopidis*, *Fusarium sambucinum*, *Pestalotiopsis sp*, *Chaetomium fimeti*, *Gnomoniopsis idaeicola*, *Hypoxyton perforatum*, *Diplodia seriata*, *Fusarium solani* ve *Fusarium equiseti* türleri oldukları tespit edilmiştir. Bu çalışmanın bitki fungal hastalıklarla mücadele yöntemlerine katkı sağlayacağı düşünülmektedir.

*Anahtar Sözcükler:* Çilek, ahududu, böğürtlen, maviyemiş, mürver, fungus, MLST, Dizi analizi

## SUMMARY

### MOLECULAR DIAGNOSIS OF SEVERAL FUNGI CAUSING DISEASE IN BERRY FRUITS

PAMUKCU, Gözdem  
Niğde Ömer Halisdemir University  
Graduate School of Natural and Applied Sciences  
Department of Plant Production and Technologies

Supervisor : Prof. Dr. Çiğdem ULUBAŞ SERÇE

August 2019, 64 pages

One of the most important problems of berry fruit growing is fungal diseases. Due to the fungal diseases, significant yield losses are experienced in these fruits. In this study, fungal species were determined by using molecular diagnostic techniques such as PCR and DNA sequence analysis with berry fruit plants collected from growing areas in the Eastern Black Sea Region (wild raspberry, blackberry, blueberry, strawberry, and elderberry) and strawberry cultivation areas in the Mediterranean Region. Fungi were cultured on PDA media and then DNA's were extracted from cultures. Multi locus seauence typing (MLST) was done by using ITS and LSU gene regions and the PCR products were sequenced. Based on the BLAST analysis, those fungi were identified as *Boeremia exigua*, *Colletotrichum gloeosporioides*, *Epicoccum nigrum*, *Didymella glomerata*, *Preussia minima*, *Peyronellaea prosopidis*, *Fusarium sambucinum*, *Pestalotiopsis sp*, *Chaetomium fimeti*, *Gnomoniopsis idaeicola*, *Hypoxyton perforatum*, *Diplodia seriata*, *Fusarium solani* and *Fusarium equiseti*. This study is thought to contribute to the methods of managing plant fungal diseases.

*Keywords:* Strawberry, blueberry, raspberry, blackberry, elderberry, fungi, MLST, sequencing

## ÖN SÖZ

Çalışmamın tez konusunun belirlenmesinde bana yardımcı olup öneri ve destekleri ile tezime katkı sağlayan danışman hocam Sayın Prof. Dr. Çiğdem ULUBAŞ SERÇE'ye en içten saygı ve teşekkürlerimi sunarım.

Ayrıca tezimin moleküler kısmında benden yardımlarını esirgemeyen ablam Dr. Öğr. Üyesi Eminur ELÇİ'ye, değerli laboratuvar arkadaşım Quratul Ain Sajid'e ve bu süreçte manevi desteklerini esirgemeyen her zaman ve her konuda beni destekleyen annem Delal BARUTÇU'ya ve eşim Anıl PAMUKCU'ya teşekkürlerimi sunarım.



## İÇİNDEKİLER

|  |     |
|--|-----|
| ÖZET .....   | iv  |
| SUMMARY .....  | v   |
| ÖN SÖZ .....   | vi  |
| İÇİNDEKİLER .....  | vii |
| ÇİZELGELER DİZİNİ .....  | ix  |
| ŞEKİLLER DİZİNİ .....  | x   |
| SİMGE VE KISALTMALAR .....   | xi  |
| BÖLÜM I GİRİŞ .....  | 1   |
| BÖLÜM II GENEL BİLGİLER .....  | 3   |
| 2.1 Üzüksü Meyvelerin Önemi .....  | 3   |
| 2.1.1 Çilek ( <i>Fragaria</i> sp.- Strawberry).....                                | 3   |
| 2.1.2 Ahududu ( <i>Rubus idaeus</i> -Raspberry).....                               | 4   |
| 2.1.3 Böğürtlen ( <i>Rubus fruticosus</i> - Blackberry) .....                      | 4   |
| 2.1.4 Mürver ( <i>Sambucus</i> sp.- Elderberry) .....                              | 5   |
| 2.1.5 Maviyemiş ( <i>Vaccinium myrtillus</i> -Blueberry).....                      | 5   |
| 2.2 Fungus Hastalıklarının Önemi .....   | 5   |
| 2.2.1 Toprak üstü hastalıklar .....  | 6   |
| 2.2.2 Toprak kökenli hastalıklar .....   | 8   |
| 2.2.3 Üzüksü meyvelerde hastalıklara karşı öneri ve mücadele yöntemleri .....      | 10  |
| 2.3 Üzüksü Meyvelerde Fungus Hastalıkları ile İlgili Uluslararası Çalışmalar ..... | 11  |
| 2.3.1 Çilek.....   | 11  |
| 2.3.2 Ahududu ve böğürtlen .....   | 12  |
| 2.3.3 Maviyemiş .....  | 15  |
| 2.3.4 Mürver .....   | 18  |
| 2.4 Üzüksü Meyvelerde Fungus Hastalıkları ile ilgili Ulusal Çalışmalar .....       | 18  |
| 2.4.1 Çilek.....   | 18  |
| 2.4.2 Ahududu ve böğürtlen .....   | 22  |
| 2.4.3 Maviyemiş .....  | 23  |
| 2.4.4 Mürver .....   | 23  |
| BÖLÜM III MATERYAL VE METOD .....  | 24  |

|   |    |
|---|----|
| 3.1 Materyal .....                                      | 24 |
| 3.1.1 Bitki materyali .....                             | 24 |
| 3.2 Metot .....   | 25 |
| 3.2.1 Fungusların aktifleştirilmesi .....               | 25 |
| 3.2.2 Funguslardan DNA ekstraksiyonu .....              | 25 |
| 3.2.3 Multi locus sequence typing (MLST) .....          | 25 |
| BÖLÜM IV BULGULAR VE TARTIŞMA .....                     | 28 |
| 4.1 Aktifleştirilen Fungus Kültür ve Preparatları ..... | 28 |
| 4.2 Multi Lokus Sequence Typing Analizleri .....        | 30 |
| 4.3 Nükleotid Analizleri .....                          | 31 |
| BÖLÜM V SONUÇLAR .....                                  | 37 |
| KAYNAKLAR .....   | 39 |
| EKLER .....   | 46 |
| ÖZ GEÇMİŞ .....   | 64 |

## ÇİZELGELER DİZİNİ

|  |    |
|--|----|
| Çizelge 3.1. Çalışmada kullanılan primer bilgileri .....         | 26 |
| Çizelge 3.2. PCR reaksiyon karışımı .....                        | 26 |
| Çizelge 4.1. Moleküler analizler sonucu elde edilen veriler..... | 35 |



## ŞEKİLLER DİZİNİ

|   |    |
|---|----|
| Şekil 3.1. Çalışma kapsamında araştırılan üzüksü meyvelerden kültür çileği örneği .....   | 24 |
| Şekil 4.1. Potato Dekstroz Agar besiyerinde gelişen fungusların morfolojik görünümü ..  | 29 |
| Şekil 4.2. Akdeniz Bölgesinden izole edilen 159 no'lu örneğin fungal sporlarının mikroskopik görünümü .....   | 30 |
| Şekil 4.3. Funguslardan izole edilen DNA'ların spektrofotometrik analiz sonucu .....  | 30 |
| Şekil 4.4. Funguslardan izole edilen DNA'ların kullanılması ile yapılan PCR analiz sonuçları. A ve B) ITS ve LSU primer çifti kullanılarak yapılan tarama, C) ITS ve LSU primer çifti kullanılarak yapılan tekrar tarama (Örnek sırası:5, 7, 13, 17, 24 ve LSU 6, 7, 13, 15, 17, 24, 27,W.) ..... | 31 |

## SİMGE VE KISALTMALAR

| <b>Simgeler</b>    | <b>Açıklama</b>             |
|--------------------|-----------------------------|
| °C                 | Santigrat derece            |
| Mm                 | Milimetre                   |
| Ha                 | Hektar                      |
| Kg                 | Kilogram                    |
| µl                 | Mikrolitre                  |
| %                  | Yüzde                       |
| Nm                 | Nanometre                   |
| Da                 | Dekar                       |
| <b>Kısaltmalar</b> | <b>Açıklama</b>             |
| dNTP               | Deoksi Nükleotid Trifosfat  |
| DNA                | Deoksiribonükleik asit      |
| PCR                | Polimeraz Zincir Reaksiyonu |
| sp.                | Tür (Species)               |
| spp.               | Türleri                     |
| bp                 | Baz çifti                   |
| kDA                | Kilodalton                  |
| EtBr               | Etidyum Bromür              |

# BÖLÜM I

## GİRİŞ

Üzüksü meyveler her yıl ürün vermeleri, tarımsal işletmelerde tamamlayıcı bitki olma özellikleri ile kadın ve çocukların iş gücünü değerlendirmeleri bakımından avantajlıdır (Ağaoğlu, 1986). Çilek bitkisi yıllardır birçok alanda tüketilmekte olup ahududu ve böğürtlen yurdumuzda özellikle son yıllarda ticari amaçla yetiştirilmektedir. Maviyemiş ve mürver bitkileri ise özellikle yüksek antioksidan değerleri ile tıbbi olarak kullanımını yaygınlaşmaktadır. Gerek sofralık gerekse sanayiye uygun olan bu bitkilerin meyvelerinin üretilmesi büyük önem kazanmıştır.

Fungus hastalıkları birçok bitkide hastalığa neden olduğu gibi üzüksü meyvelerde de hastalığa yol açmaktadırlar. Fungal hastalıklar başlıca, kök ile kök boğazını hastalandıran toprak kaynaklı hastalıklar ve meyve, yaprak gibi kısımları hastalandıran toprak üstü hastalıklar olarak iki kısımda incelenmektedirler.

Fungal hastalıkların geleneksel olarak tanısı belirtilmeleri, izolasyonları, laboratuvar ortamında kültürünün yapılması ve morfolojik olarak teşhisinin yapılması aşamalarını içerir. Bu yöntemlerin doğruluğu ve kullanılabilirliği tamamen teşhisi yapan kişinin deneyimi ve yeteneklerine bağlıdır. Bazı fungusların kültüre alınması uzun zaman gerektirir ve bazen hızlı sonuç gerektiğinde sorun yaratmaktadır. Günümüzde hızla artan bir şekilde fungus teşhisinde immünolojik, DNA/RNA probu teknolojisi ve polimeraz zincir reaksiyonu (PCR) ile nükleik asitlerin çoğaltılması gibi yöntemler kullanılmaktadır. Bu teknikler geleneksel yöntemlere göre daha doğru ve hızlı sonuçlar verebilmekte olup bitki patolojisi konusunda kişisel deneyimli personel ihtiyacını azaltmaktadır.

Moleküler teşhiste, fungusların nükleik asitlerinin PCR ile çoğaltılması geleneksel yöntemlere göre daha avantajlı olmasının nedeni yöntemin tamamen patojene özgü bir yöntem olmasıdır. Bu yöntem, fungal türler ve türler içindeki ırklar arasında ayırım yapabilmekte olup çok hassas bir yöntemdir. Kısıtlı konsantrasyonlardaki patojeni dahi belirleyebilmektedirler (örneğin tek bir fungal spor). Bu durum özellikle belirtiler ortaya çıkmadan erken teşhis olanağı sağlamaktadır. Örneğin, optimize edilmiş bir sistemde analiz, 1-2 gün içinde sonuçlanabilmektedir.

Bitki hastalıkları ile mücadelede moleküler teşhis yöntemlerinin kullanılması gitgide yaygınlaşmakta olup önem kazanmaktadır. Hastalıkla mücadelede erken dönemde ve doğru teşhis önemli bir adımdır. Bu nedenle, üzüksü meyvelerde enfeksiyon yapan fungusların teşhisinde moleküler yöntemlerin kullanılması hedeflenmiştir.

Bu çalışmanın amacı, Akdeniz ve Karadeniz bölgelerindeki üzüksü meyvelerdeki fungal etmenlerin moleküler yöntemlerle teşhisinin yapılmasıdır. Böylece, bölgedeki fungus ile mücadele çalışmalarına katkı sağlanacağı düşünülmektedir.



## BÖLÜM II

### GENEL BİLGİLER

#### 2.1 Üzümsü Meyvelerin Önemi

Bahçe bitkileri terimi olarak üzümsü meyveler "yarı çalimsı veya çalimsı bitkilere sahip, yumuşak etli, sulu ve çoğu kez küçük, yenebilen meyveleri olan bitkiler" olarak tarif edilmektedir.

Üzümsü meyvelerin gıda sanayinde taze veya dondurularak kullanımının ve özellikle süt ürünleri endüstrisi, dondurma üreticileri, pasta üreticileri ve şekerleme açısından öneminin artması nedeniyle; üzümsü meyveler taze, püre edilmiş, pekmez, reçel, meyve suyu veya şurup olarak tüketilmektedir.

##### 2.1.1 Çilek (*Fragaria sp.*- Strawberry)

Üzümsü meyveler içerisinde en fazla ve yaygın yetiştiriciliği yapılan tür çilektir. Bunun nedeni yetiştiriciliğinin oldukça eskiye dayanmasının yanı sıra tüm dünyada büyük küçük herkes tarafından sevilerek tüketilmesidir. Çilek dünyanın birçok yerinde yetiştirilebilmektedir (Bildik, 2017). Çilek bitkisine günden güne artan talebin en büyük nedeni, çileğin değişik iklim ve toprak koşullarında ekonomik olarak yetiştirilebilmesidir. Bunun yanında yatırımların ilk yıldan geri dönmesi nedeni ile küçük aile işletmeciliğine de uygundur. Çilek yetiştiriciliği ülkemizde fide üretim merkezlerinden satın alınan fidelerle veya üreticinin kendi imkânları ile mevcut çileklerinden elde ettiği fidelerle kurulan bahçelerde yapılmaktadır. Bunun yanında çilek yetiştiriciliğinde birim alandan elde edilen kazanç öteki ürünlere göre daha yüksektir (Türemiş vd., 2000). Ülkemizde 1990'da 53.800 dekar alandan 51.000 tonluk bir üretim yapılmışken 2014 yılında 134.234 dekar alandan 376.070 tonluk bir üretim elde edilmiş olup 2018 yılında 161.021 dekar alandan 440.968 tonluk bir üretim elde edilmiştir.



### **2.1.2 Ahududu (*Rubus idaeus*-Raspberry)**

Ülkemizde ahududu türlerinin üretimi ticari kazanç sağlayacak kadar çok değildir, 1980'li yıllarda Bursa'da yaygınlaşmaya başlamıştır. Dünya'da ise ticari ahududu üretiminde Rusya, Almanya, Macaristan ve Polonya ilk sıralarda yer almaktadır.

Meyve özellikleri yönünden üzüksü meyveler grubunda yer alan ahududu, dünyada ılıman iklim bölgelerinde, subtropik iklim ve kutup iklim sınırlarına kadar yayılma alanı nedeniyle geniş alanlarda yetiştirilmektedir. Ülkemizde ahududu yetiştirilen alanlardan biridir. Ahududunun Kuzey Anadolu'nun 1000 m'nin üzerinde hava oransal neminin sağlandığı yerlerde yoğun olarak yetiştiriciliğinin yapıldığı bilinmektedir.

Karadeniz bölgesi üzüksü meyvelerin doğal yetişme alanlarından biridir. Dolayısıyla ahududular bu bölge ekolojisine uygun üzüksü meyvelerden biridir.2018 yılı istatistiklerine göre ülkemiz genelinde 6.769 da alanda yaklaşık 5.875 ton ahududu üretimi yapılmaktadır.

### **2.1.3 Böğürtlen (*Rubus fruticosus*- Blackberry)**

Böğürtlenlerin yabanileri ülkemizde çok eskiden beri bilinmekte ve halk tarafından meyveleri toplanarak tüketilmektedir (Hartman, 2009). Yabani böğürtlenlerin birçok türü dünyanın özellikle kuzey yarımküresinin ılıman iklimli bölgelerinde ve tropik bölgelerin yüksek kesimlerinde doğal olarak yetişmektedir. Avrupa böğürtlenlerinin günümüzdeki çeşitlerin gelişmesinde de yabani böğürtlenlerin önemli rolleri vardır.

Üzüksü meyveler grubunda meyve özellikleri bakımından böğürtlen de yer almaktadır. Dünyada geniş alanlarda yetiştirilmektedir. Ülkemizde böğürtlen yetiştiriciliği yapılmaktadır. 2018 yılı istatistiklerine göre 2807 da alandan 2540 ton üretim yapılmaktadır.

#### **2.1.4 Mürver (*Sambucus sp.*- Elderberry)**

Mürver ya da yivdin olarak kullanılan bu bitki, Adoxaceae familyasına aittir. Beş ile 30 arasında türü bulunmaktadır. Çalı ve ağaççıkları oluşturan bir cinstir. Önceleri hanımeliğiller familyası içerisinde değerlendirilmekte iken son yıllarda Adoxaceae familyasıyla kesin genetik akrabalığı ortaya çıkmıştır.

#### **2.1.5 Maviyemiş (*Vaccinium myrtillus*-Blueberry)**

Maviyemiş ılıman iklim kuşağına adapte olmuş, çok yıllık, çalı formunda bir meyve türü olup, botanik olarak gerçek üzümler grubunda yer almaktadır. Kültürü yapılmakta olan yüksek boylu, alçak boylu ve tavşan gözü olmak üzere üç farklı maviyemiş türü vardır (Serçe ve Özgen, 2013). 1906 yılında Amerika'da başlayan maviyemiş yetiştiriciliği günümüzde birçok çeşitle sürdürülmektedir. *Vaccinium* cinsi içine giren birçok tür Karadeniz Bölgesi başta olmak üzere Marmara ve Doğu Anadolu Bölgesinin bazı yerlerinde doğal olarak yayılım göstermektedir. Kültürü yapılan maviyemişler ikibinli yıllarda Türkiye'ye dış ülkelerden getirilmiştir (Çelik, 2005; 2009; Ağaoğlu ve Gerçekçioğlu, 2013). 2018 yılı istatistiklerine göre 990 dekar alanda 375 ton maviyemiş üretilmektedir.

## **2.2 Fungus Hastalıklarının Önemi**

Üzümsü meyvelerin yoğun bir şekilde fungal hastalığa maruz kaldığı bilinmektedir. Fungal hastalıklar başlıca meyve, yaprak gibi kısımları hastalandıran toprak üstü hastalıklar ve kök ile kök boğazını hastalandıran toprak kökenli hastalıklar olmak üzere sınıflandırılmaktadır.

Kök ve kök boğazı hastalıkları bitkinin sadece gücünü ve verimi düşürmekle kalmayıp aynı zamanda bitkilerin ölümüne sebep olduğu için çok önemlidir. Tüm kök hastalıkları toprak üstü organlarda cüceleşme, verim kaybı, bitki ölümü gibi benzer belirtiler oluşturur. Kırmızı kök çürüklüğü (*Phytophthora fragariae*), siyah kök çürüklüğü (*Pythium spp.*, *Fusarium spp.*, *Rhizoctonia spp.*), solgunluk hastalıklar (*Verticillium alboatrum* ve *Fusarium oxysporium* f.sp. *fragariae*), gövde yanıklığı (*Sclerotium rolfsii*), Antraknoz (*Colletotrichum gloeosporioides*, *C. fragariae* ve *C. accutatum*), kömür

çürüklüğü (*Macrophomina phaseolina*) bu gruba giren hastalıklardır. Yaprak hastalıkları yaz ve sonbahar aylarında gelişir. Bu hastalıklar güçlü gelişen çeşitler kullanılması sonucu fazla zarar oluşturmazlar. *Diplocarpon earliana*, yaprak yanıklığı (*Phomopsis obscurans*), yaprak lekesi etmeni (*Gnomonia çomari*), yaprak beneklenmesi (*Mycosphaerella fragaria*), külleme hastalığı (*Podosphaera aphanis*) bu gruba giren funguslardır.

### 2.2.1 Toprak üstü hastalıklar

#### ***Aspergillus niger* (Siyah Küf Hastalığı)**

Yaralanmış ya da zayıf meyvelerde uygun olmayan koşullarda hastalık görülebilir. Hastalık belirtisi hastalık sporlarının varlığından kaynaklanmakta ve etkilenen meyveler üzerinde fungusun siyah spor ve spor taşıyıcılarını görmek mümkündür. Enfeksiyon meyvelerde içeri doğru ilerler ve fungal etmenlerin ürettiği bazı enzimler meyveleri yumuşatabilir ve meyvelerde akıntılara sebep olabilir.

#### ***Phytophthora cactorum* (Kırmızı kök çürüklüğü)**

Hastalık etmeni çilek bitkisinin kök, gövde, stolon ve meyvelerini hastalandırmaktadır. Olgunlaşmamış meyveler üzerinde sert ve koyu kahverengi lekeler görülmektedir. Meyvelerin iç ve dış kısımları yapısal olarak koyu ve derimsi bir yapıya dönüşür. Olgun meyveler ise yumuşak ve mat leylak ya da pembe bir renk alır veya normal rengini koruyabilir. Meyveler kesilerek açıldığında, çoğunlukla keskin ve acı bir koku etrafa yayılır. Meyvenin tadı ise tamamen acıya dönmektedir. Meyvelerin iletim demeti sistemleri ise koyu bir renk almıştır. Koşullar hastalık etmeni için uygun ise enfekteli meyveler üzerinde beyaz pamuksu bir gelişme görülür.

#### ***Mucor spp.* (*Mucor* çürüklüğü) ve *Rhizopus stolonifer* (*Rhizopus* kök çürüklüğü)**

Hastalık etmenlerinin belirtileri birbirine çok benzemektedir. Bu etmenler, çilek gibi birçok bitkide çok yaygın, taşıma ve depo sırasında ortaya çıkabilen tahrip edici hastalık etmenleridir. Enfektelenen meyvelerin renkleri ilk önce değişmeden aynı renkte kalır. Daha sonra ise meyve rengi kendi renginden açık kahverengiye dönmektedir. Meyveler

çok sulu ve yumuşak olur ve zamanla meyvenin genelinde akıntı olacak şekilde bir durum meydana gelir. Özellikle paketlenmiş meyveler üzerinde ve çürümüş meyveler üzerinde siyah spor üreten yapıları içeren pamuksu bir tabaka oluşur. Hastalık etmenlerinin sadece zararlanmış ve yaralanmış bitkileri enfekte ettiği bilinmektedir.

### ***Botrytis cinerea* (Kurşuni Küf)**

Bu hastalığın belirtileri yeşil meyvelerde, ilk önce kahverengi lekeler olarak görülmeye başlamaktadır. Hastalık, meyvenin organik materyale değdiği noktadan ya da topraktan başlar. Bu temas noktasında önce açık kahverengi bir leke oluştuğu görülmektedir. Lekenin oluştuğu bölge oldukça yumuşamaktadır ve parmakla dokunulduğunda meyve etinden kolayca ayrılmaktadır. Daha sonra bu lekenin genişleyerek tüm meyveyi kapladığı görülmektedir. Hastalıktan etkilenen alanlar tozlu gri bir fungal gelişme ile kaplanmaktadır. Milyonlarca gri renkli spor nemli ve sisli havalarda üretilir. Meyve pamuksu beyaz fungal gelişme ile kaplanabilir ancak bu durum yüksek nem koşullarında görülmektedir. Tamamen çürüyen meyveler genel biçimini korumaktadır, fakat kuru ve sert olarak kalırlar. Meyveler nemli olarak depolanırsa hastalık etmeni meyveleri depolarda da hastalandıracağından bu konuya özen gösterilmesi gerekmektedir.

### ***Colletotrichum* spp.(Antraknoz)**

*Colletotrichum acutatum* J:H.Sim., *Colletotrichum dematium* (Pers.) Grove, *Colletotrichum gloesporioides* (P.)&Sacc. İn Penz., *Colletotrichum fragariae* A.N.Brooks türlerini içermektedir. Meyveler üzerinde sert, yuvarlak ve çökük lekeler oluşmaktadır. Lekeler başlangıçta koyu renklidir fakat zamanla siyaha dönmektedir. Bu lekeler genişleyerek tüm meyveyi sarar. Hastalık yoğun şiddette olduğu zaman yeşil meyvelerde bu durumdan etkilenebilir.

### ***Mycosphaerella fragariae* (Yaprak lekesi hastalığı)**

Hastalık, yaprakta leke şeklinde görülür. Ancak, taç ve çanak yapraklarda, meyve sapları üzerinde ve stolonlarda lekeler rastlanmaktadır. Hasta olmuş meyveler üzerinde yüzeysel siyah lekeler ortaya çıktığı görülmektedir. Hastalıklı doku, kahverengimsi siyah renkte, derimsi ve sert haldedir. Meyvede çürüme ve üründe kayıp olmamasına

rağmen, kalite düşmektedir. Ülkemizde çilek üretilen tüm alanlarda bu hastalığa rastlanmaktadır.

### ***Sphaerotheca macularis* f. sp. *fragariae* (Külleme)**

Hastalık, çileklerde yaprak sapları, çiçek demetleri, meyveler ve çiçeklerde zararlara yol açmaktadır. Etmen meyve yüzeyinde beyaz bir tabaka oluşturabilmektedir. Meyveler sertleşmektedir ve olgunlaşma normal değildir. Hastalık şiddetli olduğunda verim üzerindeki etkisi önemli boyutlardadır. Ürün kayıplarına meyve ve yaprak hastalıkları yol açmaktadır. Hastalıklı meyvelerin kaliteleri azalmakta, raf ömrü kısalmakta ve kısa sürede kurumaktadırlar. Ülkemizde çilek üretilen tüm alanlarda bu hastalığa rastlanmaktadır.

### ***Phomopsis obscurans* (Phomopsis yaprak yanıklığı)**

Olgunlaşmakta olan veya tamamen olgunlaşmış meyveleri etkiler. Hastalığın erken dönemlerinde çürüklük; genellikle yuvarlak açık pembe, meyvenin yüzeyi suya batırılmış gibi parlak lezyonlardan oluşmaktadır. İleriki dönemlerde lezyonların ortası açık kahverengi ve koyu kahverengiye döner ve merkeze doğru sertleşir.

## **2.2.2 Toprak kökenli hastalıklar**

Kök hastalıkları içinde en yaygın olanları kahverengi çürüklük (*Phytophthora cactorum*) ve kırmızı kök çürüklüğü (*Phytophthora fragariae*), siyah kök çürüklüğü (*Rhizoctonia solani*)'dür (Maas 1984). Özellikle siyah kök çürüklüğü hastalığına dünyanın birçok yerinde rastlandığı görülmektedir. Siyah kök çürüklüğü bir hastalık kompleksi olup, etmenleri; nematodlar, toprak fungusları, gübre yanıklığı, kış zararı, toprak sıkışıklığı, aşırı tuz, herbisit zararı, aşırı su, kuraklık ve uygun olmayan toprak pH'sı olabilmektedir. Siyah kök çürüklüğü kompleksine sebep olan patojenler arasında en sık rastlananlar ise; *Fusarium* spp., *Rhizoctonia* spp., *Pythium* spp., *Cylindrocarpon* sp., *Alternaria* sp., *Verticillium* sp., *Aspergillus* spp.'dir. Siyah kök çürüklüğü kompleksini oluşturan etmenler toprak kökenli olmaktadır (Yılmaz, 2006). Hastalık toprak kökenli olduğu için mücadele etmek oldukça zordur. Bu zorluk gerek hastalığa yol açan mikroorganizmanın özelliklerinden, gerek yaşam şeklinden, toprak

rizosferinde bulunan etmen dışındaki mikrobiyal popülasyonların çeşitliğinden gerekse konukçuya ait özelliklerden ve toprağın kimyasal ve fiziksel özelliklerinden kaynaklanmaktadır (Page ve Craddock 1965).

Hastalıklı bitkilerin ortamdan uzaklaştırılması, hastalığa karşı sağlıklı materyal kullanma, uygun yetiştirme şartları gibi kültürel mücadele yöntemlerinin, bulaşık alanlarda, etkinliğinin sınırlı olduğu bilinmektedir. Bu çerçevede solarizasyon gibi farklı mücadele yöntemlerinin etkisini ortaya koyan araştırmacılar tek başına bu mücadelenin etkin bir koruma sağlamayacağını, bu mücadele yöntemi ile birlikte, kimyasal mücadele uygulaması veya antagonist mikroorganizma gerektiğini belirtmişlerdir (Yücel 1989). Toprak ilaçlaması tarla koşullarında pek uygulanabilen bir yöntem değildir. Örtü altı yetiştiriciliğinde ise bu sınırlı alanların ilaçlanması veya fumigasyonun teknik koşullar dışında oldukça yüksek bir maliyet oluşturduğu bilinmektedir. Ayrıca ilaçlama sonrası kalan propagüllerin ortamda daha hızlı gelişmesi ve patojen propagüllerinin farklı derinliklerde olması bu mücadeleden istenilen sonucun alınmasını güçleştirmektedir (Blancard 1993). Bu mücadele yöntemlerine alternatif olarak geliştirilen biyolojik mücadele ise hastalığı baskılayabilme etkinliği açısından olumlu sonuçlar vermektedir.

Biyolojik kontrol ajanları arasında yer alan *Trichoderma* spp. ve Arbusküler Mikorhizal Funguslar (AMF) hem bitki gelişimi hem de bitki sağlığı açısından rizosferin en etkili komponentleri arasında yer almaktadırlar (Smith ve Read 2008; Bora vd 1995). Doğadaki en yaygın simbiyontlardan biri olan AMF, gerek hastalıklara dayanıklılığı artırma açısından gerekse bitki gelişimi açısından oldukça önemli rollere sahiptirler. Dünya üzerinde bilinen kara bitkilerinin yaklaşık % 80'i bu simbiyontlarla ortak yaşam ilişkisi içerisinde. AMF fungusları toprak kalitesini belirleyen en önemli faktörlerden biri olmaları nedeniyle ve dolayısıyla da en etkili rizosfer komponentleri arasında bulunmaktadırlar (Hayman ve Mosse 1972; Bolan 1991; Smith vd., 1992). *Trichoderma* türleri de antibiozis, hiperparazitizm ve yarışma gibi biyolojik savaş mekanizmaları ile bitki hastalıklarını baskılama açısından oldukça etkili mikroorganizmalardır (Bora vd., 1995). AMF ve *Trichoderma* türleri tek tek kullanılmalarının yanı sıra birlikte de kullanıldıklarında toprak kaynaklı hastalıklara karşı etkili olmaktadır ve birbirlerini sinergistik olarak etkilemektedirler (Johnson vd., 1987 ).

Fungusların tanımlanmasında son yıllardaki çalışmalar incelendiğinde, filogenetik analizlerde ve moleküler karakterizasyonunda en çok çalışılan ribozomal DNA'lar, özellikle de ITS (Internal transcribed spacer) bölgeleri üzerinde hedef DNA'lardır (Bruns vd., 1991, Babu vd., 2007). Özellikle hedef olan ITS bölgesini tanımlamakta kullanılan özgün DNA problemleri *Trichoderma*, *Hypocrea* (Irina vd., 2005), *Verticillium* (Nazar vd., 1991), *Fusarium* (Edel vd., 2000), *Phytophthora* (Lee vd., 1993), *Rhizoctonia* (Manici ve Bonora, 2007), *Mycosphaerella* (Johanson vd., 1994) ve gibi pek çok önemli bitki patojeni fungusların tanımlanmasında yaygın olarak kullanılmaktadır. Fungus tanımlaması özgün primerler kullanılarak yapılmaktadır.

Toprak kökenli hastalıklardan *Rhizoctonia* spp. izolatlarının sınıflandırılması için birtakım moleküler ve biyokimyasal metodların kullanıldığı bilinmektedir. Moleküler metodlar diğer yöntemlere göre daha kolaydır aynı zamanda da daha az zaman almaktadır ve sonuçları daha doğru olmaktadır. Bunun yanısıra rDNA ITS bölgesi baz dizilerinin belirlenmesi *Rhizoctonia*'a benzer izolatların tanımlanmasının yapılabilmesi açısından (Gonzales vd., 2001) çok yaygın bir biçimde kullanılmaktadır.

### **2.2.3 Üzümsü meyvelerde hastalıklara karşı öneri ve mücadele yöntemleri**

Temiz fide kullanılmalı, fide üreticileri için etkin kimyasalla toprak fümigasyonu kritik kullanım içinde değerlendirilmelidir.

Meyve yetiştiricilik alanlarında, toprak kökenli fungal hastalıklara karşı kimyasal olmayan seçenekler değerlendirilmelidir. Hastalıklı bitkiler üretim alanlarından mutlaka uzaklaştırılmalıdır.

Çilek yetiştiriciliğinde toprak kökenli fungal hastalıklarla mücadele konusundaki avantajı yanında; yetiştiricilik sezonunun yayılması, yüksek kaliteli ve birim alandan yüksek verim elde edilmesine olanak sağlaması gibi avantajlar sağlaması sebebiyle topraksız kültürün yaygınlaşması beklenmektedir. Topraksız kültür yetiştiricilik tekniklerinin ülkemiz yetiştiricilik koşullarına en uygun olmalarını belirlenmesi ve yetiştiricilik sistemlerinin optimizasyonu konusunda çalışmalar yapılmalıdır.

Hastalık çıkışları ve meyve olum dönemine göre koruyucu/önleyici ilaçlama programları oluşturulmalıdır.

## 2.3 Üzümsü Meyvelerde Fungus Hastalıkları ile İlgili Uluslararası Çalışmalar

### 2.3.1 Çilek

Garrido vd. (2011), çilek (*Fragaria ananassa* Duchesne) mantar hastalıkları, tüm dünyadaki mahsul alanlarında önemli ekonomik kayıplara neden olduğunu savunmaktadırlar. Çilek hastalıkları iki sınıfa ayrılabilir: bir grupta toprak kaynaklı patojenlerin neden olduğu hastalıklar ve diğer gruplara havadaki patojenlerin neden olduğu hastalıklar dâhil edilerek bu çalışma yapılmıştır. Toprak kaynaklı patojenler arasında öncelikle *Phytophthora* ve *Rhizoctonia* türlerini bulmuşlardır ve ikinci gruba *Colletotrichum* spp., *Sphaerotheca macularis*, *Botrytis cinerea*, ve *Zythia fragariae* türlerine ait olduğu belirlemişlerdir. Hastalık kontrolü doğru patojen tanımlamasına, patojen içermeyen nakil kullanımına, mantarların kontrolüne ve sanitasyon ölçümlerine bağlı tutularak araştırma yürütülmüştür. Toprak kaynaklı patojenler toprak dezenfeksiyonları, sistemik mantar öldürücüler tarafından ve bazı koşullar altında toprak ve su yönetimi ile kontrol edilmiştir. Kontrol önlemlerinin uygulanması, hastalık etiyojisi, epidemiyoloji bilgisine ve patojen yaşam döngüsünün birliğine dayanmaktadır.

Çilek, dünyanın en ticari olarak önemli meyve mahsullerinden biri olduğundan ve birçok ülkede yetiştirildiğinden araştırma kapsamında tutulmuştur. Ürünün ticari olarak uygulanabilirliği, sürekli olarak en ciddilerinden biri olan fitopatogenik organizmaların neden olduğu hastalıklar olan çeşitli risklere maruz kaldığı bilinmektedir. *Botrytis* spp., *Colletotrichum* spp., *Phytophthora* spp. ve *Verticillium* spp. Genomik, transkriptomik ve proteomik yaklaşımlara dayanan yeni moleküler biyoloji teknolojilerinin geliştirilmesi, mantarın istila etmesine, bozulmasına ve meyvenin tahrip olmasına (plantasyon ve depolama sırasında) zarar veren çeşitli patojenite faktörleri hakkında yeni bilgiler ortaya koymaktadır. Araştırmacılar, bu patojenlere karşı bitkinin kendi savunma mekanizmalarına dikkat etmişlerdir. Fungal bitki patojenlerinin araştırılması ve tespit edilmesindeki ilerlemeler, yeni biyolojik kontrol yöntemleri ve proteomik



yaklaşımlar açıklanmış ve yakın zamanda keşfedilen doğal savunma mekanizmaları bildirilmiştir.

Abdelfattah vd. (2016), fungus rDNA'nın ITS2 bölgesini temel alan bir amplikon metagenomik yaklaşımı ile çeşitli kimyasalların rutin kullanımını gerektiren bir uygulama kullanarak bir çiftlikte yetiştirilen mantar topluluklarının (yapraklar, çiçekler, olgunlaşmamış meyveler) ile ilişkili mantar topluluklarının bileşimini tanımlamak için kullanmışlardır. ITS2 sekansları, 1916 OTU'ya kümelenmiştir ve Ascomycota, baskın phyla (% 95.6) ve onu takiben Basidiomycota (% 3.9) olmuştur. Çilek bitkileri çok çeşitli mikrobiyal organizmaları desteklemiştir, ancak tespit edilen tüm sekansların nispi yetiştiriminin % 70-99' unu temsil eden iki cins *Botrytis* ve *Cladosporium* en bol olanı olmuştur. Alfa ve beta çeşitlilik analizlerine göre, çilek organları en çok çeşitli mantar topluluğuna sahip yaprakları, ardından çiçek ve meyveleri içeren önemli mantar toplulukları sergilemiştir. Bir ay boyunca yapılacak kimyasal tedavilerin kesilmesi, olgunlaşmamış meyveler ve olgun meyvelerin belirgin bir şekilde etkilenmediği halde yaprak ve çiçek mantar topluluğunun yapısında önemli bir değişiklikle sonuçlanmıştır. Diğer bitki türlerinin, *Erysiphe* gibi çilek bitkilerinde bulunması öngörülen sezgisel olmayacak çeşitli bitki patojenleri tespit edilirken, *Rhizoctonia* gibi bazı nadir çilek patojenleri daha az belirgin ya da yok olduğunu belirlemişlerdir.

### 2.3.2 Ahududu ve böğürtlen

Yeoh ve Fontanini (2007), Donnelly ve Batı Avustralya'nın güneybatısında bulunan Warren nehirlerinin kıyısındaki böğürtlen bitkilerinin, pasın biyolojik kontrol ajanı olarak düzenli olarak izlenen bölgelerde ölmekte olduğunu fark etmişlerdir. Böğürtlen üzerindeki simptomlar “böğürtlen düşüşü” hastalığı olarak bilinir. Bitki popülasyonlarında spesifik düşüşlerle ilişkili farklı biyotik ve abiyotik bileşenleri keşfetmek için sürekli ve yoğun araştırmalar gerektiğini bildirmektedirler. Şimdiye kadar Avustralya'ya böğürtlenin biyolojik kontrolü için tanıtılan tek ajan pasın *Phragmidium violaceum* olduğunu ortaya koymuşlardır.

Morin vd. (2011), biyolojik kontrol ajanlarının, eğer popülasyonları genetik olarak farklı ise, özellikle hedef istilacı bitki, farklı duyarlılıklara sahip bir dizi genotip içerdiğinde ve çeşitli mikro iklimler arasında meydana geldiğinde daha etkili

olabileceğini savunmaktadırlar. Biyolojik kontrol açısından pasif bir mantarın çeşitli izolatlarını bulmak için doğal aralıkta etkili bir yaklaşımın kullanıldığını rapor etmişlerdir. Her biri farklı bir DNA fenotipiyle Avustralya'da toplanan çeşitli istilacı Avrupa böğürtleninin klonlarını içeren bir açık tuzak bahçesi Fransa'da kurmuşlardır. Kurulduktan sonraki dört hafta içinde, yaprak pası mantarı olan *Phragmidium violaceum* bahçedeki tüm klonlardan elde etmişlerdir. Mantarın geri kazanılmış ve saflaştırılmış sekiz izolatının moleküler analizleri, genetik olarak birbirlerinden ve Avustralya'da bulunan izolatlardan farklı olduklarını ortaya koymuşlardır. Bu bahçe izolatları ayrıca, yaklaşık 30 yıl önce toplanan izolatlarla karşılaştırıldığında, Avrupa'da mevcut olan nüfusun bir alt kümesini temsil ettiğini belirtmişlerdir. Avustralya'dan temsili böğürtlen klonlarından oluşan bahçe izolatları arasında iki patojenite fenotipini gözlenmiş ve bununla birlikte izolatlar, bütün klonları enfekte ettiğini bildirmişlerdir. Bu böğürtlen ile yakından ilgili olan hedef olmayan bitki türleri üzerinde yapılan ev sahibi özgüllük testlerinden elde edilen sonuçlar, yaprak-pas mantarının Avustralya'ya özgü ticari böğürtlen çeşitlerine ve *Rubus* türlerine tehdit oluşturmayacağı konusunda önceki bulgularla hemfikirlerdir. Avustralya'da bahçe izolatlarının serbest bırakılması ve kurulması, daha etkili biyolojik kontrol için yaprak pası mantarının genetik çeşitliliğini ve evrimsel potansiyelini artırma potansiyeline sahip olduğunu belirlemişlerdir.

Mobin vd. (2012), *Rubus fruticosus* topluluğuna ait yakından ilişkili türlerden oluşan bir grup olan Avrupa böğürtleninin Avustralya'da tarım, ormancılık ve doğal ekosistemlerinin istilacı bir çalı olduğunu ortaya koymuşlardır. 1970'lerde Avrupa'da yapılan araştırmalar, Avrupa böğürtleni, mor leke mantarı *Septocytia ruborum* ve yaprak-pas mantarı *Phragmidium violaceum* için üç potansiyel ajan tespit etmiştir. 1984 yılında Avrupa'da yaprak pası mantarının izolatlarını seçme çabaları devam ederken, daha sonra Avustralya'da bu izolat bulunmuştur. Bununla birlikte, seçilen ve test edilen izolatlardan biri (F15) 1990'ların başında Avustralya'da resmen serbest bırakılmıştır. Daha sonra yapılan araştırmalar, Avustralya'daki pasif mantarın etkisini tahmin etmek için iklim modellemesi ve mantarın patojenite ve populasyon genetiğinin araştırılmasında yapılan araştırmalar da dâhil olmak üzere Avrupa böğürtleninin biyolojik kontrol başarısı için kritik olarak kabul edilen bilgi boşluklarını ele almış ve P hastalık yoğunluğundaki değişimi açıklamıştır. 2000 yılında, Avustralya'da böğürtlen klonları içeren Avrupa'da bir tuzak bahçesi kullanılarak pas mantarının sekiz izolatı ve

genetik olarak çeşitli izolatları kullanmışlardır. Ev sahibi özgülüğü ve 2004 yılında salıverilmesi için onay gösterilmesinin ardından, F15' in yeniden salıverilmesini içeren geniş çaplı bir salıverme programı kurulmuş ve ilave izolatların etkilerini moleküler markerler kullanılarak izlemişlerdir. Aynı zamanda, Avrupa'da diğer potansiyel aday ajanlar için araştırmalar yapılmış ve sonuç olarak mor leke mantarı daha ayrıntılı olarak araştırılmıştır.

Aghighi vd. (2014), insan faaliyetlerinin, ekosistemler üzerinde küresel ölçekte olumsuz bir etkiye sahip olduklarını ve hem bitkilerin hem de patojenlerin menşei bölgelerinden dünyanın diğer bölgelerine taşınmasıyla, benzeri görülmemiş bir organizmanın yeniden dağıtılmasına neden olduklarını savunmaktadırlar. İstilacı bitkiler küresel olarak ekosistemler için potansiyel bir tehdittir ve bunların yönetiminin yılda on milyarlarca dolar tutarında olduklarını bildirmişlerdir. *Rubus anglocandicans*'ın (Avrupa böğürtlen) Avustralya'da ciddi bir istilacı tür olduğu bilinmektedir. Herbisit ve kültürel kontrol yöntemlerini genellikle verimsiz olduğundan veya çoklu uygulamalar gerektirdiğinden bu çalışma kapsamına almışlardır. Bu nedenle, kök ve yaprak pas ırkları kullanan bir biyolojik kontrol programı Avustralya'da ana seçenek olmuştur. Bununla birlikte, ırkları kullanarak biyolojik kontrolün, konak faktörlerinin, iklim ve hava koşullarının pasın farklı yerlerdeki etkisini değiştirebileceği konularını çalışmışlardır.

Li vd. (2017), gri küf için semptomatik olan böğürtlen meyveleri, kuzeybatı Güney Carolina'daki üç ticari böğürtlen tarlasından toplamışlardır. Tek sporlu izolatlar üretmiş ve her yerde iki farklı fenotip keşfetmişlerdir; biri PDA'da sporlanmış ve biri vermemiştir. Her fenotip ve lokasyonun bir izolatu (toplam altı izolat) derin moleküler ve morfolojik karakterizasyon için seçilmiştir. Gliseraldehit-3-fosfat dehidrojenaz (G3PDH), ısı-şok proteini 60 (HSP60) ve DNA'ya bağımlı RNA polimeraz alt ünite II (RPB2) kodlama dizisi hizalaması, sporüle edici fenotip olarak *Botrytis cinerea*'yı ve sporcu olmayan bir madde olarak fenotip *Botrytis cinerea*'yı ortaya çıkarmıştır. Burada *Botrytis caroliniana* olarak tanımlanan yeni *Botrytis* sp., Genetik olarak, sırasıyla bakla ve kardenin gri küf hastalığının nedensel ajanları olan *B. fabiopsis* ve *B. galanthina* ile yakından ilgilidir. *B. fabiopsis* veya *B. galanthina*'dan daha küçük konidia üretir ve nekrozu ve etilen-indükleyen proteinleri (NEP'ler) kodlayan genlerin dizi analizi ayrıca *Botrytis* izolatlarının ayrı ve farklı bir türü temsil ettiğini göstermiştir. Yeni türler böğürtlen meyveleri ve baklagillerin yapraklarında patojeniktir ve bu da onu *B.*

*galanthina*'dan ayırmıştır. Yeni türler kısa, tafted hava miselyumlu soluk gri kolonileri beyaza çevirmiş ve PDA'da 20 C'de siyah sklerotia üretmiştir. Bildiğimiz kadarıyla, bu sadece ABD'de böğürtlen üzerinde hastalığa neden olduğu keşfedilen üçüncü *Botrytis* türü olduğu ortaya çıkmıştır.

### 2.3.3 Maviyemiş

Wharton vd. (2004), *Colletotrichum acutatum*' un, meyve bitkilerinin başlıca patojeni olup, dünya çapında ılıman, subtropikal ve tropik meyvelerde ekonomik açıdan önemli kayıplara neden olduğunu belirtmişlerdir. Bununla birlikte, biyolojisinin temel yönleri üzerine az sayıda çalışma yapıldığını bildirmişlerdir. Bunun temel nedeni, geleneksel olarak *C. acutatum* izolatlarının sıklıkla *C. gloeosporioides* olarak yanlış tanımlanması olduğu bildirilmiştir. İki türün etkili bir şekilde ayrılmasının, taksonomi için moleküler araçların kullanılmasına kadar mümkün olmadığını bildirmişlerdir. *C. acutatum*'un yaşam döngüsünün seksüel ve aseksüel bir aşamadan oluştuğu ve seksüel genetiği ve seksüel evrenin popülasyon yapısı üzerindeki etkileri konusunda çözülmesi gerektiğini belirtmişlerdir. *C. acutatum*, hem *Colletotrichum* türleri için tarif edilen enfeksiyon stratejilerini, hem de intraselüler hemibiotrofiyi ve subkutiküler-intramural nekrotrofisini sergilemekte ve ayrıca önceden oluşturulmuş toksik bileşikler ve fitoaleksinler gibi olgunlaşmamış meyvelerdeki direnç mekanizmalarının üstesinden gelmek için olgunlaşmamış meyvelerin, patojenin besin ve enerji gereksinimlerini yerine getirme konusundaki uygunsuzluğunun mevcut olduğunu araştırmacılar ortaya çıkarmıştır. *C. acutatum*, konağın farklı bölümlerinde veya üzerinde miselyum ve / veya apressoria olarak kışlayabildiğini belirtmişlerdir. Konidinin suyla doğup ve yağmur bölümleriyle yayıldığı, bu nedenle enfeksiyonların genellikle büyüme mevsiminin en yağışlı dönemlerinde en yüksek olduğu bilgisini vermişlerdir. Bu mantar için mevcut yönetim stratejileri, kültür direnci, kültürel, kimyasal ve biyolojik kontrol metotlarının ve hastalık tahmin modelleri gibi önleyici stratejilerin sömürülmesinden oluştuğunu belirtmişlerdir. Bu derlemede, *C. acutatum* ve ilgili *Colletotrichum* türlerinin biyolojik yönleriyle ilgili güncel bilgilere odaklanmışlardır ve kontrollerine yönelik ilerlemelerin bir tartışmasını ele almışlardır.

Verma vd. (2006), British Columbia, Kanada'da yetişen maviyemiş verimini ve hasat sonrası kalitesini düşüren antraknozun (olgunlaşmış bitki) neden olan organizmasını

belirlemek için, 2002–04 döneminde ticari maviyemiş tarlalarından toplanan ve *Colletotrichum acutatum* kullanılarak toplanan hastalıklı meyvelerden 80 izolat elde etmişlerdir. Koloni morfolojisi, büyüme hızı ve türlere özgü PCR primerleri, çoğaltılmış aşılانmış müstakil meyveler kümelerinin çeşitli sıcaklıklarda in vitro olarak kuluçkalanması sonucu 20-30 °C sıcaklıklarda, 20 °C’de optimum sıcaklıkta enfeksiyon ürettiğini belirtmişlerdir. *Colletotrichum acutatum*, mumyalanmış meyveler gibi toprak yüzeyinde hayatta kalamayacağını, ancak patojen çoğunlukla çiçek tomurcukları içinde ve daha az böğürtlenli dallarda ve meyve makaslarında tespit etmişlerdir. Bir önceki büyüme mevsiminin mayıs-haziran aylarında gelişen çiçek tomurcuklarının enfeksiyonununun, bir sonraki yıl en yüksek inokulum iyileşmesini sağladığını bildirmişlerdir. İki ticari fungus biyolojik kontrol maddesi olan Prestop (*Gliocladium catenulatum*) ve PlantShield (*Trichoderma harzianum*), 2003 ve 2004 yıllarında antraknoz gelişimini, çiçeklenme ile meyve olgunlaşması arasındaki bitkilere üç kez püskürtülürken % 45'e kadar azalttığını belirtmişlerdir.

Prodorutti vd. (2007), yüksekçali maviyemişinin, tarımsal ve kültürel teknikler (malçlama, sulama, mikoriza ve gübrelemenin yararlı etkileri), hastalık yönetimi (yaygın ve ortaya çıkan hastalıkların biyolojisi ve kontrolü), haşere yönetimi, tozlayıcılar (etkileri gibi) dâhil olmak üzere sürdürülebilir maviyemiş çiftçiliğindeki çeşitli sorunları ve gelişmeleri açıklamışlardır. Meyve kümesi ve üretimi üzerine, maviyemiş gen kaynaklarının (germplazminin) incelenmesi ve mühendisliği için geleneksel ıslah ve moleküler tekniklerin kullanılması gerektiği araştırmacılar tarafından bildirilmiştir. Bu çalışma ile, highbush maviyemiş ticari üretimi ile ilgili geçmiş problemler ve mevcut zorluklar, ayrıca yenilikçi araştırmalar için mahsul kalitesi ve gelecek perspektiflerini geliştirmek için yeni yaklaşımlar ve teknikler açıklanmaktadır.

Sammonds vd. (2009), Dieback ve kron çürüğü, ana Yeni Zelanda üretim alanlarındaki maviyemiş bitkilerinin yaklaşık % 18'ini etkilediğini ayrıca verim kayıpları ve ekim maliyetleri nedeniyle yıllık yaklaşık 500.000 dolar tutarında olduğunu savunmaktadırlar. Hangi patojenlerin sorumlu olduğunu belirlemek için Kuzey Adası'ndaki merkezdeki altı maviyemiş çiftliğinden semptomatik bitki ve sap örnekleri toplamışlardır. Toplanan 70 bitkiden, dal bazlarından ve uçlarından, kök lezyonlarından ve kuronlardan çok sayıda izolasyon, sırasıyla % 69,% 64.5,% 54.3 ve % 70 oranında

*Botryosphaeria* türlerinin varlığını ortaya çıkarmışlardır. Bunlar *Botryosphaeria* spp. yi ayrıca birkaç kökte ve yaprakta bulmuşlardır ancak simptomatik bitkilerden elde edilen meyvelerde ve sağlıklı asimptomatik gövdelerde bulamamışlardır. Konidia'nın 40 kültürden aldıkları morfolojik incelemesi *B. lutea*, *B. parva*, *B. lutea / australis* ve *B. obtusa*, görünüşe göre *Neofusicoccum* tipinde tanımlanamayan bir *Botryosphaeria* türü ile bu 40'tan 14 temsilcinin moleküler tanımlanması, *B. lutea*, *B. parva* ve *B. australis* varlığını araştırmacıların tespitleri sonucu doğrulanmıştır.

Leiva vd. (2011) tarafından, Güney Amerika maviyemiş meyveciliği üretimi, Amerika Birleşik Devletleri için uluslararası talep yönünde son on yılda % 40'ın üzerinde bir artış gösterdiğinden araştırma kapsamında tutulmuştur. Bununla birlikte, depolama ve nakliye aşamasında, mantar çürümesi partide ciddi hasarlara neden olabilmektedir ve bu da varış yerlerinde reddetmelere ve düşük fiyatlara neden olabildiği bildirilmiştir. Bu çalışmada, fungus hasarı olan birimlerin kaldırılması için uygulanacak basit ve pahalı olmayan bir yöntem önermişlerdir. Maviyemiş bilgisini çıkarmak ve seçmek için en iyi sınıflandırıcıyı uygulamak ve mantar çürümesi, büzülme ve sağlık birimlerinden gelen mekanik hasarı otomatik olarak birleştirmek için bilgisayar sınıflandırma algoritmalarından oluştuğunu bildirmişlerdir. Mantar çürümesi ile % 96'dan fazla görüntü bozukluğu ve hasara sahip maviyemişin (mantar çürümesi, büzülme veya mekanik hasar) doğru bir şekilde sınıflandırılmasının mümkün olduğunu belirtmişlerdir. Maviyemiş sorunlarını tanılamak için otomatik bilgisayar kayıt sistemleri uygulamasının maviyemiş morfolojisi, belirsiz renk, küçük boyut, balmumu varlığı nedeniyle karmaşık bir yöntem olduğu araştırmacılar tarafından belirtilmiştir.

Greco vd. (2012), Arjantin'de yetişen maviyemiş mikobiyolarının ana cinsini belirlemek ve izole edilen türlerin toksikojenik potansiyelini, patojenitesini ve konukçu özgülüğünü belirlemek için bir çalışma yürütmüşlerdir. *Alternaria* cinsi maviyemiş mikobiyosunun (% 95) ana bileşeni olup; *Phoma* spp. (% 4) ve *Penicillium* spp. (% 1) de izole etmişlerdir. Sporülasyon düzenlerine göre, 127 *Alternaria* izolatının *A. tenuissima* tür grubuna, 5, *A. alternata* tür grubuna ve 2, *A. arborescens* tür grubuna ait olduğunu belirtmişlerdir. Son bahsedilen tür grubu 5 °C'de araştırmacılar tarafından izole edilmemiştir. 134 izolattan % 61'i otoklavlanmış pirinçte toksikojenik olduğu bilgisini vermişlerdir. Bunların % 97'si 0.14 ila 119.18 mg/kg arasında değişen, % 95'i 1.23 ila 901.74 mg/kg arasında değişen ve % 65 oranında tenuazonik asit (TA) üretimi

0.13 ila 2778 mg/kg arasında olduğunu bildirmişlerdir. Elli iki izolat, üç mikotoksini birlikte ürettiği bilgisi arařtırmacılar tarafından verilmiştir. Maviyemiş üzerinde neden oldukları lezyonun boyutuna göre, izolatlar hafif patojenik, orta derecede patojenik ve çok patojenik olarak arařtırma sonucu sınıflandırılmıştır. Farklı maviyemiş çeşitlerinde patojenite açısından anlamlı bir fark bulunmadığını belirtmişlerdir.

### 2.3.4 Mürver

Mürver meyvesi ile ilgili bu alanda bilgimize göre yeterli bir çalışma bulunmamaktadır. Bu tez kapsamında bilgiler üretilmesi planlanmıştır.

## 2.4 Üzümsü Meyvelerde Fungus Hastalıkları ile ilgili Ulusal Çalışmalar

### 2.4.1 Çilek

Çetinel vd. (2013), çilek yetiştiriciliğinin önemli sorunlarından birisi olan çilek küllemesi hastalığına neden olan etmenin moleküler yöntemle tanısı, etmenin taksonomisi, isimlendirilmesi, biyolojisi, konukçu dizisi, fungusitler ve bazı alternatif kimyasallarla mücadelesi dünyada ve ülkemizde yapılan güncel çalışmaları esas alınarak çalışma yapmışlardır. Hastalık etmeninin (*Podospaera aphanis*) çilek dışında başka konukçularının da olabildiği saptanmış, çilek bahçelerinde görülen sekiz farklı türde yabancı otun bu etmene konukçuluk yapmadığını gözlemlemişlerdir. Çalışmada, hastalığın mücadelesinde klasik ve sistemik fungusitlerin dışında çeşitli alternatif maddelerle mücadele olanaklarının başarılı olabileceğini gösteren arařtırmalar üzerinde durulmuştur.

Yıldız vd. (2013), *Macrophomina phaseolina*'nın çilekte sebep olduğu kuruma ve solgunluk sorunları esas alınarak birtakım organik madde uygulamalarının etkisini belirlemek amacı ile çalışma yürütmüşlerdir. Bu amaç doğrultusunda toprağa pamuk delintasyon atığı, zeytin karasuyu, kükürt, tavuk gübresi, vermikompost; bitki artığı olarak soğan, brokoli, karnabahar, pırasa, buğday, bakla, marul, hardal bitkileri, lahana karıştırılarak ilerlemişlerdir. Çalışma kapsamında çilekten izole etmiş oldukları virulensi yüksek *M. phaseolina* izolatı (Omp1) 50 ms/g olacak şekilde toprağa bulaştırarak ilerlemişlerdir. Bu uygulamaların *M. phaseolina* mikrosklerotları

üzerindeki etkisini saptamak için steril ve steril olmayan toprağa inokulum bulaştırılmış, organik madde karıştırılmış ve otuz gün inkube edilmesinin ardından mikrosklerot izolasyonunu gerçekleştirmişlerdir. Bu bitkilerin sökülmesinin hemen ardından saksı toprağındaki mikrosklerot canlılığına organik maddelerin ne derece etkili olduğunu belirlemek üzere topraktan mikrosklerot izolasyonu arařtırmacılar tarafından gerçekleştirilmiřtir. Bunların içerisinde en düşük mikrosklerot sayısı ise kükürt (100 gr/da) uygulamasında 8,8 mikrosklerot/1 gr toprak olarak belirlenmiřtir. Steril toprak kořulları esas alındığında en düşük 1 gr toprakta bulunan mikrosklerot sayısı sırası ile zeytin karasuyu (0,8), brokoli (2,5), vermikompost (6,0) ve hardal (6,7) olmak üzere çalışma kapsamında belirlenmiřtir. *M. phaseolina* bulařtırılmamıř oldukları saksı topraklarında en iyi bitki gelişiminin tavuk gübresi, kükürt (100 kg/ da) ve kükürt (50 kg/da), *M. phaseolina* bulařtırmıř oldukları saksı topraklarında ise en iyi bitki gelişiminin kükürt (50 kg/da), kükürt (100 kg/ da) uygulamalarında olduğunu belirlemiřlerdir.

Uçar (2014), Ülkemiz Aydın ili içerisinde yetiřtirilen birtakım çilek çeřitlerinde külleme (*Podosphaera aphanis*) ve kurřuni küf (*Botrytis cinerea*) hastalık řiddetini belirlemek ve hastalıđın bulunma oranının ne ölçüde olduğunu saptamak amacıyla çalışma yapmıřtır. Bu amaç esas alınarak Camarosa, Festival, Sabrosa, Rubygem, 503, Sabrina, Sweet Charlie, Elyana, Amiga, Fortuna çeřitlerin de üretici kořullarına uygun beř masuradan oluřan yüksek tüneller içerisinde çalışılmıřtır. Kurřuni küf (*Botrytis cinerea*) için deđerlendirme yapılacak olursa, sađlıklı ve hasta meyve, taç enfeksiyonu sayımları esas alınarak yürütülerek ve her on güne bir iřaretili otuz bitkide sayımlar yapılarak ilerlemiřlerdir. Bu sayımlarda elde edilen veriler dikkate alınarak (%) bulařıklık oranlarını hesaplamıřlardır. Bunun haricinde *Botrytis cinerea*'nın in vitro kořullarında asıl önemli sorun olduđu meyvelerdeki durumu saptamak amacı ile de ele alınan çeřitlerin meyvelerinin üzerinde çeřitlerin hastalıđa karřı tepkileri deđerlendirilmeleri arařtırmacılar tarafından dikkate alınmıřtır. Külleme hastalıđı dikkate alındığında ise iřaretili otuz bitkide külleme hastalıđı belirtisi gösteren bitkiler belirlenmiřtir. Bunların sonucunda saptanan bulgular incelenerek ve hastalıktan diđer çeřitlere göre en az etkilenen çilek çeřidi/çeřitlerinin % bulařıklık oranlarını saptamıřlardır. Kurřuni küf (*Botrytis cinerea*) hastalıđının diđer çeřitlere göre en fazla görülen çeřitleri sırası ile Sabrosa, Camarosa ve Festival olarak belirlenmiř olup en az görülen çeřidin ise 503 ve Fortuna çeřitleri oldukları saptanmıřtır. Kurřuni küf (*Botrytis*



*cinerea*), çilek meyve enfeksiyonları dikkate alındığında Camarosa ile Sabrosa hastalığın en çok görülen çeşitleri olduğu saptanmış ve bu çeşitleri Festival ve Elyana çeşitlerinin izlediği görülmüştür. Hastalığın diğer çeşitlere göre en az görüldüğü çeşit ise Amiga çeşidi olarak belirlenmiştir. Külleme hastalığı Festival, Sabrina, Rubygem, Amiga, çeşitlerinde diğer çeşitler ile kıyaslandığında daha çok hastalık belirlemişlerdir. Bu hastalığa diğer çeşitlere göre en az yakalanan çeşitlerin ise sırası ile Sabrosa ve Sweet Charlie olduğu çalışma sonucu belirlenmiştir.

Dinler (2014), Aydın İli içerisinde fungal hastalıkların hangi oranda bulduklarını belirlemek, çilek fidelerinde bulunan fungal hastalıkların hangi etmenlere bağlı olduklarını saptamak, klasik ve moleküler yöntemler kullanarak tanılamak ve çilek fidelerinde bulunma oranı en yüksek olan patojenlere karşı çeşit duyarlılıklarının neler olduğunu saptamak amacıyla çalışma yapmıştır. Araştırma kapsamında 2009-2010 ve 2010-2011 yıllarında üretim sezonlarında Köşk ve Sultanhisar ilçelerinden dikim öncesinde toplamda 2366 adet çilek fidesi alınmış olup kök ve taçlarından izolasyonlar yapmış ve totalde 1014 izolat elde etmiştir. Stolonlarda yapılan patojenisite çalışmaları sonucuna bakıldığında ise 291 adet *Fusarium* spp., 9 *Cylindrocarpon* sp., 4 *Macrophomina* sp., 53 *Rhizoctonia* spp., izolatının patojen olduğu sonucu ortaya çıkmıştır. İki üretim sezonu da dikkate alındığında taçta ana patojenin *Fusarium* spp. (bulunma oranı birinci yıl % 2,1, ikinci yıl % 1,1) olduğu, *Rhizoctonia* spp.'nin taçtaki bulunma oranının ise iki üretim sezonunda sırası ile % 0,48 ve % 0,1 olduğu ortaya çıkmıştır. Kökteki bulunma oranları bakımından değerlendirildiğinde ise, ilk yıl % 11,6, ikinci yıl % 4,8'lik bulunma oranı mevcut olup yine ana patojenin *Fusarium* spp. olduğu belirlenmiştir. Köklerde *Rhizoctonia* spp. bakımından iki üretim sezonu esas alınarak incelendiğinde bulunma oranlarının sırası ile % 8,96 ve % 4,8 olduğu dikkati çekmiştir. Patojenlerin morfolojik özellikleri esas alınarak moleküler ve klasik yöntemlerle tanılama yapılmıştır. Translation Elongation Factor (TEF) 1 $\alpha$  genine ait olan baz dizilerinin BLAST analizi sonrasında *Fusarium oxysporum*, *F.o.* f.sp. *fragariae*, *F. acuminatum*, *F. arthrosporioides*, ve *F. proliferatum*, *F. solani*, *F. avenaceum*, *F. redolens* ve *F. lateritium* türleri oldukları araştırma sonucu ortaya çıkmıştır. *Rhizoctonia* izolatları çekirdek boyama yöntemi kullanılarak çok ve çift çekirdekli olarak belirlenmiş olup, hemen ardından moleküler yöntemi kullanarak inceleme yapılmış ve çift çekirdekli olarak belirlenenlerin ise % 47,5'i AG-G, % 18,6'sı AG-A ve son olarak % 1,7'si hem AG-A hem de AG-K'da, çok çekirdekli olanlara bakıldığında da ise %

1,7'si AG-4 anastomozis grubuna ait olduğu belirlenmiştir. Araştırma kapsamında çilek fidelerinden ayrıca *Neonectria (Ilyonectria) radicola*, *Macrophomia phaseolina*, *Neonectria (Ilyonectria) macrodidyma* ve türleri ortaya çıkmıştır. İn vitro koşullarda stolonlarda yapılan çeşit reaksiyon çalışmalarında. *F. oxysporum* 'a karşı en duyarlı Camarosa, Fortuna, Rubygem, ve Festival olduğu belirlenmiş olup, Sabrina'ya bakıldığında ise tolerant olduğu saptanmıştır. *Rhizoctonia* spp.'e bakıldığında ise Camarosa ve Fortuna'nın duyarlı oldukları belirlenirken, Sabrina, Festival, ve Rubygem çeşitlerinin diğer çeşitlere göre daha az duyarlı oldukları bu çalışma sonucu belirlenmiştir.

Demirer vd. (2014), çilek bitkilerinde solgunluk hastalığına neden olan *Fusarium* türlerini belirlemek amacıyla Erzurum ilinde 2005–2007 yıllarında çalışma yapmışlardır. Solgunluk simptomu belirlenen çilek bitkileri Ağustos ve Eylül ayları içerisinde toplanmıştır. İzolasyon çalışmaları sonucunda, çilek bitkilerinin taç, kök ve/veya yaprak saplarından 68 *Fusarium* izolatı elde edilmiştir. Bu izolatların % 4.4'ü *Fusarium acuminatum*, % 30.9'u *Fusarium equiseti*, % 44.1'i *Fusarium oxysporum* ve % 20.6'sı *Fusarium solani* olarak tanılamaları yapılmıştır. *Fusarium* izolatlarının patojenitesi kök daldırma metodu ile Fern çilek çeşidinde test edilmiştir.

Sarıgül Ertek vd. (2018), Düzce ilinde çilek yetiştiriciliğinin öğütme ile 0.5 ile 5.0 da arasında değişen küçük açık alanlarda yapıldığı araştırmalar sonucu ortaya çıkmıştır. Dört çilek çeşidi; Camarosa, Kabarla, Sweet Ann ve Osmanlı ilde diğer çilek çeşitlerine göre yaygın olarak yetiştirilmektedir. Türkiye'nin Düzce ilinde yakın zamanda önem kazanan çilekte mantar hastalıkları üç dönemde yapılan araştırmalarla test edilmiştir. Yaprak hastalıkları için ilk dönemde, yaprak, petiol, meyve ve kök hastalıkları, ikinci dönemde ise temel kök hastalıkları araştırılmıştır. *Alternaria* spp., *B. cinerea*, *Hainesia lythri*, *Mycosphaerella fragariae*, *Phoma* sp., *Phomopsis* sp., *Rhizoctonia solani* yapraklardan izole edilmiştir; Meyvelerden *B. cinerea* ve *Alternaria* spp., *Fusarium oxysporum*, *Macrophomina phaseolina*, *Phytophthora* spp. ve *R. solani* köklerinden izole edilmiştir. Elde edilen tüm mantarların patojenite testlerinde ayrık yapraklarda nekroz oluşturduğu araştırmacılar tarafından gözlemlenmiştir. Ayrılmış yaprak testleri, mantarların patojenitesini açıkça yansıtmıştır. *B. cinerea* ve *M. fragariae*, ankete katılan tüm alanlarda en yaygın görülen hastalıklar olduğu ortaya çıkmıştır. Diğer mantarlar çeşitli hastalık oluşum oranlarını gösterdikleri belirlenmiştir.

Aysan vd. (2019), çilekte *R. solani*'nin neden olduğu siyah kök çürüklüğü hastalığına karşı kök ve yaprakтан uygulanan bitki aktivatörlerinin (Salisilik asit, Acibenzolar S-Methyl, Messenger, ISR 2000, Crop Set ve Fosetyl-Al) etkisi laboratuarda petri ve serada saksı denemeleriyle araştırılmak üzere çalışma yapmışlardır. Bitki aktivatörlerinin *R. solani*'nin miseloyal gelişimine olan etkileri incelendiğinde, Salisilik Asit ve Aliette 700 ppm'in üzerindeki konsantrasyonlarda patojen gelişimini baskılarken diğer bitki aktivatörleri patojene herhangi bir etkide bulunmadığını belirlemişlerdir. Bitki aktivatörlerinden Salisilik asit, BION ve Aliette kök daldırma uygulamasında hastalığı %47-65 arasında baskılarken, yeşil aksama uygulamasında, Messenger ve Aliette hastalığı %59-64 arasında baskıladığını gözlemlemişlerdir. Hem kök daldırma hem de yeşil aksam uygulamasında Aliette uygulamasının başarılı olduğu bildirilmiştir. Sonuçta, çilekte *R. solani*'nin neden olduğu kök çürüklüğü hastalığının entegre mücadelesinde bitki aktivatörlerinin kullanılabileceği bu çalışmayla bildirilmiştir.

#### **2.4.2 Ahududu ve böğürtlen**

Dağdelen (2011), Hatay ve Kahramanmaraş illeri yabani ve kültür ahududu (*Rubus idaeus*) ve böğürtlen (*Rubus fruticosus*) alanlarındaki fungal hastalık etmenleri araştırılmak üzere çalışma yapmıştır. Bu amaçla 2009-2011 yılları yetiştirme sezonlarında bitki fenolojisi göz önünde bulundurularak sörveyler yapmıştır. Hastalık belirtileri gösteren bitkilerin kök, gövde, sürgün, meyve ve yapraklarından alınan örneklerden, uygun besi ortamları üzerinde izolasyonlar gerçekleştirmiştir. Hatay ilindeki plantasyonda bütün fenolojik dönemlerde ahududu sürgünleri üzerinde gri yamalarda bulunan gömülü picnidiumlardan sürgün yanıklığı etmeni *Kalmusia coniothyrium* izole etmiş ve bu şekilde araştırmaya devam etmiştir. Hasat öncesi yapılan gözlemlerde tüm lokasyonlarda sürgün, çiçek ve meyveler üzerinde saptanan *Botrytis cinerea*, ahududu ve böğürtlenlerde kalite kayıplarına sebep olduğunu saptamıştır. Her iki bitki türünde de sürgün ve yapraklardan uç yanıklığı etmeni *Didymella applanata* tüm lokasyonlardan izole edilerek araştırmaya devam edilmiştir. Yetiştirme sezonu başlarında böğürtlen gövde ve yapraklarında birikerek sporlanan ve daha önce böğürtlende raporu olmayan *Diachea leucopodia* plasmodial akışkan küfü tespit edildiğini gözlemlemiştir. *Seimatosporium lichenicola* tarafından neden olunan Ascospora geriye ölüm hastalığının pek çok lokasyonda belirlendiği ortaya koymuştur.

Tüm araştırma alanlarında antraknoz hastalığına sebep olan *Elsinoe veneta* etmeni yaprak ve sürgün lezyonlarından izole edilerek çalışma kapsamında ilderlenmiştir. *Alternaria* spp., *Cladosporium* spp., *Macrophomina phaseolina*, *Septoria rubi*, *Cercospora rubi*, *Fusarium oxysporum*, *Penicillium* spp., *Rhizoctonia* spp., *Trichoderma* spp., *Chaetomium* spp., *Nigrospora* spp., *Fusarium* spp., *Stemphylium* spp., *Rhizopus stolonifer*, *Aspergillus niger* ve *Mucor* spp. yaprak, sürgün ve meyvelerde arařtırmacılar tarafından belirlenen diđer funguslardır. Yabani ve kültür böğürtlenlerinde obligat parazitlerden sarı pas ve böğürtlen pası etmenleri *Phragmidium violaceum* ve *P. rubiadeinin* uredinium ve telium yatakları bütün bitki kısımlarında bu çalışma sonucu belirlenmiştir. Ekim alanlarında özellikle sık bitki gelişimi olması, hava sirkülasyonunun az olması, yoğun yabancı ot gelişimi ve budamanın doğru yapılmaması nedenleriyle sürgün yanıklığı, sürgün *Botrytis*'i, gri küf ve böğürtlen pası oluşumu ve şiddetinin saptandıkları alanlarda çok yüksek olduğu arařtırmacı tarafından belirlenmiştir.

#### **2.4.3 Maviyemiş**

Fungal hastalık riski diđer birçok üzüksü meyveye göre maviyemiş de çok daha fazla görölmektedir. Fungal hastalıklardan; Mumlu tane hastalığı (*Monilia vaccinii-corymbosi*), Fitoftora kök çürüklüğü (*Phytophthora cinnamoni*), Pomopsis kanser ve dal yanıklığı (*Phomopsis vaccinii*), Antraknoz (*Colletotrichum gloesporioides*), Meyve çürüklüğü, *Alternaria* (*Alternaria alternata*) görölebilen hastalıklardır. Ancak bu alanda yeterli bir çalışma yapılmamıştır.

#### **2.4.4 Mürver**

Mürver meyvesi ile ilgili bu alanda bilgimize göre yeterli bir çalışma bulunmamaktadır. Bu tez kapsamında bilgiler üretilmesi planlanmıştır.

## BÖLÜM III

### MATERYAL VE METOD

#### 3.1 Materyal

##### 3.1.1 Bitki materyali

Çalışmada, Prof. Dr. Sibel Derviş yönetiminde Bilge Dağdelen tarafından tamamlanan yüksek lisans tez çalışması sırasında Doğu Akdeniz Bölgesi'nden elde edilen fakat o sıralar klasik morfolojik teşhislerle tanımlanamayan üzüksü meyve bitkilerinden böğürtlen (Kahramanmaraş 3, Hatay 3) izolatları kullanılmıştır. Ayrıca, Orta ve Doğu Karadeniz Bölgelerinden temin edilen tamamı yabani böğürtlen, ahududu, mürver, çilek ve maviyemiş ile Orta ve Batı Akdeniz Bölgelerindeki yetiştiricilik alanlarından temin edilen çilek bitkilerinden izole edilen fungus izolatları kullanılmıştır. Araştırmada toplam 19 fungus izolatu kullanılmıştır. Bu izolatların bir kısmının morfolojik teşhisleri Prof. Dr. Sibel Derviş tarafından yapılmıştır. Morfolojik olarak tanımlanamayan fungusların teşhislerinin yapılması, tanımlanabilenlerin moleküler olarak onaylanmalarının yapılması amacıyla bu izolatlar çalışmanın materyalini oluşturmuştur. İzolatların filtre kâğıtları üzerinde geliştirilen ve -20°C'de muhafaza edilen kültürler kültürleri kullanılan izolatların kaynağını oluşturmuştur.



**Şekil 3.1.** Çalışma kapsamında araştırılan üzüksü meyvelerden kültür çileği örneği (G12 nolu örnek)

## **3.2 Metot**

### **3.2.1 Fungusların aktifleştirilmesi**

Filtre kâğıtları üzerinde -20 °C’de muhafaza edilen fungusların streptomycin eklenmiş, üzerine selefon yayılmış PDA (potato dekstroz agar) ortamında kültürleri yapılarak gelişmeleri sağlanmıştır. Buradan gelişen funguslar PCR işleminde kullanılmıştır.

### **3.2.2 Funguslardan DNA ekstraksiyonu**

Fungus misellerinden DNA ekstraksiyonu Gardes ve Buruns, 1993’e göre yapılmıştır. Bu amaçla, yaklaşık 100 mg fungal miselia 2 ml eppendorf tüp içerisine yerleştirilerek ve 300 µl lysis buffer (100 mM Tris-HCL pH:8,0, 1.4 M NaCl, 20 mM EDTA, %2 CTAB, %0.2 Merkaptoethanol) eklendikten sonra çelik bilya ile tissue lyser yardımıyla parçalanmıştır. Bu aşamadan sonra tüpler 65 °C’de 45 dak. inkübe edilmiştir. Üzerine 300 µl kloroform:izoamil alkol (24:1) eklenerek ve 15 dak. 13000 rpm’de santrifüj edilmiştir. 200 µl üst sıvı faz yeni 1,5 ml eppendorf tüplere alınmıştır. Üzerine 2 hacim soğuk %100 ethanol eklenerek -20 °C’de 30 dak bekletilmiştir. Sonra tüpler 10 dak 7000 rpm’de santrifüj edilmiştir. Oluşan pellet soğuk ethanol ile yıkandıktan sonra 50 µl TE buffer ile sulandırılıp -20 °C’de muhafaza edilmiştir. Elde edilen DNA’ların spektrofotometre ile konsantrasyon tayinleri yapıldıktan sonra gerekli sulandırmalar yapılmıştır.

### **3.2.3 Multi locus sequence typing (MLST)**

#### **3.2.3.1 Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PCR)**

Multi locus sequence typing (MLST) yaklaşımı kullanılarak, DNA’ların PCR analizleri için fungusların genel teşhisinde kullanılan ITS (Internal Transcribed Specer) ve large subunit (LSU) bölgelerine özgü primer çiftleri kullanılmıştır (Çizelge 3.1.).

**Çizelge 3.1.** Çalışmada kullanılan primer bilgileri

| Hedef alınan bölge | Primer adı     | Dizi 5'-3'                                      | Kaynak                   |
|--------------------|----------------|---|--------------------------|
| ITS                | ITS-6<br>ITS-4 | GAAGGTGAAGTCGTAACAAGG<br>TCCTCCGCTTATTGATATGC   | Cooke ve<br>Duncan, 1977 |
| LSU                | NL1-<br>NL4-   | GCATATCAATAAGCGGAGGAAAAG<br>GGTCCGTGTTTCAAGACGG | O'Donnell 1993.          |

DNA' lar kalıp olarak kullanılarak PCR yapılmıştır. 2 µl 10× PCR buffer, 1 µl 25 mM MgCl<sub>2</sub>, 0,5 µl 10 mM dNTPs, 0,5 µl primer seti (10 µM), 0,2 µl Taq polimeraz (500 unite/µl), içeren 25 µl' lik reaksiyon karışımı hazırlanmıştır (Çizelge 3.2). Kullanılan primer dizileri Çizelge 3.1' de verilmiştir. PCR reaksiyonları denatürasyondan sonra 35 döngü 94 °C 30 s, 50-60 °C 45 s, ve 72 °C 1 dk. ve 72 °C 10 dk. olacak şekilde gerçekleştirilmiştir. Çoğalan PCR ürünlerinin %1,5 luk agaroz jel elektroforezi sonrası UV lambası altında EtBr ile boyanmasıyla görüntülenmesi yapılmıştır.

**Çizelge 3.2.** PCR reaksiyon karışımı

| Malzemeler                       | 1 reaksiyon için gerekli karışım (µl) |
|----------------------------------|---------------------------------------|
| RNase ari su (dH <sub>2</sub> O) | 11,8                                  |
| 10 X Reaksiyon Buffer            | 2                                     |
| dNTPs (10 mM)                    | 1                                     |
| MgCl <sub>2</sub> (25 mM)        | 1                                     |
| Primer Forward (10 µM)           | 1                                     |
| Primer Reverse (10 µM)           | 1                                     |
| Taq DNA polimeraz                | 0,2                                   |
| DNA                              | 2                                     |
| <b>Toplam</b>                    | <b>20</b>                             |

### 3.2.3.2 Nükleotid analizleri

PCR analizleri sonucunda tespit edilen virüs izolatları arasından bulunduğu il, symptom ve çeşide bağlı olarak seçimler yapılmış ve bu PCR ürünleri DNA dizileme analizi için

firmaya (MedSanTek, İstanbul) gönderilmiştir. Verilerin NCBI (National Center for Biotechnology Information) BLAST analizleri yapılmış ve uluslararası veri tabanları ile karşılaştırılıp ve tür teşhisleri yapılmıştır.



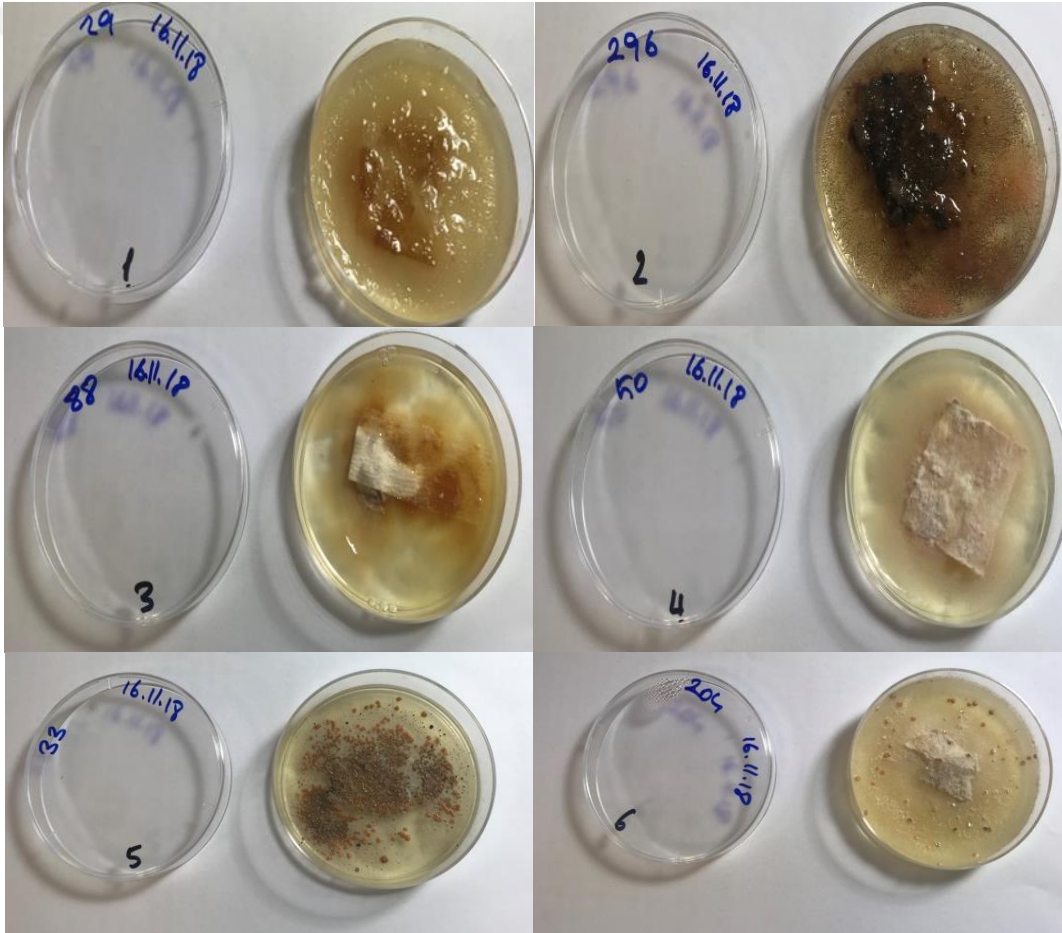


## BÖLÜM IV

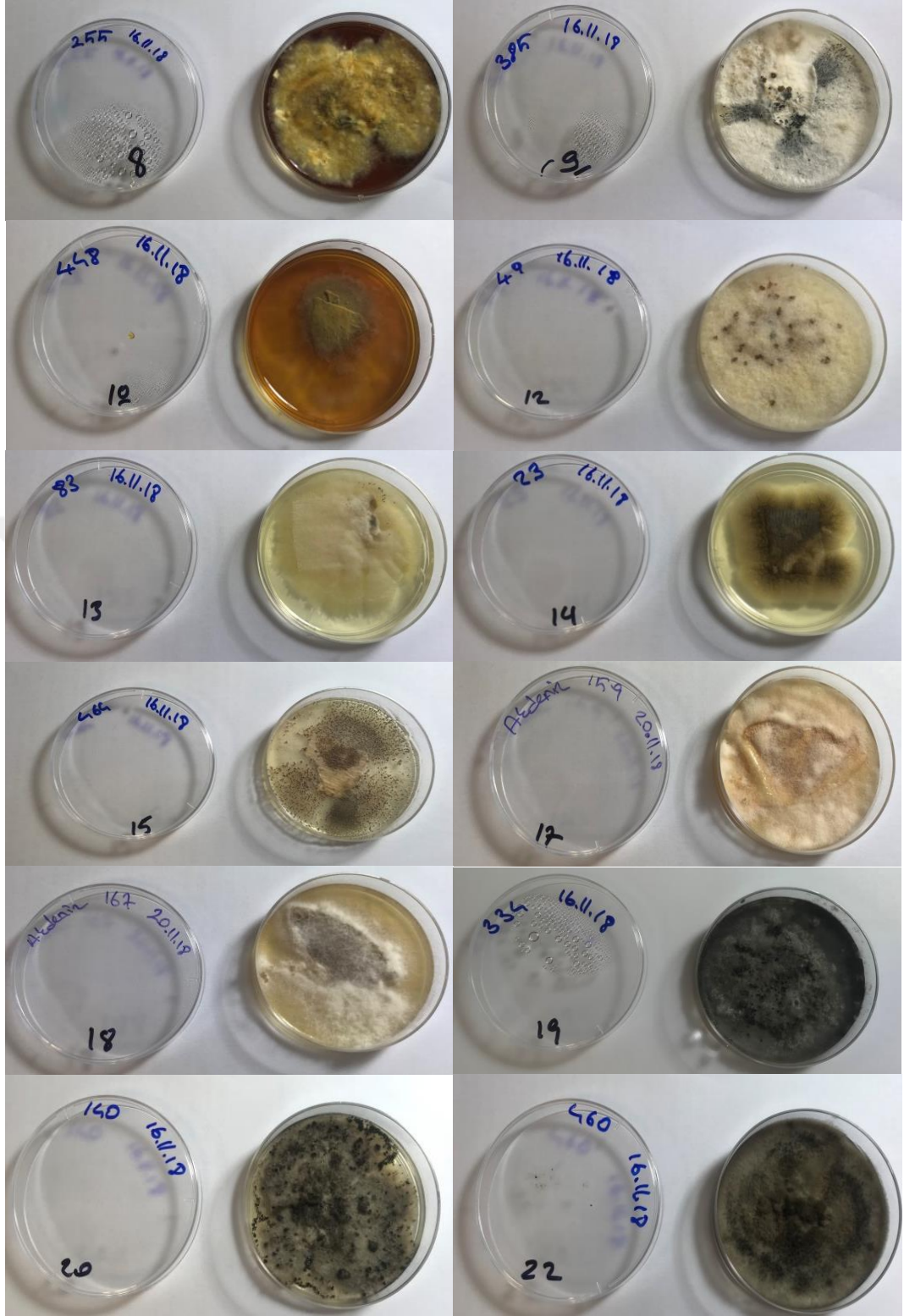
### BULGULAR VE TARTIŞMA

#### 4.1 Aktifleştirilen Fungus Kültür ve Preparatları

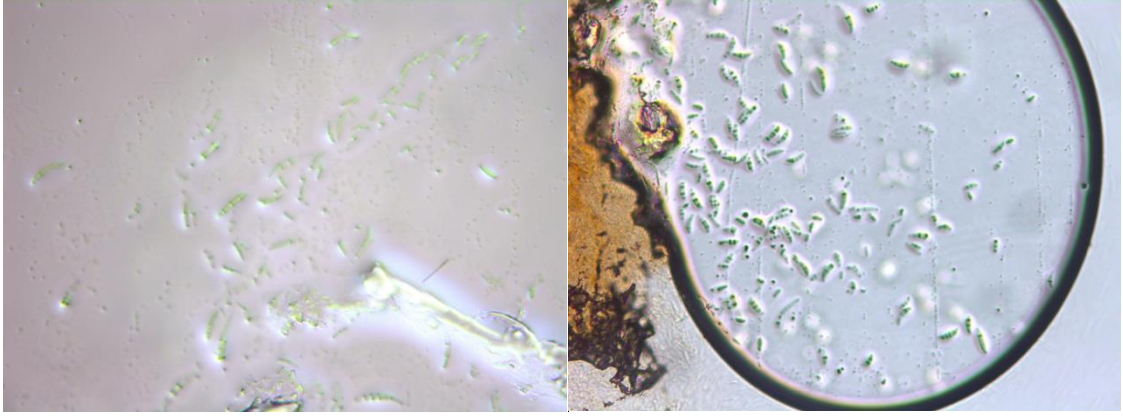
Araziden toplanan örneklerden izole edilen funguslar besiyeri ortamında değişik morfolojik özellikler göstermiştir. En çok rastlanan belirtiler Şekil 4.1’de verilmiştir. Fungal kültürlerin mikroskopik analizleri Prof. Dr. Sibel Derviş tarafından yapılmıştır (Şekil 4.2).



Şekil 4.1. Potato Dekstroz Agar besiyerinde gelişen fungusların morfolojik görünümü (Örnek numaraları, bilgileri ve teşhis sonuçları Çizelge 4.1 de yer almaktadır)



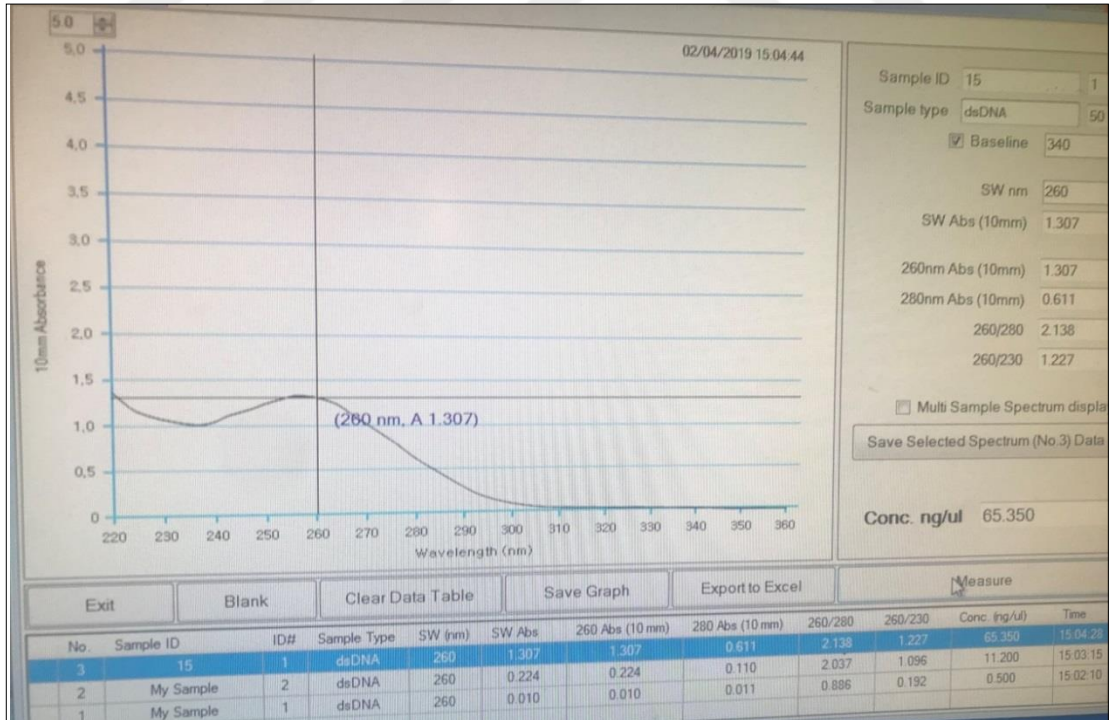
Şekil 4.2. (Devam) Potato Dekstroz Agar besiyerinde gelişen fungusların morfolojik görünümü (Örnek numaraları, bilgileri ve teşhis sonuçları Çizelge 4.1 de yer almaktadır)



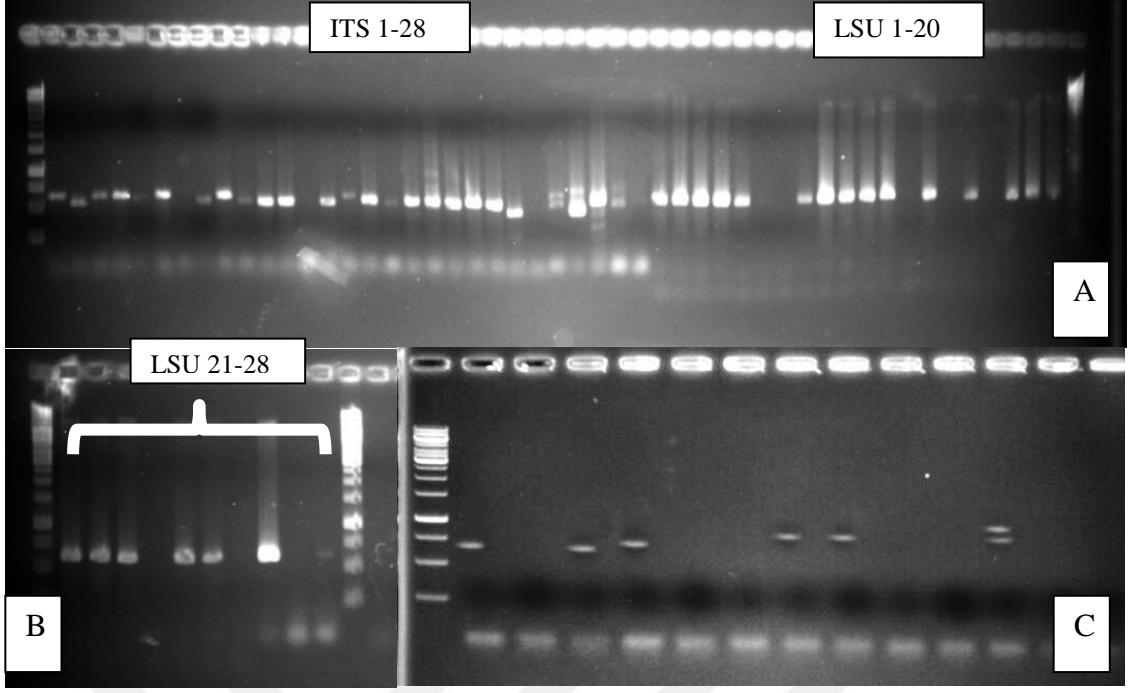
**Şekil 4.3.** Akdeniz Bölgesinden izole edilen 159 no'lu örneğin fungal sporlarının mikroskopik görünümü

#### 4.2 Multi Lokus Sequence Typing Analizleri

Yapılan PCR çalışmaları sonucunda ITS ve LSU primer çiftlerinin kullanılması ile değişik büyüklüklerde bantlar elde edilmiştir. Bu bantlar yaklaşık olarak 700-800 baz çifti uzunluğundadır (Şekil 4.3 ve 4.4). Net olan bantlar Dizi analizine alınmıştır.



**Şekil 4.4.** Funguslardan izole edilen DNA'ların spektrofotometrik analiz sonucu



**Şekil 4.5.** Funguslardan izole edilen DNA'ların kullanılması ile yapılan PCR analiz sonuçları. A ve B) ITS ve LSU primer çifti kullanılarak yapılan tarama, C) ITS ve LSU primer çifti kullanılarak yapılan tekrar tarama (Örnek sırası:5, 7, 13, 17, 24 ve LSU 6, 7, 13, 15, 17, 24, 27, W.)

### 4.3 Nükleotid Analizleri

DNA dizi analizine gönderilen örneklerin nükleotid dizileri NCBI-BLAST ile analiz edilmiştir. Test edilen örneklerden 19 adetinin sekans sonuçları net olması nedeniyle değerlendirmeye alınmıştır. Bu örneklerden 11 adeti böğürtlen, 3 adeti çilek, 2 adeti mürver, 2 adeti maviyemiş ve 1 adeti de ahududu bitkilerinden izole edilmiştir. Bu sonuçlara göre, böğürtlen (Ordu 1, Kahramanmaraş 3, Hatay 3, Trabzon 2, Rize 2), ahududu, mürver, çilek ve maviyemiş), çilek (Ordu 1, Antalya 2), mürver (Trabzon 1, Rize 1), maviyemiş (Trabzon 1, Rize 1) ve ahududu (Ordu 1) bitkilerinden izole edilen fungusların *Boeremia exigua*, *Colletotrichum gloesporidies*, *Epicoccum nigrum*, *Didymella glomerata*, *Preussia minima*, *Peyronellaea prosopidis*, *Fusarium sambucinum*, *Pestalotiopsis* sp., *Chaetomium fimeti*, *Gnomoniopsis idaeicola*, *Hypoxylon perforatum*, *Diplodia seriata*, *Fusarium solani* ve *Fusarium equiseti* oldukları tespit edilmiştir (Çizelge 4. 1.).

*Boeremia exigua* çalışmamızda Trabzon ilindeki mürver bitkisinde tespit edilmiş olup, *Phoma exigua*, *Ascochyta sonchi* sinonimleridir. Bu fungus dünya çapında yayılım göstermekte olup, konukçu bitkinin birçok yerinde (yaprak, gövde, kök, tomurcuk, yumru) lokalize olabilmektedir. Fırsatçı (Opportunistic) bir parazit olup yaprak ve gövdede nekroza sebep olmaktadır. Ülkemizde çeşitli bitki gruplarında tespit edilmiş olup (Tunalı vd. 2003; Eken ve Çoruh, 2007) henüz üzüksü meyvelerde bir kayıt yoktur.

*Colletotrichum gloesporidies* çalışmamızda Ordu ilinden toplanan böğürtlen bitkisinde tespit edilmiş olup bitki patojenidir. *Vermicularia gloesporioides* olarak da bilinmektedir.

Bir bitki patojeni ve endofiti, diğer patojenik mantarlara karşı antifungal ajan olarak kullanılabilir renkli pigmentler üreten yaygın bir mantar olan *Epicoccum nigrum*, Kahramannaraş ilinden toplanan böğürtlen bitkisinde ve Trabzon'dan toplanan mürver bitkisinde tespit edilmiş olup *Epicoccum asterinum*, *Phoma epicoccina* sinonimleri arasında yer almaktadır. Dünya çapına yayılış gösteren yapraklarda lokalize olan, çok çeşitli konukçuları olan ve çöküşe sebep olan bir hastalık etmenidir. Ellid vd. (1984) tarafından Ohio'da böğürtlende rapor edilmiştir. Molenko vd. (2008) tarafından Polonya'da mürver bitkisinde tespit edilmiştir. Rigotti vd. (2003) tarafından çilek bitkisinde İsviçre'de rapor edilmiştir. Ülkemizde Erzurum ilindeki çileklerde rapor edilmiştir (Eken, 2007).

*Didymella glomerata* çalışmamızda Hatay ili böğürtlen bitkisinden izole edilmiş olup bitki patojenidirler. *Peyronellaea glomerata* olarak da bilinmektedir.

*Preussia minima*, *Sporormiella minima* olarak da bilinmekte olup çalışmamızda Trabzon ilindeki böğürtlen bitkisinde tespit edilmiştir. Dünya çapında yayılmıştır.

*Peyronellaea prosopidis* Afrika kıtasında yayılış göstermekle birlikte gövdede lokalize olmaktadır. Baklagiller familyası ana konukçusudur (Crous vd. 2013). Çalışmamızda Kahramanmaraş ilindeki böğürtlen bitkisinden izole edilmiştir.

*Fusarium sambucinum* ahududu bitkisinde tespit edilmiştir olup bu bitki Ordu ilinden toplanmıştır. Odunsu dokularda lokalize olan, dünya çapında yayılış gösteren ve geriye ölüm, kök çürüklüğü ve kanser hastalıklarına neden olmaktadır (Booth, 1971). Polonya’da çilekte ve mürverde rapor edilmiş olup (Mulenko vd. 2008) ülkemizde kimyon bitkisinde tespit edilmiştir (Özer ve Bayraktar, 2015).

*Pestalotiopsis* sp, çalışmamızda Ordu ili çileklerinde tespit edilmiş olup bitki patojenidirler.

*Gnomoniopsis idaeicola* ana konukçusu *Rubus* türleridir ve Avrupa ve Kuzey Amerika da yayılış göstermişlerdir (Walker vd. 2010). Fransa, İsveç, Finlandiya gibi ülkelerde tespit edilmiş olup (Wang vd. 2017, Walker vd. 2010, Eriksson 2014) ülkemizde herhangi bir bitkide bu fungal etmenin kaydına rastlanılmamıştır. Çalışmamızda böğürtlen (Rize, Hatay, Trabzon, Kahramanmaraş) ve maviyemiş (Rize) bitkilerinde tespit edilmiştir.

*Diplodia seriata* sinonimleri arasında *Physalospora corni* ve *Diplodia profusa* yer almakta olup yaprak ve meyvelerde yer alan bir fungustur. Birçok bitki grubunda bulunabilmektedir. Yaprak lekeli, meyve çürüklüğü ve geriye ölümlere neden olmaktadır. Çalışmamızda Hatay ilinden toplanan böğürtlen bitkisinde tespit edilmiş olup ülkemizde bağlarda (Akgül vd. 2015), nektarinlerde (Endes vd. 2016, Kurbetli ve Demirci, 2014) rapor edilmiş olup *Rubus* türlerinde Yeni Zelanda ve Ohio da kayıtlar bulunmaktadır (Gadgil 2005).

*Fusarium equiseti*, sinonimleri arasında *Selenosporium equiseti*, *Fusarium bullatum*, *Gibberella intricans* yer almaktadır. Meyve, tohum ve köklerde yerleşen, kök çürüklüğü ve yaprak lekelerine neden olan bir fungustur. Çalışmamız sonucunda Antalya ili çileklerinde tespit edilmiş olup Türkiye’de kimyon bitkisinde (Özer ve Bayraktar, 2015) rapor edilmiştir.

*Fusarium solani* fungusu ise sonuçlarımıza göre Antalya ilinden toplanan çilek bitkisinde tespit edilmiştir. Bu fungus, Ascomycota bölümünde en az 26 yakından ilişkili filamentli fungustan oluşan bir tür kompleksidir. Yaygın bir toprak fungusu ve bitki materyalinin kolonisti olduğu bilinmektedir.

*Chaetomium fimeti* Rize ili böğürtleninden izole edilmiştir.

*Hypoxylon perforatum* Trabzon ilinden toplanan maviyemiş bitkisinde tespit edilmiş olup eşanlamlıları arasında *Fraxinus excelsior*, *Fraxinus lanceolata* ve *Fraxinus nigra* yer almaktadır.



Çizelge 4.1. Moleküler analizler sonucu elde edilen veriler

| Bitki ve izolat bilgileri |                    |                       |                        |                             | ITS bölgesi dizileri  |          |             |            | LSU bölgesi dizileri  |          |             |            |
|---------------------------|--------------------|-----------------------|------------------------|-----------------------------|---|----------|-------------|------------|---|----------|-------------|------------|
| İzolat adı / Sekans adı   | Bitki adı (Türkçe) | Bitki Adı (İngilizce) | Bitki Adı (Bilimsel)   | Toplandığı yer              | Teşhis edilen etmen   | NCBI no  | % cover age | % identity | Teşhis edilen etmen   | NCBI no  | % cover age | % identity |
| 140 lok28 / 20            | Potentilla         | Potentilla            | <i>Potentilla</i> ssp. | Ayder (Rize)                | <i>Boeremia exigua</i> var. <i>linicola</i> strain CBS 113.28 | MH854943 | 100         | 99,80      | <i>Boeremia exigua</i> var. <i>linicola</i> strain CBS 113.28 | MH866434 | 100         | 99,82      |
| 33 lok12 / 5              | Böğürtlen          | Blackberry            | <i>Rubus</i> ssp.      | Akkuş (Ordu)                | <i>Colletotrichum gloeosporioides</i> isolate A720            | KU529807 | 100         | 100        | <i>Colletotrichum gloeosporioides</i>                         | MH877138 | 100         | 100        |
| 448 Maraş / 10            | Böğürtlen          | Blackberry            | <i>Rubus</i> ssp.      | Kahramanmaraş               | <i>Epicoccum nigrum</i> strain DUCC5176                       | MH844780 | 100         | 100        | <i>Epicoccum nigrum</i> strain DUCC5176                       | MH844800 | 100         | 99,63      |
| 255 Sambucus lok35 / 8    | Mürver             | Elderberry            | <i>Sambucus nigra</i>  | Altındere (Maçka/Trabzon)   | <i>Epicoccum nigrum</i> (strain CBS 396.84)                   | MH861752 | 100         | 100        | <i>Epicoccum nigrum</i> (strain CBS 396.84)                   | MH861752 | 100         | 99,64      |
| 296 / 2                   | Böğürtlen          | Blackberry            | <i>Rubus</i> ssp.      | Hatay                       | <i>Didymella glomerata</i> (isolate 67)                       | KY290228 | 99          | 100        | <i>Didymella glomerata</i> (isolate 67)                       | KY355075 | 100         | 99,82      |
| 23 lok 30 / 14            | Böğürtlen          | Blackberry            | <i>Rubus</i> ssp.      | Altındere (Maçka/Trabzon)   | <i>Preussia minima</i> strain CBS 881.68                      | MH859242 | 100         | 99,80      | <i>Preussia minima</i> strain CBS 881.68                      | MH870970 | 100         | 99,09      |
| 460 Maraş / 22            | Böğürtlen          | Blackberry            | <i>Rubus</i> ssp.      | Kahramanmaraş               | <i>Peyronellaea prosopidis</i> strain CBS 136550              | MH866094 | 100         | 99,80      | <i>Peyronellaea prosopidis</i> strain CBS 136550              | MH877632 | 100         | 99,27      |
| 49 lok17 / 12             | Ahududu            | Raspberry             | <i>Rubus</i> ssp.      | Pelitliyatak (Ünye/Ordu)    | <i>Fusarium sambucinum</i> strain CBS 146.95                  | KM231813 | 100         | 99,80      | <i>Fusarium sambucinum</i> strain CBS 146.95                  | KM231682 | 100         | 92,04      |
| 385 lok19 / 9             | Çilek              | Strawberry (Alpine)   | <i>Fragaria vesca</i>  | Yenikızılcakese (Ünye/Ordu) | <i>Pestalotiopsis</i> sp. strain SC6A14                       | KU252290 | 100         | 99,82      | <i>Pestalotiopsis</i> sp. strain SC6A14                       | KU252383 | 100         | 100        |
| 83 lok 23 / 13            | Böğürtlen          | Blackberry            | <i>Rubus</i> ssp.      | Ayder (Rize)                | Sekans elde edilemedi   |          |             |            | <i>Chaetomium fimeti</i> strain CBS 343.73                    | MH872403 | 100         | 99,27      |



Çizelge 4.1. (Devam) Moleküler analizler sonucu elde edilen veriler

|                   |                    |                        |                                 |                           |   |          |     |       |   |          |     |       |
|-------------------|--------------------|------------------------|---------------------------------|---------------------------|---|----------|-----|-------|---|----------|-----|-------|
| 29 lok 30 / 1     | Böğürtlen          | Blackberry             | <i>Rubus</i> ssp.               | Altındere (Maçka/Trabzon) | <i>Gnomoniopsis idaeicola</i> (CBS 125676 strain) | MH863621 | 100 | 98,85 | <i>Gnomoniopsis idaeicola</i> (CBS 125676 strain) | MH875093 | 100 | 100   |
| 88 lok24 / 3      | Böğürtlen          | Blackberry             | <i>Rubus</i> ssp.               | Ayder (Rize)              | <i>Gnomoniopsis idaeicola</i> (CBS 125676 strain) | MH863621 | 100 | 99,13 | <i>Gnomoniopsis idaeicola</i> (CBS 125676 strain) | MH875093 | 100 | 100   |
| 204 Altınözü / 6  | Böğürtlen          | Blackberry             | <i>Rubus</i> ssp.               | Antinözü (Antakya/Hatay)  | <i>Gnomoniopsis idaeicola</i> (CBS 125676 strain) | MH875093 | 100 | 98,77 | <i>Gnomoniopsis idaeicola</i> (CBS 125676 strain) | MH875093 | 100 | 99,45 |
| 464 / 15          | Böğürtlen          | Blackberry             | <i>Rubus</i> ssp.               | Kahramanmaraş             | <i>Gnomoniopsis idaeicola</i> strain CBS 125676   | MH863621 | 100 | 98,94 | <i>Gnomoniopsis idaeicola</i> strain CBS 125676   | MH875093 | 100 | 99,44 |
| 50 lok25 / 4      | Ayı üzümü (Likapa) | Caucasian Whortleberry | <i>Vaccinium arctostaphylos</i> | Ayder (Rize)              | <i>Gnomoniopsis idaeicola</i> (CBS 125676 strain) | MH875093 | 100 | 99,13 | <i>Gnomoniopsis idaeicola</i> (CBS 125676 strain) | MH875093 | 100 | 100   |
| 415 lok32 / 25    | Ayı üzümü (Likapa) | Caucasian Whortleberry | <i>Vaccinium arctostaphylos</i> | Altındere (Maçka/Trabzon) | Sekans elde edilemedi                             |          |     |       | <i>Hypoxyton perforatum</i> strain MUCL 54174     | KY610490 | 99  | 99,82 |
| 334 / 19          | Böğürtlen          | Blackberry             | <i>Rubus</i> ssp.               | Hatay                     | <i>Diplodia seriata</i> isolate MH21Trs           | MK817042 | 100 | 98,41 | <i>Diplodia seriata</i> isolate MZ-F435           | MG720323 | 100 | 99,82 |
| Prep 159-G12 / 17 | Çilek              | Strawberry *           | <i>Fragaria xananasa</i>        | Gazipaşa (Antalya)        | <i>Fusarium equiseti</i> isolate SU-1             | MK680159 | 100 | 100   | <i>Fusarium equiseti</i> isolate SU-1             | MK733313 | 100 | 99,45 |
| Prep 167-G13 / 18 | Çilek              | Strawberry *           | <i>Fragaria xananasa</i>        | Gazipaşa (Antalya)        | <i>Fusarium solani</i> strain AURE-4              | KY511422 | 100 | 100   | <i>Fusarium solani</i> isolate 504EFAQ            | MK530101 | 100 | 99,63 |

## BÖLÜM V

### SONUÇLAR

Üzümsü meyvelerden ahududu ve böğürtlen yurdumuzda son birkaç yıldır ticari amaçla yetiştirilmekte olup, gerek sofralık gerekse sanayiye uygun olan bu meyvelerin üretilmesi büyük önem kazanmıştır. Üzümsü meyvelerin verim ve kalitesini olumsuz yönde etkileyen çok fazla fungal hastalık vardır. Fungal hastalıklar başlıca meyve, yaprak gibi kısımları hastalandıran toprak üstü hastalıklar ve kök boğazı ile kökü hastalandıran toprak kökenli hastalıklar olmak üzere iki kısımda sınıflandırılmaktadır.

Fungal hastalıklarla mücadele edebilmek için hastalığa neden olan etmenin tespit edilmesi gerekmektedir. Morfolojik teşhis yöntemlerinin yanı sıra günümüzde hızla artan bir şekilde fungus teşhisinde immünolojik, DNA/RNA probu teknolojisi ve polimeraz zincir reaksiyonu (PCR) ile nükleik asitlerin çoğaltılması gibi yöntemler kullanılmaktadır. Bu teknikler geleneksel yöntemlere göre daha doğru, hızlı sonuçlar alınabilen ve bitki patolojisi konusunda daha az deneyimli personel gerektiren yöntemlerdir.

Bitki hastalıkları ile mücadelede moleküler teşhis yöntemlerinin kullanılması çok fazla yaygınlaşmamış olmakla birlikte kaçınılmazdır. Hastalıkla mücadelede erken ve doğru teşhis önemli bir adımdır. Bu nedenle, bu çalışma kapsamında, üzümsü meyvelerin yetiştiriciliğinin en çok yapıldığı Doğu Karadeniz ve Akdeniz Bölgelerinden ve Kahramanmaraş ilinden hastalıklı olduğu düşünülen örnekler toplanmıştır. Bu örneklerden funguslar izole edilmiş ve saflaştırılmıştır. Moleküler olarak teşhis edilmesi amacı ile DNAları izole edilmiş ve sekanslanmıştır. Elde edilen nükleotidler veri tabanlarında analiz edilmiştir. Elde edilen bu verilere göre test edilen örneklerde *Boeremia exigua*, *Colletotrichum gloeosporioides*, *Epicoccum nigrum*, *Didymella glomerata*, *Preussia minima*, *Peyronellaea prosopidis*, *Fusarium sambucinum*, *Pestalotiopsis* sp, *Chaetomium fimetii*, *Gnomoniopsis idaeicola*, *Hypoxyton perforatum*, *Diplodia seriata*, *Fusarium solani* ve *Fusarium equiseti* fungal etmenlerinin olduğu tespit edilmiştir.

Bu çalışmanın sonuçlarının, Akdeniz ve Karadeniz bölgelerindeki ve Kahramanmaraş ilindeki üzümü meyvelerdeki fungal etmenlerle mücadele yöntemlerinin geliştirilmesine katkı sağlanacağı düşünülmektedir. Özellikle bu fungusların patojenite testlerinin yapılarak bölgedeki yaygınlık durumunun tespiti ile yayılmasının önlenmesi için gerekli tedbirlerin alınması önerilmektedir.



## KAYNAKLAR

Aysan, M., Kozak Özdemir, S. ve Erkılıç, A., “Çilekte *Rhizoctonia* kök çürüklüğü (*Rhizoctonia solani*)’ne karşı bazı bitki aktivatörlerinin etkileri”, *Tekirdağ Ziraat Fakültesi Dergisi* 16(2), 173-180, 2019.

Aghighi, S., Fontanini, L., Yeoh, P.B., Hardy, G.E. St.J., Burgess, T.I. and Scott, J.K., “A conceptual model to describe the decline of european blackberry (*Rubus anglocandicans*), A weed of national significance in Australia”, *Plant Disease* 98(5), 580-589, 2014.

Bildik, M.N., “Türkiye’de yetiştirilen önemli çilek çeşitlerinin *phytophthora*’ya tepkilerinin moleküler belirteçler ile belirlenmesi”, Yüksek Lisans Tezi, *N.Ö.H.Ü Fen Bilimleri Enstitüsü*, Niğde, s. 1, 2017.

Boerema, G.H., De Gruyter, J., Noordeloos, M.E. and Hamers, M.E.C., “*Phoma* identification manual: differentiation of specific and infra-specific taxa in culture”, *CABI Publishing*, Netherlands, 2004.

Booth, C., “The Genus *Fusarium*”, *Commonwealth Mycological Institute*, England, 1971.

Bulbul, A.S., Selcuk, F. and Huseyin, E., “New records of microfungi from Mt. strandzha in Turkey”, *Mycol.* 8, 161-167, 2011.

Crous, P.W., Denman, S., Taylor, J.E., Swart, L., Bezuidenhout, C.M., Hoffman, L., Palm, M.E., and Groenewald, J.Z., “Cultivation and disease of Proteaceae: *Leucadendron*, *Leucospermum*, and *Protea*: Second edition”, *CBS Biodivers*, Netherlands, 2013.

Çetinel, B. ve Onooğur, E.E., “Çilek küllemesi hastalığı etmeni ve mücadele olanakları üzerine son gelişmeler”, *Anadolu Ege Tarımsal Araştırma Enstitüsü Dergisi* 23(1), 53-65, 2013.

Dağdelen, B., “Hatay ve Kahramanmaraş illeri böğürtlen (*Rubus fruticosus*) ve ahududu (*Rubus idaeus*) yayılış ve yetiştiricilik alanlarında görülen fungal hastalık etmenlerinin belirlenmesi”, Yüksek Lisans Tezi, *M.K.Ü Fen Bilimleri Enstitüsü*, Hatay, s. 3, 2011.

Demirer Durak, E. ve Demirci, E., “Erzurum ilinde çilek bitkilerinden izole edilen fusarium türlerinin patojeniteleri” *Bitki Koruma Bülteni* 54(3), 247-253, 2014.

Dinler, H., “Çilek fidelerinde toprak kaynaklı fungal etmenlerin saptanması üzerinde araştırmalar”, Doktora Tezi, *A.D.Ü Fen Bilimleri Enstitüsü*, Aydın, s. 4, 2014.

Dudka, I.O., Heluta, V.P., Tykhonenko, Y.Y., Andrianova, T.V., Hayova, V.P., Prydiuk, M.P., Dzhagan, V.V. and Isikov, V.P., “Fungi of the Crimean Peninsula] (Translated from Russian)”, *M.G. Kholodny Institute of Botany, National Academy of Sciences of Ukraine*, Russia, 2004.

Eken, C. and Coruh, I., “First report of *Ascochyta sonchi* in Turkey”, *Plant Pathol* 56, 725, 2007.

Ellis, M.A., Kuter, G.A. and Wilson, L.L., “Fungi that cause cane cankers on thornless blackberry in Ohio”, *Plant Disease* 68, 812-815, 1984.

Endes, A., Kayim, M. and Eskalen, A., “First report of *Lasiodiplodia theobromae*, *L. pseudotheobromae*, and *Diplodia seriata* causing bot canker and gummosis of nectarines in Turkey”, *Plant Disease* 100(11), 2321, 2016.

Eriksson, O.E., “Checklist of the non-lichenized ascomycetes of Sweden”, *Acta Univ. Upsal. Symb. Bot. Upsal*, 36, 499, 2014.

Gadgil, P.D., “Fungi on trees and shrubs in New Zealand”, *Fungal Diversity Press*, New Zealand, 2005.

Greco, M., Patriarca, A., Terminiello L., Fernández, Pinto, V. and Pose, G., “Toxigenic *Alternaria* species from Argentinean blueberries”, *International Journal of Food Microbiology* 154(3), 187-191, 2012.

Irina, S.D., Kopchinskiy, A.G., Komon, M., Bissett, J., Szakacs, G. and Kubicek, C.P., “An oligonucleotide barcode for species identification in *Trichoderma* and *Hypocrea*”, *Fungal Genetics and Biology* 42, 813–828, 2005.

Johnson, L.F., Berrand, E.C. and Qan, P., “Isolation of *Trichoderma* spp at low temperatures from Tennessee and Alaska soils”, *Plant Disease* 71, 137-140, 1987.

Johanson, A., Crowhurst, R.N., Rikkerink, E.H.A., Fullerton, R.A. and Templeton, M.D., “The use of species-specific DNA probes for the identification of *Mycosphaerella fijiensis* and *M.musicola*, the causal agents of Sigatoka disease of banana”, *Plant Pathology* 43, 701-707, 1994.

Kılıçel, İ., “Bazı çilek çeşitlerinin Van ekolojik koşullarında fide verim özelliklerinin belirlenmesi”, Yüksek Lisans Tezi, *Yüzüncü Yıl Üniv. Fen Bil. Enst.*, Van, s.8, 2005.

Köroğlu, Ç., “Bazı organik maddelerin çilek bitkisinin gelişimine ve *Macrophomina phaseolina* (Tassi) Goid.'nın neden olduğu taç ve kök çürüklüğü hastalığı ve toprakta mikrosklerot sayısı üzerine etkisi”, Yüksek Lisans Tezi, *A.D.Ü Fen Bilimleri Enstitüsü*, Aydın, s. 9, 2013.

Kurbetli, I. and Demirci, F. “Outbreak of stem canker and dieback of pear trees caused by *Botryosphaeria obtusa* (anamorph *Diplodia seriata*) in Turkey.” *New Disease Reports* 30, 6, 2014.

Lee, S.B., White, T.J. and Taylor, J.W., “Detection of *Phytophthora* species of oligonucleotide hybridization to amplified ribosomal DNA spacers”, *Phytopathology* 83, 177-181, 1993.

Lei, Y., Tang, X.B., Jayawardena, R.S., Yan, J.Y., Wang, X.D., Liu, M., Chen, T., Liu, X.M., Wang, J.C. and Chen, Q.X., “Identification and characterization

of *Colletotrichum* species causing grape ripe rot in southern China”, *Mycosphere* 7(8), 1177-1191, 2016.

Leiva, G., Mondragónb, G., Meryb, D. and Aguilera, J.M., “The automatic sorting using image processing improves postharvest blueberries storage quality”, *Global Science Books*, England, 2011.

Li, X., Kerrigan, J. and Chai, W., “*Botrytis caroliniana*, a new species isolated from blackberry in South Carolina”, *Journal Mycologia* 6, 650-658, 2017.

Maas, E.V., “Salt tolerance of plants. In B.R. Christie (ed.) Handbook of plant science in agriculture” *CRC Press Boca Raton*, Finland, 1984.

Maas, J.L., Wang, S. Y. and Galetta, G. J., “Heath enhancing properties of strawberry fruit”, In: Pritts, M. P., Chandler, C.K. And Crocker, T.E. (eds). *Proceeding of the V North American Strawberry Conference*, Florida, 1996.

Manici, L.M. and Bonora, P. “Molecular genetic variability of Italian binucleate *Rhizoctonia* spp. isolates from strawberry.” *Eur J Plant Pathol.* 118, 31–42, 2007.

Morin, L., Evans, K.J., Jourdan, M., Gomez, D.R. and Scott, J.K., “Use of a trap garden to find additional genetically distinct isolates of the rust fungus *Phragmidium violaceum* to enhance biological control of European blackberry in Australia”, *European Journal of Plant Pathology* 2, 289-303, 2011.

Mulenko, W., Majewski, T. and Ruskiewicz-Michalska, M., “A preliminary checklist of Micromycetes in Poland”, *W. Szafer Institute of Botany* 9, 752, 2008.

Nazar, R.N., Hu, X., Schmidt, J., Culham, D. and Robb, J., “Potential use of PCR-amplified ribosomal intergenic sequences in the detection and differentiation of *Verticillium* wilt pathogens” *Physiological and Molecular Plant Pathology* 39, :1–11, 1991.

Oo, M.M, and Oh, S.-K., “Identification and characterization of new record of grape ripe rot disease caused by *Colletotrichum viniferum* in Korea”, *Mycobiology* 45(4), 421-425, 2017.

Ozer, G. and Bayraktar, H. “Determination of fungal pathogens associated with *Cuminum cyminum* in Turkey”, *Pl. Protect. Sci* 51(2), 74-79, 2015.

Page, N.R. and Craddock, G.R., “Fumigant influence soil fertility level”, *Bromides in Agriculture* 65, 19-20, 1965.

Peng, L.J., Sun, T., Yang, Y., L., Cai, L., Hyde, K.D., Bahkali, A.H., and Liu, Z.Y., “*Colletotrichum* species on grape in Guizhou and Yunnan provinces, China.” *Mycoscience* 54, 29-41, 2013.

Prodorutti, D., Pertot, I., Giongo, L. and Gessler, C., “Highbush Blueberry: Cultivation, protection, breeding and biotechnology”, *The European Journal of Plant Science and Biotechnology*, 4, 44-56, 2007.

Rigott, S., Viret, O. and Gindrat, D., “Fungi from symptomless strawberry plants in Switzerland”, *Phytopathol* 42, 85-88, 2003.

Sammonds J., Billones R., Rochetti M3, Ridgway H.J., Walter M. and Jaspers M.V., “Survey of blueberry farms for botryospheria dieback and crown rot pathogens”, *Plant Disease*, 62: 238-242, 2009.

Sarıgül Ertek, T., Katırcıoğlu, Y.Z. and Maden, S., “Fungal diseases of strawberry grown in Düzce province of Turkey”, *Bitki Koruma Bülteni* 58(3), 123-129, 2018.

Serçe, S. ve Özgen, M., “Maviyemiş Ege ve Akdeniz bölgelerinde ekonomik olarak yetiştirilebilir mi?”, *Harman* 46, 5, 2013.

Smith, S.E., Robson, A.D. and Abott, L.K., “The involvement of mycorrhizas in assement of genetically dependt efficiency of nutrient uptake and use”, *Plant and Soil*, 146, 169 – 172, 1992.



TÜİK, 2018, [http://www.tuik.gov.tr/PreTablo.do?alt\\_id=1001/html](http://www.tuik.gov.tr/PreTablo.do?alt_id=1001/html), 23 Temmuz 2019.

Tunali, B., Eskandari, F.M., Berner, D.K., Farr, D.F. and Castlebury, L.A., “First report of leaf blight caused by *Phoma exigua* on *Acroptilon repens* in Turkey”, *Plant Disease* 87, 1540, 2003.

Türemiş, N., Özgüven, A.I. ve Paydaş, S., “Güneydoğu Anadolu bölgesinde çilek yetiştiriciliği”, *TÜBİTAK Yayınları*, Türkiye, s. 36, 2000.

Uçar, Ali., “Aydın ilinde yetiştirilen bazı çilek çeşitlerinde kurşuni küf (*Botrytis cinerea*) ve külleme (*Podosphaera aphanis*) hastalığının bulunma oranı ve hastalık şiddeti”, Yüksek Lisans Tezi, *A.D.Ü Fen Bilimleri Enstitüsü*, Aydın, s. 7, 2014

Yılmaz, H., “Çilek hastalıkları”, *Yüzüncü Yıl Üniversitesi Ziraat Fakültesi Bahçe Bitkileri Bölümü Yayınları*, Türkiye, s. 64, 2006.

Yücel, S., “Domates fusarium solgunluğuna karşı biyolojik kontrolde antagonistlerin ve toprak solarizasyon uygulamasının karşılıklı etkileşiminden yararlanma olanakları üzerinde araştırmalar”, *Adana Zirai Mücadele Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü Araştırma Yayınları*, Türkiye, s. 108 s, 1989.

Walker, D.M., Castlebury, L.A., Rossman, A.Y., Sogonov, M.V. and White, J.F., “Systematics of genus *Gnomoniopsis* (Gnomoniaceae, Diaporthales) based on a three gene phylogeny, host associations and morpholog”, *Mycologia* 102, 1479-1496, 2010.

Wang, J., Zhao, B., Liu, C., Liu, H. and Liu, A., “First report of *Sclerotium delphinii* on *Cynanchum paniculatum*”, *Australasian Plant Disease Notes* 12, 21, 2017.

Wharton, P.S. and Uribeondo, J.D., “The biology of *Colletotrichum acutatum*”, *Anales del Jardín Botánico de Madrid* 6, 1, 2004.

White, T.J., Bruns, T., Lee, S. and Taylor, J.W., “Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics”, *Academic Press*, USA, 1990.

Verma, N., MacDonald, L. and Punja, Z.K., “Inoculum prevalence, host infection and biological control of *Colletotrichum acutatum*: causal agent of blueberry anthracnose in British Columbia”, ***Plant Pathology*** 55(3), 442-450, 2006.



## EKLER

### ITS-1-Gnomoniopsis idaeicola

ACAAGGTCTCCGTTGGTGAACCAGCGGAGGGATCATTGCTGGAACAAACGCCCTCACGGGT  
 GCTACCCAGAAACCCTTTGTGAATTCTTCTCTATTGTTGCCCTCGGCACAGACTGGCTTCATAC  
 GAAGTCCCCTATTTTCCTTCTCTTCGGAGGGGATAAGGGAGCAGGTTCGGCCGGTGGCCCACT  
 ATAACTCTTTGTTTTACTATGTATCTTCTGAGTAAATAACTATAAATGAATCAAAACTTTT  
 AACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGT  
 GAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCGCTGGTATTCCA  
 GCGGGCATGCCTGTTTCGAGCGTCATTTCAACCCTCAAACCTCGGTTTTGGTGTGGAGGAC  
 TACGCTGCTACCCAGCGTAGCCTCTGAAATACAGTGGCGGGCTCGCTAGAATTTTGAGCGT  
 AGTAATTTATACCTCGTTTGTAAAGACAGCGGTGTCTCTTGCCGTAACCCCACTTTCT  
 GAAAATGACCT

Sequences producing significant alignments:  
 Select: All None Selected: 0

Alignments Download GenBank Graphics Distance tree of results

| Description   | Max Score | Total Score | Query Cover | E value | Per. Ident | Accession  |
|---|-----------|-------------|-------------|---------|------------|------------|
| <input type="checkbox"/> Ambarrionomia reticulorum genomic DNA sequence contains 18S rRNA gene ITS1 5.8S rRNA gene ITS2 28S rRNA gene isolate 0511TE57G2  | 998       | 998         | 100%        | 0.0     | 98.95%     | LN808958.1 |
| <input type="checkbox"/> Gnomoniopsis idaeicola strain CBS 125676 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal tra  | 996       | 996         | 100%        | 0.0     | 98.95%     | MH863621.1 |
| <input type="checkbox"/> Gnomoniopsis idaeicola Go to alignment for Gnomoniopsis idaeicola strain CBS 125676 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence | 996       | 996         | 100%        | 0.0     | 98.95%     | MH863619.1 |
| <input type="checkbox"/> Gnomoniopsis idaeicola strain CBS 125673 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal tra  | 996       | 996         | 100%        | 0.0     | 98.95%     | MH863618.1 |
| <input type="checkbox"/> Gnomoniopsis idaeicola strain CBS 125672 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal tra  | 996       | 996         | 100%        | 0.0     | 98.95%     | MH863617.1 |
| <input type="checkbox"/> Gnomoniopsis idaeicola strain KZ413-15 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spa  | 996       | 996         | 100%        | 0.0     | 98.95%     | MG893865.1 |
| <input type="checkbox"/> Gnomoniopsis idaeicola strain KRU7-15 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spa   | 996       | 996         | 100%        | 0.0     | 98.95%     | MG893864.1 |
| <input type="checkbox"/> Gnomoniopsis idaeicola strain KM18-15 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spa   | 996       | 996         | 100%        | 0.0     | 98.95%     | MG893863.1 |
| <input type="checkbox"/> Gnomoniopsis idaeicola strain KVR1-14 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spa   | 996       | 996         | 100%        | 0.0     | 98.95%     | MG893862.1 |
| <input type="checkbox"/> Gnomoniopsis idaeicola strain KMS12-14 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spa  | 996       | 996         | 100%        | 0.0     | 98.95%     | MG893861.1 |
| <input type="checkbox"/> Gnomoniopsis idaeicola strain KMS6-14 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spa   | 996       | 996         | 100%        | 0.0     | 98.95%     | MG893860.1 |
| <input type="checkbox"/> Gnomoniopsis idaeicola strain KMS2-14 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spa   | 996       | 996         | 100%        | 0.0     | 98.95%     | MG893859.1 |
| <input type="checkbox"/> Gnomoniopsis idaeicola strain KSV1-16 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spa   | 996       | 996         | 100%        | 0.0     | 98.95%     | MG878401.1 |
| <input type="checkbox"/> Gnomoniopsis idaeicola strain KZ411-15 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spa  | 996       | 996         | 100%        | 0.0     | 98.95%     | MF537342.1 |
| <input type="checkbox"/> Gnomoniopsis idaeicola strain KRU9-15 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spa   | 996       | 996         | 100%        | 0.0     | 98.95%     | MF537340.1 |
| <input type="checkbox"/> Gnomoniopsis idaeicola strain KMS4-14 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spa   | 996       | 996         | 100%        | 0.0     | 98.95%     | MF537338.1 |

### LSU-1-Gnomoniopsis idaeicola

ACGGCGAGTGAAGCGCAACAGCTCAAATTTGAAATCTGGCTTCGGCCCGAGTTGTAATTTG  
 CAGAGGATGTTTATGGTGGGTACCTTCCGAGTTCCTTGGAAACGGGACGCCACAGAGGGTG  
 AGAGCCCCGTCTGGTTGGATACCAAACCTGTGTTAAACTCCTTCAACGAGTTCGAGTAGTTTG  
 GGAATGCTGCTCTAAATGGGAGGTAATCTTCTTAAAGCTAAATACCGGCCAGAGACCGAT  
 AGCGCACAAGTAGAGTGATCGAAAGATGAAAAGCACCTTGAAAAGGGGGTTAAACAGTAC  
 GTGAAATTGTTAAAAGGGAAGCGTTTATGACCAGACTTGTGTCTGTGGCTCATCCGAGGTT  
 CTCCCCGGTGCCTCCACACGGCTCAGGCCAACATCGGTTCTCGTTGGGGGATAAGAACAGT  
 AGGAACGTGGCCCTTTTCGAAGGGTGTTATAGCCTGCTGTACGATACCCTGATGGGGACCGA  
 GGACCCGCTTCGGCTAGGATGTTGGCGTAATGGTTCATTAGCGACCCG

Sequences producing significant alignments:  
 Select: All None Selected: 0

Alignments Download GenBank Graphics Distance tree of results

| Description  | Max Score | Total Score | Query Cover | E value | Per. Ident | Accession   |
|--|-----------|-------------|-------------|---------|------------|-------------|
| <input type="checkbox"/> Gnomoniopsis idaeicola strain CBS 125676 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence | 976       | 976         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | MH875093.1  |
| <input type="checkbox"/> Gnomoniopsis idaeicola strain CBS 125675 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence | 976       | 976         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | MH875092.1  |
| <input type="checkbox"/> Gnomoniopsis idaeicola strain CBS 125674 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence | 976       | 976         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | MH875091.1  |
| <input type="checkbox"/> Gnomoniopsis idaeicola strain CBS 125672 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence | 976       | 976         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | MH875089.1  |
| <input type="checkbox"/> Gnomoniopsis idaeicola strain CBS 125673 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence | 970       | 970         | 100%        | 0.0     | 99.82%     | MH875090.1  |
| <input type="checkbox"/> Gnomoniopsis smithii strain CBS 130189 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence   | 967       | 967         | 100%        | 0.0     | 99.63%     | MH877030.1  |
| <input type="checkbox"/> Gnomoniopsis smithii strain CBS 130188 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence   | 967       | 967         | 100%        | 0.0     | 99.63%     | MH877029.1  |
| <input type="checkbox"/> Gnomoniopsis macounii strain CBS 121468 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence  | 967       | 967         | 100%        | 0.0     | 99.63%     | MH874966.1  |
| <input type="checkbox"/> Cratichneumon umbrae strain CBS 158 33 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence   | 967       | 967         | 100%        | 0.0     | 99.63%     | MH866843.1  |
| <input type="checkbox"/> Gnomoniopsis rosae culture CBS 145085 28S ribosomal RNA gene, partial sequence              | 967       | 967         | 100%        | 0.0     | 99.63%     | MK047501.1  |
| <input type="checkbox"/> Gnomoniopsis castaneae strain Gca1 28S ribosomal RNA gene, partial sequence                 | 967       | 967         | 100%        | 0.0     | 99.63%     | KX929802.1  |
| <input type="checkbox"/> Gnomoniopsis smithii isolate Gca1 28S ribosomal RNA gene, partial sequence                  | 967       | 967         | 100%        | 0.0     | 99.63%     | KP824755.1  |
| <input type="checkbox"/> Gnomoniopsis smithii isolate T5 28S ribosomal RNA gene, partial sequence                    | 967       | 967         | 100%        | 0.0     | 99.63%     | KP824753.1  |
| <input type="checkbox"/> Gnomoniopsis smithii isolate T4 28S ribosomal RNA gene, partial sequence                    | 967       | 967         | 100%        | 0.0     | 99.63%     | KP824751.1  |
| <input type="checkbox"/> Gnomoniopsis smithii isolate T3 28S ribosomal RNA gene, partial sequence                    | 967       | 967         | 100%        | 0.0     | 99.63%     | KP824749.1  |
| <input type="checkbox"/> Gnomoniopsis smithii isolate T1 28S ribosomal RNA gene, partial sequence                    | 967       | 967         | 100%        | 0.0     | 99.63%     | KP824747.1  |
| <input type="checkbox"/> Gnomoniopsis smithii CBS 130190 28S rRNA, partial sequence, from TYPE material              | 967       | 967         | 100%        | 0.0     | 99.63%     | MG_042672.1 |

ITS-2-Phoma glomerata

CAGAGTGTAAAATGTACTTTTGGACGTCGTCGTTATGAGTGCAAAGCGCGAGATGTACTGCGCTCCGAAATCAATACGCCGGCTGCCAATTGTTTTGAGGCGAGTCTACACGCAGAGGCGAGACAAACACCCAACACCAAGCAGAGCTTGAAGGTACAAATGACGCTCGAACAGGCATGCCCCATGGAATACCAAGGGGCGCAATGTGCGTTCAAAGATTCGATGATTCACTGAATTCTGCAATTCACTACTTATCGCATTTCGCTGCGTTCATCGATGCCAGAACCAAGAGATCCGTTGTTGAAAGTTGTAATACTATTAAGTTTTTTCAGACGCTGATTGCAACTGCAAATGGTTTAAATTGTCCAATCGGCGGGCGAACC CGCCGAGGAAACGAAGGTACTTAAAAGACATGGGTAAGAGATAGCAGGCAAAGCCTACAACCTTAGGTAATGATCCTTCCGCAGGTTACCTACGGAAACCTTGT

Sequences producing significant alignments:

Select: [All](#) [None](#) Selected: 0

Alignments [Download](#) [GenBank](#) [Graphics](#) [Distance tree of results](#)

| Description  | Max Score | Total Score | Query Cover | E value | Per. Ident | Accession                  |
|--|-----------|-------------|-------------|---------|------------|----------------------------|
| <a href="#">Phoma sp. A165 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1 and 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence, and internal transcribed s</a>      | 888       | 888         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | <a href="#">KT898731.1</a> |
| <a href="#">Peyronellaea glomerata strain L23_2 internal transcribed spacer 1, partial sequence, 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence, and internal transcribed spacer 2, c</a>  | 888       | 888         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | <a href="#">JQ946417.1</a> |
| <a href="#">Peyronellaea glomerata strain L22_2 internal transcribed spacer 1, partial sequence, 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence, and internal transcribed spacer 2, c</a>  | 888       | 888         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | <a href="#">JQ946416.1</a> |
| <a href="#">Phoma glomerata strain PG11 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, c</a>     | 888       | 888         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | <a href="#">GU724511.1</a> |
| <a href="#">Peyronellaea sp. isolate E22911 ITS small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcri</a>  | 886       | 886         | 99%         | 0.0     | 100.00%    | <a href="#">MK267758.1</a> |
| <a href="#">Phoma sp. isolate K21 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, i</a> | 886       | 886         | 99%         | 0.0     | 100.00%    | <a href="#">MH029124.1</a> |
| <a href="#">Phoma sp. isolate K2BR small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2</a>   | 886       | 886         | 99%         | 0.0     | 100.00%    | <a href="#">MH029123.1</a> |
| <a href="#">Didymella glomerata isolate A429 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1 and 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence</a>      | 886       | 886         | 99%         | 0.0     | 100.00%    | <a href="#">MK247558.1</a> |
| <a href="#">Phoma conidiogena strain CBS 128899 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal trans</a>     | 886       | 886         | 99%         | 0.0     | 100.00%    | <a href="#">MH865146.1</a> |
| <a href="#">Didymella glomerata strain CBS 127058 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal trans</a>   | 886       | 886         | 99%         | 0.0     | 100.00%    | <a href="#">MH864400.1</a> |
| <a href="#">Didymella glomerata strain CBS 293_36 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal trans</a>   | 886       | 886         | 99%         | 0.0     | 100.00%    | <a href="#">MH855805.1</a> |
| <a href="#">Didymella macrostoma strain CBS 115_12 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal tra</a>    | 886       | 886         | 99%         | 0.0     | 100.00%    | <a href="#">MH854608.1</a> |
| <a href="#">Didymella glomerata isolate 67 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, c</a>  | 886       | 886         | 99%         | 0.0     | 100.00%    | <a href="#">KY290228.1</a> |
| <a href="#">Phoma sp. strain A2 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, c</a>   | 886       | 886         | 99%         | 0.0     | 100.00%    | <a href="#">MH383191.1</a> |
| <a href="#">Phoma sp. isolate 121 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete</a>    | 886       | 886         | 99%         | 0.0     | 100.00%    | <a href="#">KT898956.1</a> |

LSU-2-Didymella glomerata

ACGGCGAGTGAAGCGGCAACAGCTCAATTTGAAATCTGGCGTCTTCGGCGTCCGAGTTGTAA TTTGCAGAGGGCGCTTTGGCTAGCCTTTACCGTGTAAAGCCCCTTCGACGAGTTCGAGTTGTTT GGGAAATGCAGCTCTAAATGGGAGGTAATTTCTTCTAAAGCTAAATACTGGCCAGAGACCG ATAGCGCACAAGTAGAGTGATCGAAAGATGAAAAGCACTTTGGAAAGAGAGTTAAAAAGC ACGTGAAATTTGTTGAAAGGGAAGCGCTTGCAGCCAGACTTGCTGTAGTTGCTCATCCGGGT TTTTACCCGGTGCACCTCTTCTATAGGCAGGCCAGCATCAGTTTGGGCGGTTGGATAAAGGTC TCTGTATGTACCTCTCTTCGGGGAGA ACTTATAGGGGAGACGACATGCAACCAGCCTGGAC TGAGGTCGCGCATCTGCTAGGATGCTGGCGTAATGGCTGTAAGCGGC

Sequences producing significant alignments:

Select: [All](#) [None](#) Selected: 0

Alignments [Download](#) [GenBank](#) [Graphics](#) [Distance tree of results](#)

| Description  | Max Score | Total Score | Query Cover | E value | Per. Ident | Accession                  |
|--|-----------|-------------|-------------|---------|------------|----------------------------|
| <a href="#">Didymella pomorum strain CBS 286_76 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a> | 1009      | 1009        | 100%        | 0.0     | 100.00%    | <a href="#">MH872749.1</a> |
| <a href="#">Didymella glomerata strain P4 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>       | 1003      | 1003        | 100%        | 0.0     | 99.82%     | <a href="#">MK121687.1</a> |
| <a href="#">Didymella glomerata strain T911 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>     | 1003      | 1003        | 100%        | 0.0     | 99.82%     | <a href="#">MK138754.1</a> |
| <a href="#">Didymella glomerata strain T7811 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>    | 1003      | 1003        | 100%        | 0.0     | 99.82%     | <a href="#">MK138753.1</a> |
| <a href="#">Didymella glomerata strain T411 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>     | 1003      | 1003        | 100%        | 0.0     | 99.82%     | <a href="#">MK138752.1</a> |
| <a href="#">Didymella glomerata strain T38811 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>   | 1003      | 1003        | 100%        | 0.0     | 99.82%     | <a href="#">MK138751.1</a> |
| <a href="#">Didymella glomerata strain T32111 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>   | 1003      | 1003        | 100%        | 0.0     | 99.82%     | <a href="#">MK138750.1</a> |
| <a href="#">Didymella glomerata strain T29311 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>   | 1003      | 1003        | 100%        | 0.0     | 99.82%     | <a href="#">MK138749.1</a> |
| <a href="#">Didymella glomerata strain T111 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>     | 1003      | 1003        | 100%        | 0.0     | 99.82%     | <a href="#">MK138748.1</a> |
| <a href="#">Didymella glomerata strain M913 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>     | 1003      | 1003        | 100%        | 0.0     | 99.82%     | <a href="#">MK138747.1</a> |
| <a href="#">Didymella glomerata strain R1319 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>    | 1003      | 1003        | 100%        | 0.0     | 99.82%     | <a href="#">MK138745.1</a> |
| <a href="#">Didymella glomerata strain P3H1 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>     | 1003      | 1003        | 100%        | 0.0     | 99.82%     | <a href="#">MK138743.1</a> |
| <a href="#">Didymella glomerata strain M1711 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>    | 1003      | 1003        | 100%        | 0.0     | 99.82%     | <a href="#">MK138742.1</a> |
| <a href="#">Didymella glomerata strain LS40 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>     | 1003      | 1003        | 100%        | 0.0     | 99.82%     | <a href="#">MK138741.1</a> |
| <a href="#">Didymella glomerata strain KH-1-A large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>   | 1003      | 1003        | 100%        | 0.0     | 99.82%     | <a href="#">MK138740.1</a> |
| <a href="#">Didymella glomerata strain KH-12-A large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>  | 1003      | 1003        | 100%        | 0.0     | 99.82%     | <a href="#">MK138739.1</a> |

ITS-3 (571 bp)-*Gnomoniopsis idaeicola*

TAACAAGGTCTCCGTTGGTGAACCAGCGGAGGGATCATTGCTGGAACAAACGCCCTCACGG  
 GTGCTACCCAGAAACCCTTTGTGAATTCTTCTCTATTGTTGCCTCGGCACAGACTGGCTTCAT  
 ACGAAGTCCCCTATTTTCCTTCTCTTCGGAGGGGATAAGGGAGCAGGTCGGCCGGTGGCCCA  
 CTATAAACTCTTTGTTTTACTATGTATCTTCTGAGTAAATAACTATAAATGAATCAAAACTT  
 TTAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATG  
 TGAATTGCAGAAATCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCGCTGGTATTCC  
 AGCGGGCATGCCTGTTTCGAGCGTCATTTCAACCCTCAAACCTCGGTTTTGGTGTGGAGGA  
 CTACGCTGCTACCCAGCGTAGCCTCTGAAATACAGTGGCGGGCTCGCTAGAATTTTGAGCG  
 TAGTAATTTATACCTCGTTTGTAAAGACTAGCGGTGTCTCTTGCCGTAACCCCAACTTT  
 CTGAAAATGA

Sequences producing significant alignments:  
 Select: All None Selected: 0

Alignments Download GenBank Graphics Distance tree of results

| Description   | Max Score | Total Score | Query Cover | E value | Per. Ident | Accession                  |
|---|-----------|-------------|-------------|---------|------------|----------------------------|
| <a href="#">Gnomoniopsis idaeicola strain GBC-Fungus26 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal tra</a> | 1029      | 1029        | 100%        | 0.0     | 99.13%     | <a href="#">MN077429.1</a> |
| <a href="#">Gnomoniopsis idaeicola strain CBS_125676 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal tra</a>   | 1029      | 1029        | 100%        | 0.0     | 99.13%     | <a href="#">MH863621.1</a> |
| <a href="#">Gnomoniopsis idaeicola strain CBS_125675 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal tra</a>   | 1029      | 1029        | 100%        | 0.0     | 99.13%     | <a href="#">MH863620.1</a> |
| <a href="#">Gnomoniopsis idaeicola strain CBS_125674 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal tra</a>   | 1029      | 1029        | 100%        | 0.0     | 99.13%     | <a href="#">MH863619.1</a> |
| <a href="#">Gnomoniopsis idaeicola strain CBS_125673 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal tra</a>   | 1029      | 1029        | 100%        | 0.0     | 99.13%     | <a href="#">MH863618.1</a> |
| <a href="#">Gnomoniopsis idaeicola strain CBS_125672 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal tra</a>   | 1029      | 1029        | 100%        | 0.0     | 99.13%     | <a href="#">MH863617.1</a> |
| <a href="#">Gnomoniopsis idaeicola strain KZAI03-15 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spa</a>  | 1029      | 1029        | 100%        | 0.0     | 99.13%     | <a href="#">MG893865.1</a> |
| <a href="#">Gnomoniopsis idaeicola strain KRU7-15 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spa</a>    | 1029      | 1029        | 100%        | 0.0     | 99.13%     | <a href="#">MG893864.1</a> |
| <a href="#">Gnomoniopsis idaeicola strain KMI8-15 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spa</a>    | 1029      | 1029        | 100%        | 0.0     | 99.13%     | <a href="#">MG893863.1</a> |
| <a href="#">Gnomoniopsis idaeicola strain KVR1-14 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spa</a>    | 1029      | 1029        | 100%        | 0.0     | 99.13%     | <a href="#">MG893862.1</a> |
| <a href="#">Gnomoniopsis idaeicola strain KMS12-14 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spa</a>   | 1029      | 1029        | 100%        | 0.0     | 99.13%     | <a href="#">MG893861.1</a> |
| <a href="#">Gnomoniopsis idaeicola strain KMS6-14 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spa</a>    | 1029      | 1029        | 100%        | 0.0     | 99.13%     | <a href="#">MG893860.1</a> |
| <a href="#">Gnomoniopsis idaeicola strain KMS2-14 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spa</a>    | 1029      | 1029        | 100%        | 0.0     | 99.13%     | <a href="#">MG893859.1</a> |
| <a href="#">Gnomoniopsis idaeicola strain KSV1-16 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spa</a>    | 1029      | 1029        | 100%        | 0.0     | 99.13%     | <a href="#">MG878401.1</a> |
| <a href="#">Gnomoniopsis idaeicola strain KZAI-15 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spa</a>    | 1029      | 1029        | 100%        | 0.0     | 99.13%     | <a href="#">MF537342.1</a> |

LSU-3-*Gnomoniopsis idaeicola*

CGGCGAGTGAAGCGGCAACAGCTCAAATTTGAAATCTGGCTTCGGCCCCGAGTTGTAATTTGC  
 AGAGGATGTTTATGGTGCAGTACCTTCCGAGTTCCTTGAACGGGACGCCACAGAGGGTGA  
 GAGCCCCGTCTGGTGGATACCAAACCTGTGTTAAACTCCTTCAACGAGTCGAGTAGTTTGG  
 GAATGCTGCTCTAAATGGGAGGTAATCTCTTCTAAAGCTAAATACCGCCAGAGACCGATA  
 GCGCACAAGTAGAGTGATCGAAAGATGAAAAGCACCTTGAAAAGGGGGTTAAACAGTACGT  
 GAAATTTGTTAAAAGGGAAGCGTTTATGACCAGACTTGTGTCGTGTGGCTCATCCGAGTTCT  
 CCCCAGTGCACCTCCACACGGCTCAGGCCAACATCGGTTCTCGTTGGGGGATAAGAACAGTAG  
 GAACGTGGCCCTTTTCGAAGGGTGTATAGCCTGCTGTACGATACCCTGATGGGGACCGAGG  
 ACCGCGCTTCGGCTAGGATGTTGGCGTAATGGTCATTAGCGACCC

Sequences producing significant alignments:  
 Select: All None Selected: 0

Alignments Download GenBank Graphics Distance tree of results

| Description  | Max Score | Total Score | Query Cover | E value | Per. Ident | Accession                   |
|--|-----------|-------------|-------------|---------|------------|-----------------------------|
| <a href="#">Gnomoniopsis idaeicola strain CBS_125676 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>    | 996       | 996         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | <a href="#">MH875093.1</a>  |
| <a href="#">Gnomoniopsis idaeicola strain CBS_125675 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>    | 996       | 996         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | <a href="#">MH875092.1</a>  |
| <a href="#">Gnomoniopsis idaeicola strain CBS_125674 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>    | 996       | 996         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | <a href="#">MH875091.1</a>  |
| <a href="#">Gnomoniopsis idaeicola strain CBS_125672 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>    | 996       | 996         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | <a href="#">MH875089.1</a>  |
| <a href="#">Gnomoniopsis idaeicola strain CBS_125673 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>    | 990       | 990         | 100%        | 0.0     | 99.81%     | <a href="#">MH875090.1</a>  |
| <a href="#">Gnomoniopsis smithogilvyi strain CBS_130189 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a> | 985       | 985         | 100%        | 0.0     | 99.63%     | <a href="#">MH877030.1</a>  |
| <a href="#">Gnomoniopsis smithogilvyi strain CBS_130188 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a> | 985       | 985         | 100%        | 0.0     | 99.63%     | <a href="#">MH877029.1</a>  |
| <a href="#">Gnomoniopsis macounii strain CBS_121468 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>     | 985       | 985         | 100%        | 0.0     | 99.63%     | <a href="#">MH874866.1</a>  |
| <a href="#">Cryptosporidia umbrina strain CBS_158.33 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>    | 985       | 985         | 100%        | 0.0     | 99.63%     | <a href="#">MH866843.1</a>  |
| <a href="#">Gnomoniopsis rosae culture CBS_145085 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>                 | 985       | 985         | 100%        | 0.0     | 99.63%     | <a href="#">MK047501.1</a>  |
| <a href="#">Gnomoniopsis castaneae strain Gca1 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>                    | 985       | 985         | 100%        | 0.0     | 99.63%     | <a href="#">KX929802.1</a>  |
| <a href="#">Gnomoniopsis smithogilvyi isolate Ge1 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>                 | 985       | 985         | 100%        | 0.0     | 99.63%     | <a href="#">KP824755.1</a>  |
| <a href="#">Gnomoniopsis smithogilvyi isolate Ti5 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>                 | 985       | 985         | 100%        | 0.0     | 99.63%     | <a href="#">KP824753.1</a>  |
| <a href="#">Gnomoniopsis smithogilvyi isolate Ti4 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>                 | 985       | 985         | 100%        | 0.0     | 99.63%     | <a href="#">KP824751.1</a>  |
| <a href="#">Gnomoniopsis smithogilvyi isolate Ti3 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>                 | 985       | 985         | 100%        | 0.0     | 99.63%     | <a href="#">KP824749.1</a>  |
| <a href="#">Gnomoniopsis smithogilvyi isolate Ti1 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>                 | 985       | 985         | 100%        | 0.0     | 99.63%     | <a href="#">KP824747.1</a>  |
| <a href="#">Gnomoniopsis smithogilvyi CBS_130190 28S rRNA, partial sequence, from TYPE material</a>            | 985       | 985         | 100%        | 0.0     | 99.63%     | <a href="#">NG_042672.1</a> |

ITS-4 -Gnomoniopsis idaeicola

ACAAGGTCTCCGTTGGTGAACCAGCGGAGGGATCATTACTGAGTTTACGCTCTATAACCCTT  
 TGTGAACATACTATAACTGTTGCTTCGGCGGGTAGGGTCTCCGCGACCCTCCCGGCCTCCC  
 GCCTCCGGGGCGGGTTCGGCGCCCCGCCGGAGGATAACCAAACCTCTGATTTAACGACGTTTCTTC  
 TGAGTGGTACAAGCAAATAATCAAACTTTTAAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATG  
 AAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGTGAATTGCAGAAATTCAGTGAATCATCGAATCT  
 TTGAACGCACATTGCGCCCCGCCAGCATTCTGGCGGGCATGCCTGTTTCGAGCGTCATTTCAAC  
 CCTCAAGCTCTGCTTGGTGTGGGGCCCTACAGCTGATGTAGGCCCTCAAAGGTAGTGGCGG  
 ACCCTCCGGAGCCTCCTTTGCGTAGTAACTTTACGTCTCGCACTGGGATCCGGAGGGACTC  
 TTGCCGTA AAAACCCCAATTTCCAAAGGTGAC

Sequences producing significant alignments:

Select: All None Selected: 0

Alignments Download GenBank Graphics Distance tree of results

| Description   | Max Score | Total Score | Query Cover | E value | Per. Ident | Accession                   |
|---|-----------|-------------|-------------|---------|------------|-----------------------------|
| <a href="#">Gnomoniopsis idaeicola strain CBS 125676 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>   | 996       | 996         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | <a href="#">MH875093.1</a>  |
| <a href="#">Gnomoniopsis idaeicola strain CBS 125675 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>   | 996       | 996         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | <a href="#">MH875092.1</a>  |
| <a href="#">Gnomoniopsis idaeicola strain CBS 125674 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>   | 996       | 996         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | <a href="#">MH875091.1</a>  |
| <a href="#">Gnomoniopsis idaeicola strain CBS 125672 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>   | 996       | 996         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | <a href="#">MH875089.1</a>  |
| <a href="#">Gnomoniopsis idaeicola strain CBS 125673 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>   | 990       | 990         | 100%        | 0.0     | 99.81%     | <a href="#">MH875090.1</a>  |
| <a href="#">Gnomoniopsis smithogilvi strain CBS 130189 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a> | 985       | 985         | 100%        | 0.0     | 99.63%     | <a href="#">MH877030.1</a>  |
| <a href="#">Gnomoniopsis smithogilvi strain CBS 130188 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a> | 985       | 985         | 100%        | 0.0     | 99.63%     | <a href="#">MH877029.1</a>  |
| <a href="#">Gnomoniopsis macounii strain CBS 121468 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>    | 985       | 985         | 100%        | 0.0     | 99.63%     | <a href="#">MH874666.1</a>  |
| <a href="#">Cryptosporella umbrina strain CBS 158.33 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>   | 985       | 985         | 100%        | 0.0     | 99.63%     | <a href="#">MH866843.1</a>  |
| <a href="#">Gnomoniopsis rosae culture CBS 145085 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>                | 985       | 985         | 100%        | 0.0     | 99.63%     | <a href="#">MK047501.1</a>  |
| <a href="#">Gnomoniopsis castaneae strain Gca1 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>                   | 985       | 985         | 100%        | 0.0     | 99.63%     | <a href="#">KX929802.1</a>  |
| <a href="#">Gnomoniopsis smithogilvi isolate Ge1 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>                 | 985       | 985         | 100%        | 0.0     | 99.63%     | <a href="#">KP824755.1</a>  |
| <a href="#">Gnomoniopsis smithogilvi isolate Ti5 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>                 | 985       | 985         | 100%        | 0.0     | 99.63%     | <a href="#">KP824753.1</a>  |
| <a href="#">Gnomoniopsis smithogilvi isolate Ti4 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>                 | 985       | 985         | 100%        | 0.0     | 99.63%     | <a href="#">KP824751.1</a>  |
| <a href="#">Gnomoniopsis smithogilvi isolate Ti3 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>                 | 985       | 985         | 100%        | 0.0     | 99.63%     | <a href="#">KP824749.1</a>  |
| <a href="#">Gnomoniopsis smithogilvi isolate Ti1 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>                 | 985       | 985         | 100%        | 0.0     | 99.63%     | <a href="#">KP824747.1</a>  |
| <a href="#">Gnomoniopsis smithogilvi CBS 130190 28S rRNA, partial sequence, from TYPE material</a>            | 985       | 985         | 100%        | 0.0     | 99.63%     | <a href="#">NG_042672.1</a> |

LSU-4-Gnomoniopsis idaeicola

ACGGCGAGTGAAGCGGCAACAGCTCAAATTTGAAATCTGGCTTCGGCCCCGAGTTGTAATTTG  
 CAGAGGATGTTTATGGTGCAGTACCTTCGAGTTCCTTGGAAACGGGACGCCACAGAGGGTG  
 AGAGCCCCGTCTGGTTGGATACCAAACCTGTGTTAACTCCTTCAACGAGTTCGAGTAGTTTG  
 GGAATGCTGCTCTAAATGGGAGGTAAATCTCTTCTAAAGCTAAATACCGGCCAGAGACCGAT  
 AGCGCACAAGTAGAGTGATCGAAAGATGAAAAGCACCTTAAAAGGGGGTTAAACAGTAC  
 GTGAAATTTGTTAAAAGGGAAGCGTTTATGACCAGACTTGTGTCGTGTGGCTCATCCGAGGTT  
 CTCCCCGGTGCCTCCACACGGCTCAGGCCAACATCGGTTCTCGTTGGGGGATAAGAACAGT  
 AGGAACGTGGCCCTTTTCGAAGGGTGTTATAGCCTGCTGTACGATACCCTGATGGGGACCGA  
 GGACCGCGCTTCGGCTAGGATGTTGGCGTAATGGTCATTAGCGACCC

Sequences producing significant alignments:

Select: All None Selected: 0

Alignments Download GenBank Graphics Distance tree of results

| Description   | Max Score | Total Score | Query Cover | E value | Per. Ident | Accession                   |
|---|-----------|-------------|-------------|---------|------------|-----------------------------|
| <a href="#">Gnomoniopsis idaeicola strain CBS 125676 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>   | 998       | 998         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | <a href="#">MH875093.1</a>  |
| <a href="#">Gnomoniopsis idaeicola strain CBS 125675 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>   | 998       | 998         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | <a href="#">MH875092.1</a>  |
| <a href="#">Gnomoniopsis idaeicola strain CBS 125674 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>   | 998       | 998         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | <a href="#">MH875091.1</a>  |
| <a href="#">Gnomoniopsis idaeicola strain CBS 125672 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>   | 998       | 998         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | <a href="#">MH875089.1</a>  |
| <a href="#">Gnomoniopsis idaeicola strain CBS 125673 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>   | 992       | 992         | 100%        | 0.0     | 99.82%     | <a href="#">MH875090.1</a>  |
| <a href="#">Gnomoniopsis smithogilvi strain CBS 130189 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a> | 987       | 987         | 100%        | 0.0     | 99.63%     | <a href="#">MH877030.1</a>  |
| <a href="#">Gnomoniopsis smithogilvi strain CBS 130188 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a> | 987       | 987         | 100%        | 0.0     | 99.63%     | <a href="#">MH877029.1</a>  |
| <a href="#">Gnomoniopsis macounii strain CBS 121468 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>    | 987       | 987         | 100%        | 0.0     | 99.63%     | <a href="#">MH874666.1</a>  |
| <a href="#">Cryptosporella umbrina strain CBS 158.33 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>   | 987       | 987         | 100%        | 0.0     | 99.63%     | <a href="#">MH866843.1</a>  |
| <a href="#">Gnomoniopsis rosae culture CBS 145085 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>                | 987       | 987         | 100%        | 0.0     | 99.63%     | <a href="#">MK047501.1</a>  |
| <a href="#">Gnomoniopsis castaneae strain Gca1 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>                   | 987       | 987         | 100%        | 0.0     | 99.63%     | <a href="#">KX929802.1</a>  |
| <a href="#">Gnomoniopsis smithogilvi isolate Ge1 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>                 | 987       | 987         | 100%        | 0.0     | 99.63%     | <a href="#">KP824755.1</a>  |
| <a href="#">Gnomoniopsis smithogilvi isolate Ti5 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>                 | 987       | 987         | 100%        | 0.0     | 99.63%     | <a href="#">KP824753.1</a>  |
| <a href="#">Gnomoniopsis smithogilvi isolate Ti4 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>                 | 987       | 987         | 100%        | 0.0     | 99.63%     | <a href="#">KP824751.1</a>  |
| <a href="#">Gnomoniopsis smithogilvi isolate Ti3 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>                 | 987       | 987         | 100%        | 0.0     | 99.63%     | <a href="#">KP824749.1</a>  |
| <a href="#">Gnomoniopsis smithogilvi isolate Ti1 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>                 | 987       | 987         | 100%        | 0.0     | 99.63%     | <a href="#">KP824747.1</a>  |
| <a href="#">Gnomoniopsis smithogilvi CBS 130190 28S rRNA, partial sequence, from TYPE material</a>            | 987       | 987         | 100%        | 0.0     | 99.63%     | <a href="#">NG_042672.1</a> |

ITS-5- Colletotrichum gloeosporioides isolate A720

ACAAGGTCTCCGTTGGTGAACCAGCGGAGGGATCATTACTGAGTTTACGCTCTATAACCCCTT  
 TGTGAACATACTATAACTGTTGCTTCGGCGGGTAGGGTCTCCGCGACCCTCCCGGCCTCCC  
 GCCTCCGGGGCGGGTTCGGCGCCCCGCCGGAGGATAACCAAACCTCTGATTTAACGACGTTTCTTC  
 TGAGTGGTACAAGCAAATAATCAAACTTTTAAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATG  
 AAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCT  
 TTGAACGCACATTGCGCCCCGCCAGCATTCTGGCGGGCATGCCTGTTTCGAGCGTCATTTCAAC  
 CCTCAAGCTCTGCTTGGTGTGGGGCCCTACAGCTGATGTAGGCCCTCAAAGGTAGTGGCGG  
 ACCCTCCCGGAGCCTCCTTTGCGTAGTAACCTTACGTCTCGCACTGGGATCCGGAGGGACTC  
 TTGCCGTAACCCCAATTTCCAAAGGTG

Select: All None Selected: 0

Alignments Download GenBank Graphics Distance tree of results

| Description  | Max Score | Total Score | Query Cover | E value | Per. Ident | Accession  |
|--|-----------|-------------|-------------|---------|------------|------------|
| Colletotrichum viniferum strain LCM 833.01 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1 and 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence  | 976       | 976         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | MF495395.1 |
| Colletotrichum viniferum strain LCM 82252.01 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1 and 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence  | 976       | 976         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | MF495387.1 |
| Colletotrichum viniferum strain GZ012 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 18S ribosomal RNA gene, partial sequence            | 976       | 976         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | KX594371.1 |
| Colletotrichum viniferum strain FJ008 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 18S ribosomal RNA gene, partial sequence            | 976       | 976         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | KX594335.1 |
| Colletotrichum gloeosporioides isolate A720 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1 and 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence   | 976       | 976         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | KU529807.1 |
| Colletotrichum fructicola strain C1-2 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1 and 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence            | 976       | 976         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | KU552335.1 |
| Colletotrichum fructicola isolate DU4 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1 and 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence            | 976       | 976         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | KU366991.1 |
| Fungal endophyte isolate 816 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1 and 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence                     | 976       | 976         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | KR016893.1 |
| Fungal endophyte isolate 771 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1 and 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence                     | 976       | 976         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | KR016853.1 |
| Fungal endophyte isolate 639 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1 and 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence                     | 976       | 976         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | KR016412.1 |
| Fungal endophyte isolate 1155 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1 and 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence                    | 976       | 976         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | KR014977.1 |
| Colletotrichum gloeosporioides strain UASB-Cp-17 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1 and 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence | 976       | 976         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | JN248634.1 |
| Colletotrichum sp. 13-2-1 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1 and 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence                        | 976       | 976         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | JX014402.1 |
| Glomerella cingulata isolate TQH-01 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1 and 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence              | 976       | 976         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | JX993255.1 |
| Colletotrichum gloeosporioides strain M96 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1 and 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence        | 976       | 976         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | JX258803.1 |
| Glomerella cingulata isolate HNAH004 internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, internal transcribed spacer 2, and 28S ribosomal RNA gene, region   | 976       | 976         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | JN697580.1 |
| Glomerella cingulata strain msv84 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, partial sequence                                      | 976       | 976         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | FJ441626.1 |
| Glomerella cingulata strain A12 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, partial sequence  | 976       | 976         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | EF488443.1 |

LSU-5-Colletotrichum gloeosporioides

CGGCGAGTGAAGCGGCAACAGCTCAAATTTGAAATCTGGCCCTAGGCCCGAGTTGTAATTTG  
 CAGAGGATGCTTTTGGTGCAGTTCCTTCCAAGTTCCCTAGAACGGGACGCCAGAGAGGGTG  
 AGAGCCCCGTACAGTTGGACACCAAGCCTTTGTAAAGCTCCTTCGACGAGTTCGAGTAGTTTG  
 GGAATGCTGCTCAAATGGGAGGTATATTTCTTCTAAAGCTAAATACCGGCCAGAGACCGAT  
 AGCCACAAGTAGAGTGATCGAAAGATGAAAAGCACTTTGAAAAGAGGGTTAAACAGCAC  
 GTGAAATTTGTTAAAAGGGAAGCGCTTGTGACCAGACTTGCCTCCGGTGAATCACCCAGCTCT  
 CGCGGCTGGGGCACTTCGCCGGCTCAGGCCAGCATCAGCTCGCTGTCGGGGACAAAAGCTTC  
 AGGAACGTAGCTCTTTCGGGGAGTGTTATAGCCTGTTGCACAATACCTTCGGCGGGCTGA  
 GGTACGCGTCCGCAAGGATGCTGGCATAATGGTCATCAGCGACCCGTCTTGAAACACGGA  
 CC

Sequences producing significant alignments:

Select: All None Selected: 0

Alignments Download GenBank Graphics Distance tree of results

| Description   | Max Score | Total Score | Query Cover | E value | Per. Ident | Accession  |
|---|-----------|-------------|-------------|---------|------------|------------|
| Colletotrichum tropicale strain CBS 129988 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence       | 1027      | 1027        | 100%        | 0.0     | 100.00%    | MH877138.1 |
| Colletotrichum fructicola strain CBS 129761 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence      | 1027      | 1027        | 100%        | 0.0     | 100.00%    | MH877073.1 |
| Colletotrichum fructicola strain CBS 129984 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence      | 1027      | 1027        | 100%        | 0.0     | 100.00%    | MH877039.1 |
| Colletotrichum fructicola strain CBS 129982 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence      | 1027      | 1027        | 100%        | 0.0     | 100.00%    | MH877037.1 |
| Colletotrichum fructicola strain CBS 129981 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence      | 1027      | 1027        | 100%        | 0.0     | 100.00%    | MH877036.1 |
| Colletotrichum fructicola strain CBS 129980 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence      | 1027      | 1027        | 100%        | 0.0     | 100.00%    | MH877035.1 |
| Colletotrichum fructicola strain CBS 129978 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence      | 1027      | 1027        | 100%        | 0.0     | 100.00%    | MH877033.1 |
| Colletotrichum fructicola strain CBS 129975 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence      | 1027      | 1027        | 100%        | 0.0     | 100.00%    | MH877032.1 |
| Colletotrichum gloeosporioides strain CBS 125964 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence | 1027      | 1027        | 100%        | 0.0     | 100.00%    | MH875306.1 |
| Colletotrichum gloeosporioides strain CBS 125962 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence | 1027      | 1027        | 100%        | 0.0     | 100.00%    | MH875304.1 |
| Colletotrichum gloeosporioides strain CBS 125960 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence | 1027      | 1027        | 100%        | 0.0     | 100.00%    | MH875302.1 |
| Colletotrichum fructicola strain CBS 125397 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence      | 1027      | 1027        | 100%        | 0.0     | 100.00%    | MH874994.1 |
| Colletotrichum fructicola strain CBS 125395 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence      | 1027      | 1027        | 100%        | 0.0     | 100.00%    | MH874993.1 |
| Colletotrichum fructicola strain CBS 125392 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence      | 1027      | 1027        | 100%        | 0.0     | 100.00%    | MH874992.1 |
| Colletotrichum fructicola strain CBS 125391 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence      | 1027      | 1027        | 100%        | 0.0     | 100.00%    | MH874991.1 |
| Colletotrichum fructicola strain CBS 125390 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence      | 1027      | 1027        | 100%        | 0.0     | 100.00%    | MH874990.1 |

ITS-6-Gnomoniopsis idaeicola

AGGTCCTCCGTTGGTGAACCAGCGGAGGGATCATTGCTGGAACAAACGCCCTCACGGGTGCT  
 ACCCAGAAACCCTTTGTGAATTCCTTCTATTGTTGCCTCGGCACAGACTGGCTTCCTACGAA  
 GTCCCCATTTTTCTTCTCTTCGAGAGGATAAGGGAGCAGGTCGGCCGGTGGCCCACTATA  
 AACTCTTTGTTTTACTATGTATCTTCTGAGTAAACAATAAATGAATCAAACTTTTAAAC  
 AACGGATCTTTGGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGTGAA  
 TTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCCTGGTATTCCAGCG  
 GGCATGCCTGTTGAGCGTCATTTCAACCCTCAAACCTCGGTTTTGGTGTGGAGGACTAC  
 GCTGCTACCCAGCGTAGCCTCTGAAATACAGTGGCGGGCTCGCTAGAATTTTGGAGCGTAGT  
 AATTTATACCTCGTTTGTAAAGACAGCGGTGTCTCTTGCCGTA AAAACCCCCAACTTTCTGAA  
 AATGACCT

Sequences producing significant alignments:

Select: [All](#) [None](#) Selected: 0

Alignments [Download](#) [GenBank](#) [Graphics](#) [Distance tree of results](#)

| Description  | Max Score | Total Score | Query Cover | E value | Per. Ident | Accession                  |
|--|-----------|-------------|-------------|---------|------------|----------------------------|
| <a href="#">Gnomoniopsis idaeicola strain CBS 125676 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal tra</a>  | 1011      | 1011        | 100%        | 0.0     | 98.77%     | <a href="#">MH863621.1</a> |
| <a href="#">Gnomoniopsis idaeicola strain CBS 125675 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal tra</a>  | 1011      | 1011        | 100%        | 0.0     | 98.77%     | <a href="#">MH863620.1</a> |
| <a href="#">Gnomoniopsis idaeicola strain CBS 125674 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal tra</a>  | 1011      | 1011        | 100%        | 0.0     | 98.77%     | <a href="#">MH863619.1</a> |
| <a href="#">Gnomoniopsis idaeicola strain CBS 125673 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal tra</a>  | 1011      | 1011        | 100%        | 0.0     | 98.77%     | <a href="#">MH863618.1</a> |
| <a href="#">Gnomoniopsis idaeicola strain CBS 125672 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal tra</a>  | 1011      | 1011        | 100%        | 0.0     | 98.77%     | <a href="#">MH863617.1</a> |
| <a href="#">Gnomoniopsis idaeicola strain KZAI13-15 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spa</a> | 1011      | 1011        | 100%        | 0.0     | 98.77%     | <a href="#">MG893865.1</a> |
| <a href="#">Gnomoniopsis idaeicola strain KRU7-15 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spa</a>   | 1011      | 1011        | 100%        | 0.0     | 98.77%     | <a href="#">MG893864.1</a> |
| <a href="#">Gnomoniopsis idaeicola strain KMI9-15 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spa</a>   | 1011      | 1011        | 100%        | 0.0     | 98.77%     | <a href="#">MG893863.1</a> |
| <a href="#">Gnomoniopsis idaeicola strain KVR1-14 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spa</a>   | 1011      | 1011        | 100%        | 0.0     | 98.77%     | <a href="#">MG893862.1</a> |
| <a href="#">Gnomoniopsis idaeicola strain KMS12-14 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spa</a>  | 1011      | 1011        | 100%        | 0.0     | 98.77%     | <a href="#">MG893861.1</a> |
| <a href="#">Gnomoniopsis idaeicola strain KMS6-14 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spa</a>   | 1011      | 1011        | 100%        | 0.0     | 98.77%     | <a href="#">MG893860.1</a> |
| <a href="#">Gnomoniopsis idaeicola strain KMS2-14 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spa</a>   | 1011      | 1011        | 100%        | 0.0     | 98.77%     | <a href="#">MG893859.1</a> |
| <a href="#">Gnomoniopsis idaeicola strain KSV1-16 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spa</a>   | 1011      | 1011        | 100%        | 0.0     | 98.77%     | <a href="#">MG878401.1</a> |
| <a href="#">Gnomoniopsis idaeicola strain KZAI1-15 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spa</a>  | 1011      | 1011        | 100%        | 0.0     | 98.77%     | <a href="#">MF537342.1</a> |
| <a href="#">Gnomoniopsis idaeicola strain KRU9-15 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spa</a>   | 1011      | 1011        | 100%        | 0.0     | 98.77%     | <a href="#">MF537340.1</a> |
| <a href="#">Gnomoniopsis idaeicola strain KMS4-14 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spa</a>   | 1011      | 1011        | 100%        | 0.0     | 98.77%     | <a href="#">MF537338.1</a> |
| <a href="#">Gnomoniopsis idaeicola strain KMS15-16 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spa</a>  | 1011      | 1011        | 100%        | 0.0     | 98.77%     | <a href="#">MF537337.1</a> |

LSU-6-Gnomoniopsis idaeicola

ACGGCGAGTGAAGCGCAACAGCTCAAATTTGAAATCTGGCTTCGGCCCGAGTTGTAATTTG  
 CAGAGGATGTTTATGGTGGGTACCTTCGAGTTCCTGGAACGGGACGCCACAGAGGGTG  
 AGAGCCCCGTCTGGTTGGATACAAACCTGTGTTAAACTCCTTCAACGAGTTCGAGTAGTTTG  
 GGAATGCTGCTCTAAATGGGAGGTAATCTCTTCTAAAGCTAAATATTGGCCAGAGACCGAT  
 AGCGCACAAGTAGAGTGATCGAAAGATGAAAAGCACCTTGAAAAGGGGGTTAAACAGTAC  
 GTGAAATTTGTTAAAAGGGAAGCGTTTATGACCAGACTTGTGTCTGTGGCTCATCCGAGGTT  
 CTCCCCGGTGCACCTCCACACGGCTCAGGCCAACATCGGTTCTCGTTGGGGGATAAGAACAGT  
 AGGAACGTGGCCCTTTTCGGAGGGTGTTATAGCCTGCTGTACGATACCCTGATGGGGACCGA  
 GGACCGCGCTTCGGCTAGGATGTTGGCGTAATGGTCATTAGCGACCCG

Sequences producing significant alignments:

Select: [All](#) [None](#) Selected: 0

Alignments [Download](#) [GenBank](#) [Graphics](#) [Distance tree of results](#)

| Description   | Max Score | Total Score | Query Cover | E value | Per. Ident | Accession                  |
|---|-----------|-------------|-------------|---------|------------|----------------------------|
| <a href="#">Gnomoniopsis fructicola strain CBS 125671 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>  | 989       | 989         | 100%        | 0.0     | 99.63%     | <a href="#">MH875088.1</a> |
| <a href="#">Gnomoniopsis fructicola strain CBS 208.34 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>  | 989       | 989         | 100%        | 0.0     | 99.63%     | <a href="#">MH866972.1</a> |
| <a href="#">Gnomoniopsis smithogilvi strain CBS 130189 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a> | 983       | 983         | 100%        | 0.0     | 99.45%     | <a href="#">MH877030.1</a> |
| <a href="#">Gnomoniopsis smithogilvi strain CBS 130188 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a> | 983       | 983         | 100%        | 0.0     | 99.45%     | <a href="#">MH877029.1</a> |
| <a href="#">Gnomoniopsis idaeicola strain CBS 125676 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>   | 983       | 983         | 100%        | 0.0     | 99.45%     | <a href="#">MH875093.1</a> |
| <a href="#">Gnomoniopsis idaeicola strain CBS 125675 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>   | 983       | 983         | 100%        | 0.0     | 99.45%     | <a href="#">MH875092.1</a> |
| <a href="#">Gnomoniopsis idaeicola strain CBS 125674 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>   | 983       | 983         | 100%        | 0.0     | 99.45%     | <a href="#">MH875091.1</a> |
| <a href="#">Gnomoniopsis idaeicola strain CBS 125672 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>   | 983       | 983         | 100%        | 0.0     | 99.45%     | <a href="#">MH875089.1</a> |
| <a href="#">Gnomoniopsis macounii strain CBS 121468 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>    | 983       | 983         | 100%        | 0.0     | 99.45%     | <a href="#">MH874666.1</a> |
| <a href="#">Cryptosporella umbrina strain CBS 158.33 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>   | 983       | 983         | 100%        | 0.0     | 99.45%     | <a href="#">MH866843.1</a> |
| <a href="#">Gnomoniopsis rosae culture CBS 145085 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>                | 983       | 983         | 100%        | 0.0     | 99.45%     | <a href="#">MK047501.1</a> |
| <a href="#">Gnomoniopsis castaneae strain Gca1 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>                   | 983       | 983         | 100%        | 0.0     | 99.45%     | <a href="#">KX929802.1</a> |
| <a href="#">Gnomoniopsis smithogilvi isolate Ge1 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>                 | 983       | 983         | 100%        | 0.0     | 99.45%     | <a href="#">KP824755.1</a> |
| <a href="#">Gnomoniopsis smithogilvi isolate Ti5 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>                 | 983       | 983         | 100%        | 0.0     | 99.45%     | <a href="#">KP824753.1</a> |
| <a href="#">Gnomoniopsis smithogilvi isolate Ti4 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>                 | 983       | 983         | 100%        | 0.0     | 99.45%     | <a href="#">KP824751.1</a> |



### ITS-8-Epicoccum nigrum

TAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACCTAGAGTTTGTGGACTTCGGT  
 CTGCTACCTCTTACCCATGTCTTTTGGAGTACCTTCGTTTCCTCGGCGGGTCCGCCCGCGGTT  
 GGACAACATTCAAACCCTTTGCAGTTGCAATCAGCGTCTGAAAAAACTTAATAGTTACAAC  
 TTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAGT  
 GTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCCTTGGTATTC  
 CATGGGGCATGCCTGTTTCGAGCGTCATTTGTACCTTCAAGCTCTGCTTGGTGTGGGTGTTTT  
 GTCTCGCTCCGCGCGCAGACTCGCCTTAAACAATTGGCAGCCGGCGTATTGATTTCCGGAG  
 CGCAGTACATCTCGCGCTTTGCACTCATAACGACGACGTCCAAAAGTACATTTTTACTCT  
 GACCT

Sequences producing significant alignments:

Select: All None Selected: 0

Alignments Download GenBank Graphics Distance tree of results

| Description   | Max Score | Total Score | Query Cover | E value | Per Ident | Accession                  |
|---|-----------|-------------|-------------|---------|-----------|----------------------------|
| <a href="#">Epicoccum nigrum strain CBS 396.84 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1 and 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequer</a>     | 929       | 929         | 100%        | 0.0     | 100.00%   | <a href="#">MH861752.1</a> |
| <a href="#">Epicoccum nigrum strain 15-B small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1 and 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence, anr</a>    | 929       | 929         | 100%        | 0.0     | 100.00%   | <a href="#">MG602688.1</a> |
| <a href="#">Epicoccum nigrum strain 180305-015_G19_L02-1 ITS4.ab1 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene</a>      | 929       | 929         | 100%        | 0.0     | 100.00%   | <a href="#">MH042300.1</a> |
| <a href="#">Dothideomyces sp. isolate PCR22.18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer</a>     | 929       | 929         | 100%        | 0.0     | 100.00%   | <a href="#">KY438095.1</a> |
| <a href="#">Epicoccum nigrum isolate JS9-21.18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1 and 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence, and inter</a>     | 929       | 929         | 100%        | 0.0     | 100.00%   | <a href="#">KX815296.1</a> |
| <a href="#">Epicoccum sp. MLN8.18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete se</a>   | 929       | 929         | 100%        | 0.0     | 100.00%   | <a href="#">KC178651.1</a> |
| <a href="#">Epicoccum sp. YK.18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1 and 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence, and internal transcribed</a>     | 926       | 926         | 99%         | 0.0     | 100.00%   | <a href="#">KM520341.1</a> |
| <a href="#">Epicoccum sp. CAR.18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1 and 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence, and internal transcribe</a>     | 926       | 926         | 99%         | 0.0     | 100.00%   | <a href="#">KM520339.1</a> |
| <a href="#">Epicoccum sp. DO.18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1 and 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence, and internal transcribed</a>     | 926       | 926         | 99%         | 0.0     | 100.00%   | <a href="#">KM520337.1</a> |
| <a href="#">Epicoccum sp. SK.18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1 and 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence, and internal transcribed</a>     | 926       | 926         | 99%         | 0.0     | 100.00%   | <a href="#">KM520336.1</a> |
| <a href="#">Epicoccum italicum strain GBC-Funigus73 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal tran</a> | 924       | 924         | 100%        | 0.0     | 99.80%    | <a href="#">MN077461.1</a> |
| <a href="#">Epicoccum nigrum isolate L1 endophyte small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1 and 5.8S ribosomal RNA gene, complete seq</a>     | 924       | 924         | 100%        | 0.0     | 99.80%    | <a href="#">MN006361.1</a> |
| <a href="#">Epicoccum nigrum isolate A798 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1 and 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence, ai</a>    | 924       | 924         | 99%         | 0.0     | 100.00%   | <a href="#">MK247489.1</a> |
| <a href="#">Chaetomium obovatum isolate RM82 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcrib</a>   | 924       | 924         | 100%        | 0.0     | 99.80%    | <a href="#">MG664790.1</a> |

### LSU-8-Epicoccum nigrum

ACGGCGAGTGAAGCGGCAACAGCTCAATTTGAAATCTGGCGTCTTTGGCGTCCGAGTTGTAA  
 TTTGCAGAGGGCGCTTTGGCATTGGCAGCGGTCCAAGTTCCTTGAACAGGACGTCACAGAG  
 GGTGAGAATCCCGTACGTGGTTCGCTAGCCTTTACCGTGTAAAGCCCTTCGACGAGTCGAGT  
 TGTTTTGGGAATGCAGCTCTAATGGGAGGTAATTTCTTCTAAAGCTAAATACTGGCCAGAGA  
 CCGATAGCGCACAAAGTAGAGTGATCGAAAGATGAAAAGCACTTTGGAAAGAGAGTTAAAAA  
 GCACGTGAAATTTGTTGAAAGGGAAGCGCTTGCAGCCAGACTTGCCTGTAGTTGCTCATCCGG  
 GTTTCTACCCGGTGCACCTTTCTACGGGCAGGCCAGCATCAGTTTGGGCGGTTGGATAAAGG  
 TCTCTGTCATGTACCTCCCTTCGGGGAGATCTTATAGGGGAGACGACATGCAACCAGCCTGG  
 ACTGAGGTCGCGCATCTGCTAGGATGCTGGCGTAATGGCTGTAAGCGGCCCC

Select: All None Selected: 0

Alignments Download GenBank Graphics Distance tree of results

| Description   | Max Score | Total Score | Query Cover | E value | Per Ident | Accession                  |
|---|-----------|-------------|-------------|---------|-----------|----------------------------|
| <a href="#">Epicoccum nigrum strain CBS 396.84 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>   | 1003      | 1003        | 100%        | 0.0     | 99.64%    | <a href="#">MH873452.1</a> |
| <a href="#">Epicoccum andropogonis strain CBS 205.71 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>   | 1003      | 1003        | 100%        | 0.0     | 99.64%    | <a href="#">MH871855.1</a> |
| <a href="#">Epicoccum nigrum strain CBS 231.59 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>   | 1003      | 1003        | 100%        | 0.0     | 99.64%    | <a href="#">MH869387.1</a> |
| <a href="#">Epicoccum italicum voucher LC.8150.28S large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>   | 1003      | 1003        | 100%        | 0.0     | 99.64%    | <a href="#">KY742253.1</a> |
| <a href="#">Epicoccum nigrum strain G392.18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, com</a> | 1003      | 1003        | 100%        | 0.0     | 99.64%    | <a href="#">KR094461.1</a> |
| <a href="#">Phoma sp. NT-2015b voucher CuiTenn FCP14.18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribe</a>    | 1003      | 1003        | 100%        | 0.0     | 99.64%    | <a href="#">KT452716.1</a> |
| <a href="#">Phoma sp. NT-2015b voucher CuiTenn FCP11.18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribe</a>    | 1003      | 1003        | 100%        | 0.0     | 99.64%    | <a href="#">KT462715.1</a> |
| <a href="#">Epicoccum nigrum isolate C3/07 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>   | 1003      | 1003        | 100%        | 0.0     | 99.64%    | <a href="#">KM246089.1</a> |
| <a href="#">Uncultured Ascomycota clone C31_C05.18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spac</a>   | 1003      | 1003        | 100%        | 0.0     | 99.64%    | <a href="#">EU490049.1</a> |
| <a href="#">Epicoccum nigrum internal transcribed spacer 1, partial sequence, 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence, and 28S ribosomal RN</a>  | 1003      | 1003        | 100%        | 0.0     | 99.64%    | <a href="#">KC164754.1</a> |
| <a href="#">Epicoccum nigrum strain CMT2 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>   | 1003      | 1003        | 100%        | 0.0     | 99.64%    | <a href="#">JQ754097.1</a> |
| <a href="#">Epicoccum nigrum strain PP70.28S large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>   | 1003      | 1003        | 100%        | 0.0     | 99.64%    | <a href="#">FJ890380.1</a> |
| <a href="#">Pleosporales sp. 1 MU-2012 genomic DNA containing ITS1, 5.8S rRNA gene, ITS2 and 28S rRNA gene, isolate CM56</a>  | 1002      | 1002        | 99%         | 0.0     | 99.64%    | <a href="#">HE820780.1</a> |
| <a href="#">Pleosporales sp. 1 MU-2012 genomic DNA containing ITS1, 5.8S rRNA gene, ITS2 and 28S rRNA gene, isolate CM51</a>  | 1002      | 1002        | 99%         | 0.0     | 99.64%    | <a href="#">HE820776.1</a> |
| <a href="#">Pleosporales sp. 1 MU-2012 genomic DNA containing ITS1, 5.8S rRNA gene, ITS2 and 28S rRNA gene, isolate CM40</a>  | 1002      | 1002        | 99%         | 0.0     | 99.64%    | <a href="#">HE820769.1</a> |
| <a href="#">Pleosporales sp. CM37 partial 28S rRNA gene, isolate CM37</a>   | 1002      | 1002        | 99%         | 0.0     | 99.64%    | <a href="#">HE820766.1</a> |
| <a href="#">Pleosporales sp. 1 MU-2012 genomic DNA containing ITS1, 5.8S rRNA gene, ITS2 and 28S rRNA gene, isolate CM16</a>  | 1002      | 1002        | 99%         | 0.0     | 99.64%    | <a href="#">HE820753.1</a> |
| <a href="#">Epicoccum italicum strain P1515 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>  | 998       | 998         | 100%        | 0.0     | 99.45%    | <a href="#">MK138732.1</a> |

ITS-9-Pestalotiopsis sp

AAGGTCTCCGTTGGTGAACCAGCGGAGGGATCATTATAGAGTTTTCTAAACTCCCAACCCAT  
 GTGAACTTACCATTGTTGCCTCGGCAGAAGCTGCTCGGTGCACCCTACCTTGGAACGGCCTA  
 CCCTGTAGCGCCTTACCCTGGAACGGCTTACCCTGTAACGGCTGCCGGTGGACTACCAAAC  
 CTTGTTATTTTATTGTAATCTGAGCGTCTTATTTTAATAAGTCAAAACTTTCAACAACGGATC  
 TCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGTGAATTGCAGAA  
 TCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCATTAGTATTCTAGTGGGCATGCCT  
 GTTCGAGCGTCATTTCAACCCTTAAGCCTAGCTTAGTGTGGGAGCCTACTGCTTTTGCTAGC  
 TGTAGCTCCTGAAATACAACGGCGGATCTGCGATATCCTCTGAGCGTAGTAAATTTTATCTC  
 GCTTTTACTGGAGTTGCAGCGTCTTTGGCCGCTAAATCCCCCAAATTTTAAATGGTGAC

| Accession  | Score | Expect | Identity | Positives | Gaps | Strain                                     | Description   |
|------------|-------|--------|----------|-----------|------|--|---|
| MK247462.1 | 1020  | 1020   | 100%     | 0.0       | 0.0  | Xylariales sp. isolate A581                | small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1 and 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and inte... |
| MK247337.1 | 1020  | 1020   | 100%     | 0.0       | 0.0  | Xylariales sp. isolate W289                | small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1 and 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and inte... |
| MK247309.1 | 1020  | 1020   | 100%     | 0.0       | 0.0  | Xylariales sp. isolate A898                | small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1 and 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and inte... |
| MK156295.1 | 1020  | 1020   | 100%     | 0.0       | 0.0  | Pestalotiopsis oryzae strain CL107         | ITS small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcri...      |
| MK398276.1 | 1020  | 1020   | 100%     | 0.0       | 0.0  | Pestalotiopsis sp. isolate RS_127          | small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1 and 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and inte... |
| MG729693.1 | 1020  | 1020   | 100%     | 0.0       | 0.0  | Pestalotiopsis trachicarpicola strain EM73 | small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcri...          |
| MG729692.1 | 1020  | 1020   | 100%     | 0.0       | 0.0  | Pestalotiopsis trachicarpicola strain EM63 | small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcri...          |
| MG832522.1 | 1020  | 1020   | 100%     | 0.0       | 0.0  | Pestalotiopsis vismiae strain TS-102       | small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcri...          |
| MG832503.1 | 1020  | 1020   | 100%     | 0.0       | 0.0  | Pestalotiopsis sp. strain TS-83            | small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spa...   |
| MG832431.1 | 1020  | 1020   | 100%     | 0.0       | 0.0  | Pestalotiopsis neglecta strain TS-11       | small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcriber...       |
| MG832425.1 | 1020  | 1020   | 100%     | 0.0       | 0.0  | Pestalotiopsis neglecta strain TS-5        | small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed...       |
| KU252298.1 | 1020  | 1020   | 100%     | 0.0       | 0.0  | Pestalotiopsis sp. strain CQ1A2            | 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, co...    |
| KU252297.1 | 1020  | 1020   | 100%     | 0.0       | 0.0  | Pestalotiopsis sp. strain CQ1A1            | 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, co...    |
| KU252296.1 | 1020  | 1020   | 100%     | 0.0       | 0.0  | Pestalotiopsis sp. strain HUN1A4           | 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, co...    |
| KU252295.1 | 1020  | 1020   | 100%     | 0.0       | 0.0  | Pestalotiopsis sp. strain Z12A7            | 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, co...    |
| KU252294.1 | 1020  | 1020   | 100%     | 0.0       | 0.0  | Pestalotiopsis sp. strain HB2A5            | 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, co...    |
| KU252291.1 | 1020  | 1020   | 100%     | 0.0       | 0.0  | Pestalotiopsis sp. strain HB2A2            | 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, co...    |
| KU252290.1 | 1020  | 1020   | 100%     | 0.0       | 0.0  | Pestalotiopsis sp. strain SC6A14           | 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, c...     |
| KU252289.1 | 1020  | 1020   | 100%     | 0.0       | 0.0  | Pestalotiopsis sp. strain SC6A10           | 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal tra...   |
| KU252288.1 | 1020  | 1020   | 100%     | 0.0       | 0.0  | Pestalotiopsis sp. strain SC6A5            | 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal tran...  |
| KU252286.1 | 1020  | 1020   | 100%     | 0.0       | 0.0  | Pestalotiopsis sp. strain SC5A2            | 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, co...    |

LSU-9-Pestalotiopsis sp

CGGCGAGTGAAGCGGCAACAGCTCAAATTTGAAATCTGGCCCTCGGGTCCGAATTGTAATTT  
 GTAGAGGATGATTTTGGTGCGGTATCTTCCGAGTTCCTTGGAACAGGACGCCTTAGAGGGTG  
 AGAGCCCCGTACGGTTGAATGCCTAGCCTCTGTAAATCTCCTTCGACGAGTTCGAGTAGTTTG  
 GGAATGCTGCTCTAAATGGGAGGTAAATTTCTTCTAAAGCTAAATATTGGCCAGAGACCGAT  
 AGCGCACAAGTAGAGTGATCGAAAGATGAAAAGCACTTTGAAAAGAGGGTTAAATAGCACG  
 TGAATTTGTTGAAAGGGAAGGATTTGTGACCAGACTTTTTCTGGGCGGATCATCCGGGGTTC  
 TCTCCGGTGCACTTTGCCCAAGGATAAAGGCCAGCATGATTTTTCTGGGCGGATCAAAGCAGTG  
 GGAATGTGGTCCCTACGGGGAGTGTTATAGCCCATTGTATAATACGGTCTGGGGATCGAG  
 GTACCGCTTCTGCAAGGATGCTGGCGTAATGGTTATCAATCAC

Sequences producing significant alignments:

Select: All None Selected: 0

Alignments Download GenBank Graphics Distance tree of results

| Description   | Max Score | Total Score | Query Cover | E value | Per. Ident | Accession   |
|---|-----------|-------------|-------------|---------|------------|-------------|
| Pestalotiopsis krabiensis voucher MFLUCC 16-0260 28S large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence | 996       | 996         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | MH4376734.1 |
| Pestalotiopsis sp. strain AG108 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence                      | 996       | 996         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | MG888635.1  |
| Pestalotiopsis chamaeropsis isolate 16C083 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence           | 996       | 996         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | MG436879.1  |
| Pestalotia heterocornis strain CBS 241.78 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence            | 996       | 996         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | MH878529.1  |
| Pestalotiopsis kenyana strain CBS 442.67 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence             | 996       | 996         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | MH870724.1  |
| Pestalotia rhododendri strain CBS 568.66 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence             | 996       | 996         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | MH870547.1  |
| Pestalotia suoeniae strain CBS 349.52 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence                | 996       | 996         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | MH868614.1  |
| Pestalotiopsis chamaeropsis strain CBS 237.38 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence        | 996       | 996         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | MH867450.1  |
| Pestalotiopsis scoparia strain CBS 176.25 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence            | 996       | 996         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | MH866338.1  |
| Uncultured fungus clone CuiTenn Endophyte42 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence          | 996       | 996         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | MF527843.1  |
| Pestalotiopsis photinicola isolate G7cc 16-0028 28S ribosomal RNA gene, partial sequence                | 996       | 996         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | KY092403.1  |
| Pestalotiopsis sp. strain S4NG2 28S ribosomal RNA gene, partial sequence                                | 996       | 996         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | KY781973.1  |
| Pestalotiopsis sp. strain CQ1A2 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence                      | 996       | 996         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | KU252386.1  |
| Pestalotiopsis sp. strain CQ1A1 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence                      | 996       | 996         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | KU252385.1  |
| Pestalotiopsis sp. strain YN3A1 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence                      | 996       | 996         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | KU252384.1  |
| Pestalotiopsis sp. strain SC6A14 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence                     | 996       | 996         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | KU252383.1  |
| Pestalotiopsis sp. strain SC6A10 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence                     | 996       | 996         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | KU252382.1  |



ITS-12-Fusarium sambucinum

AGGTCCTCCGTTGGTGAACCAGCGGAGGGATCATTACCGAGTTTACAACCTCCCAAACCCCTGT  
 GAACATACCTTTATGTTGCCTCGGCGGATCAGCCCGTTCCTCGGAACGGCCCGCCGACAGGAC  
 CCTAAACTCTGTTTTAGTGGAACTTCTGAGTAAAAAACAATAAATCAAACTTTCAACA  
 ACGGATCTCTGGTTCGGCATCGATGAAGAACGCAGCAAAATGCGATAAGTAATGTGAATT  
 GCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCGCCAGTATTCTGGCGGG  
 CATGCCTGTTGAGCGTCATTTCAACCCTCAAGCCAGCTTGGTGTGGGAGCTGTCGCTGA  
 CACTCCCAAATACATTGGCGGTACGTCGAGCTTCCATAGCGTAGTAATTTACACATCGTT  
 ACTGGTAATCGTCGCGGCCACGCCGTTAAACCCCAACTTCTGAATGTGACCT

Sequences producing significant alignments:

Select: All None Selected: 0

Alignments Download GenBank Graphics Distance tree of results

|                          | Description   | Max Score | Total Score | Query Cover | E value | Per. Ident | Accession  |
|--------------------------|---|-----------|-------------|-------------|---------|------------|------------|
| <input type="checkbox"/> | Fusarium sambucinum isolate A56 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1 and 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence  | 900       | 900         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | MK247636.1 |
| <input type="checkbox"/> | Fusarium sp. oM-156 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and internal transcribed spacer 1 and 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence | 900       | 900         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | JF505287.1 |
| <input type="checkbox"/> | Fusarium sambucinum isolate A643 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1 and 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence  | 894       | 894         | 100%        | 0.0     | 99.80%     | MH863235.1 |
| <input type="checkbox"/> | Gibberella ulicis strain CBS 122791 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, partial sequence   | 894       | 894         | 100%        | 0.0     | 99.80%     | MH863235.1 |
| <input type="checkbox"/> | Fusarium sambucinum strain UASWS1662 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, partial sequence  | 894       | 894         | 100%        | 0.0     | 99.80%     | MG719649.1 |
| <input type="checkbox"/> | Fusarium sambucinum strain UASWS1660 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, partial sequence  | 894       | 894         | 100%        | 0.0     | 99.80%     | MG719647.1 |
| <input type="checkbox"/> | Fusarium sambucinum strain CBS 146.95 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, partial sequence   | 894       | 894         | 100%        | 0.0     | 99.80%     | KM231813.1 |
| <input type="checkbox"/> | Fusarium sambucinum isolate MF13 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, partial sequence  | 894       | 894         | 100%        | 0.0     | 99.80%     | KP292801.1 |
| <input type="checkbox"/> | Fusarium sambucinum isolate M123 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, partial sequence  | 894       | 894         | 100%        | 0.0     | 99.80%     | KP265350.1 |
| <input type="checkbox"/> | Fusarium sambucinum isolate M120 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, partial sequence  | 894       | 894         | 100%        | 0.0     | 99.80%     | KP265348.1 |
| <input type="checkbox"/> | Fusarium sambucinum isolate ZZ349 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, partial sequence   | 894       | 894         | 100%        | 0.0     | 99.80%     | KP264667.1 |
| <input type="checkbox"/> | Fusarium sambucinum isolate Z7347 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, partial sequence   | 894       | 894         | 100%        | 0.0     | 99.80%     | KP264666.1 |
| <input type="checkbox"/> | Gibberella ulicis isolate IBT2365 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, partial sequence   | 894       | 894         | 100%        | 0.0     | 99.80%     | AY147371.1 |
| <input type="checkbox"/> | Gibberella ulicis isolate IBT1744 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, partial sequence   | 894       | 894         | 100%        | 0.0     | 99.80%     | AY147370.1 |
| <input type="checkbox"/> | Fusarium sp. FVM 18S small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1 and 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence  | 891       | 891         | 100%        | 0.0     | 99.50%     | DQ885387.1 |
| <input type="checkbox"/> | Fusarium graminearum strain 140 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, partial sequence   | 889       | 889         | 100%        | 0.0     | 99.59%     | MK828118.1 |
| <input type="checkbox"/> | Gibberella ulicis isolate IBT1156 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, partial sequence   | 887       | 887         | 99%         | 0.0     | 99.79%     | AY147372.1 |

LSU-12-Fusarium sambucinum

ACGGCGAGTGAAGCGGCAACAGCTCAAATTTGAAATCTGGCTCTCGGGCCCGAGTTGTAATT  
 TGTAGAGGATGACTTTGATGCGGTGCCCTCCGAGTTCCTGGAACGGGACGCCATAGAGGGT  
 GAGAGCCCCGCTGGTTGGATGCCAAATCTCTGTAAGTCTCCTTCGACGAGTCGAGTAGTTT  
 GGGAAATGCTGCTCTAAATGGGAAGTATATGTTTTCAACAAGTCAATAACCTTTCCAAACCCC  
 TATAGCGCCCCTATAGGGCGCTGGACAGAAAATAAGCTTTTAAAAAAGAGAGTTCAAAT  
 ACGTGAAATTGTTGAAAGGGAAGCGTTTATGACCAGACTTGGGCTTGGTTAATCATCTGGGG  
 TTCTCCCCAGTGCACCTTTCCAGTCCAGGCC

Sequences producing significant alignments:

Select: All None Selected: 0

Alignments Download GenBank Graphics Distance tree of results

|                          | Description   | Max Score | Total Score | Query Cover | E value | Per. Ident | Accession  |
|--------------------------|---|-----------|-------------|-------------|---------|------------|------------|
| <input type="checkbox"/> | Fusarium graminearum strain 140 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, partial sequence   | 564       | 564         | 100%        | 1e-156  | 92.04%     | MK828118.1 |
| <input type="checkbox"/> | Fusarium palustre strain CBS 126796 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence  | 564       | 564         | 100%        | 1e-156  | 92.04%     | MH875687.1 |
| <input type="checkbox"/> | Fusarium palustre strain CBS 126793 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence  | 564       | 564         | 100%        | 1e-156  | 92.04%     | MH875684.1 |
| <input type="checkbox"/> | Gibberella ulicis strain CBS 122791 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence  | 564       | 564         | 100%        | 1e-156  | 92.04%     | MH874763.1 |
| <input type="checkbox"/> | Fusarium poae strain CBS 177.64 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence  | 564       | 564         | 100%        | 1e-156  | 92.04%     | MH870034.1 |
| <input type="checkbox"/> | Fusarium sambucinum strain CBS 263.50 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence  | 564       | 564         | 100%        | 1e-156  | 92.04%     | MH868122.1 |
| <input type="checkbox"/> | Fusarium poae strain CBS 182.31 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence  | 564       | 564         | 100%        | 1e-156  | 92.04%     | MH866625.1 |
| <input type="checkbox"/> | Fusarium poae strain CBS 130.24 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence  | 564       | 564         | 100%        | 1e-156  | 92.04%     | MH865277.1 |
| <input type="checkbox"/> | Fusarium poae isolate 07027 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, partial sequence       | 564       | 564         | 100%        | 1e-156  | 92.04%     | MG274313.1 |
| <input type="checkbox"/> | Fusarium poae isolate 0378 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, partial sequence        | 564       | 564         | 100%        | 1e-156  | 92.04%     | MG274312.1 |
| <input type="checkbox"/> | Fusarium poae isolate 0338 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, partial sequence        | 564       | 564         | 100%        | 1e-156  | 92.04%     | MG274311.1 |
| <input type="checkbox"/> | Fusarium langsethiae isolate 0420 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, partial sequence | 564       | 564         | 100%        | 1e-156  | 92.04%     | MG274309.1 |
| <input type="checkbox"/> | Fusarium sambucinum strain CBS 146.95 28S ribosomal RNA gene, partial sequence  | 564       | 564         | 100%        | 1e-156  | 92.04%     | KM231682.1 |
| <input type="checkbox"/> | Fusarium sp. BCCMI/HEM 10150 culture-collection BCCMI/HEM:10150 28S ribosomal RNA gene, partial sequence  | 564       | 564         | 100%        | 1e-156  | 92.04%     | KJ126845.1 |
| <input type="checkbox"/> | Fusarium sambucinum culture-collection BCCMI/HEM:3212 28S ribosomal RNA gene, partial sequence  | 564       | 564         | 100%        | 1e-156  | 92.04%     | KJ126583.1 |
| <input type="checkbox"/> | Fusarium armeniacum culture-collection BCCMI/HEM:25049 28S ribosomal RNA gene, partial sequence   | 564       | 564         | 100%        | 1e-156  | 92.04%     | KJ126418.1 |
| <input type="checkbox"/> | Fusarium sambucinum strain SGGG01 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, partial sequence           | 564       | 564         | 100%        | 1e-156  | 92.04%     | EU715637.1 |

LSU-13-*Chaetomium fimeti* strain CBS 343.73

GGCGAGTGAGCGGCACAGCTCAAATTTGAAATCTGGCCTCGGCCCGAGTTGTAATTAGCAA  
 AGGAAGCTTTAGGCGCGGCACCTTCTGAGTCCCCTGGAACGGGGCGCCATAGAGGGTGAGA  
 GCCCGTATAGTTGGATGCCTAGCCTGTGTAAGCTCCTTCGACGAGTCGAGTAGTTTGGGA  
 ATGCTGCTCAAAATGGGAGGTAAATTTCTTCTAAAGCTAAATACCGGCCAGAGACCGATAGC  
 GCACAAGTAGAGTGATCGAAAGATGAAAAGCACTTTGAAAAGAGGGTTAAATAGCACGTGA  
 AATTGTTGAAAGGGAAGCGCTTGTGACCAGACTTGCGCCGGGCAGATCATCCGGTGTCTCA  
 CCGGTGCACTCTGCCCGGCTCAGGCCAGCATCGGTTCTCGCGGGGGGATAAAGGCGTCCGG  
 AACGTAGCTCCTCCGGGAGTGTTATAGCCCCTCGCGTAATGCCCTCGCGGGGACCGAGGTT  
 CGCATCTGCAAGGATGCTGGCGTAATGGTCATCAGCGACCCGTTTGAACACGG

Sequences producing significant alignments:

Select: [All](#) [None](#) Selected 0

Alignments [Download](#) [GenBank](#) [Graphics](#) [Distance tree of results](#)

| Description  | Max Score | Total Score | Query Cover | E value | Per. Ident | Accession                  |
|--|-----------|-------------|-------------|---------|------------|----------------------------|
| <a href="#">Chaetomium fimeti strain CBS 343.73 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>                     | 992       | 992         | 100%        | 0.0     | 99.27%     | <a href="#">MH872403.1</a> |
| <a href="#">Chaetomium fimeti culture-collection CBS 168.71 28S large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>     | 992       | 992         | 100%        | 0.0     | 99.27%     | <a href="#">FJ666358.1</a> |
| <a href="#">Chaetomium pilosum culture-collection CBS 343.73 28S large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>    | 992       | 992         | 100%        | 0.0     | 99.27%     | <a href="#">FJ666355.1</a> |
| <a href="#">Chaetomium fimeti culture-collection CBS 114382 28S large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>     | 992       | 992         | 100%        | 0.0     | 99.27%     | <a href="#">FJ666351.1</a> |
| <a href="#">Chaetomium fimeti strain CBS 168.71 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>                     | 987       | 987         | 100%        | 0.0     | 99.09%     | <a href="#">MH871830.1</a> |
| <a href="#">Chaetomium fimeti strain CBS 139034 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>                     | 985       | 985         | 99%         | 0.0     | 99.27%     | <a href="#">MH877674.1</a> |
| <a href="#">Chaetomium subfimetii culture-collection CBS 169.71 28S large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a> | 981       | 981         | 100%        | 0.0     | 98.91%     | <a href="#">FJ666357.1</a> |
| <a href="#">Chaetomium subfimetii culture-collection CBS 370.66 28S large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a> | 981       | 981         | 100%        | 0.0     | 98.91%     | <a href="#">FJ666354.1</a> |
| <a href="#">Chaetomium nozdenkoae strain CBS 461.66 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>                 | 970       | 970         | 100%        | 0.0     | 98.55%     | <a href="#">MH877697.1</a> |
| <a href="#">Chaetomium orande strain CBS 126781 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>                     | 970       | 970         | 100%        | 0.0     | 98.55%     | <a href="#">MH875679.1</a> |
| <a href="#">Chaetomium megalocarum strain CBS 126666 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>                | 970       | 970         | 100%        | 0.0     | 98.55%     | <a href="#">MH875656.1</a> |
| <a href="#">Chaetomium orande strain CBS 126664 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>                     | 970       | 970         | 100%        | 0.0     | 98.55%     | <a href="#">MH875654.1</a> |
| <a href="#">Chaetomium graminiforme strain CBS 505.84 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>               | 970       | 970         | 100%        | 0.0     | 98.55%     | <a href="#">MH873472.1</a> |
| <a href="#">Chaetomium megalocarum strain CBS 763.83 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>                | 970       | 970         | 100%        | 0.0     | 98.55%     | <a href="#">MH873399.1</a> |
| <a href="#">Chaetomium citrinum strain CBS 693.82 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>                   | 970       | 970         | 100%        | 0.0     | 98.55%     | <a href="#">MH873282.1</a> |
| <a href="#">Chaetomium megalocarum strain CBS 533.79 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>                | 970       | 970         | 100%        | 0.0     | 98.55%     | <a href="#">MH873282.1</a> |

[Questions/comments](#)

ITS-14-*Preussia minima*

CAAGTTCCTCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATCGTTGGGCTTCGGCCCATTCGAGA  
 TAACACCCTTGCCCTTTTGTAGTACCTTTTTCGTTTCCTCGGCAGGCTCGCCTGCCAACGGGGAC  
 CTTTCAAACGCTTTTGTAAATACCTGTAATCGTCTGATATAACAAGCAAAAATCAAACCTTTC  
 AACACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAGTGT  
 GAATTGCAGAAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTTTGGTATTCCTT  
 AGGGCATGCCTGTTTCGAGCGTCAATTAACCTTCAAGCTCAGCTTGGTGATGGGTGACTGTC  
 CTCCCCTCGCGGGGGGACTCGCCTCAAAAACATTGGCGGCCGGTACATTGGCTTCGAGCGCA  
 GCAGAAACGCGGTCTCGAGCCCGGTGGATCGGCTCCCATAAGCCTATTCTTTTA

Sequences producing significant alignments:

Select: [All](#) [None](#) Selected 0

Alignments [Download](#) [GenBank](#) [Graphics](#) [Distance tree of results](#)

| Description   | Max Score | Total Score | Query Cover | E value | Per. Ident | Accession                  |
|---|-----------|-------------|-------------|---------|------------|----------------------------|
| <a href="#">Preussia sp. (n. Funigi) strain NW-FVA3083 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence</a> | 904       | 904         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | <a href="#">MG098329.1</a> |
| <a href="#">Preussia minima isolate E2/15/11 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence</a>                     | 904       | 904         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | <a href="#">KJ713051.1</a> |
| <a href="#">Preussia sp. strain CAD4 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence</a>                             | 904       | 904         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | <a href="#">KC191844.1</a> |
| <a href="#">Preussia minima strain CBS 881.68 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence</a>          | 898       | 898         | 100%        | 0.0     | 99.80%     | <a href="#">MH859242.1</a> |
| <a href="#">Preussia sp. JJP-2009a isolate 56653-15-80-UL-a internal transcribed spacer 1, partial sequence, 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence, and internal transcribed spacer 2, complete sequence</a>           | 894       | 894         | 98%         | 0.0     | 100.00%    | <a href="#">MH859242.1</a> |
| <a href="#">Preussia sp. (n. Funigi) isolate 43 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence</a>        | 893       | 893         | 100%        | 0.0     | 99.59%     | <a href="#">MK311274.1</a> |
| <a href="#">Ascomycota sp. ARIZ CV19e2-15 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence</a>                        | 893       | 893         | 100%        | 0.0     | 99.59%     | <a href="#">JN120437.1</a> |
| <a href="#">Preussia sp. 1 ICMP 18937 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence</a>                            | 893       | 893         | 100%        | 0.0     | 99.59%     | <a href="#">JN225886.1</a> |
| <a href="#">Preussia sp. JJP-2009a isolate 57001-13-82-UL internal transcribed spacer 1, partial sequence, 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence, and internal transcribed spacer 2, complete sequence</a>             | 893       | 893         | 100%        | 0.0     | 99.59%     | <a href="#">FJ210521.1</a> |
| <a href="#">Ascomycota sp. UNEX FEFCRA 2012/E200 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence</a>                 | 891       | 891         | 99%         | 0.0     | 99.59%     | <a href="#">KF988342.1</a> |
| <a href="#">Preussia sp. strain TEP30 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence</a>                            | 889       | 889         | 100%        | 0.0     | 99.39%     | <a href="#">KX621288.1</a> |
| <a href="#">Preussia sp. (n. Funigi) isolate 29 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence</a>        | 887       | 887         | 100%        | 0.0     | 99.39%     | <a href="#">MK311272.1</a> |
| <a href="#">Sporormiaceae sp. 22-6-1 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1 and 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence, and internal transcribed spacer 2, complete sequence</a>       | 887       | 887         | 100%        | 0.0     | 99.39%     | <a href="#">JX014396.1</a> |
| <a href="#">Fungal endophyte sp. D2-3A9-1 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence</a>                        | 887       | 887         | 100%        | 0.0     | 99.39%     | <a href="#">FJ025301.1</a> |
| <a href="#">Funaria androschii sp. F14-1134 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence</a>                      | 887       | 887         | 100%        | 0.0     | 99.39%     | <a href="#">MH859242.1</a> |

[Questions/comments](#)

LSU-14-*Preussia minima*

AGTACGGCGAGTGAGCGGCAACAGCTCAATTTGAAATCTGGCCCTTTCAGGGTCCGAGTTGT  
 AATTTGTAGAGGGTGTCTTTGGCGTTGGCTGTGGTCTAAGTTCCTTGGAACAGGACGTCGCAG  
 AGGGTGAGAATCCCGTATGTGGCCGCCAGTCTTCGCCGTGTAAGCCCTTCGACGAGTCGA  
 GTTGTGGGAATGCAGCTCTAATGGGAGGTAATTTCTTCTAAAGCTAAATATTGGCCAGA  
 GACCGATAGCGCACAAGTAGAGTGATCGAAAGATGAAAAGCACTTTGGAAAGAGAGTCAA  
 AAAGCACGTGAAATTGTTGAAAGGGAAGCGCTTGCAGCCAGACTTGCCTGTAGTTGCTCATC  
 CGGGCTTTTGGCCGGTGCACCTTCTATGGGCAGGCCAGCATCAGTCCCAGCGGTTGGATAA  
 ATGCCCGTTGAATGTACCTCTCTTCGGGGAGGACTTATAGCTTCGGGCGGCATACAACCAGC  
 CGGGATTGAGGTCCGCGCATCTGCTAGGATGCTGGCGTAATGGCTGTAAGCGGC

Sequences producing significant alignments:

Select: All None Selected: 0

Alignments Download GenBank Graphics Distance tree of results

| Description  | Max Score | Total Score | Query Cover | E value | Per. Ident | Accession                  |
|--|-----------|-------------|-------------|---------|------------|----------------------------|
| <a href="#">Preussia minima voucher S.Lundqvist 17212-a 28S large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>   | 994       | 994         | 100%        | 0.0     | 99.28%     | <a href="#">GQ203744.1</a> |
| <a href="#">Preussia minima strain CBS 881.60 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>   | 989       | 989         | 100%        | 0.0     | 99.09%     | <a href="#">MH870970.1</a> |
| <a href="#">Preussia sp. CCF3831 18S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence, and internal transcribed spacer 1, partial sequence</a> | 989       | 989         | 100%        | 0.0     | 99.09%     | <a href="#">FJ430777.1</a> |
| <a href="#">Preussia sp. strain TEP30 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>   | 983       | 983         | 99%         | 0.0     | 99.27%     | <a href="#">KX621294.1</a> |
| <a href="#">Uncultured Preussia clone SB11 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>  | 983       | 983         | 100%        | 0.0     | 98.91%     | <a href="#">KC922374.1</a> |
| <a href="#">Uncultured Preussia clone CB47 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>  | 981       | 981         | 100%        | 0.0     | 98.91%     | <a href="#">KC922348.1</a> |
| <a href="#">Uncultured Preussia clone SB58 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>  | 977       | 977         | 100%        | 0.0     | 98.73%     | <a href="#">KC922421.1</a> |
| <a href="#">Uncultured Preussia clone CB7 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>   | 977       | 977         | 100%        | 0.0     | 98.73%     | <a href="#">KC922308.1</a> |
| <a href="#">Preussia minima strain CBS 278.60 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>   | 972       | 972         | 100%        | 0.0     | 98.55%     | <a href="#">MH869539.1</a> |
| <a href="#">Preussia minima strain CBS 404.59 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>   | 972       | 972         | 100%        | 0.0     | 98.55%     | <a href="#">MH869446.1</a> |
| <a href="#">Preussia minima strain CBS 524.50 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>   | 972       | 972         | 100%        | 0.0     | 98.55%     | <a href="#">MH869263.1</a> |
| <a href="#">Preussia minima isolate AFTOL-ID 1256 28S large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>   | 959       | 959         | 98%         | 0.0     | 98.53%     | <a href="#">DQ678056.1</a> |
| <a href="#">Preussia australis voucher S.Lundqvist 20884-a 28S large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>  | 955       | 955         | 100%        | 0.0     | 98.01%     | <a href="#">GQ203732.1</a> |
| <a href="#">Preussia australis strain CBS 263.69 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>  | 950       | 950         | 100%        | 0.0     | 97.83%     | <a href="#">MH87721.1</a>  |
| <a href="#">Preussia sp. isolate HP080 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>  | 950       | 950         | 100%        | 0.0     | 97.83%     | <a href="#">KT323289.1</a> |
| <a href="#">Uncultured fungus clone 103_NA3_P31 E14 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 1, partial sequence</a>    | 950       | 950         | 100%        | 0.0     | 97.83%     | <a href="#">KT323289.1</a> |
| <a href="#">Blasoprepes sp. TK05 genomic DNA contains ITS1, 5.8S rDNA gene, ITS2 and 28S rDNA gene, isolate TK05</a>   | 946       | 946         | 99%         | 0.0     | 97.83%     | <a href="#">KT323289.1</a> |

Questions/Comments

ITS-15-*Gnomoniopsis idaeicola*

AACAAGGTCTCCGTTGGTGAACCAGCGGAGGGATCATTGCTGGAACAAACGCCCTCACGGG  
 TGCTACCCAGAAACCCCTTTGTGAATCTTCTCTATTGTTGCCTCGGCACAGACTGGCTTCCTA  
 CGAAGTCCCCTATTTTCTTCTCTTCGGAGAGGATAAAGGAGCAGGTCGGCCGGTGGCCAC  
 TATAAACTCTTTGTTTTACTATGTATCTTCTGAGTAAACAATAAATGAATCAAACCTTT  
 TAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGT  
 GAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCGCTGGTATTCCA  
 GCGGGCATGCCTGTTTCGAGCGTCATTTCAACCCTCAAACCTCGGTTTTGGTGTGGAGGAC  
 TACGCTGCTACCCAGCGTAGCCTCTGAAATACAGTGGCGGGCTCGCTAGAATTTTGAGCGT  
 AGTAATTTATACCTCGTTTGTAAAGACTAGCGGTGCTCTTGCCGTA AAAACCCCAACTTCT  
 GAAAT

Sequences producing significant alignments:

Select: All None Selected: 0

Alignments Download GenBank Graphics Distance tree of results

| Description  | Max Score | Total Score | Query Cover | E value | Per. Ident | Accession                  |
|--|-----------|-------------|-------------|---------|------------|----------------------------|
| <a href="#">Gnomoniopsis idaeicola strain GBC-Fungus26 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 1, partial sequence</a> | 1014      | 1014        | 100%        | 0.0     | 98.94%     | <a href="#">MN077429.1</a> |
| <a href="#">Gnomoniopsis idaeicola strain CBS 125676 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 1, partial sequence</a>   | 1014      | 1014        | 100%        | 0.0     | 98.94%     | <a href="#">MH863621.1</a> |
| <a href="#">Gnomoniopsis idaeicola strain CBS 125675 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 1, partial sequence</a>   | 1014      | 1014        | 100%        | 0.0     | 98.94%     | <a href="#">MH863619.1</a> |
| <a href="#">Gnomoniopsis idaeicola strain CBS 125674 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 1, partial sequence</a>   | 1014      | 1014        | 100%        | 0.0     | 98.94%     | <a href="#">MH863618.1</a> |
| <a href="#">Gnomoniopsis idaeicola strain CBS 125673 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 1, partial sequence</a>   | 1014      | 1014        | 100%        | 0.0     | 98.94%     | <a href="#">MH863617.1</a> |
| <a href="#">Gnomoniopsis idaeicola strain KZAI13-15 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 1, partial sequence</a>              | 1014      | 1014        | 100%        | 0.0     | 98.94%     | <a href="#">MG893865.1</a> |
| <a href="#">Gnomoniopsis idaeicola strain KRU7-15 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 1, partial sequence</a>                | 1014      | 1014        | 100%        | 0.0     | 98.94%     | <a href="#">MG893864.1</a> |
| <a href="#">Gnomoniopsis idaeicola strain KMI8-15 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 1, partial sequence</a>                | 1014      | 1014        | 100%        | 0.0     | 98.94%     | <a href="#">MG893863.1</a> |
| <a href="#">Gnomoniopsis idaeicola strain KVR1-14 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 1, partial sequence</a>                | 1014      | 1014        | 100%        | 0.0     | 98.94%     | <a href="#">MG893862.1</a> |
| <a href="#">Gnomoniopsis idaeicola strain KMS12-14 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 1, partial sequence</a>               | 1014      | 1014        | 100%        | 0.0     | 98.94%     | <a href="#">MG893861.1</a> |
| <a href="#">Gnomoniopsis idaeicola strain KMS6-14 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 1, partial sequence</a>                | 1014      | 1014        | 100%        | 0.0     | 98.94%     | <a href="#">MG893860.1</a> |
| <a href="#">Gnomoniopsis idaeicola strain KMS2-14 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 1, partial sequence</a>                | 1014      | 1014        | 100%        | 0.0     | 98.94%     | <a href="#">MG893859.1</a> |
| <a href="#">Gnomoniopsis idaeicola strain KSV1-16 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 1, partial sequence</a>                | 1014      | 1014        | 100%        | 0.0     | 98.94%     | <a href="#">MG878401.1</a> |
| <a href="#">Gnomoniopsis idaeicola strain K7811-15 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 1, partial sequence</a>               | 1014      | 1014        | 100%        | 0.0     | 98.94%     | <a href="#">MG878401.1</a> |

Questions/Comments

LSU-15-Gnomoniopsis idaeicola

ACGGCGAGTGAAGCGGCAACAGCTCAAATTTGAAATCTGGCTTCGGCCCGAGTTGTAATTTG  
 CAGAGGATGTTTATGGTGCAGTACCTTCCGAGTTCCCTGGAACGGGACGCCACAGAGGGTG  
 AGAGCCCCGTCTGGTTGGATACCAAACCTGTGTTAAACTCCTTCAACGAGTTCGAGTAGTTTG  
 GGAATGCTGCTCTAAATGGGAGGTAATCTCTTCTAAAGCTAAATATTGGCCAGAGACCGAT  
 AGCGCACAAGTAGAGTGATCGAAAGATGAAAAGCACCTTGAAGAGGGGGTTAAACAGTAC  
 GTGAAATTGTTAAAAGGGAAGCGTTTATGACCAGACTTGTGTCTGTGGCTCATCCGAGGTT  
 CTCCCCGGTGCACCTCCACACGGCTCAGGCCAACATCGGTTCTCGTTGGGGGATAAGAACAGT  
 AGGAACGTGGCCCTTTTCGGAGGGTGTTATAGCCTGCTGTACGATACCCTGATGGGGACCGA  
 GGACCGCGCTTCGGCTAGGATGTTGGCGTAATGGTCATTAGCGACC

Sequences producing significant alignments:

Select: [All](#) [None](#) Selected: 0

Alignments [Download](#) [GenBank](#) [Graphics](#) [Distance tree of results](#)

| Description   | Max Score | Total Score | Query Cover | E value | Per. Ident | Accession                   |
|---|-----------|-------------|-------------|---------|------------|-----------------------------|
| <a href="#">Gnomoniopsis fructicola strain CBS 125671 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>  | 985       | 985         | 100%        | 0.0     | 99.63%     | <a href="#">MH875088.1</a>  |
| <a href="#">Gnomoniopsis fructicola strain CBS 208.34 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>  | 985       | 985         | 100%        | 0.0     | 99.63%     | <a href="#">MH866972.1</a>  |
| <a href="#">Gnomoniopsis smithogilvi strain CBS 130189 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a> | 979       | 979         | 100%        | 0.0     | 99.44%     | <a href="#">MH877030.1</a>  |
| <a href="#">Gnomoniopsis smithogilvi strain CBS 130188 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a> | 979       | 979         | 100%        | 0.0     | 99.44%     | <a href="#">MH877029.1</a>  |
| <a href="#">Gnomoniopsis idaeicola strain CBS 125676 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>   | 979       | 979         | 100%        | 0.0     | 99.44%     | <a href="#">MH875093.1</a>  |
| <a href="#">Gnomoniopsis idaeicola strain CBS 125675 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>   | 979       | 979         | 100%        | 0.0     | 99.44%     | <a href="#">MH875092.1</a>  |
| <a href="#">Gnomoniopsis idaeicola strain CBS 125674 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>   | 979       | 979         | 100%        | 0.0     | 99.44%     | <a href="#">MH875091.1</a>  |
| <a href="#">Gnomoniopsis idaeicola strain CBS 125672 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>   | 979       | 979         | 100%        | 0.0     | 99.44%     | <a href="#">MH875089.1</a>  |
| <a href="#">Gnomoniopsis macounii strain CBS 121468 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>    | 979       | 979         | 100%        | 0.0     | 99.44%     | <a href="#">MH874666.1</a>  |
| <a href="#">Crotosoporella umbrina strain CBS 158.33 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>   | 979       | 979         | 100%        | 0.0     | 99.44%     | <a href="#">MH866843.1</a>  |
| <a href="#">Gnomoniopsis rosae culture CBS 145085 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>                | 979       | 979         | 100%        | 0.0     | 99.44%     | <a href="#">MK047501.1</a>  |
| <a href="#">Gnomoniopsis castaneae strain Gca1 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>                   | 979       | 979         | 100%        | 0.0     | 99.44%     | <a href="#">KX923802.1</a>  |
| <a href="#">Gnomoniopsis smithogilvi isolate Ge1 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>                 | 979       | 979         | 100%        | 0.0     | 99.44%     | <a href="#">KP824755.1</a>  |
| <a href="#">Gnomoniopsis smithogilvi isolate Ti5 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>                 | 979       | 979         | 100%        | 0.0     | 99.44%     | <a href="#">KP824753.1</a>  |
| <a href="#">Gnomoniopsis smithogilvi isolate Ti4 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>                 | 979       | 979         | 100%        | 0.0     | 99.44%     | <a href="#">KP824751.1</a>  |
| <a href="#">Gnomoniopsis smithogilvi isolate Ti3 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>                 | 979       | 979         | 100%        | 0.0     | 99.44%     | <a href="#">KP824749.1</a>  |
| <a href="#">Gnomoniopsis smithogilvi isolate Ti1 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>                 | 979       | 979         | 100%        | 0.0     | 99.44%     | <a href="#">KP824747.1</a>  |
| <a href="#">Gnomoniopsis smithogilvi CBS 130189 28S rRNA, partial sequence, from TYBE method</a>              | 979       | 979         | 100%        | 0.0     | 99.44%     | <a href="#">MG_042872.1</a> |

ITS-17-Fusarium equiseti

TAACAAGGTCTCCGTTGGTGAACCAGCGGAGGGATCATTACCGAGTTTACAACCTCCCAAACC  
 CCTGTGAACATACTATAACGTTGCCTCGGCGGATCAGCCC GCGCCCCGTAACCGGGACGGC  
 CCGCCCGAGGACCCCTAAACTCTGTTTTTGTGGAACCTTCTGAGTAAAACAACAAATAAAT  
 CAAAACCTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCAAATGCGAT  
 AAGTAATGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCCGCC  
 AGTATTCTGGCGGGCATGCCTGTTTCGAGCGTCATTTC AACCCCTCAAGCTCAGCTTGGTGTGG  
 GACTCGCGGTACCCGCGTTCCCCAAATCGATTGGCGGTCACGTCGAGCTTCCATAGCGTAGT  
 AATCATAACCTCGTTACTGTAATCGTCGCGGCCACGCCGTAACCCCAACTTCTGAA

Sequences producing significant alignments:

Select: [All](#) [None](#) Selected: 0

Alignments [Download](#) [GenBank](#) [Graphics](#) [Distance tree of results](#)

| Description   | Max Score | Total Score | Query Cover | E value | Per. Ident | Accession                  |
|---|-----------|-------------|-------------|---------|------------|----------------------------|
| <a href="#">Fusarium equiseti voucher PR1 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2</a>   | 917       | 917         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | <a href="#">MK990153.1</a> |
| <a href="#">Fusarium equiseti isolate SU-1 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2</a>  | 917       | 917         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | <a href="#">MK680159.1</a> |
| <a href="#">Fusarium sp. strain AQ16 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2</a>  | 917       | 917         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | <a href="#">MH884151.1</a> |
| <a href="#">Fusarium sp. strain AQ12 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2</a>  | 917       | 917         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | <a href="#">MH884151.1</a> |
| <a href="#">Fusarium sp. strain AQ10 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2</a>  | 917       | 917         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | <a href="#">MH884151.1</a> |
| <a href="#">Fusarium sp. strain SX11 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1 and 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence, and internal transcribed spacer 2</a>                              | 917       | 917         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | <a href="#">MH884088.1</a> |
| <a href="#">Fusarium sp. strain SX10 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1 and 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence, and internal transcribed spacer 2</a>                              | 917       | 917         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | <a href="#">MH884087.1</a> |
| <a href="#">Fusarium sp. strain SX4 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1 and 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence, and internal transcribed spacer 2</a>                               | 917       | 917         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | <a href="#">MH884081.1</a> |
| <a href="#">Fusarium sp. strain SX3 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1 and 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence, and internal transcribed spacer 2</a>                               | 917       | 917         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | <a href="#">MH884080.1</a> |
| <a href="#">Fusarium sp. strain MRC 2610 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence, and internal transcribed spacer 3</a>    | 917       | 917         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | <a href="#">MH582466.1</a> |
| <a href="#">Fusarium sp. strain MRC 1442 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence, and internal transcribed spacer 3</a>    | 917       | 917         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | <a href="#">MH582465.1</a> |
| <a href="#">Fusarium sp. strain MICMW-32 6b 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence, and internal transcribed spacer 3</a> | 917       | 917         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | <a href="#">MG838038.1</a> |
| <a href="#">Fusarium equiseti isolate FUS-32 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2</a>  | 917       | 917         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | <a href="#">MH879584.1</a> |
| <a href="#">Fusarium equiseti isolate FUS-34-2 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2</a>  | 917       | 917         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | <a href="#">MH879250.1</a> |
| <a href="#">Fusarium incarnatum strain CBS 130313 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1 and 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence, and internal transcribed spacer 2</a>                 | 917       | 917         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | <a href="#">MH865893.1</a> |
| <a href="#">Hyocreales sp. strain APBDSF23 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2</a>  | 917       | 917         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | <a href="#">MG669155.1</a> |
| <a href="#">Fusarium equiseti strain APBDSF20 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2</a>   | 917       | 917         | 100%        | 0.0     | 100.00%    | <a href="#">MG669152.1</a> |

LSU-17-*Fusarium equiseti*

ACGGCGAGTGAAGCGGCAACAGCTCAAATTTGAAATCTGGCTCTCGGGCCCGAGTTGTAATT  
 TGTAGAGGATGCTTTTGTATGCGGTGCCTTCCGAGTTCCCTGGAACGGGACGCCATAGAGGT  
 GAGAGCCCCGCTGGTTGGATGCCAAATCTCTGTAAAGCTCCTTCGACGAGTCGAGTAGTTT  
 GGGAAATGCTGCTCTAAATGGGAGGTATATGTCTTCTAAAGCTAAATACCGGCCAGAGACC  
 GATAGCGCACAAAGTAGAGTGATCGAAAGATGAAAAGCACTTTGAAAAGAGAGTTAAAAAGT  
 ACGTGAAATTTGTTGAAAGGGAAGCGTTTATGACCAGACTTGGGCTTGGATAATCATCTGGGG  
 TTCTCTCCAGTGCACCTTTCCAGTCCAGGCCAGCATCAGTTTTTCGCCGGGGGATAAAGGCTTC  
 GGGAAATGTGGCTCTCTCCGGGGAGTGTTATAGCCCCTTGCCTAATACCCTGGCGGGGACTGA  
 GGTTCCGCGCATCTGCAAGGATGCTGGCGTAATGGTCATCAACGACCC

| Accession   | Score | Query Cover | E value | Per Ident | Accession         |
|---|-------|-------------|---------|-----------|-------------------|
| Fusarium sp. FIESC_16a strain NRRL 34004 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed     | 994   | 994         | 100%    | 0.0       | 99.82% GQ505717.1 |
| Fusarium sp. FIESC_20a strain NRRL 34003 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed     | 994   | 994         | 100%    | 0.0       | 99.82% GQ505716.1 |
| Fusarium sp. NRRL 22244 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete   | 994   | 994         | 100%    | 0.0       | 99.82% GQ505685.1 |
| Fusarium sp. NRRL 13335 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete   | 994   | 994         | 100%    | 0.0       | 99.82% GQ505679.1 |
| Fusarium equiseti isolate H20-7655 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2  | 994   | 994         | 100%    | 0.0       | 99.82% EU595566.1 |
| Fusarium incarnatum strain CBS 132.73 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence  | 990   | 990         | 100%    | 0.0       | 99.63% MH877482.1 |
| Fusarium incarnatum strain CBS 130316 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence  | 989   | 989         | 100%    | 0.0       | 99.63% MH877329.1 |
| Fusarium equiseti genomic DNA sequence contains 28S rRNA gene, strain Indo176   | 989   | 989         | 100%    | 0.0       | 99.63% LS479893.1 |
| Fusarium equiseti genomic DNA sequence contains 28S rRNA gene, strain Indo174   | 989   | 989         | 100%    | 0.0       | 99.63% LS479891.1 |
| Fusarium equiseti isolate H29 28S ribosomal RNA gene, partial sequence  | 989   | 989         | 100%    | 0.0       | 99.63% KC375777.1 |
| Fusarium sp. H29 28S ribosomal RNA gene, partial sequence   | 989   | 989         | 100%    | 0.0       | 99.63% KU140649.1 |
| Fusarium scroli strain NRRL 29134 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2   | 989   | 989         | 100%    | 0.0       | 99.63% GQ505694.1 |
| Fusarium sp. FIESC_22a strain NRRL 34002 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed     | 989   | 989         | 100%    | 0.0       | 99.63% GQ505715.1 |
| Fusarium sp. AL-18 IRJH-2012a 28S ribosomal RNA gene, partial sequence  | 985   | 985         | 100%    | 0.0       | 99.45% KC341924.1 |
| Fusarium nelsonii strain CIB04 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large | 983   | 983         | 100%    | 0.0       | 99.45% MN117676.1 |
| Fusarium equiseti isolate <b>8084</b> large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence  | 983   | 983         | 100%    | 0.0       | 99.45% MK733313.1 |
| Fusarium sp. strain MRC 1642 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, com   | 983   | 983         | 100%    | 0.0       | 99.45% MH582467.1 |
| Fusarium sp. strain MRC 2806 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, com   | 983   | 983         | 100%    | 0.0       | 99.45% MH582499.1 |
| Fusarium sp. strain MRC 2636 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, com   | 983   | 983         | 100%    | 0.0       | 99.45% MH582468.1 |
| Fusarium sp. strain MRC 2804 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, com   | 983   | 983         | 100%    | 0.0       | 99.45% MH582467.1 |
| Fusarium sp. strain MRC 2433 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, com   | 983   | 983         | 100%    | 0.0       | 99.45% MH582464.1 |
| Fusarium sp. strain MRC 1961 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, com   | 983   | 983         | 100%    | 0.0       | 99.45% MH582463.1 |

ITS-18-*Fusarium solani*

AACAAGGTCTCCGTTGGTGAACCAGCGGAGGGATCATTACCGAGTTATAACAACATCAACCC  
 CTGTGAACATAACCTAAAACGTTGCCTCGGCGGGAACAGACGGCCCCGTAACACGGGCCGCC  
 CCCGCCAGAGGACCCCTAACTCTGTTTCTATAATGTTTCTTCTGAGTAAACAAGCAAATAA  
 ATTAACACTTTCAACAACGGATCTCTTGGCTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCG  
 ATAAGTAATGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCCG  
 CCAGTATTCTGGCGGGCATGCCTGTTTCGAGCGTCATTACAACCCTCAGGCCCCCGGGCCTGG  
 CGTTGGGGATCGGCGGAAGCCCCCTGCGGGCACAACGCCGTCCCCCAAATACAGTGGCGGT  
 CCCGCCGCAGCTTCCATTGCGTAGTAGTAACACCTCGCAACTGGAGAGCGGCGCGGCCACG  
 CCGTAAAACACCCAACCTTCTGAATGTGACCTC

| Description  | Max Score | Total Score | Query Cover | E value | Per Ident | Accession      |
|--|-----------|-------------|-------------|---------|-----------|----------------|
| Fusarium sp. isolate ApR6 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1 and 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and int    | 972       | 972         | 100%        | 0.0     | 100.00%   | KY853410.1     |
| Fusarium solani strain AURE-4 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1 and 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; an     | 972       | 972         | 100%        | 0.0     | 100.00%   | KY511422.1     |
| Fusarium solani strain CEF-559 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1 and 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and intern      | 972       | 972         | 100%        | 0.0     | 100.00%   | KU382502.1     |
| Fusarium solani strain MHK 7 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spa  | 966       | 966         | 100%        | 0.0     | 99.81%    | MG457675.1     |
| Fusarium solani isolate VOR6 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1 and 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; anc     | 966       | 966         | 100%        | 0.0     | 99.81%    | KX621960.1     |
| Fusarium solani strain CZC-1 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, com  | 966       | 966         | 99%         | 0.0     | 100.00%   | MF166759.1     |
| Fusarium solani 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1 and 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed se    | 966       | 966         | 100%        | 0.0     | 99.81%    | KU325529.1     |
| Fusarium solani isolate AFIC11 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, cr | 966       | 966         | 100%        | 0.0     | 99.81%    | KU872821.1     |
| Fusarium oxysporum isolate L-4 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1 and 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and intern      | 966       | 966         | 99%         | 0.0     | 100.00%   | KT852968.1     |
| Fusarium phaseolii voucher CIAT537 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer   | 966       | 966         | 100%        | 0.0     | 99.81%    | KR012896.1     |
| Fusarium solani strain ZB073 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1 and 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal 1    | 966       | 966         | 100%        | 0.0     | 99.81%    | KJ528882.1     |
| Fusarium solani isolate ZK004 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, co  | 966       | 966         | 100%        | 0.0     | 99.81%    | KM235740.1     |
| Fusarium solani strain T1-CA06NP 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1 and 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and inte      | 966       | 966         | 100%        | 0.0     | 99.81%    | KJ620369.1     |
| Uncultured Microdochium 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, comple    | 966       | 966         | 100%        | 0.0     | 99.81%    | KC764913.1     |
| Hypocreales sp. DY07 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1 and 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transc       | 966       | 966         | 100%        | 0.0     | 99.81%    | JX179228.1     |
| Fusarium sp. r323 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequ   | 966       | 966         | 100%        | 0.0     | 99.81%    | HQ649839.1     |
| Fusarium sp. r300 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1 and 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed     | 966       | 966         | 100%        | 0.0     | 99.81%    | HQ649837.1     |
| Fusarium sp. r104 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequ   | 966       | 966         | 100%        | 0.0     | 99.81%    | HQ649835.1     |
| Fusarium solani strain MITCC 9622 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, | 966       | 966         | 100%        | 0.0     | 99.81%    | FJ719812.1     |
| Fusarium sp. 19003 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sec   | 966       | 966         | 100%        | 0.0     | 99.81%    | Questions/comm |



LSU-18-*Fusarium solani*

CGGCGAGTGAAGCGGCAACAGCTCAATTTGAAATCTGGCTCTCGGGCCCGAGTTGTAATTTG  
 TAGAGGATGCTTTTGGTGAGGTGCCTTCCGAGTTCCCTGGAACGGGACGCCATAGAGGGTGA  
 GAGCCCCGTCTGGTTGGACACCGATCCTCTGTAAAGCTCCTTCGACGAGTCGAGTAGTTTGG  
 GAATGCTTGCTCTAAATGGGAGGTATATGTCTTCTAAAGCTAAATACCGGCCAGAGACCGAT  
 AGCGCACAAGTAGAGTGATCGAAAGATGAAAAGAACTTTGAAAAGAGAGTTAAAAAGTAC  
 GTGAAATTGTTGAAAGGGAAGCGCTTGTGACCAGACTTGGGCTTGGTTGATCATCCGGGGTT  
 CTCCCCGGTGCACCTTCCGGCTCAGGCCAGCATCAGTTCGCCCTGGGGGATAAAGGCTTCG  
 GGAATGTGGCTCTCTCCGGGAGTGTATAGCCCGCTGCGTAATACCCTGTGGCGGACTGAG  
 GTTCGCGCATTGCGAAGGATGCTGGCGTAATGGTCATCAGTGACCC

|                          |   |     |     |      |     |        |            |
|--------------------------|---|-----|-----|------|-----|--------|------------|
| <input type="checkbox"/> | Uncultured Hypocreales clone Copar_1.5_36_45.5.8S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 2, complete sequence, and 28S ribosomal RNA                 | 990 | 990 | 100% | 0.0 | 99.81% | KC461376.1 |
| <input type="checkbox"/> | <a href="#">Fusarium solani isolate 504EFA0 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>  | 987 | 987 | 100% | 0.0 | 99.63% | MK530101.1 |
| <input type="checkbox"/> | <a href="#">Fusarium solani strain CBS 318.73 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>  | 987 | 987 | 100% | 0.0 | 99.63% | MH878383.1 |
| <input type="checkbox"/> | <a href="#">Fusarium solani strain CBS 128989 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>  | 987 | 987 | 100% | 0.0 | 99.63% | MH878025.1 |
| <input type="checkbox"/> | <a href="#">Fusarium solani strain CBS 132899 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>  | 987 | 987 | 100% | 0.0 | 99.63% | MH877509.1 |
| <input type="checkbox"/> | <a href="#">Fusarium solani strain CBS 127306 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>  | 987 | 987 | 100% | 0.0 | 99.63% | MH875951.1 |
| <input type="checkbox"/> | <a href="#">Neocosmospora rubicola strain HLGJF1501 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>  | 987 | 987 | 100% | 0.0 | 99.63% | MH277489.1 |
| <input type="checkbox"/> | <a href="#">Fusarium solani isolate extr12 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>   | 987 | 987 | 100% | 0.0 | 99.63% | MH447300.1 |
| <input type="checkbox"/> | <a href="#">Fusarium solani strain HLGJF0112 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>   | 987 | 987 | 100% | 0.0 | 99.63% | MH065732.1 |
| <input type="checkbox"/> | <a href="#">Fusarium falciforme isolate CBS 475.67 internal transcribed spacer 2 and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>                                     | 987 | 987 | 100% | 0.0 | 99.63% | MG189915.1 |
| <input type="checkbox"/> | <a href="#">Fusarium solani isolate PTLM-1 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>   | 987 | 987 | 100% | 0.0 | 99.63% | KX147649.1 |
| <input type="checkbox"/> | <a href="#">Fusarium sp. isolate <b>Ac66</b> large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>   | 987 | 987 | 100% | 0.0 | 99.63% | KY953414.1 |
| <input type="checkbox"/> | <a href="#">Fusarium falciforme strain CBS 135512 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>  | 987 | 987 | 100% | 0.0 | 99.63% | KX444024.1 |
| <input type="checkbox"/> | <a href="#">Fusarium oxysporum f. sp. ciceris isolate Foc28-race6 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>  | 987 | 987 | 100% | 0.0 | 99.63% | KX981396.1 |
| <input type="checkbox"/> | <a href="#">Neocosmospora rubicola strain CBS 320.73 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>   | 987 | 987 | 100% | 0.0 | 99.63% | KM231666.1 |
| <input type="checkbox"/> | <a href="#">Fusarium cf. solani TR 14.d 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>  | 987 | 987 | 100% | 0.0 | 99.63% | KP017414.1 |
| <input type="checkbox"/> | <a href="#">Uncultured Hypocreales clone Miu1_5.5_193_14.5.8S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 2, complete sequence, and 28S ribosomal RNA</a> | 987 | 987 | 100% | 0.0 | 99.63% | KC461436.1 |
| <input type="checkbox"/> | <a href="#">Uncultured Hypocreales clone Daso_1.3_22_19.5.8S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 2, complete sequence, and 28S ribosomal RNA</a>  | 987 | 987 | 100% | 0.0 | 99.63% | KC461435.1 |
| <input type="checkbox"/> | <a href="#">Uncultured Hypocreales clone Swis_4.5_122_76.5.8S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 2, complete sequence, and 28S ribosomal RNA</a> | 987 | 987 | 100% | 0.0 | 99.63% | KC461426.1 |
| <input type="checkbox"/> | <a href="#">Uncultured Hypocreales clone Swis_1.3_24_8.5.8S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 2, complete sequence, and 28S ribosomal RNA</a>   | 987 | 987 | 100% | 0.0 | 99.63% | KC461423.1 |
| <input type="checkbox"/> | <a href="#">Uncultured Hypocreales clone Rhr_2.7_6_11.5.8S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 2, complete sequence, and 28S ribosomal RNA</a>    | 987 | 987 | 100% | 0.0 | 99.63% | KC461411.1 |
| <input type="checkbox"/> | <a href="#">Uncultured Hypocreales clone Nhet_5.3_185_8.5.8S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 2, complete sequence, and 28S ribosomal RNA</a>  | 987 | 987 | 100% | 0.0 | 99.63% | KC461407.1 |
| <input type="checkbox"/> | <a href="#">Uncultured Hypocreales clone Nhet_5.3_185_5.5.8S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 2, complete sequence, and 28S ribosomal RNA</a>  | 987 | 987 | 100% | 0.0 | 99.63% | KC461407.1 |

ITS-19-*Diplodia seriata*

CAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATG  
 TGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATTGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCCCTGGCATTCC  
 GGGGGGCATGCCTGTTTCGAGCGTCATTACAACCCTCAAGCTATGTTTGGTATTGGGCGCCGT  
 CCTCTCTGCGGACGCGCCTTAAAGACCTCGGCGGTGGCTGTTTCAGCCCTCAAGCGTAGTAGA  
 ATACACCTCGCTTTGGAGCGGTTGGCGTCGCCCGCGGACGAACCTTATGACTTTCTCAAGG  
 TGACC

Sequences producing significant alignments:

Select: All None Selected: 0

Alignments Download GenBank Graphics Distance tree of results

| Description   | Max Score | Total Score | Query Cover | E value | Per Ident | Accession  |
|---|-----------|-------------|-------------|---------|-----------|------------|
| <a href="#">Diplodia sp. FCM-2012 strain CBS 129760 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>    | 1003      | 1003        | 100%        | 0.0     | 99.82%    | MH876841.1 |
| <a href="#">Diplodia sp. FCM-2012 strain CBS 129749 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>    | 1003      | 1003        | 100%        | 0.0     | 99.82%    | MH876832.1 |
| <a href="#">Aplosporella fabaeformis strain CBS 118.82 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a> | 1003      | 1003        | 100%        | 0.0     | 99.82%    | MH873227.1 |
| <a href="#">Diplodia seriata isolate MZ-F435 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>                     | 1003      | 1003        | 100%        | 0.0     | 99.82%    | MG720323.1 |
| <a href="#">Diplodia seriata isolate MZ-F324 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>                     | 1003      | 1003        | 100%        | 0.0     | 99.82%    | MG720322.1 |
| <a href="#">Diplodia seriata isolate MZ-F307 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>                     | 1003      | 1003        | 100%        | 0.0     | 99.82%    | MG720321.1 |
| <a href="#">Diplodia seriata isolate MZ-F47 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>                      | 1003      | 1003        | 100%        | 0.0     | 99.82%    | MG720320.1 |
| <a href="#">Diplodia seriata isolate MZ-F45 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>                      | 1003      | 1003        | 100%        | 0.0     | 99.82%    | MG720319.1 |
| <a href="#">Diplodia seriata isolate MZ-F44 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>                      | 1003      | 1003        | 100%        | 0.0     | 99.82%    | MG720318.1 |
| <a href="#">Diplodia seriata isolate MZ-F15 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>                      | 1003      | 1003        | 100%        | 0.0     | 99.82%    | MG720317.1 |
| <a href="#">Diplodia seriata isolate MZ-F13 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>                      | 1003      | 1003        | 100%        | 0.0     | 99.82%    | MG720316.1 |
| <a href="#">Diplodia seriata isolate MZ-F10 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>                      | 1003      | 1003        | 100%        | 0.0     | 99.82%    | MG720315.1 |
| <a href="#">Diplodia seriata isolate MZ-F9 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>                       | 1003      | 1003        | 100%        | 0.0     | 99.82%    | MG720314.1 |
| <a href="#">Diplodia seriata isolate MZ-F7 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>                       | 1003      | 1003        | 100%        | 0.0     | 99.82%    | MG720313.1 |
| <a href="#">Diplodia seriata isolate MZ-F3 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>                       | 1003      | 1003        | 100%        | 0.0     | 99.82%    | MG720312.1 |
| <a href="#">Diplodia seriata isolate MZ-F2 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>                       | 1003      | 1003        | 100%        | 0.0     | 99.82%    | MG720311.1 |
| <a href="#">Diplodia seriata isolate MZ-F1 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>                       | 1003      | 1003        | 100%        | 0.0     | 99.82%    | MG720310.1 |
| <a href="#">Diplodia seriata isolate EFA 468 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>           | 1003      | 1003        | 100%        | 0.0     | 99.82%    | MG720310.1 |

LSU-19-Diplodia seriata

ACGGCGAGTGAAGCGGCAACAGCTCAATTTGAAAGCTGGCCCTTTCAGGGTCCGCATTGTAA  
 TTTGTAGAGGATGATTCCGGCAGGGCTCCCGCTAAGTCCCCTGGAACGGGGCGTCATAGAG  
 GGTGAGAATCCCGTATGCGGTGGGCTGCCTTAGCCATGTGAATCTCCTTCGACGAGTCGAGT  
 TGTTTTGGGAATGCAGCTCTAAATGGGAGGTAAATTTCTTCTAAAGCTAAATACCGGCCAGAG  
 ACCGATAGCGACAAGTAGAGTGATCGAAAGATGAAAAGCACTTTGGAAAGAGAGTTAAAA  
 AGTACGTGAAATGTTGAAAGGGAAGCGCTTGAACACAGACTTGTCCGCAGTTGCTCAGCCG  
 GTCTCCTGACCGGCGTACTTCTGCGGCCAGGCCAGCATCAGTTCCGGGCGGTCCGATAAAG  
 ACCTCGGGAATGTAGCTCCTCTCGGGGAGTGTATAGCCCCGGGGTGAATGCGGCCAGCCTG  
 GACTGAGGATCTCGCTTCGGCAAGGATGCTGGCGTAATGGTTGTAAGCGGC

Sequences producing significant alignments:

Select: [All](#) [None](#) Selected: 0

Alignments [Download](#) [GenBank](#) [Graphics](#) [Distance tree of results](#)

| Description   | Max Score | Total Score | Query Cover | E value | Per. Ident | Accession                  |
|---|-----------|-------------|-------------|---------|------------|----------------------------|
| <a href="#">Diplodia sp. FCM-2012 strain CBS 129760 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>    | 1003      | 1003        | 100%        | 0.0     | 99.82%     | <a href="#">MH876841.1</a> |
| <a href="#">Diplodia sp. FCM-2012 strain CBS 129749 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>    | 1003      | 1003        | 100%        | 0.0     | 99.82%     | <a href="#">MH876832.1</a> |
| <a href="#">Aulosporella fabaeformis strain CBS 118.82 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a> | 1003      | 1003        | 100%        | 0.0     | 99.82%     | <a href="#">MH873227.1</a> |
| <a href="#">Diplodia seriata isolate MZ-F435 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>                     | 1003      | 1003        | 100%        | 0.0     | 99.82%     | <a href="#">MG720323.1</a> |
| <a href="#">Diplodia seriata isolate MZ-F324 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>                     | 1003      | 1003        | 100%        | 0.0     | 99.82%     | <a href="#">MG720322.1</a> |
| <a href="#">Diplodia seriata isolate MZ-F307 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>                     | 1003      | 1003        | 100%        | 0.0     | 99.82%     | <a href="#">MG720321.1</a> |
| <a href="#">Diplodia seriata isolate MZ-F47 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>                      | 1003      | 1003        | 100%        | 0.0     | 99.82%     | <a href="#">MG720320.1</a> |
| <a href="#">Diplodia seriata isolate MZ-F45 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>                      | 1003      | 1003        | 100%        | 0.0     | 99.82%     | <a href="#">MG720319.1</a> |
| <a href="#">Diplodia seriata isolate MZ-F44 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>                      | 1003      | 1003        | 100%        | 0.0     | 99.82%     | <a href="#">MG720318.1</a> |
| <a href="#">Diplodia seriata isolate MZ-F15 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>                      | 1003      | 1003        | 100%        | 0.0     | 99.82%     | <a href="#">MG720317.1</a> |
| <a href="#">Diplodia seriata isolate MZ-F13 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>                      | 1003      | 1003        | 100%        | 0.0     | 99.82%     | <a href="#">MG720316.1</a> |
| <a href="#">Diplodia seriata isolate MZ-F10 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>                      | 1003      | 1003        | 100%        | 0.0     | 99.82%     | <a href="#">MG720315.1</a> |
| <a href="#">Diplodia seriata isolate MZ-F9 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>                       | 1003      | 1003        | 100%        | 0.0     | 99.82%     | <a href="#">MG720314.1</a> |

[Questions/comm](#)

ITS-20-Boeremia exigua

AGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACCTAGAGTTGTAGGCTTTGCCTACCAT  
 CTCTTACCCATGTCTTTTGAGTACCTTCGTTTCCTCGGCGGGTCCGCCCGCCGATTGGACAAA  
 CTTAAACCCTTTGTAATTGAAATCAGCGTCTGAAAAAACATAAATAGTTACAACCTTTCAACAA  
 CGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAGTGTGAATTG  
 CAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCCTTGGTATTCCATGGGGC  
 ATGCCTGTTTCGAGCGTCATTTGTACCTTCAAGCTCTGCTTGGTGTGGGTGTTTGTCTCGCCTT  
 TGCGTGTAGACTCGCCTTAAAACAATTGGCAGCCGGCGTATTGATTTCCGAGCGCAGTACAT  
 CTCGCGCTTTGCACTCATAACGACGACGTCCAAAAGTACATTTTACACTCTGACCT

Sequences producing significant alignments:

Select: [All](#) [None](#) Selected: 0

Alignments [Download](#) [GenBank](#) [Graphics](#) [Distance tree of results](#)

| Description  | Max Score | Total Score | Query Cover | E value | Per. Ident | Accession                  |
|--|-----------|-------------|-------------|---------|------------|----------------------------|
| <a href="#">Boeremia exigua isolate Z102 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1 and 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and 18S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>              | 907       | 907         | 100%        | 0.0     | 99.80%     | <a href="#">MK907733.1</a> |
| <a href="#">Boeremia exigua isolate W115 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1 and 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and 18S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>              | 907       | 907         | 100%        | 0.0     | 99.80%     | <a href="#">MK247450.1</a> |
| <a href="#">Boeremia exigua var. linicola strain CBS 113.28 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2</a>                            | 907       | 907         | 100%        | 0.0     | 99.80%     | <a href="#">MH854943.1</a> |
| <a href="#">Boeremia exigua isolate 3/7F Cd1 tolerant small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1 and 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and 18S ribosomal RNA gene, partial sequence</a> | 907       | 907         | 100%        | 0.0     | 99.80%     | <a href="#">EU573099.1</a> |
| <a href="#">Phoma exigua var. linicola isolate D1071 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2</a>   | 907       | 907         | 100%        | 0.0     | 99.80%     | <a href="#">EF585395.1</a> |
| <a href="#">Phoma multirostrata strain JGC24-9 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2</a>   | 907       | 907         | 100%        | 0.0     | 99.80%     | <a href="#">EF585394.1</a> |
| <a href="#">Boeremia exigua strain GBC-Fungus22 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2</a>  | 902       | 902         | 100%        | 0.0     | 99.60%     | <a href="#">MN077426.1</a> |
| <a href="#">Uncultured Boeremia isolate KL020 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2</a>  | 902       | 902         | 100%        | 0.0     | 99.60%     | <a href="#">MN065762.1</a> |
| <a href="#">Uncultured Boeremia isolate KL011 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2</a>  | 902       | 902         | 100%        | 0.0     | 99.60%     | <a href="#">MN065759.1</a> |
| <a href="#">Uncultured Boeremia isolate KL010 2 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2</a>  | 902       | 902         | 100%        | 0.0     | 99.60%     | <a href="#">MN065755.1</a> |
| <a href="#">Boeremia exigua isolate c9 st small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1 and 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and 18S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>             | 902       | 902         | 99%         | 0.0     | 99.80%     | <a href="#">MK571609.1</a> |
| <a href="#">Boeremia exigua isolate A916 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1 and 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and 18S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>              | 902       | 902         | 100%        | 0.0     | 99.60%     | <a href="#">MK247603.1</a> |
| <a href="#">Phoma sp. strain daef45 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, c</a>   | 902       | 902         | 100%        | 0.0     | 99.60%     | <a href="#">MH550515.1</a> |
| <a href="#">Phoma sp. strain daef44 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, c</a>   | 902       | 902         | 100%        | 0.0     | 99.60%     | <a href="#">MH550514.1</a> |
| <a href="#">Phoma sp. strain daef43 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, c</a>   | 902       | 902         | 100%        | 0.0     | 99.60%     | <a href="#">MH550513.1</a> |

[Questions/comm](#)

LSU-20-*Boeremia exigua*

ACGGCGAGTGAAGCGGCAACAGCTCAATTTGAAATCTGGCGTCTTTGGCGTCCGAGTTGTAA  
 TTTGCAGAGGGCGCTTTGGCATTGGCAGCGGTCCAAGTTCCTTGGAAACAGGACGTCACAGAG  
 GGTGAGAATCCCGTACGTGGTTCGCTAGCCTTTACCGTGTAAAGCCCCTTCGACGAGTCGAGT  
 TGTTTTGGGAATGCAGCTCTAAATGGGAGGTAATTTCTTCTAAAGCTAAATACTGGCCAGAG  
 ACCGATAGCGCACAAAGTAGAGTGATCGAAAGATGAAAAGCACTTTGGAAAGAGAGTTAAAA  
 AGCACGTGAAATTTGTTGAAAGGGAAGCGCTTGCAGCCAGACTTGCCTGTAGTTGCTCATCCG  
 GGTTTTTACCCGGTGCACCTCTTCTATAGGCAGGCCAGCATCAGTTTGGGCGGTTGGATAAAG  
 GTCTCTGTCACGTACCTCCTCTCGGGGAGAATTATAGGGGAGACGTAATGCAACCAGCCTG  
 GACTGAGGTCCGCGCATCTGCTAGGATGCTGGCGTAATGGCTGTAA

| Accession  | Species  | Gene   | Length | Identical | Similar | Score | E-value | Query      | Subject |
|--|--|--|--------|-----------|---------|-------|---------|------------|---------|
| Boeremia exigua var. exigua strain CBS 534.75    | Boeremia exigua var. exigua strain CBS 534.75    | large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence | 994    | 994       | 100%    | 0.0   | 99.82%  | MH872718.1 |         |
| Boeremia exigua var. oivescens strain CBS 761.70 | Boeremia exigua var. oivescens strain CBS 761.70 | large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence | 994    | 994       | 100%    | 0.0   | 99.82%  | MH871730.1 |         |
| Boeremia exigua var. exigua strain CBS 476.69    | Boeremia exigua var. exigua strain CBS 476.69    | large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence | 994    | 994       | 100%    | 0.0   | 99.82%  | MH871120.1 |         |
| Boeremia exigua var. exigua strain CBS 596.67    | Boeremia exigua var. exigua strain CBS 596.67    | large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence | 994    | 994       | 100%    | 0.0   | 99.82%  | MH870779.1 |         |
| Ascochyta lamiorum strain CBS 462.67             | Ascochyta lamiorum strain CBS 462.67             | large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence | 994    | 994       | 100%    | 0.0   | 99.82%  | MH870736.1 |         |
| Boeremia foveata strain CBS 341.67               | Boeremia foveata strain CBS 341.67               | large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence | 994    | 994       | 100%    | 0.0   | 99.82%  | MH870686.1 |         |
| Boeremia foveata strain CBS 530.66               | Boeremia foveata strain CBS 530.66               | large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence | 994    | 994       | 100%    | 0.0   | 99.82%  | MH870527.1 |         |
| Boeremia exigua var. exigua strain CBS 525.66    | Boeremia exigua var. exigua strain CBS 525.66    | large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence | 994    | 994       | 100%    | 0.0   | 99.82%  | MH870522.1 |         |
| Boeremia exigua var. exigua strain CBS 372.61    | Boeremia exigua var. exigua strain CBS 372.61    | large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence | 994    | 994       | 100%    | 0.0   | 99.82%  | MH869661.1 |         |
| Boeremia exigua var. exigua strain CBS 114.56    | Boeremia exigua var. exigua strain CBS 114.56    | large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence | 994    | 994       | 100%    | 0.0   | 99.82%  | MH869068.1 |         |
| Boeremia foveata strain CBS 155.45               | Boeremia foveata strain CBS 155.45               | large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence | 994    | 994       | 100%    | 0.0   | 99.82%  | MH867950.1 |         |
| Boeremia exigua var. exigua strain CBS 113.36    | Boeremia exigua var. exigua strain CBS 113.36    | large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence | 994    | 994       | 100%    | 0.0   | 99.82%  | MH867235.1 |         |
| Boeremia exigua var. linicola strain CBS 113.28  | Boeremia exigua var. linicola strain CBS 113.28  | large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence | 994    | 994       | 100%    | 0.0   | 99.82%  | MH867235.1 |         |
| Ascochyta abelmoschi strain CBS 107.21           | Ascochyta abelmoschi strain CBS 107.21           | large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence | 994    | 994       | 100%    | 0.0   | 99.82%  | MH866206.1 |         |
| Boeremia exigua isolate Ph.ex.001NY17            | Boeremia exigua isolate Ph.ex.001NY17            | large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence | 994    | 994       | 100%    | 0.0   | 99.82%  | MK510717.1 |         |
| Boeremia exigua isolate JAC12716                 | Boeremia exigua isolate JAC12716                 | large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence | 994    | 994       | 100%    | 0.0   | 99.82%  | MK431463.1 |         |
| Boeremia exigua voucher MF-32.39.1               | Boeremia exigua voucher MF-32.39.1               | large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence | 994    | 994       | 100%    | 0.0   | 99.82%  | MH651608.1 |         |
| Boeremia exigua voucher MF-32.19                 | Boeremia exigua voucher MF-32.19                 | large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence | 994    | 994       | 100%    | 0.0   | 99.82%  | MH651606.1 |         |
| Boeremia exigua voucher MF-17.93.1               | Boeremia exigua voucher MF-17.93.1               | large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence | 994    | 994       | 100%    | 0.0   | 99.82%  | MH651605.1 |         |
| Boeremia exigua voucher MF-17.75                 | Boeremia exigua voucher MF-17.75                 | large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence | 994    | 994       | 100%    | 0.0   | 99.82%  | MH651603.1 |         |
| Boeremia exigua voucher MF-17.74                 | Boeremia exigua voucher MF-17.74                 | large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence | 994    | 994       | 100%    | 0.0   | 99.82%  | MH651602.1 |         |
| Boeremia exigua voucher MF-17.35.1               | Boeremia exigua voucher MF-17.35.1               | large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence | 994    | 994       | 100%    | 0.0   | 99.82%  | MH651601.1 |         |
| Boeremia exigua voucher MF-32.74                 | Boeremia exigua voucher MF-32.74                 | large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence | 994    | 994       | 100%    | 0.0   | 99.82%  | MH651601.1 |         |

ITS-22-*Peyronellaea prosopidis*

CAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACCTAGAGTTGTAGGCTTTGCCTGCT  
 ATCTCTTACCCATGTCCTTTGAGTACCTTCGTTTCCTCGGCGGGTCCGCCCGCCGATTGGACA  
 ATTTAAACCATTTGCAGTTGCAATCAGCGTCTGAAAAAACTTAATAGTTACAACCTTTCAACA  
 ACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAGTGTGAATT  
 GCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCCTTGGTATTCCATGGGG  
 CATGCCTGTTTCGAGCGTCATTTGTACCTTCAAGCTCTGCTTGGTGTGGGTGTTTGTCTCGCC  
 TCTGCGCGTAGACTCGCCTCAAACAATTGGCAGCCGGCGTATTGATTTCCGAGCGCAGTAC  
 ATCTCGCGCTTTGCACTCATAACGACGACGTCCAAAAGTACATTTTTACTCTGACCT

| Accession                                   | Species                                     | Gene  | Length | Identical | Similar | Score | E-value | Query      | Subject |
|---|---|---|--------|-----------|---------|-------|---------|------------|---------|
| Didymella sp. strain HES2-2-MA              | Didymella sp. strain HES2-2-MA              | small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2                       | 909    | 909       | 100%    | 0.0   | 99.80%  | MK793710.1 |         |
| Didymella sp. strain HES1-2-MA              | Didymella sp. strain HES1-2-MA              | small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2                       | 909    | 909       | 100%    | 0.0   | 99.80%  | MK793709.1 |         |
| Didymella sp. strain HES2-1-1-MA            | Didymella sp. strain HES2-1-1-MA            | small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2                       | 909    | 909       | 100%    | 0.0   | 99.80%  | MK793708.1 |         |
| Didymella sp. strain HES2-10-1-MA           | Didymella sp. strain HES2-10-1-MA           | small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2                       | 909    | 909       | 100%    | 0.0   | 99.80%  | MK793707.1 |         |
| Didymelliaceae sp. isolate G926             | Didymelliaceae sp. isolate G926             | small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1 and 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence, and internal transcribed spacer 2 | 909    | 909       | 100%    | 0.0   | 99.80%  | MK247820.1 |         |
| Didymelliaceae sp. isolate A426             | Didymelliaceae sp. isolate A426             | small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1 and 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence, and internal transcribed spacer 2 | 909    | 909       | 100%    | 0.0   | 99.80%  | MK247396.1 |         |
| Didymella sp. isolate A407                  | Didymella sp. isolate A407                  | small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1 and 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence, and internal transcribed spacer 2 | 909    | 909       | 100%    | 0.0   | 99.80%  | MK247297.1 |         |
| Peyronellaea prosopidis strain CBS 126550   | Peyronellaea prosopidis strain CBS 126550   | small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2                       | 909    | 909       | 100%    | 0.0   | 99.80%  | MH866094.1 |         |
| Didymella pomorum strain CBS 388.80         | Didymella pomorum strain CBS 388.80         | small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2                       | 909    | 909       | 100%    | 0.0   | 99.80%  | MH861278.1 |         |
| Didymella pomorum strain CBS 115.67         | Didymella pomorum strain CBS 115.67         | small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2                       | 909    | 909       | 100%    | 0.0   | 99.80%  | MH861278.1 |         |
| Monodictys austriana strain CBS 205.66      | Monodictys austriana strain CBS 205.66      | small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2                       | 909    | 909       | 100%    | 0.0   | 99.80%  | MH858777.1 |         |
| Didymella pomorum strain CBS 354.52         | Didymella pomorum strain CBS 354.52         | small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2                       | 909    | 909       | 100%    | 0.0   | 99.80%  | MH857081.1 |         |
| Didymella pomorum isolate NIH8443           | Didymella pomorum isolate NIH8443           | 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2                                 | 909    | 909       | 100%    | 0.0   | 99.80%  | KY555022.1 |         |
| Aspergillus niger strain SC07               | Aspergillus niger strain SC07               | small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2                       | 909    | 909       | 100%    | 0.0   | 99.80%  | KY977437.1 |         |
| Phoma sp. isolate 51h                       | Phoma sp. isolate 51h                       | 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete                       | 909    | 909       | 100%    | 0.0   | 99.80%  | KT989562.1 |         |
| Aspergillus niger strain SH2KPN             | Aspergillus niger strain SH2KPN             | internal transcribed spacer 1, partial sequence, 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence, and internal transcribed spacer 2, partial                             | 909    | 909       | 100%    | 0.0   | 99.80%  | KT983790.1 |         |
| Peyronellaea glomerata strain D14           | Peyronellaea glomerata strain D14           | 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2                                 | 909    | 909       | 100%    | 0.0   | 99.80%  | KT946777.1 |         |
| Ascomycozta sp. UNEX FECRGA 2012E684        | Ascomycozta sp. UNEX FECRGA 2012E684        | 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2                                 | 909    | 909       | 100%    | 0.0   | 99.80%  | KP989371.1 |         |
| Uncultured endophytic fungus clone 40-15-09 | Uncultured endophytic fungus clone 40-15-09 | 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2                                 | 909    | 909       | 100%    | 0.0   | 99.80%  | EF505848.1 |         |
| Uncultured soil fungus clone 133-25         | Uncultured soil fungus clone 133-25         | 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2                                 | 909    | 909       | 100%    | 0.0   | 99.80%  | DQ420984.1 |         |
| Uncultured soil fungus clone 115-50         | Uncultured soil fungus clone 115-50         | 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2                                 | 909    | 909       | 100%    | 0.0   | 99.80%  | DQ420989.1 |         |
| Uncultured soil fungus clone 137-30         | Uncultured soil fungus clone 137-30         | 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2                                 | 909    | 909       | 100%    | 0.0   | 99.80%  | DQ420933.1 |         |

LSU-22-Peyronellaea prosopidis

ACGGCGAGTGAGCGGCAACAGCTCAATTTGAAATCTGGCGTCTTCGGCGTCCGAGTTGTAAT  
 TTGCAGAGGGCGCTTTGGCATTGGCAGCGGTCCAAGTTCCTTGGAACAGGACGTCACAGAG  
 GGTGAGAATCCCGTACGTGGTTCGCTAGCCTTTACCGTGTAAAGCCCTTCGACGAGTCGAGT  
 TGTTTGGGAATGCAGCTCTAATGGGAGGTAATTTCTTCTAAAGCTAAATACTGGCCAGAGA  
 CCGATAGCGCACAAGTAGAGTGATCGAAAAGATGAAAAGCACTTTGGAAAGGAGTTAAAAAG  
 CACGTGAAATTGTTGAAAGGGAAGCGCTTGCAGCCAGACTTGCCTGTAGTTGCTCATCCGGG  
 TTTCTACCCGGTGCACCTTCTATAGGCAGGCCAGCATCAGTTTGGGCGGTTGGATAAAGGT  
 CTCTGTCATGTACCTCTCTTCGGGGAGAACTTATAGGGGAGACGACATGCAACCAGCCTGGA  
 CTGAGGTCCGCGCATCTGCTAGGATGCTGGCGTAATGGCTGTAAGCGGCC

Select: All None Selected: 0

Alignments Download GenBank Graphics Distance tree of results

| Description  | Max Score | Total Score | Query Cover | E value | Per. Ident | Accession                  |
|--|-----------|-------------|-------------|---------|------------|----------------------------|
| <a href="#">Ascochyta rabiei isolate Asco_2 voucher BPI-123 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a> | 989       | 989         | 99%         | 0.0     | 99.45%     | <a href="#">KY347815.1</a> |
| <a href="#">Didymella calidophila strain CG7 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>                | 987       | 987         | 100%        | 0.0     | 99.27%     | <a href="#">MK032762.1</a> |
| <a href="#">Didymella coffeae-arabicae voucher C461A large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>        | 987       | 987         | 100%        | 0.0     | 99.27%     | <a href="#">MK349029.1</a> |
| <a href="#">Didymella coffeae-arabicae voucher C456 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>         | 987       | 987         | 100%        | 0.0     | 99.27%     | <a href="#">MK349024.1</a> |
| <a href="#">Peyronellaea prosopidis strain CBS 136550 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>       | 987       | 987         | 100%        | 0.0     | 99.27%     | <a href="#">MH877832.1</a> |
| <a href="#">Didymella musae strain CBS 127783 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>               | 987       | 987         | 100%        | 0.0     | 99.27%     | <a href="#">MH876214.1</a> |
| <a href="#">Didymella olomerata strain CBS 126182 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>           | 987       | 987         | 100%        | 0.0     | 99.27%     | <a href="#">MH875462.1</a> |
| <a href="#">Didymella oedeia strain CBS 124517 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>              | 987       | 987         | 100%        | 0.0     | 99.27%     | <a href="#">MH874903.1</a> |
| <a href="#">Didymella omorum strain CBS 285.78 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>              | 987       | 987         | 100%        | 0.0     | 99.27%     | <a href="#">MH872748.1</a> |
| <a href="#">Readerella callista strain CBS 279.72 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>           | 987       | 987         | 100%        | 0.0     | 99.27%     | <a href="#">MH872194.1</a> |
| <a href="#">Didymella musae strain CBS 463.69 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>               | 987       | 987         | 100%        | 0.0     | 99.27%     | <a href="#">MH871110.1</a> |
| <a href="#">Didymella omorum strain CBS 539.66 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>              | 987       | 987         | 100%        | 0.0     | 99.27%     | <a href="#">MH870535.1</a> |
| <a href="#">Monodictya austrina strain CBS 205.66 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>           | 987       | 987         | 100%        | 0.0     | 99.27%     | <a href="#">MH870416.1</a> |
| <a href="#">Didymella omorum strain CBS 354.52 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>              | 987       | 987         | 100%        | 0.0     | 99.27%     | <a href="#">MH868816.1</a> |
| <a href="#">Didymella omorum strain MFLUCC 17-1158 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>                    | 987       | 987         | 100%        | 0.0     | 99.27%     | <a href="#">MG812608.1</a> |
| <a href="#">Didymella omorum strain MFLUCC 17-1121 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>                    | 987       | 987         | 100%        | 0.0     | 99.27%     | <a href="#">MG812607.1</a> |
| <a href="#">Didymella omorum strain MFLUCC 17-1112 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>                    | 987       | 987         | 100%        | 0.0     | 99.27%     | <a href="#">MG812606.1</a> |
| <a href="#">Didymella sinensis voucher MF-32.66 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>             | 987       | 987         | 100%        | 0.0     | 99.27%     | <a href="#">MH851619.1</a> |
| <a href="#">Didymella cf. nomorum voucher MF-32.67 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>          | 987       | 987         | 100%        | 0.0     | 99.27%     | <a href="#">MH851613.1</a> |
| <a href="#">Didymella cf. nomorum voucher MF-32.220.3 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>       | 987       | 987         | 100%        | 0.0     |            |                            |

Questions/comm

LSU-25-Hypoxyloa perforatum

TTTGAATCTGGCCCTCGGGTCCGAATTGTAATTTGTAGAGGATGCTTTTGGTGCAGGTCCTT  
 CCGAGTTCCCTGGAACGGGACGCCAGAGAGGGGTGAGAGCCCCGTACGGTTGGACACCTACC  
 CTATATATAGCTCCTTCGACGAGTCGAGTAGTTTGGGAATGCTGCTCTAAATGGGAGGTA  
 TTTCTTCTAAAGCTAAATACCGGCCAGAGACCGATAGCGCACAAGTAGAGTGATCGAAAGA  
 TGAAAAGCACTTTGAAAAGAGGGTTAAATAGCACGTGAAATTGTTGAAAGGGAAGCGTTT  
 TGACCAGACTTTTCTAGTGGATCATCCGGTGTCTCACCGGTGCACCTTCACTGGGTTT  
 CCAGCATCGGTTCCGGAGGGGGACAAAAGCATGGGGAATGTGGCTCTTTCGGGAGTGTTAT  
 AGCCCCTAGCATAATACCTCTCCTGGGGACCGAGGACCGCGCTTCGGCAAGGATGCTGGCGT  
 AATGGTTATCAACGACCCGT

Sequences producing significant alignments:

Select: All None Selected: 0

Alignments Download GenBank Graphics Distance tree of results

| Description   | Max Score | Total Score | Query Cover | E value | Per. Ident | Accession                   |
|---|-----------|-------------|-------------|---------|------------|-----------------------------|
| <a href="#">Hypoxyloa perforatum strain MUCL 54174 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>   | 992       | 992         | 99%         | 0.0     | 99.82%     | <a href="#">KY610490.1</a>  |
| <a href="#">Fungal sp. voucher Robert L. Gilbertson Mycological Herbarium 1338 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>   | 965       | 965         | 96%         | 0.0     | 99.81%     | <a href="#">KT289655.1</a>  |
| <a href="#">Sordariomyces sp. isolate 1T46 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence</a> | 911       | 911         | 91%         | 0.0     | 99.80%     | <a href="#">JQ753088.1</a>  |
| <a href="#">Hypoxyloa rubiginosum isolate FL 1170 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence</a>                             | 898       | 898         | 92%         | 0.0     | 99.00%     | <a href="#">JQ760786.1</a>  |
| <a href="#">Sordariomyces sp. isolate 1T79 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence</a>                                    | 887       | 887         | 89%         | 0.0     | 99.79%     | <a href="#">MF943089.1</a>  |
| <a href="#">Hypoxyloa hypomiltum strain CBS 129037 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>   | 863       | 863         | 100%        | 0.0     | 95.40%     | <a href="#">MH876622.1</a>  |
| <a href="#">Hypoxyloa oseudefendleri MFLUCC 11-0639 28S rRNA gene, partial sequence, from TYPE material</a>   | 863       | 863         | 100%        | 0.0     | 95.40%     | <a href="#">NG_059677.1</a> |
| <a href="#">Hypoxyloa oseudefendleri voucher MFLUCC 11-0639 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>  | 863       | 863         | 100%        | 0.0     | 95.40%     | <a href="#">KJ863144.1</a>  |
| <a href="#">Annulohypoxyloa minutulum strain CBS 336.70 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>  | 848       | 848         | 100%        | 0.0     | 94.86%     | <a href="#">MH871452.1</a>  |
| <a href="#">Hypoxyloa hypomiltum strain CBS 129038 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>   | 841       | 841         | 100%        | 0.0     | 94.67%     | <a href="#">MH876623.1</a>  |
| <a href="#">Hypoxyloa hypomiltum strain CBS 129033 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>   | 841       | 841         | 100%        | 0.0     | 94.67%     | <a href="#">MH876621.1</a>  |
| <a href="#">Hypoxyloa hypomiltum strain MUCL 51845 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>   | 841       | 841         | 100%        | 0.0     | 94.67%     | <a href="#">KY610449.1</a>  |
| <a href="#">Hypoxyloa howearum strain CBS 142.73 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>   | 835       | 835         | 100%        | 0.0     | 94.49%     | <a href="#">MH878320.1</a>  |
| <a href="#">Hypoxyloa trugodes strain MUCL 54794 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>   | 835       | 835         | 100%        | 0.0     | 94.50%     | <a href="#">KY610493.1</a>  |
| <a href="#">Hypoxyloa sp. 5229 28S ribosomal RNA gene, partial sequence</a>   | 835       | 835         | 100%        | 0.0     | 94.50%     | <a href="#">JQ862639.1</a>  |
| <a href="#">Hypoxyloa monticulosum voucher GZ AT-M050 28S large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence</a>  | 835       | 835         | 100%        | 0.0     |            |                             |

Questions/comm

## ÖZ GEÇMİŞ

Gözdem PAMUKCU 05.10.1987 yılında Antakya/Hatay'da doğdu. Mustafa Kemal Üniversitesi, Ziraat Fakültesi Bitki Koruma Bölümü' nden 2013 yılında mezun oldu. 2015 yılında Niğde Ömer Halisdemir Üniversitesi, Tarım Bilimleri ve Teknolojileri Fakültesi, Bitkisel Üretim ve Teknolojileri Bölümü' nde yüksek lisans eğitimine başladı.



