

UNIVERSIDADE FEDERAL DO TRIÂNGULO MINEIRO
INSTITUTO DE CIÊNCIAS TECNOLÓGICAS E EXATAS
MESTRADO PROFISSIONAL EM INOVAÇÕES E TECNOLOGIAS

NÍCOLLAS EMANUEL TOLENTINO MELO

AVALIAÇÃO DA DISPONIBILIDADE GENÔMICA DO GÊNERO *FUSARIUM*

UBERABA – MG

2026

NÍCOLLAS EMANUEL TOLENTINO MELO

AVALIAÇÃO DA DISPONIBILIDADE GENÔMICA DO GÊNERO *FUSARIUM*

Dissertação apresentada ao Programa de Mestrado Profissional em Inovações e Tecnologias da Universidade Federal do Triângulo Mineiro, como requisito para obtenção do título de Mestre em Inovações e Tecnologias.

Orientadora: Profa. Dra. Mariângela Torreglosa Ruiz Cintra

Coorientador: Prof. Dr. Siomar de Castro Soares

Coorientadora: Profa. Dra. Mônica Hitomi Okura

UBERABA – MG

2026

**Catálogo na fonte: Biblioteca da Universidade Federal do
Triângulo Mineiro**

M486a Melo, Nicollas Emanuel Tolentino
Avaliação da disponibilidade genômica do gênero *Fusarium* / Nicollas Emanuel Tolentino Melo. -- 2026.
63 f.: il., graf., tab.

Dissertação (Mestrado Profissional em Inovações e Tecnologias) --
Universidade Federal do Triângulo Mineiro, Uberaba, MG, 2026
Orientadora: Profa. Dra. Mariângela Torreglosa Ruiz Cintra
Coorientador: Prof. Dr. Siomar de Castro Soares
Coorientadora: Profa. Dra. Mônica Hitomi Okura

1. *Fusarium*. 2. Bioinformática. 3. Genômica. 4. Genoma. I. Cintra, Mariângela Torreglosa Ruiz. II. Universidade Federal do Triângulo Mineiro. III. Título.

CDU 632.25

NÍCOLLAS EMANUEL TOLENTINO MELO

AValiação da Disponibilidade Genômica do Gênero Fusarium

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-graduação Profissional em Inovações e Tecnologias da Universidade Federal do Triângulo Mineiro como requisito parcial para obtenção do título de mestre.

Uberaba, 27 de fevereiro de 2026

Banca Examinadora:

Dra. Mariangela Torreglosa Ruiz Cintra - Orientadora
Universidade Federal do Triângulo Mineiro

Dra. Melissa Nunes Miziara
Parque Tecnológico de Uberaba

Dra. Ana Livia Silva Galbiatti Dias
Faculdade de Medicina de São José do Rio Preto



Documento assinado eletronicamente por **MARIANGELA TORREGLOSA RUIZ CINTRA, Coordenador(a) do Programa de Mestrado Profissional em Inovações e Tecnologias**, em 01/04/2026, às 14:46, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no § 3º do art. 4º do [Decreto nº 10.543, de 13 de novembro de 2020](#) e no art. 34 da [Portaria Reitoria/UFTM nº 215, de 16 de julho de 2024](#).



Documento assinado eletronicamente por **MELISSA NUNES MIZIARA, Usuário Externo**, em 06/04/2026, às 07:57, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no § 3º do art. 4º do [Decreto nº 10.543, de 13 de novembro de 2020](#) e no art. 34 da [Portaria Reitoria/UFTM nº 215, de 16 de julho de 2024](#).



Documento assinado eletronicamente por **Ana Livia Silva Galbiatti Dias, Usuário Externo**, em 06/04/2026, às 14:54, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no § 3º do art. 4º do [Decreto nº 10.543, de 13 de novembro de 2020](#) e no art. 34 da [Portaria Reitoria/UFTM nº 215, de 16 de julho de 2024](#).



A autenticidade deste documento pode ser conferida no site http://sei.uftm.edu.br/sei/controlador_externo.php?acao=documento_conferir&id_orgao_acesso_externo=0, informando o código verificador **1698473** e o código CRC **F1BADB54**.

AGRADECIMENTOS

Confesso que fico sensível ao tentar colocar em palavras o quanto tenho a agradecer. Estes dois anos foram de completa transformação, não só acadêmica, mas também pessoal e profissional. O Nicolás de 2024 se encontrava em uma cidade nova, sem muitos conhecidos e completamente inseguro com o futuro. Em 2026, entrego esse trabalho com uma perspectiva totalmente diferente, um crescimento intangível e a companhia de pessoas que foram fundamentais nessa trajetória.

Inicialmente, gostaria de agradecer à Profa. Dra. Mariângela Torreglosa, que segurou na minha mão e fez o possível para que tudo isso pudesse acontecer. Sempre com várias ideias e uma visão otimista que acho invejável. Graças a você, que conseguiu quebrar minha cabeça dura e mostrar as possibilidades, que hoje estou entregando esse trabalho.

Em seguida, gostaria de agradecer ao Prof. Dr. Siomar Soares e à Profa. Dra. Mônica Hitomi, que aceitaram me coorientar e abriram novas possibilidades para essa trajetória. O Siomar, com a bioinformática, foi super receptivo e disponibilizou seu laboratório e todos os estudantes para que eu pudesse aprender; assim como a Mônica, que, além de uma excelente conselheira, sempre pensou em mim enquanto desenvolvia seus projetos.

Agradeço também aos membros da banca, Dra. Ana Livia Galbiatti-Dias, Profa. Dra. Melissa Nunes Miziara, Prof. Dr. Rodrigo de Otávio Decaria de Salles Rossi e Profa. Dra. Ana Claudia Granato Malpass, por aceitarem o convite e participar de um momento tão especial em minha vida.

Gostaria de agradecer à minha família, peça fundamental de apoio e incentivo. Minha mãe, Luzmar Melo, é educadora desde que me entendo por gente; foi ela quem me ensinou a ler e a escrever, e agora estou concluindo o mestrado. Foi a senhora quem plantou a sementinha da educação em meu coração. Ao Diego, meu irmão mais velho, meus sinceros agradecimentos. Navegar por esse mestrado juntos foi uma experiência de conexão que desejo que todos os irmãos possam ter um dia. Também agradeço ao Max, meu irmão do meio, você foi meu porto seguro nos momentos de aflição. O caminho que estou agora, você já trilhou, e seu apoio e conselhos fizeram toda a diferença para que eu conseguisse chegar até aqui.

Aos meus amigos próximos, obrigado por me apoiar. Tauane, Fabrício, Igor, Nathália, Érica, Gabriel e Raphael, vocês foram como expectadores, acompanhando cada etapa, cada momento, torcendo para que eu cruzasse a linha de chegada, e olha só onde estou agora.

Lembra que comentei sobre estar em uma cidade nova e sem conhecidos? Então, o mestrado me abriu portas para conhecer pessoas incríveis. Graças à inovação, hoje posso

agradecer ao pessoal do Parque Tecnológico e do IFTM, principalmente à Núbia Ferreira, Octavio Shimaru, Túlio Emília, Ana Flávia Abrahão, Arthur Marino, Wanessa Gobbo, Rodrigo Rossi e, claro, à Melissa Miziara.

Melissa, muito obrigado por fazer parte dessa trajetória. Você me deu oportunidades para além do trabalho. Te conhecer, observar sua garra, brilho no olhar e a leveza com que encara a vida mudou a forma que observo o mundo.

Meus mais sinceros agradecimentos à Mariana Dantas, minha psicóloga. Seu acolhimento foi combustível para que hoje eu me observasse com mais amor e empatia.

Seria legal se fosse possível tirar um retrato, não de uma foto convencional, mas do sentimento de estar vivendo o presente, com o contexto, as pessoas e tudo que me rodeia atualmente. 2025 definitivamente foi um ano especial.

RESUMO

O gênero *Fusarium* constitui um complexo de fungos filamentosos amplamente distribuídos na natureza, capazes de causar perdas agrícolas e produzir micotoxinas que ameaçam a segurança alimentar humana e animal. Embora a genômica tenha se consolidado como uma ferramenta superior às técnicas clássicas para o estudo desses microrganismos, a expansão acelerada dos depósitos em bancos de dados públicos levanta questionamentos sobre a confiabilidade e representatividade dessas informações. Nesse contexto, o presente trabalho teve como objetivo avaliar o panorama da disponibilidade e qualidade dos recursos genômicos de *Fusarium* no NCBI, bem como realizar a caracterização funcional de seu potencial patogênico. A análise de 1.923 montagens revelou assimetrias geográficas e taxonômicas, evidenciando a predominância de dados produzidos pelo Norte Global e uma prevalência de dados ligados a espécie *F. oxysporum*. Além disso, observou-se uma fragilidade técnica no acervo, marcada pela alta fragmentação dos genomas, devido ao uso predominante de tecnologias de leituras curtas. Apesar disso, a análise funcional demonstrou que, mesmo com essas limitações, existe um conjunto central de virulência (*core set*) altamente conservado no gênero. O mapeamento de genes essenciais para a infecção revelou uma base molecular compartilhada, sugerindo que a versatilidade do fungo se apoia em mecanismos estáveis. Por fim, conclui-se que, embora o banco de dados precise de revisões e de novas tecnologias de sequenciamento, as informações atuais já permitem a identificação de alvos biotecnológicos e o desenvolvimento de estratégias de controle dessas doenças.

Palavras-chave: *fusarium*; genômica comparativa; bioinformática; fatores de virulência; qualidade de dados.

ABSTRACT

The *Fusarium* genus is a complex of filamentous fungi widely distributed in nature, capable of causing agricultural losses and producing mycotoxins that threaten human and animal food safety. Although genomics has established itself as a tool superior to classical techniques for studying these microorganisms, the rapid expansion of public database repositories raises questions about the reliability and representativeness of this information. In this context, the present study aimed to evaluate the availability and quality of *Fusarium* genomic resources in the NCBI, as well as to perform a functional characterization of their pathogenic potential. The analysis of 1,923 assemblies revealed geographical and taxonomic asymmetries, highlighting the predominance of data produced by the Global North and a prevalence of data linked to the species *F. oxysporum*. In addition, a technical weakness was observed in the collection, marked by high genome fragmentation due to the predominant use of short-read technologies. Despite this, functional analysis demonstrated that, even with these limitations, there is a highly conserved core set of virulence genes in the genus. The mapping of genes essential for infection revealed a shared molecular basis, suggesting that the fungus's versatility is supported by stable mechanisms. Finally, it is concluded that, although the database needs revisions and new sequencing technologies, the current information already allows the identification of biotechnological targets and the development of strategies to control these diseases.

Keywords: *fusarium*; comparative genomics; bioinformatics; virulence factors; data quality.

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

AAFC	Agriculture & Agri-Food Canada
ARS	Agricultural Research Service
BestPass	Boosting Plant-Endophyte Stability, Compatibility and Performance
BLAST	Basic Local Alignment Search Tool
DNA	Ácido Desoxirribonucleico
DON	Deoxinivalenol
FABI	Forestry and Agricultural Biotechnology Institute
FAIR	Findable, Accessible, Interoperable, Reusable
FGSC	<i>Fusarium graminearum</i> Species Complex
FoPGDB	<i>Fusarium oxysporum</i> Pangenome Database
FOSC	<i>Fusarium oxysporum</i> Species Complex
FSSC	<i>Fusarium solani</i> Species Complex
GC	Guanine-Cytosine
Kb	Quilobases
Mb	Megabases
NCBI	National Center for Biotechnology Information
NGS	Sequenciamento de Nova Geração
OCDE	Organização para Cooperação e Desenvolvimento Econômico
ONT	Oxford Nanopore Technologies
ORFs	Open Reading Frames
PacBio	Pacific Biosciences
PMPIT	Programa de Mestrado Profissional em Inovações e Tecnologias
RBCTI	Revista Brasileira de Ciência, Tecnologia e Inovação
T2T	Telomere-to-telomere
TaxID	Taxonomic Identifier
TR4	Tropical Race 4
TSV	Tab-Separated Values
UFTM	Universidade Federal do Triângulo Mineiro
USDA	United States Department for Agriculture
WGS	Whole Genome Shotgun

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	10
2 REFERENCIAL TEÓRICO	13
3 MÉTODOS.....	17
3.1 ABORDAGEM METODOLÓGICA	17
3.2 TIPO DE PESQUISA.....	17
3.3 CONTEXTO E AMOSTRA.....	17
3.4 PROCEDIMENTOS DE COLETA DE DADOS	18
3.5 ANÁLISE DE DADOS.....	18
3.6 CARACTERIZAÇÃO FUNCIONAL E PROSPECÇÃO DE GENES DE VIRULÊNCIA.....	19
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	20
4.1 CARATERIZAÇÃO DOS DADOS BRUTOS E METADADOS	20
4.2 DISTRIBUIÇÃO GEOGRÁFICA E INSTITUCIONAL DOS DEPÓSITOS	22
4.3 REPRESENTATIVIDADE TAXONÔMICA DO ACERVO	25
4.4 EVOLUÇÃO TEMPORAL E TECNOLOGIAS DE SEQUENCIAMENTO	28
4.5 QUALIDADE TÉCNICA DAS MONTAGENS E INTEGRIDADE GENÔMICA	32
4.5.1 Análise de N50 e <i>Contigs</i>	32
4.5.2 Implicações para a Genômica Comparativa	34
4.5.3 Status da Anotação Gênica	36
4.6 CARACTERIZAÇÃO GÊNICA E FUNCIONAL	37
5 CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	44
REFERÊNCIAS	46

1. INTRODUÇÃO

O presente estudo está vinculado ao Programa de Mestrado Profissional em Inovações e Tecnologias (PMPIT) da Universidade Federal do Triângulo Mineiro (UFTM), especificamente na linha de pesquisa sobre Processos Tecnológicos, que busca o desenvolvimento de soluções e inovações aplicadas a processos industriais de produção.

O mestrado profissional caracteriza-se como uma formação *stricto sensu* com o objetivo de estreitar a lacuna entre a academia e o mercado de trabalho. Seu foco reside na qualificação de alto nível voltada para a prática, visando aumentar a eficiência e a competitividade tanto de empresas quanto de órgãos públicos. Nessa modalidade, o conhecimento científico e as metodologias de pesquisa são utilizadas como ferramentas para diagnosticar e solucionar problemas reais do cotidiano profissional, resultando em um trabalho final que entrega inovação e melhorias concretas para a área de atuação do aluno (Brasil, 2017).

Conforme propõe o Manual de Oslo (OCDE, 2005), a inovação é um vetor central para o desenvolvimento econômico, podendo ser classificada como radical, quando provoca rupturas estruturais no mercado, ou incremental, quando traz melhorias contínuas em produtos e processos já existentes. Nesse contexto, a inovação não se restringe à criação de novos bens, mas abrange a otimização de serviços e fluxos de trabalho dentro das organizações. Nesse cenário reside a importância estratégica do Mestrado Profissional, pois ele incorpora as exigências metodológicas da pesquisa científica às necessidades práticas do cotidiano no mercado de trabalho (Brasil, 2017). Essa modalidade capacita o profissional a atuar como um agente de transformação, apto a diagnosticar problemas e implementar soluções inovadoras que aumentam a eficiência e a qualidade dos serviços prestados.

Sob a perspectiva da inovação aplicada à pesquisa, a proposta desse trabalho surgiu da vivência profissional do mestrando, que une a atuação em microbiologia agrícola ao interesse pela bioinformática. A motivação central se originou durante a tentativa de realizar estudos pangenômicos sobre o gênero de microrganismos *Fusarium*, quando se identificou um gargalo crítico: a inviabilidade de conduzir análises robustas devido a inconsistências dos dados depositados em repositórios públicos (Gonçalves e Musen, 2019). Diante desse cenário, onde a baixa qualidade dos genomas disponíveis impedia o avanço das pesquisas, redirecionou-se o foco para um diagnóstico estrutural do problema. Assim, o presente estudo busca não apenas compreender a disponibilidade genômica atual, mas demonstrar tecnicamente como a falta de curadoria e padronização nesses bancos de dados atua como um obstáculo para a inovação científica, propondo um olhar crítico necessário para viabilizar futuras pesquisas na área.

Fungos do gênero *Fusarium* representam um dos maiores desafios para a agricultura mundial, causando doenças severas e produzindo micotoxinas que colocam em risco a segurança alimentar humana e animal (Goda *et al.*, 2025). Com o avanço da tecnologia, houve uma crescente na quantidade de dados genômicos depositados em bancos de dados públicos. No entanto, a quantidade não é sinônimo de qualidade. Grande parte desses genomas está fragmentada ou contém erros, o que afasta os pesquisadores e impede a realização de estudos complexos, gerando desperdício de tempo e recursos (Granados-Casas *et al.*, 2025; Terp *et al.*, 2025).

A complexidade adaptativa e a capacidade de transição entre diferentes hospedeiros reforçam a necessidade de uma abordagem fundamentada no conceito de Saúde Única (*One Health*) (Sáenz *et al.*, 2020; Armer *et al.*, 2024). Essa perspectiva pode ser compreendida como uma abordagem integrada com o objetivo de equilibrar e otimizar de forma sustentável a saúde humana, animal e dos ecossistemas, reconhecendo as interligações entre esses sistemas (Sáenz *et al.*, 2020; Bornstein *et al.*, 2023). No contexto da micologia, a aplicação da Saúde Única torna-se essencial para compreensão de patógenos como o gênero *Fusarium*, uma vez que essas espécies impactam simultaneamente a produtividade agrícola, a segurança alimentar e a saúde pública (Bugingo *et al.*, 2025; Goda *et al.*, 2025), especialmente em função de infecções oportunistas e da emergência de mecanismos de resistência cruzada a antifúngicos (Al-Hatmi, Meis e De Hoog, 2016; Sáenz *et al.*, 2020).

Para que os dados genômicos sejam efetivamente aplicáveis, eles devem seguir diretrizes conhecidas como princípios FAIR (dados Encontráveis, Acessíveis, Interoperáveis e Reutilizáveis), que asseguram sua utilidade além do depósito inicial (Gonçalves e Musen, 2019). As barreiras mais frequentes para o reuso dessas informações são a escassez de metadados padronizados, a identificação taxonômica incorreta e a presença de sequências contaminantes, porém também há desafios relacionados à fragmentação das montagens e à falta de descritores fenotípicos (Hofstetter *et al.*, 2019; Huang *et al.*, 2021; Granados-Casas *et al.*, 2025). Sem essa organização e uma curadoria eficiente os cientistas encontram limitações para utilizar tais informações para suas pesquisas e o desenvolvimento de novas tecnologias (Armer *et al.*, 2024; Bugingo *et al.*, 2025).

Diante da necessidade de uma agricultura mais precisa, a comunidade científica tem se atentado para a importância de aprimorar a montagem e o sequenciamento dos genomas, sugerindo o uso de tecnologias mais modernas, como as de leituras longas. Nesse contexto, o objetivo deste trabalho é avaliar a real situação dos genomas de *Fusarium* disponíveis no NCBI

(*National Center for Biotechnology Information*), a fim de mapear a qualidade e a distribuição desses dados, identificar as falhas do cenário atual e demonstrar o grau de confiabilidade das informações disponíveis (Bornstein *et al.*, 2023; Granados-Casas *et al.*, 2025; Terp *et al.*, 2025).

Como resultado prático da pesquisa, foi submetido um artigo de revisão intitulado “O gênero *Fusarium* sob a perspectiva da Saúde Única: Uma revisão narrativa” (Apêndice A), o artigo teve como objetivo integrar os conhecimentos sobre esse gênero, analisando sua atuação em diferentes vertentes ecológicas. O texto discute como o mesmo organismo que impacta a agricultura e a segurança alimentar também é responsável por infecções em humanos e animais. A revisão, baseada em estudos de 2015 a 2025, destaca a relação entre o uso de fungicidas no campo e o aumento da resistência a medicamentos antifúngicos em ambientes hospitalares. A proposta é que este material sirva como fonte de consulta e atualização para profissionais da saúde e das ciências agrárias, reforçando a ideia de que o controle de fusariose exige uma visão integrada. O trabalho já foi submetido na Revista Brasileira de Ciência, Tecnologia e Inovação (RBCTI) e encontra-se em análise.

Os resultados gerados pela análise dos dados quantitativos estão apresentados em forma de monografia, que após a defesa do Trabalho de Conclusão de Curso (TCC) serão redigidos em forma de artigo científico e submetido a periódico da área.

Os produtos gerados por este trabalho podem atuar como um diagnóstico estratégico da situação do banco de dados para a comunidade científica. Ao revelar as limitações e inconsistências no atual acervo desse gênero de microrganismos, a pesquisa fornece uma visão do cenário existente objetivando que futuros pesquisadores possam ter esta compreensão para a proposição de novos trabalhos.

2. REFERENCIAL TEÓRICO

O gênero *Fusarium* abrange uma vasta diversidade de fungos filamentosos amplamente distribuídos na natureza, incluindo espécies capazes de causar doenças severas em animais e em culturas agrícolas de alto valor econômico, como grãos, frutos e vegetais. No setor agropecuário, a incidência desses fitopatógenos acarreta em perdas expressivas na produtividade, ameaçando diretamente a segurança alimentar global devido à contaminação por micotoxinas (Anderson *et al.*, 2020; Xia *et al.*, 2020; Batista, Abegg e Campos, 2022). Além disso, a dependência do controle químico para tratamento dessas doenças tem acelerado o desenvolvimento de cepas resistentes a fungicidas, criando um cenário de difícil controle e exigindo uma maior compreensão das características genômicas desses organismos para o desenvolvimento de novas estratégias de tratamento (Ma *et al.*, 2010; Navasca *et al.*, 2025).

Em humanos, algumas espécies desse gênero são capazes de causar condições dermatológicas e infecções críticas. Uma das manifestações frequentes é a onicomicose, condição na qual o microrganismo coloniza o tecido ungueal, afetando principalmente as unhas dos pés. Destaca-se também a ceratite, uma infecção da córnea considerada a mais comum causada pelo fungo *Fusarium*, principalmente em regiões de clima quente e úmido. Por fim, as infecções sistêmicas representam a forma mais grave, podendo levar ao óbito em pacientes imunocomprometidos. Essa manifestação se desenvolve a partir da disseminação sanguínea, rompendo barreiras teciduais e atingindo múltiplos órgãos (Al-Hatmi, Meis e De Hoog, 2016; Navasca *et al.*, 2025).

Do ponto de vista econômico e sanitário, esses microrganismos possuem a capacidade de secretar metabólitos secundários tóxicos, incluindo tricotecenos, zearalenona e fumosinas. A contaminação por essas micotoxinas constitui um dos maiores desafios para a segurança alimentar mundial. Revisões recentes indicam que a presença dessas toxinas em commodities agrícolas não apenas inviabiliza o comércio internacional devido as rígidas barreiras legislativas, mas também acarreta em custos bilionários anuais relacionados ao monitoramento, descarte de grãos contaminados e impactos na saúde pública (Ekwomadu, Akinola e Mwanza, 2021; Goda *et al.*, 2025).

Biologicamente, a capacidade adaptativa do fungo *Fusarium* é impulsionada por sua alta plasticidade genômica. O gênero é caracterizado por uma estrutura genômica compartimentalizada, distinguindo-se entre cromossomos “core” conservados, responsáveis por funções metabólicas essenciais, e cromossomos acessórios, definidos como linhagem-

específicos. Estes últimos são ricos em elementos transponíveis e abrigam genes de virulência, como os efetores *SIX* (*Secreted In Xylem*), que podem ser transferidos horizontalmente entre cepas. Além disso, a ocorrência de duplicações segmentares nessas regiões contribui para uma evolução acelerada, conferindo vantagens como a emergência de novas raças patogênicas, a superação de defesas do hospedeiro e a expansão para novos nichos ecológicos (Ma *et al.*, 2010; Armer *et al.*, 2024; Navasca *et al.*, 2025).

A dinâmica evolutiva do pangenoma do gênero *Fusarium* desempenha um papel central na adaptação dessas espécies em diferentes nichos ecológicos, especialmente sob a perspectiva da Saúde Única (Sáenz *et al.*, 2020; Armer *et al.*, 2024). Nesse contexto, o genoma acessório, frequentemente moldado por eventos de transferência horizontal de genes, possibilita a aquisição rápida de fatores associados à virulência e à resistência a antifúngicos, conferindo elevada plasticidade genômica a esses microrganismos (Ma *et al.*, 2010; Navasca *et al.*, 2025). Essa flexibilidade contribui para explicar a emergência de linhagens ambientais como agentes de relevância clínica ou fitossanitária, reforçando a necessidade de que estratégias de vigilância genômica considerem a circulação de genes entre ambientes agrícolas, naturais e hospitalares (Al-Hatmi, Meis e De Hoog, 2016; Bugingo *et al.*, 2025).

Nesse contexto, a pesquisa que utiliza apenas características morfológicas e análises físico-químicas se torna defasada, abrindo espaço para a genômica como novo paradigma central de investigação (Sáenz *et al.*, 2020). A consolidação das tecnologias de Sequenciamento de Nova Geração (NGS) criou a expectativa de que seria possível superar barreiras na identificação de espécies importantes e descobrir os mecanismos genéticos relacionados à patogenicidade e à resistência (Ma *et al.*, 2010; Armer *et al.*, 2024).

Com o avanço das tecnologias de sequenciamento de alto desempenho, observou-se um aumento expressivo na quantidade de dados genômicos disponíveis. Nesse contexto, a bioinformática tornou-se uma ferramenta indispensável para o processamento, integração e interpretação dessas informações, possibilitando a transição de análises baseadas em genomas de referência únicos para abordagens mais abrangentes, como a pangenômica e a genômica comparativa (Meng *et al.*, 2024; Bugingo *et al.*, 2025). A aplicação dessas metodologias computacionais é fundamental para a compreensão da arquitetura genômica complexa de fungos do gênero *Fusarium*, permitindo a identificação de genes associados à virulência, a avaliação da plasticidade genômica e a busca por alvos para o controle de doenças (Rampersad, 2020).

Para assegurar a acessibilidade, a reprodutibilidade das informações genômicas geradas, a comunidade científica depende de grandes repositórios públicos de dados, dentre os quais o *National Center for Biotechnology Information* (NCBI) se destaca como uma das principais referências globais. Essa instituição é responsável pela manutenção de bancos de dados essenciais, como o GenBank, que armazena sequências de nucleotídeos, e o BioSample, voltada ao registro de metadados descritivos referentes aos materiais biológicos utilizados nos experimentos (“Database resources of the National Center for Biotechnology Information”, 2016).

Além de atuar como um repositório, o NCBI também disponibiliza ferramentas de análise amplamente utilizadas, como o BLAST, bem como recursos destinados à genômica comparativa, que visam ampliar o impacto biomédico dos dados de organismos eucarióticos (Bornstein *et al.*, 2023). No entanto, a eficácia dessas bases de dados está diretamente relacionada à qualidade e à integridade das informações depositadas, uma vez que a presença de sequências contaminadas e a ausência de metadados padronizados ainda representam desafios relevantes para a reutilização confiável desses dados em análises secundárias (Gonçalves e Musen, 2019; Granados-Casas *et al.*, 2025).

Apesar dessa perspectiva otimista, com o tempo, a expansão do número de dados depositados no NCBI não acompanhou, na mesma proporção, a qualidade estrutural das montagens. A predominância de projetos baseados exclusivamente em tecnologias de leituras curtas (*short-reads*), apesar de democratizar o acesso ao conhecimento, impôs barreiras técnicas significativas na resolução de regiões genômicas complexas. No gênero *Fusarium*, a arquitetura do genoma é marcada pela presença de elementos repetitivos e duplicações segmentares, locais onde frequentemente se localiza genes de patogenicidade e adaptação evolutiva. Essa característica acarreta a proliferação de “genomas rascunho” (*draft genomes*), caracterizados por altos níveis de fragmentação e baixos valores de N50, uma métrica de continuidade que representa o comprimento médio dos *contigs* ponderado pelo tamanho do genoma. Em termos práticos, um N50 baixo significa que a informação genética está dispersa em fragmentos pequenos e desconexos (*contigs*), impossibilitando a reconstrução completa de genes e o entendimento da ordem real dos cromossomos. (Ma *et al.*, 2010; Navasca *et al.*, 2025; Terp *et al.*, 2025).

Além das limitações técnicas, há evidências de assimetrias geopolíticas que podem interferir na representatividade da biodiversidade em bancos de dados genômicos. Estudos indicam que, embora a maior diversidade de espécies fúngicas esteja concentrada nos trópicos,

os sequenciamentos predominam no hemisfério norte devido à maior disponibilidade de recursos financeiros, favorecendo a prática da “ciência de paraquedas” e negligenciando linhagens endêmicas do Sul Global (Hofstetter *et al.*, 2019; Stefanoudis *et al.*, 2021). Esse cenário levanta um alerta crítico de que o acervo genômico de *Fusarium* pode estar comprometidos por vieses de amostragem e pela deposição de dados com identificação taxonômica imprecisa ou metadados incompletos, assim como observado em outros grupos fúngicos (Hofstetter *et al.*, 2019; Nilsson *et al.*, 2019).

Diante da ausência de uma curadoria sistemática e atualizada focada especificamente neste gênero, pesquisadores correm o risco de basear estudos de bioprospecção e filogenia em genomas que não conferem a real diversidade biológica ou que apresentam uma qualidade técnica insuficiente (Hofstetter *et al.*, 2019; Granados-Casas *et al.*, 2025). A validação desses dados é um processo importante para evitar erros e otimizar processos científicos, evitando que as informações ali presentes não possam ser reutilizadas por outros cientistas (Gonçalves e Musen, 2019).

Nesse contexto, o presente trabalho teve como objetivo caracterizar o panorama geral dos recursos genômicos do gênero *Fusarium* disponíveis no banco de dados público NCBI. Para isso, buscou-se inicialmente mapear a distribuição geográfica e institucional dos depósitos, a fim de identificar os principais centros responsáveis pela geração desses dados, bem como quantificar a representatividade taxonômica do acervo, avaliando a proporção de genomas disponíveis por espécies. Adicionalmente, o estudo visou analisar a evolução temporal das submissões ao longo do período de 2008 a 2025, correlacionando-as com tecnologias de sequenciamento utilizadas, além de avaliar a qualidade técnica e o nível de acabamento das montagens com base em métricas de continuidade. Por fim, realizou-se a caracterização gênica e funcional do acervo, prospectando o repertório de fatores de virulência conservados, com o objetivo de diagnosticar não apenas a confiabilidade técnica, mas também o potencial patogênico das informações presentes na pesquisa genômica do gênero *Fusarium*.

3 MÉTODOS

3.1 ABORDAGEM METODOLÓGICA

A presente pesquisa adota uma abordagem quantitativa, fundamentada na coleta sistemática e na análise estatística de metadados biológicos. A escolha por essa abordagem justifica-se pela necessidade de quantificar e categorizar o volume expressivo de informações genômicas, permitindo a identificação objetiva de padrões numéricos relacionados à distribuição taxonômica, temporalidade e métricas de qualidade de montagem, como N50 e conteúdo GC.

A ênfase na análise de metadados fundamenta-se no princípio de que a utilidade científica de uma sequência genômica está diretamente relacionada à qualidade das informações que a descrevem. Conforme destacado por Gonçalves e Musen (2019), a presença de metadados completos e padronizados constitui um requisito essencial para a reprodutibilidade experimental e para a seleção criteriosa de dados em estudos comparativos. Dessa forma, a verificação de atributos com a plataforma de sequenciamento utilizada, o nível de montagem genômico e a origem geográfica das amostras não representa apenas uma etapa de caráter descritivo, mas uma estratégia analítica fundamental para avaliar a confiabilidade e o potencial de reutilização dos dados genômicos depositados no NCBI.

3.2 TIPO DE PESQUISA

A pesquisa se classifica como quantitativa, pois visa a caracterização do panorama atual dos genomas depositados, detalhando aspectos como instituições depositantes, evolução temporal e tecnologias empregadas. É exploratória devido a investigação de lacunas no conhecimento e tendências tecnológicas, oferecendo base para futuros estudos.

De forma técnica trata-se de uma pesquisa documental *in silico* realizada inteiramente em ambiente computacional, utilizando registros depositados em um banco de dados e análises de bioinformática.

3.3 CONTEXTO E AMOSTRA

O estudo foi conduzido utilizando o banco de dados *Genome* do NCBI, considerado o principal repositório global de dados de biologia molecular. O universo da pesquisa compreendeu o conjunto de genomas de fungos filamentosos disponíveis na plataforma, a partir do qual foi delimitada uma amostra final composta por 1.923 montagens genômicas pertencentes ao gênero *Fusarium*.

Para a composição dessa amostra, foram selecionados todos os depósitos associados ao identificador taxonômico (TaxID) do gênero, independentemente do nível de completude das montagens, incluindo genomas em nível *contig*, *scaffold*, cromossomo e completo. O recorte temporal da análise contemplou a totalidade dos registros históricos disponíveis, abrangendo o período desde o primeiro depósito, realizado em novembro de 2008, até a data de corte da coleta de dados, estabelecida em 30 de setembro de 2025.

3.4 PROCEDIMENTOS DE COLETA DE DADOS

A coleta de dados foi realizada em etapa única, por meio de busca direta no portal Genome do NCBI. O procedimento iniciou-se com a seleção da palavra-chave taxonômica “*Fusarium*” na ferramenta de pesquisa do banco de dados, seguida da aplicação de filtros para recuperação da totalidade das submissões disponíveis até a data de corte estabelecida. A extração dos metadados foi conduzida por meio da funcionalidade “Download Metadata”, resultando na geração de um arquivo matriz no formato de valores separados por tabulação (.tsv).

A partir do processamento desse arquivo bruto, foram analisados parâmetros relacionados à classificação taxonômica, identificação da instituição responsável pelo depósito, data da liberação pública, nível de completude da montagem genômica, tecnologia de sequenciamento empregada, tamanho total do genoma, conteúdo GC (%) e métricas de contiguidade, incluindo os valores de N50.

3.5 ANÁLISE DE DADOS

Os dados brutos extraídos foram importados para planilhas do Excel para as etapas de pré-processamento, limpeza e análise.

Na etapa de pré-processamento, foi realizada a padronização dos nomes das instituições depositantes, agrupando variações de grafia da mesma entidade, e a categorização das tecnologias de sequenciamento, agrupando plataformas em *short-reads*, *long-reads* e híbridas, devido a variedade de combinações de técnicas de sequenciamento.

A análise dos dados foi feita por meio de estatística descritiva, dividida em quatro eixos temáticos para atender os objetivos específicos:

- Análise Taxonômica: contagem de frequência absoluta de genomas por espécie;
- Análise Geopolítica: mapeamento das principais instituições e países produtores de dados;

- Análise Temporal: Correlação linear entre o ano de depósito e o volume de submissões;
- Análise de Qualidade: Avaliação das métricas de continuidade e integridade estrutural.

Os resultados foram organizados e apresentados em forma de gráficos, quadros e tabelas.

3.6 CARACTERIZAÇÃO FUNCIONAL E PROSPECÇÃO DE GENES DE VIRULÊNCIA

Para a análise do potencial patogênico, selecionou-se os genomas do gênero *Fusarium* que possuíam anotação funcional de proteínas disponível. A prospecção dos fatores de virulência foi realizada por meio de alinhamento local de sequências contra a base de dados *Pathogen-Host Interactions Database* (PHI-base), referência na catalogação de genes com fenótipos de patogenicidade e virulência validados experimentalmente.

O procedimento das análises ocorreu em ambiente computacional Linux, utilizando o pacote de ferramentas NCBI BLAST+ (versão 2.16.0). Para isso, inicialmente foi construído um banco de dados local indexado a partir das sequências de aminoácidos da PHI-base, seguido pelo alinhamento do proteoma predito dos isolados de *Fusarium spp.* Utilizando a ferramenta BLASTp (*Protein-Protein BLAST*).

Visando assegurar a confiabilidade das associações e minimizar a ocorrência de falsos positivos, foram aplicados filtros de qualidade: valor de *E-value* inferior a 10^{-5} e a restrição para retorno exclusivo do melhor alinhamento por sequência (*best hit*).

Por fim, a interpretação dos dados considerou o levantamento integral dos fatores de virulência mapeados, sem restrição a categorias fenotípicas nessa etapa. A partir do conjunto total de alinhamentos significativos, gerou-se a matriz de identidade percentual dos genes, permitindo o ranqueamento dos ortólogos e a construção de mapas de calor (*heatmaps*) para visualizar a conservação evolutiva e o arsenal de virulência global do acervo.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Nesta seção, são apresentados e discutidos os resultados obtidos a partir da mineração dos 1.923 genomas pertencentes ao gênero *Fusarium*. A análise inicia-se com a caracterização dos dados brutos e metadados, seguida pela exploração dos resultados organizada em cinco eixos fundamentais: (1) a distribuição geográfica e institucional dos depósitos; (2) a representatividade taxonômica do acervo; (3) a evolução temporal e as tecnologias de sequenciamento; (4) a qualidade técnica das montagens e integridade genômica; e (5) a caracterização gênica e funcional.

4.1 CARACTERIZAÇÃO DOS DADOS BRUTOS E METADADOS

No primeiro momento foi avaliado o padrão de preenchimento dos metadados no ato do depósito do genoma no GenBank. Estes dados são importantes pois descrevem informações de origem geográfica, características técnicas e o contexto biológico da sequência, sendo fundamentais para garantir a rastreabilidade e a gestão eficiente dos dados de acordo com os princípios FAIR.

A avaliação de completude desses campos foi conduzida por meio de análise de frequência absoluta e relativa, apresentando-se em dados em valores percentuais conforme demonstrado no Quadro 1.

Quadro 1 - Campos de metadados preenchidos no NCBI.

Coluna	Nº Dados Preenchidos	%
<i>Assembly Accession; Assembly Name; Organism Name; Organism Taxonomic ID; Assembly Stats Total Sequence Length; Assembly Stats Number of Contigs; Assembly Level; Assembly Release Date; WGS project accession; Assembly Stats Contig N50; Assembly Stats Scaffold N50; Assembly Stats Number of Scaffolds; Assembly Stats GC Percent; Assembly Sequencing Tech; Assembly Submitter; Assembly BioProject Accession; Assembly BioSample Accession.</i>	1923	100
<i>Organism Infraspecific Names Strain</i>	1770	92,04
<i>Organism Infraspecific Names Ecotype</i>	103	5,36
<i>Organism Infraspecific Names Isolate</i>	148	7,70

<i>Annotation Name</i>	261	13,57
<i>Annotation Release Date</i>	261	13,57
<i>Assembly Stats Total Number of Chromosomes</i>	119	6,19
<i>Annotation Count Gene Total</i>	261	13,57
<i>Annotation Count Gene Protein-coding</i>	261	13,57
<i>Annotation Count Gene Pseudogene</i>	78	4,06
<i>Type Material Display Text</i>	71	3,69

Fonte: elaboração própria, 2026.

A partir dessa análise, observou-se um padrão heterogêneo no preenchimento das informações. Dos campos de metadados, 17 (62,96%) foram preenchidos em todos os genomas, mostrando que uma parcela expressiva dos depositantes fornece apenas as informações obrigatórias para a validação da submissão. Além disso, observou-se que muitos dados foram preenchidos sem padronização, resultando na fragmentação dos registros institucionais, conforme apresentado no Quadro 2.

Quadro 2 – Variações de grafia identificadas nos nomes das instituições de pesquisa.

Nome do órgão	Nº de variações	Tipo de variação
Agriculture and Agri-Food Canada	3	Utilização de "&" no lugar de "and" e uso de plural/singular em "Foods".
Chinese Academy of Agricultural Sciences	2	Variação gramatical de número (uso do singular "Science" ao invés do plural).
Forest and Agricultural Biotechnology Institute (FABI)	4	Alternância entre uso da sigla, associação com a universidade sede e grafia ("Forestry" vs "Agriculture").
University of Agricultural Sciences	2	Omissão da especificidade geográfica (inclusão ou não da cidade "Bangalore").
USDA (United States Department of Agriculture)	2	Diferença de pontuação (uso ou ausência de hífen entre a sigla e o departamento).

Washington State University	2	Discrepância no nível de detalhamento do nome do centro de pesquisa.
-----------------------------	---	--

Fonte: elaboração própria, 2026.

A identificação e a unificação dessas variações foram determinantes para a visualização dos resultados. Sem essa etapa de curadoria manual, a produção científica dessas instituições estaria pulverizada em múltiplas entradas, alterando o valor real da contribuição de cada sequenciamento do gênero.

Essa inconsistência não é exclusiva do gênero *Fusarium*, mas demonstra um problema sistêmico em repositórios públicos, os quais não possuem mecanismos rigorosos de validação, o que permite a entrada de metadados não padronizados, com erros de tipagem ou valores inadequados para os campos propostos (Gonçalves e Musen, 2019). Esse cenário resulta no que a literatura descreve como 'escassez de dados na abundância', significando que apesar do número de sequências de DNA seja massivo, a fragmentação e a falta de padronização dos metadados dificultam a integração e a comparação entre diferentes estudos, limitando a capacidade de obtenção de informações complexas (Ceri e Pinoli, 2020).

Além disso, essa falta de informações nos registros dos genomas impacta diretamente a aplicabilidade dos princípios FAIR (*Findable, Accessible, Interoperable, Reusable*), diretrizes que facilitam a busca, o acesso e a interpretação de dados em sistemas computacionais. A falta de informações e a diferença dos formatos em colunas importantes dificulta a automação de análises, visto que exige um maior esforço para a correção, limpeza e curadoria manual antes de qualquer análise (Ceri e Pinoli, 2020). Consequentemente, o reuso desses dados fica comprometido, evidenciando que a expansão quantitativa do banco de dados não garante necessariamente a interoperabilidade das informações ali presentes (Bornstein *et al.*, 2023).

4.2 DISTRIBUIÇÃO GEOGRÁFICA E INSTITUCIONAL DOS DEPÓSITOS

Ao todo, 187 instituições depositaram genomas de *Fusarium* no NCBI, desse grupo, 118 possuem dois depósitos ou menos. Essa distribuição fragmentada evidencia a diferença entre a produção em larga escala dos grandes centros e as submissões esporádicas de grupos menores. Além disso, esse desequilíbrio sugere que a disponibilidade dos dados atende a prioridades econômicas centrais, criando barreiras técnicas para pesquisadores de regiões periféricas e dificultando a participação daquelas que não possuem infraestrutura computacional desenvolvida para também realizar sequenciamentos (Stefanoudis *et al.*, 2021).

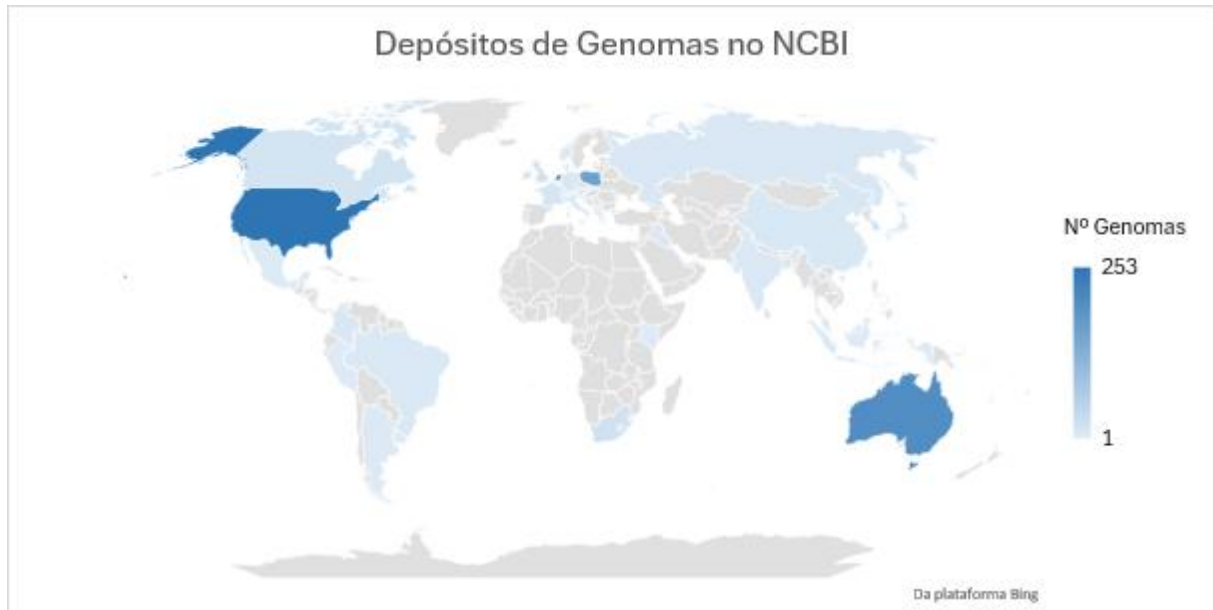
Ao avaliar os dados institucionais e geográficos observou-se uma concentração de dados genômicos do gênero *Fusarium* em um número reduzido de países. Apenas 6 (seis) instituições possuem uma concentração de depósitos evidentemente maior que as demais (Quadro 3), além disso, dentre todas as instituições, as que possuem maior participação estão localizadas no hemisfério norte, principalmente na América do Norte e Europa ocidental (Figura 1). Essa liderança evidencia que os recursos genômicos do gênero *Fusarium* são gerados majoritariamente por grandes consórcios de pesquisa situados no Norte Global. A presença dessa desigualdade demonstra o histórico domínio dessas nações sobre a ciência, que realiza estudos genômicos em espécies que muitas vezes são nativas de regiões subdesenvolvidas (Marks *et al.*, 2021).

Quadro 3 – Dez instituições com maior volume de depósitos de genomas do gênero *Fusarium* no NCBI.

<i>Submitter</i>	País	nº	%
<i>USDA (U.S. Dept. of Agriculture)</i>	Estados Unidos	253	13,15
<i>Wageningen University and Research</i>	Países Baixos	249	12,95
<i>AGRIBIO, CENTRE FOR AGRIBIOSCIENC</i>	Austrália	202	10,50
<i>University of California, Davis</i>	Estados Unidos	196	10,19
<i>University of Warmia and Mazury in Olsztyn</i>	Polônia	160	8,32
<i>University of Amsterdam</i>	Países Baixos	119	6,18
<i>University of Florida</i>	Estados Unidos	61	3,17
<i>Boosting Plant-Endophyte Stability, Compatibility and Performance across scales (BestPass)</i>	Dinamarca	45	2,34
<i>University of California, Riverside</i>	Estados Unidos	25	1,30
<i>Colorado State University</i>	Estados Unidos	23	1,18

Fonte: elaboração própria, 2026.

Figura 1- Depósitos de Genomas do gênero *Fusarium* no NCBI



Fonte: elaboração própria, 2026.

Essa centralização geográfica torna-se ainda mais crítica quando confrontada com a epidemiologia global das fusarioses. A ocorrência de infecções e os prejuízos agrícolas são significativamente maiores em regiões tropicais e subtropicais (Fones *et al.*, 2020; Goda *et al.*, 2025). Surtos recentes, como a dispersão da espécie *Fusarium odoratissimum* (anteriormente classificado como *F. oxysporum* f. sp. *cubense* Raça Tropical 4 – TR4), concentram-se na América Latina, Sudeste Asiático e África (Maymon *et al.*, 2020; Acuña *et al.*, 2022).

Esse cenário evidencia uma contradição no fluxo de conhecimento científico, onde a biodiversidade do microrganismo e os impactos econômicos localizam-se predominantemente no Sul Global, enquanto os centros de sequenciamento e análise genômica permanecem majoritariamente no Norte Global (Haelewaters, Hofmann e Romero-Olivares, 2021; Marks *et al.*, 2021). Sob a perspectiva da abordagem da Saúde Única, essa assimetria torna-se preocupante, uma vez que a limitação da capacidade genômica local em regiões mais severamente afetadas pode retardar a identificação de variedades emergentes e monitoramento de micotoxinas. Esse cenário compromete não apenas a segurança alimentar, mas também a vigilância em saúde pública, ampliando riscos em escala global (Bugingo *et al.*, 2025; Goda *et al.*, 2025).

O cruzamento desses dados também evidencia a presença do fenômeno descrito como “Ciência de Paraquedas” (*Parachute Science*). Essa prática é caracterizada pela atuação de pesquisadores de nações de alta renda que utilizam amostras biológicas do Sul Global, sem

estabelecer colaborações relevantes ou promover a transferência de tecnologia para cientistas locais (Haelewaters, Hofmann e Romero-Olivares, 2021; Stefanoudis *et al.*, 2021). No contexto do gênero *Fusarium*, esse cenário sugere que países mais diretamente impactados pelas doenças associadas a esses microrganismos ainda dependem, em grande parte, de infraestrutura científica exógena para o diagnóstico e a caracterização de surtos em seus territórios. Essa dinâmica contribui para a manutenção de um ciclo de dependência tecnológica entre países em desenvolvimento e nações com maior capacidade científica e econômica, especialmente no que se refere à geração e à análise de dados genômicos (Haelewaters, Hofmann e Romero-Olivares, 2021; Marks *et al.*, 2021). Este fenômeno, descrito como “ciência de paraquedas”, limita o fortalecimento de competências locais em áreas estratégicas, como a bioinformática e a genômica, que são essenciais para o desenvolvimento de respostas rápidas, autônomas e sustentáveis frente a emergências fitossanitárias (Stefanoudis *et al.*, 2021).

Por fim, percebe-se que essa concentração geográfica possui relação com o legado colonial da ciência, onde a biodiversidade é tratada como matéria-prima a ser extraída das ex-colônias para processamento nos centros desenvolvidos. A consequência direta dessa condição está nos resultados, visto que grandes centros, como a USDA (*United States Department of Agriculture*), tendem a priorizar espécies que ameaçam commodities de exportação, negligenciando a pesquisa genética de cepas endêmicas que afetam a agricultura de subsistência nas regiões tropicais (Marks *et al.*, 2021).

4.3 REPRESENTATIVIDADE TAXONÔMICA DO ACERVO

Quando observado quantos genomas depositados cada uma das espécies possui (Tabela 1), observa-se que há uma predominância expressiva de dados vinculados ao complexo de espécies *F. oxysporum*. A literatura indica que essa concentração está diretamente relacionada à ampla dispersão global e ao elevado impacto econômico das linhagens fitopatogênicas associadas a esse gênero. Nos últimos anos, por exemplo, a emergência da espécie *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* raça Tropical 4 (TR4), atualmente classificada como a espécie *Fusarium odoratissimum* (Maymon *et al.*, 2020), impulsionou a formação de consórcios internacionais voltados ao sequenciamento em larga escala de seus isolados. O objetivo central desses esforços tem sido a identificação de marcadores associados à resistência, bem como o aprimoramento do rastreamento epidemiológico em escala global, o que resultou em um aumento expressivo no volume de depósitos dessa variedade em bancos de dados públicos (Maymon *et al.*, 2020; Meng *et al.*, 2024; Bugingo *et al.*, 2025).

Tabela 1 Distribuição de Genomas x espécies

Táxon	nº genomas ao elecionar taxon
<i>F. oxysporum</i>	800
<i>F. asiaticum</i>	257
<i>F. graminearum</i>	130
<i>F. verticillioides</i>	60
<i>F. proliferatum</i>	37
<i>F. equiseti</i>	26
<i>F. fujikuroi</i>	24
<i>F. solani</i>	21
<i>F. circinatum</i>	19
<i>F. lateritium</i>	16
<i>F. avenaceum</i>	14
<i>F. culmorum</i>	14
<i>F. commune</i>	12
<i>F. falciforme</i>	10
<i>F. poae</i>	10
<i>F. xylarioides</i>	9
<i>F. virguliforme</i>	9
<i>F. odoratissimum</i>	8
<i>F. annulatum</i>	7
<i>F. tricinctum</i>	7
<i>F. cortaderiae</i>	6
<i>F. pseudograminearum</i>	6
<i>F. redolens</i>	5
<i>F. subglutinans</i>	5
<i>F. austroamericanum</i>	5
<i>F. boothii</i>	5
<i>F. meridionale</i>	5
<i>F. sambucinum</i>	5
<i>F. sporotrichioides</i>	5
<i>F. temperatum</i>	5
<i>F. venenatum</i>	4
<i>F. langsethiae</i>	4
<i>F. longipes</i>	4
<i>F. nygamai</i>	4
<i>F. sacchari</i>	4
<i>F. tucumaniae</i>	4
<i>F. ussurianum</i>	4
<i>F. vorosii</i>	4
<i>F. acaciae-mearnsii</i>	4
(...)	(...)
<i>F. zealandicum</i>	1

Nota: “(...)” indica táxons que possuem menos de 3 genomas sequenciados cada.

Fonte: elaboração própria, 2026.

Em seguida *F. asiaticum* e *F. graminearum* possuem, respectivamente, as maiores concentrações de sequências depositadas. Suas principais ações são a causa de giberela em cereais de inverno, como trigo e cevada, e, diferente do *F. oxysporum*, a preocupação com essas espécies não é a morte da planta, mas a contaminação dos grãos por micotoxinas produzidas pelas mesmas, como a deoxinivalenol (DON) e a zearelenona. A demanda da indústria de alimentos e bebidas, principalmente o setor cervejeiro, por matérias primas livres de contaminação direcionou pesquisas e mapeamento desses fungos, visando reduzir prejuízos bilionários no setor (Mueller *et al.*, 2020; Valverde-Bogantes *et al.*, 2020).

Além do impacto direto na produção, esse volume de dados é aumentado por barreiras comerciais não tarifárias. A imposição de legislações sanitárias pela União Europeia estabeleceu limites máximos de toxinas presentes em produtos importados, o que forçou os países exportadores a implementarem técnicas de vigilância mais robustas, incluindo a genômica. Nesse contexto, o sequenciamento de DNA se destacou como uma metodologia industrial capaz de monitorar a estrutura genética de populações micotóxicas e garantir a certificação de cargas para a exportação. Isso explica a desproporção entre os dados dessa espécie em comparação com patógenos que não afetam produtos de base globais (Streit *et al.*, 2013; Tadei *et al.*, 2020; Ekwomadu, Akinola e Mwanza, 2021).

Em contrapartida, observa-se uma acentuada negligência taxonômica para a vasta maioria das espécies do gênero. Do grupo de 268 espécies que apresentam baixa representatividade, ou seja, menos de quatro genomas, a maioria excessiva, 193 espécies (72,01%), conta com apenas um único depósito disponível no banco de dados. Essa distribuição evidencia uma lacuna no conhecimento sobre a real diversidade do gênero. Centenas de espécies descritas, muitas delas com relevância clínica e ecológica, possuem poucos genomas depositados. Essa observação utilitarista sugere que o banco de dados atual não representa o gênero *Fusarium* como um todo, mas sim um recorte das demandas do agronegócio. Espécies como *F. solani* e *F. dimerum*, frequentemente associadas a infecções humanas, são sub-representadas quando comparadas aos fitopatógenos mais relevantes, revelando uma negligência da genômica médica em relação à agrícola (Al-Hatmi, Meis e De Hoog, 2016; Nikitin *et al.*, 2023).

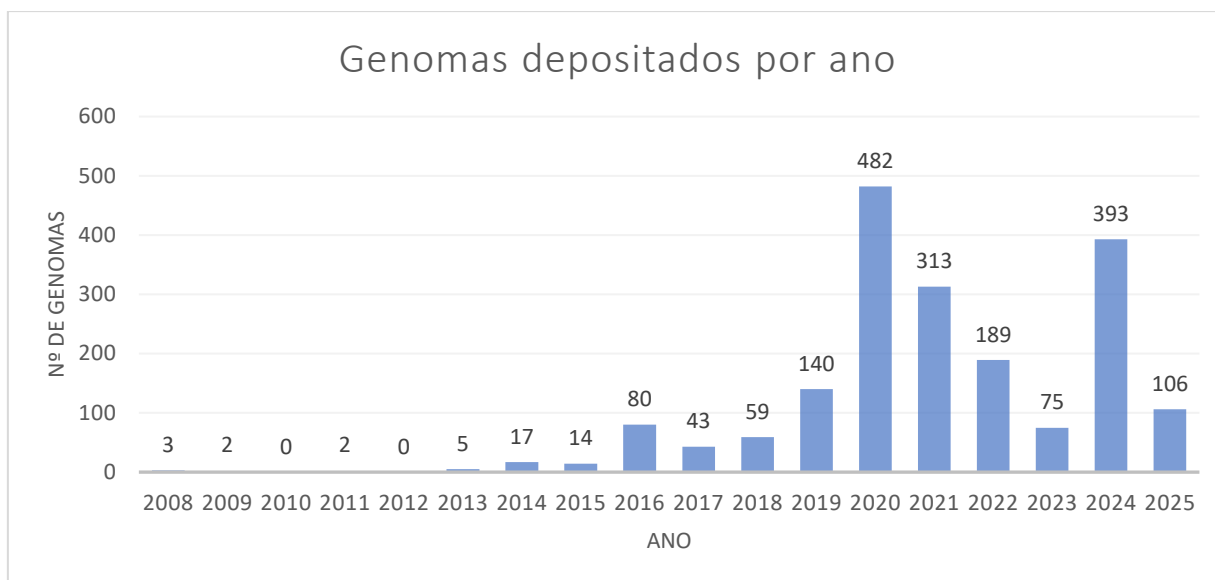
A assimetria entre a ampla disponibilidade de genomas de fitopatógenos e a escassez de dados genômicos provenientes de isolados clínicos evidencia uma lacuna na aplicação prática dos princípios da Saúde Única nos bancos de dados públicos (Armer *et al.*, 2024). A priorização

de espécies associadas a elevado impacto econômico, em detrimento de patógenos humanos oportunistas, sugere que a produção genômica atual tem sido majoritariamente orientada por demandas imediatas do setor agrícola, limitando o monitoramento sistemático de linhagens que representam riscos emergentes à saúde pública (Bugingo *et al.*, 2025). Sob uma perspectiva evolutiva, a caracterização do genoma core de linhagens ainda pouco exploradas torna-se fundamental para antecipar a emergência de novas doenças zoonóticas e infecções fúngicas resistentes, reforçando a necessidade de uma abordagem verdadeiramente integrada entre os diferentes domínios da Saúde Única (Sáenz *et al.*, 2020; Gomez-Chavarria, Rua-Giraldo e Alzate, 2024).

Por fim, essa preferência genômica em hospedeiros agrícolas cria uma lacuna epidemiológica perigosa. Estudos recentes alertam para a plasticidade do gênero *Fusarium*, onde linhagens ambientais podem afetar hospedeiros do reino Plantae e Animalia. A falta de genomas de referência para essas espécies dificulta a detecção precoce de eventos de transição entre hospedeiros (*spillover*). Se não houver conhecimento sobre a biodiversidade do fungo, a vigilância sanitária se mantém dependente das ações após a infecção do patógeno, incapaz de prever surtos causados por linhagens generalistas que escapam do monitoramento focado em culturas específicas (Letko *et al.*, 2020; Armer *et al.*, 2024).

4.4 EVOLUÇÃO TEMPORAL E TECNOLOGIAS DE SEQUENCIAMENTO

Quando observado os dados referentes a data de depósito, os primeiros genomas foram depositados simultaneamente no dia 21 de novembro de 2008, pelo *International Gibberella zae Genomics Consortium*, sendo dois genomas de *F. graminearum* e um de *F. verticillioides*. Após isso houve um período de hiato, até que em 2014 os números começaram a subir, assim como representado no Gráfico 1.

Gráfico 1 – Genomas de *Fusarium* depositados anualmente no NCBI.

Fonte: elaboração própria, 2026.

No período de 2019 a 2021 foi observado um pico de genomas depositados, atingindo valores expressivos de até 482 em um único ano. Essa diferença pode ser relacionada como uma resposta à detecção e disseminação da espécie *F. odoratissimum* nas Américas e no Oriente médio. A emergência fitossanitária ocasionou uma força-tarefa e científica que resultou no sequenciamento acelerado de isolados para rastreamento de inóculo (Acuña *et al.*, 2022; Maymon *et al.*, 2020). Esse aumento expressivo não pode ser atribuído apenas à urgência fitossanitária, mas reflete, sobretudo, a maturidade tecnológica alcançada na era pós-genômica (Rampersad, 2020; Bugingo *et al.*, 2025). O marco inicial dessa trajetória foi a conclusão do Projeto Genoma Humano, em 2003, cujo desenvolvimento demandou aproximadamente 13 anos e elevados investimentos financeiros, utilizando tecnologias de sequenciamento de primeira geração, como o método de Sanger (Armer *et al.*, 2024; Terp *et al.*, 2025).

A partir desse período, a transição para as plataformas de Sequenciamento de Nova Geração (NGS) e, mais recentemente, para tecnologias de leituras longas (*long-reads*), promoveu uma mudança substancial na escala e na complexidade da pesquisa micológica (Badet *et al.*, 2020; Rampersad, 2020). A redução significativa dos custos de sequenciamento, unida ao aumento da capacidade de armazenamento e da análise de grandes volumes de dados, possibilitou que a comunidade científica avançasse nos estudos baseados em sequenciamentos de isolados para abordagens de pangenômica e vigilância genômica em tempo real (Bornstein *et al.*, 2023; Meng *et al.*, 2024). Dessa forma, o que anteriormente representava um esforço de décadas voltado a um único organismo passou a ser um processo automatizado e de alto

rendimento, capaz de sequenciar centenas de isolados em curtos intervalos de tempo (Armer *et al.*, 2024; Terp *et al.*, 2025).

Essa dinâmica produtiva é observada pelos dados avaliados por esse trabalho, pois notou-se que centenas de registros possuem datas de depósitos idênticas. Esse padrão indica que o crescimento do acervo genômico do gênero *Fusarium* foi impulsionado pela atuação de consórcios internacionais de pesquisa, prevalecendo sobre os depósitos isolados por instituições individuais (Rampersad, 2020; Armer *et al.*, 2024). Esses consórcios se configuram como alianças estratégicas entre dezenas de laboratórios e universidades que compartilham financiamento, amostras e infraestrutura computacional de alto desempenho (Ceri e Pinoli, 2020; Haelewaters, Hofmann e Romero-Olivares, 2021; Bornstein *et al.*, 2023).

Quando observamos o novo crescimento em 2024, é possível relacionar à “Era Pangenômica” e a atuação de agentes governamentais como a USDA, a maior depositante desse período. Diferente do pico de 2020, provavelmente focado em isolados únicos, a nova tendência procura um sequenciamento populacional massivo, para compreender a diversidade de genes acessórios da espécie. Nesse período houve a criação do FoPGDB (*Fusarium oxysporum* Pangenome Database), o que exemplifica esse movimento, onde centenas de linhagens são sequenciadas simultaneamente para compreender os mecanismos genômicos e a plasticidade da espécie (Badet *et al.*, 2020; Meng *et al.*, 2024).

Já quando se observa as metodologias de sequenciamento, nota-se a expressiva dominância do Illumina. Alguns sequenciamentos combinaram técnicas de *short* e *long-reads*, mas a grande maioria utilizou *short-reads* para obtenção do genoma, assim como demonstrado na Tabela 2. Essa dominância de técnicas de leituras curtas explica a alta fragmentação observada nos resultados de qualidade dos genomas (o N50). Esse padrão traz prejuízos para análises, pois a dominância de leituras curtas dificulta a identificação de regiões repetitivas e telemétricas do genoma, resultando na omissão de clusters gênicos de virulência localizados em regiões cromossômicas instáveis, justamente as que conferem diferenciação de hospedeiro em cepas de *Fusarium* (De Maio *et al.*, 2019; Smits, 2019).

Tabela 2 – Distribuição das tecnologias de sequenciamento utilizadas nos genomas do gênero *Fusarium* depositados no NCBI

Métodos de Sequenciamento	Nº
Agrupados	
Illumina (<i>Short-reads</i>)	1612

PacBio (<i>Long-reads</i>)	95
Oxford Nanopore (<i>Long-reads</i>)	74
Sequenciamento Combinado	104
Outros	19
Não declarado	19

Fonte: elaboração própria, 2026.

Contudo, estudos recentes indicam um promissor avanço tecnológico. A adoção de sequenciamentos de leituras longas de alta fidelidade, como PacBio e Nanopore, viabilizam a obtenção de montagens T2T (telômero-a-telômero), resultando no fechamento de genomas completos sem lacunas (Terp *et al.*, 2025). Essa transição de tecnologias é imprescindível para que os bancos de dados tenham informações mais relevantes e detalhadas, visto que a predominância de técnicas de *short-reads* preenche o banco de dados com informações que podem não ser tão relevantes quando se procura analisar dados específicos (Smits, 2019).

Historicamente, desde o início do Projeto Genoma Humano, em 1990, a inovação tecnológica tem impulsionado avanços significativos nas metodologias de sequenciamento, culminando no amplo domínio das técnicas de segunda geração, baseadas em *short-reads*, ao longo das últimas décadas (Hook e Timp, 2023). O desenvolvimento de plataformas de alto rendimento e baixo custo, como a Illumina, promoveu uma revolução na epidemiologia e na genômica microbiana, ao possibilitar a geração de milhões de leituras com elevada precisão (De Maio *et al.*, 2019). Entretanto, apesar de sua ampla aplicação, o sequenciamento por leituras curtas, geralmente inferiores a 300 pares de bases, apresenta limitações estruturais, sendo frequentemente incapaz de construir de forma completa regiões genômicas complexas ou altamente repetitivas (De Maio *et al.*, 2019; Hook e Timp, 2023). Nesse contexto, a consolidação de tecnologias de terceira geração, fundamentadas no sequenciamento de moléculas únicas e obtidas de leituras longas, representadas principalmente pelas plataformas *Pacific Biosciences* (PacBio) e *Oxford Nanopore Technologies* (ONT), permitiu superar essas barreiras de montagem, viabilizando a resolução de genomas anteriormente inacessíveis quando analisados exclusivamente com dados de segunda geração (De Maio *et al.*, 2019; Terp *et al.*, 2025).

4.5 QUALIDADE TÉCNICA DAS MONTAGENS E INTEGRIDADE GENÔMICA

4.5.1 Análise de N50 e *Contigs*

Inicialmente foi avaliado o nível de montagem dos genomas, com isso notou-se que a diferença entre eles é expressiva, sendo a maioria dos genomas classificados como rascunho, enquanto apenas 115 (cerca de 5,98% do total) estão completos ou montados cromossomicamente, como apresentado no Quadro 4.

Quadro 4 – Nível de montagem dos genomas de *Fusarium* no NCBI

<i>Assembly Level</i>	n °
<i>Contig</i>	710
<i>Scaffold</i>	1098
<i>Chromosome</i>	82
<i>Complete Genome</i>	33

Fonte: elaboração própria, 2026.

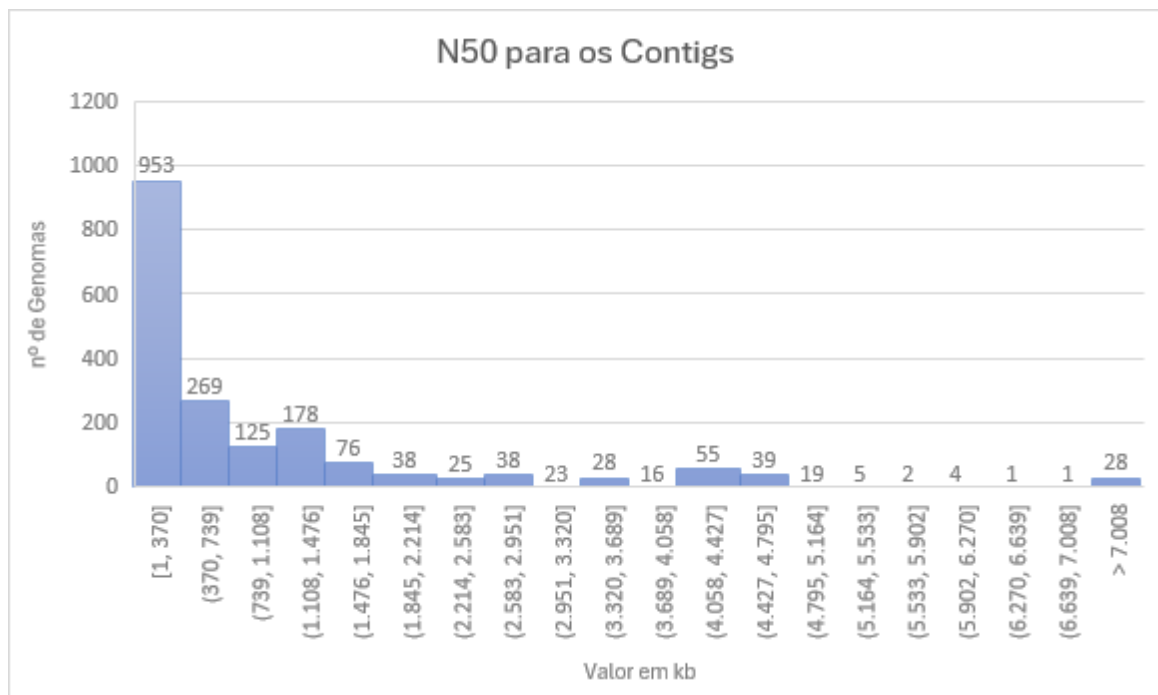
Essa avaliação mostra uma dominância de genomas não finalizados. A vasta maioria dos depósitos encontra-se em estágio de *Contig* ou *Scaffold*. No contexto de um sequenciamento genômico, um *contig* é definido como uma sequência contínua de DNA resultante da sobreposição direta de leituras sem a presença de lacunas físicas, já *scaffold* consiste no ordenamento e na orientação desses *contigs*, incluindo regiões com bases desconhecidas que sinalizam a existência de lacunas na sequência física (Khayl *et al.*, 2023). Essa prevalência de rascunhos, ou draft genomes, pode ser uma consequência direta do que vimos anteriormente, a limitação dos métodos utilizadas no sequenciamento (De Maio *et al.*, 2019). A incapacidade das *short-reads* em detectar regiões repetitivas e teloméricas resultam em montagens onde a informação genética, apesar de presente, necessita de anotação e contexto cromossômico (De Maio *et al.*, 2019; Terp *et al.*, 2025).

Além disso, é possível observar nas Figuras 2 e 3 o grau de contiguidade desses genomas. Para compreender melhor esses dados, é importante destacar que o N50 de *contigs* mensura a extensão média de segmentos contínuos de nucleotídeo, já o N50 de *scaffolds* avalia a sequência já montada, porém não contínuo, onde há a união de *contigs* com alguns espaços

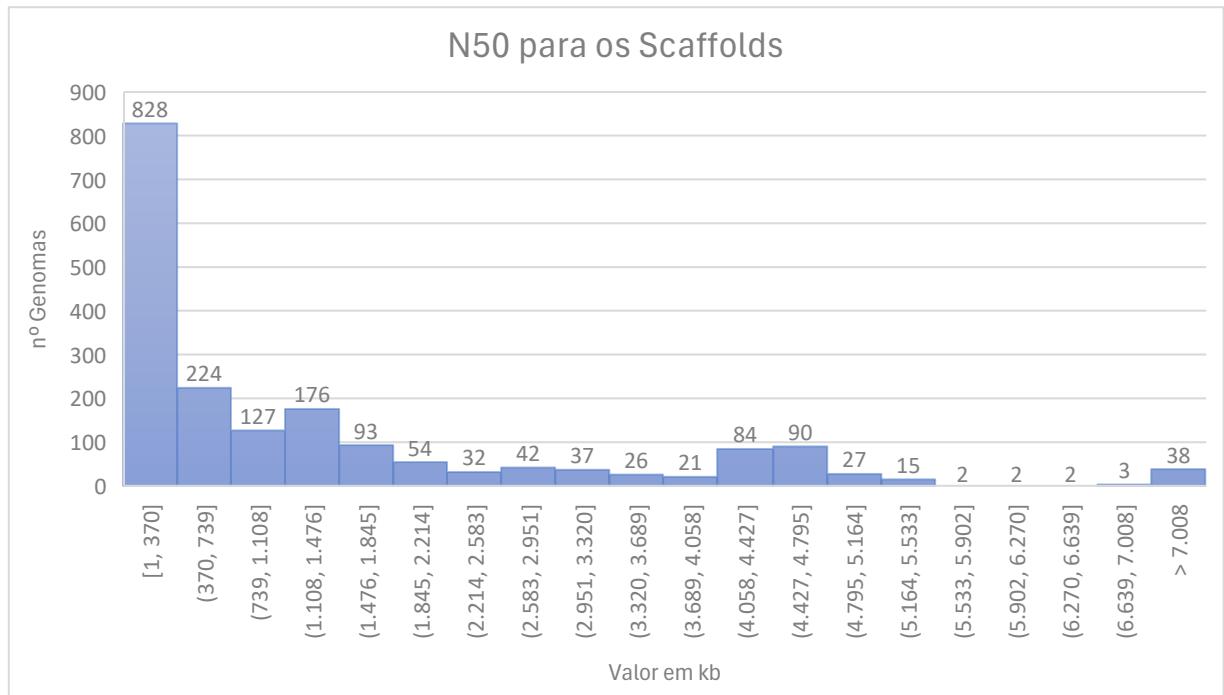
não preenchidos dentro do genoma. Essa diferença é fundamental pois a similaridade entre os gráficos confirma a baixa variação dos genomas neste banco de dados.

Nas Figuras 2 e 3, o eixo X apresenta, em quilobases (kb), a distribuição dos valores de N50 para os *contigs* e para *scaffolds*. Estes valores são organizados em intervalos de classe, onde cada barra representa a frequência de genomas cujas montagens apresentam determinado nível de contiguidade. Ambas as escalas demonstram uma distribuição assimétrica à esquerda, evidenciando que a vasta maioria dos depósitos possui N50 inferior a 370 kb. Essa métrica é um indicador crítico da qualidade das montagens, pois valores mais baixos para o eixo X refletem em genomas altamente fragmentados, típicos de sequenciamento de leituras curtas (*short-reads*) que falharam em resolver regiões complexas.

Figura 2 – Estatísticas de Montagem: N50 dos *Contigs*



Fonte: elaboração própria, 2026.

Figura 3 - Estatísticas de Montagem: N50 dos *Scaffolds*

Fonte: elaboração própria, 2026.

Essa similaridade evidencia que para a maior parte do acervo, o processo de *scaffolding* não obteve um êxito significativo em conectar os fragmentos de *contig*. Isso demonstra que os genomas disponíveis não representam cromossomos estruturados, mas sim conjuntos de *contigs* isolados, confirmando a limitação das tecnologias de *short-reads* em lidar com regiões complexas sem gerar quebras de sequência.

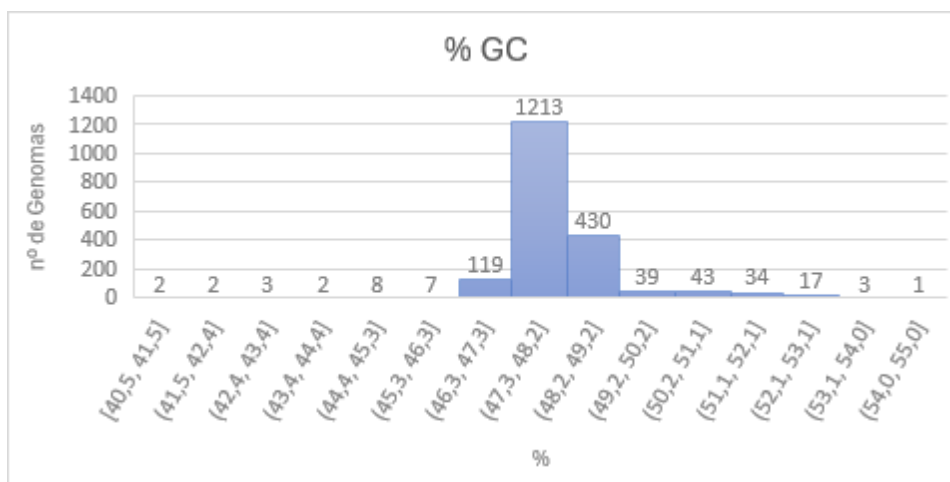
Com objetivo de bioprospecção e estudos evolutivos, essa alta fragmentação acarreta riscos para as análises. A descontinuidade da sequência pode interromper fases de leitura aberta (ORFs) e ocultar clusters biossintéticos inteiros, frequentemente localizados em regiões subteloméricas de difícil montagem. Consequentemente, as análises de sintenia gênica e a identificação de efeitos de virulência tornam-se inviáveis ou pouco confiáveis, limitando o potencial de reutilização desses dados para o desenvolvimento de novas biotecnologias (Smits, 2019; Rampersad, 2020).

4.5.2 Implicações para a Genômica Comparativa

A análise das propriedades físico-químicas e estruturais, mostradas nesse tópico, fornece indicadores fundamentais sobre a composição taxonômica do banco de dados.

Na Figura 4, observa-se uma estabilidade no conteúdo GC, com uma concentração evidente de 1.213 genomas na faixa entre 47,3% e 48,2%. Essa homogeneidade confirma a robustez da identificação taxonômica das amostras, visto que o conteúdo GC é uma assinatura evolutiva altamente conservada do gênero (Khayati *et al.*, 2023). A ausência de outros picos ou maior dispersão é uma evidência de que o banco de dados, apesar de fragmentado, não apresenta sinais evidentes de contaminação por outros organismos, como bactérias ou outros fungos.

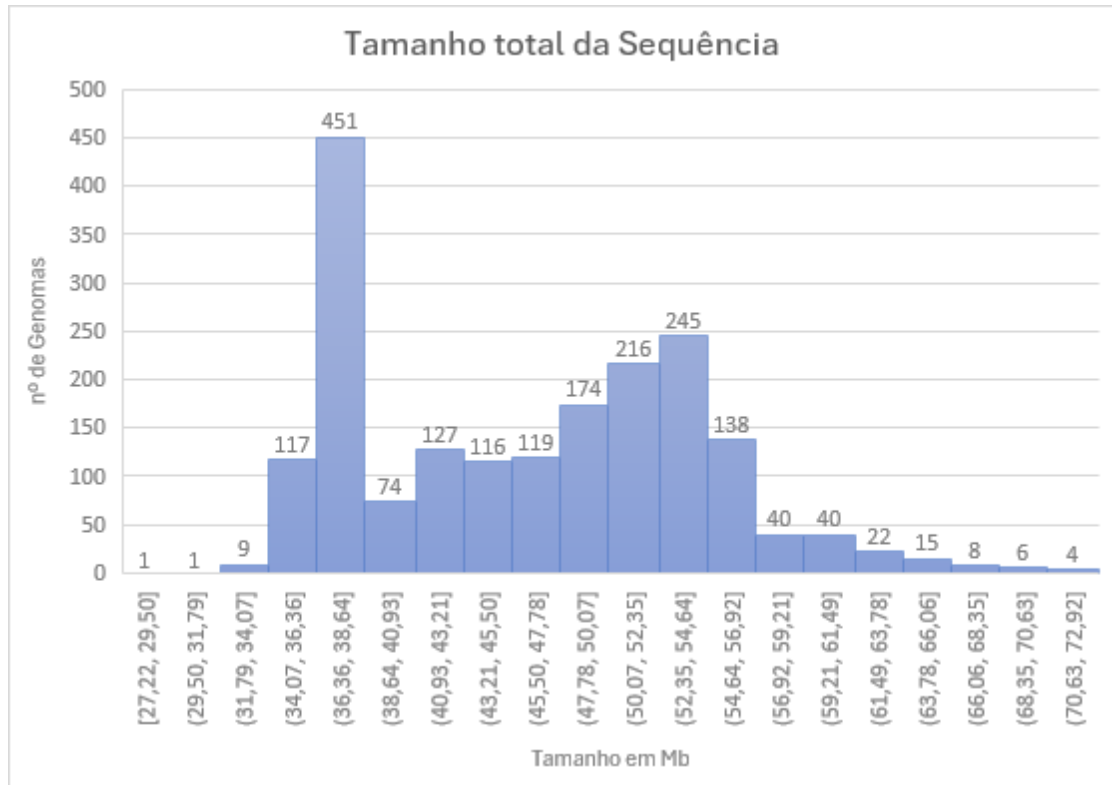
Figura 4 – Distribuição de Conteúdo GC (%)



Fonte: elaboração própria, 2026.

Por outro lado, a distribuição do tamanho dos genomas (Figura 5) revela um comportamento estatístico bimodal, refletindo a diversidade de espécies no banco de dados. O pico evidente na faixa de 37 a 39 Mb é consistente com o perfil genômico do Complexo de Espécies *Fusarium graminearum* (FGSC), caracterizada por genomas compactos e de menor plasticidade (Ma *et al.*, 2010). Em contraste, a dispersão dos dados observada entre 47 Mb e 54 Mb corresponde aos complexos *Fusarium oxysporum* (FOSC) e *Fusarium solani* (FSSC), os quais os genomas são expandidos pela presença significativa de cromossomos acessórios e elementos repetitivos (Ma *et al.*, 2010; Navasca *et al.*, 2025).

Figura 5 – Tamanho total das Sequências



Fonte: elaboração própria, 2026.

Essa variação de tamanho impacta diretamente a genômica comparativa. A existência de linhagens compactas (~37 Mb) e expandidas (>50 Mb) no mesmo acervo exige cuidado na escolha dos genomas de referência, pois o alinhamento global entre esses grupos é dificultado pela ausência de sintenia gênica em regiões acessórias, onde normalmente estão localizados características de patogenicidade de cada espécie (Ma *et al.*, 2010; Meng *et al.*, 2024).

4.5.3 Status da Anotação Gênica

Dos 1923 genomas selecionados, apenas 261 possuem informações referentes a contagem total de genes e genes codificadores de proteínas.

A utilidade prática de um genoma sequenciado está, principalmente, na qualidade da sua anotação funcional. A análise desse trabalho mostra que uma parcela significativa dos depósitos no NCBI consiste apenas em sequências nucleotídicas brutas, não possuindo arquivos de coordenadas genômicas ou anotações funcionais. Essa deficiência dificulta a extração de informações biológicas relevantes, pois embora as informações brutas sejam acessíveis, a localização de clusters de interesse biotecnológico ou de genes de virulência se mantem oculta

para a maioria dos pesquisadores, principalmente aqueles que não possuem pipelines de predição *in silico* (Smits, 2019; Bornstein *et al.*, 2023).

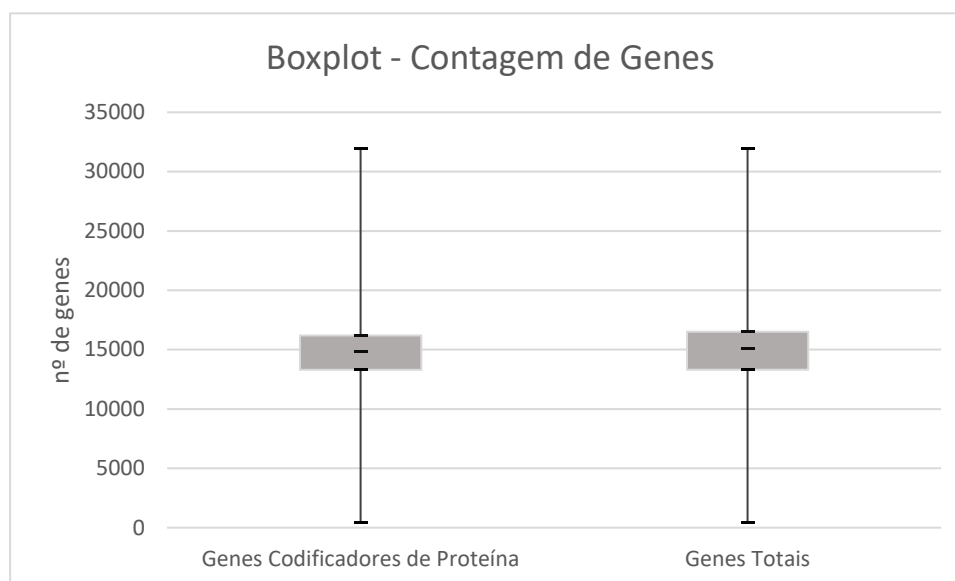
Mesmo nos casos em que a anotação está presente, observa-se uma dependência de preditores automáticos, como o pipeline NCBI Gnomon, um sistema de predição de genes que integra evidências de múltiplas fontes, incluindo predições *ab initio*, homologia de proteínas e dados transcritos. Apesar do Gnomon constituir a base de grande parte das anotações disponíveis no banco de dados GenBank, seus algoritmos, apesar de eficientes para genes conservados, não apresentam bom desempenho para predizer regiões de patogenicidade (Djossou, Ouedraogo e Ouangraoua, 2024). Essas regiões são caracterizadas por proteínas pequenas, ricas em cisteína e altamente variáveis, muitas vezes localizadas em regiões genômicas escuras (*genomic dark matter*) ou fragmentadas. A ausência de uma curadoria manual ou validação experimental resulta em um banco de dados poluídos por genes hipotéticos ou com funções erroneamente atribuídas por técnicas não eficientes (Smits, 2019; Rampersad, 2020).

Do mesmo modo, a bioprospecção de novos metabólitos secundários e o desenvolvimento de fungicidas baseados em novos alvos moleculares são altamente prejudicados. O pesquisador se depara com uma contradição: o Big Data de *Fusarium* existe, mas a informação funcional necessária para transformar dados em produtos é escassa e pouco confiável. Isso reforça a necessidade urgente de uma mudança de paradigma, saindo de uma corrida por mais genomas para um esforço comunitário de melhores genomas, priorizando anotações experimentais e reanálise dos dados já existentes utilizando ferramentas modernas (Ma *et al.*, 2013; Smits, 2019).

4.6 CARACTERIZAÇÃO GÊNICA E FUNCIONAL

Como visto anteriormente, do número total de genomas (1.923), 261 possuem notação relacionado a genes, tanto para pseudogenes quanto para genes codificadores de proteína. Para analisar a distribuição desses dados, a Figura 6 apresenta o número total de genes identificados nessas amostras através de um gráfico *boxplot*. A utilização dessa representação, dividida em quartis, é importante para compreender a variabilidade e a dispersão do conteúdo gênico dentro do acervo.

Figura 6 – Distribuição do número de genes totais e genes codificadores de proteína nos genomas de *Fusarium* anotados no NCBI.



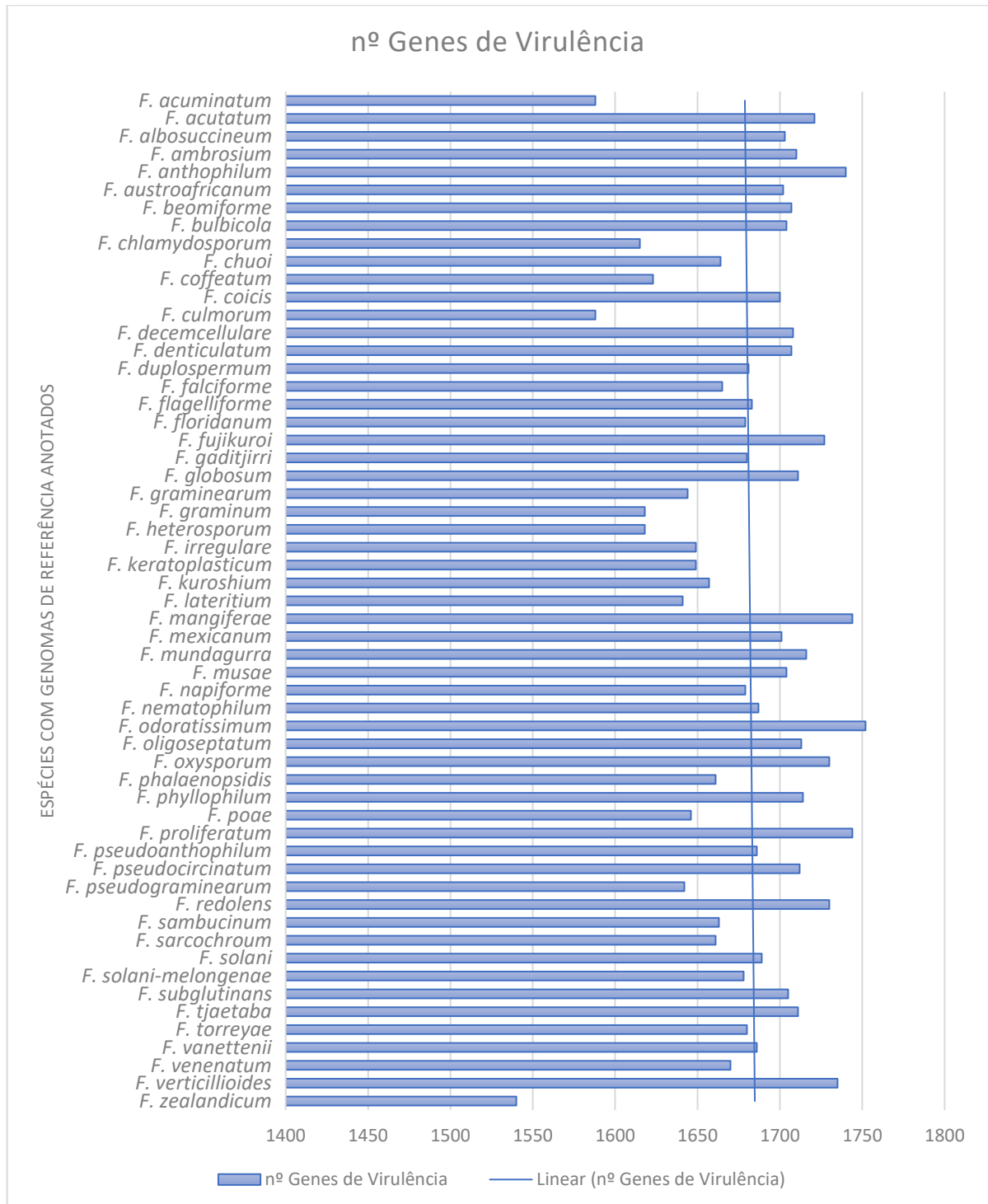
Fonte: elaboração própria, 2026.

Ao analisarmos as extremidades da distribuição, observa-se um contraste que reflete a qualidade técnica discutida nos tópicos anteriores. No limite inferior encontram-se genomas com menos de 13.300 genes. Esse baixo valor é indicador direto de que a fragmentação das montagens impediu uma predição gênica completa, resultando em depósitos onde parte da informação biológica foi perdida. Em oposição, o limite superior e os valores atípicos (*outliers*) revelam depósitos que chegam a atingir 32.000 genes. Esses casos extremos representam montagens de altíssima qualidade, normalmente a nível cromossomo, ou espécies que possuem naturalmente uma maior complexidade genômica.

Uma observação importante encontra-se no bloco central, formado pelo intervalo entre o primeiro e o terceiro quartil. Nota-se uma expressiva proximidade entre esses valores, que se situam em uma faixa estreita entre 13.300 e 16.500 genes. Essa semelhança demonstra uma forte predominância de genomas com conteúdo gênico equivalente, sugerindo a existência de um padrão para o gênero *Fusarium* no NCBI. Essa estabilidade nos dados centrais é fundamental, pois indica que, apesar das limitações das tecnologias de *short-reads*, a maioria dos depósitos que conseguem superar a barreira da fragmentação inicial apresenta um inventário robusto e consistente de genes. Tais informações validam a confiabilidade desse acervo central para estudos de genômica funcional e para a prospecção de genes de virulência.

Em sequência, buscou-se mapear o arsenal patogênico do gênero. A Figura 7 apresenta o ranking do nº gene de virulência identificados nos genomas de referência anotados, permitindo uma visão comparativa do potencial de ataque entre as diferentes espécies.

Figura 7 – Ranking quantitativo de fatores de virulência identificados em genomas de referência de espécies de *Fusarium*.



Fonte: elaboração própria, 2026.

Legenda

ID	Gene	ID	Gene	ID	Gene	ID	Gene	ID	Gene
A	<i>FgCdc12</i>	E	<i>GzHMG002</i>	I	<i>Cnb1</i>	M	<i>CAM</i>	Q	<i>Bmh1</i>
B	<i>BcactA</i>	F	<i>ELP3</i>	J	<i>Cna1</i>	N	<i>Gbb2</i>	R	<i>Fgist1</i>
C	<i>FgSNX3</i>	G	<i>FGSG 00677</i>	K	<i>FGA1</i>	O	<i>FgVps26</i>	S	<i>FgCdc11</i>
D	<i>Nap-2mu</i>	H	<i>FgErv14</i>	L	<i>GET3</i>	P	<i>Ppg1</i>	T	<i>Fgk3</i>

Fonte: elaboração própria, 2026.

Para melhor discutir a classificação funcional dos genes de virulência, principalmente dos presentes na Figura 8, subdividiu-se entre os seguintes tópicos:

Citoesqueleto, morfogênese e secreção

A base estrutural para a infecção é sustentada pela conservação de genes do citoesqueleto, essenciais para o crescimento invasivo das hifas. O gene *FgCdc12*, que apresentou identidade média de 99,46% no acervo, codifica uma septina fundamental para a organização do anel septal e a citocinese. Estudos em *F. graminearum* demonstram que a deleção deste gene resulta em defeitos graves na morfologia dos conídios e na incapacidade de penetrar o tecido do hospedeiro, confirmando que a integridade septal é um pré-requisito para a virulência (Chen *et al.*, 2016).

De forma complementar, o gene da actina *BcactA* (99,08% de similaridade média) não atua apenas na estrutura celular, mas é determinante para a secreção de enzimas. A alta conservação deste gene corrobora dados funcionais que ligam o citoesqueleto de actina ao transporte vesicular de enzimas degradadoras da parede celular (CWDEs), sugerindo que o mecanismo de secreção de virulência é preservado em todo o gênero (Li *et al.*, 2020).

Logística Intracelular e Tráfego de Vesículas

A eficiência do ataque fúngico depende de uma logística interna precisa, evidenciada pela conservação de complexos de tráfego de membrana. O complexo Retrómero, representados pelos genes *FgVps26* (97,48%) e *FgSNX3* (98,98%), é crucial para a reciclagem de receptores. Zheng *et al.* (2016) demonstraram que o gene *FgVps26* é vital para o transporte retrógrado do endossomo para o Golgi, sendo que sua ausência impede a correta localização de proteínas de fusão e bloqueia a patogenicidade. Da mesma forma, o gene *FgSNX3*, que contém um domínio PX de ligação a fosfolipídios, orquestra o tráfego dependente de membranas, essencial para o desenvolvimento fúngico (Lou *et al.*, 2021).

Ainda na via secretora, destaca-se o receptor de carga do retículo endoplasmático, codificado pelo gene *FgErv14* (98,46%). Sun *et al.* (2022) estabeleceram que este gene regula

especificamente a exportação de proteínas, influenciando diretamente a produção da micotoxina deoxinivalenol (DON) e a virulência. Adicionalmente, o gene *GET3* (97,86%), uma ATPase da via GET, garante a inserção correta de proteínas “*tail-anchored*” na membrana, um processo que é indispensável para a resposta ao estresse e o desenvolvimento pleno do patógeno (Liu *et al.*, 2024).

Sinalização, Percepção Ambiental e Resposta ao Estresse

A capacidade do hospedeiro reconhecer o ambiente é mediada por sensores altamente conservados. A proteína G alfa, codificada pelo gene *FGA1* (97,86%), atua na regulação dos níveis intracelulares de cAMP. A interrupção desse gene em cepas *F. oxysporum* reduz a patogenicidade e a resistência ao choque térmico (Jain *et al.*, 2002), indicando que este transdutor de sinal é uma peça-chave para a adaptação térmica do fungo durante a infecção. Paralelamente, a proteína G beta-like não canônica, *Gbb2* (97,50%), desempenha um papel distinto na regulação de metabólitos secundários, sendo associada a biossíntese de fumosinas em *F. verticillioides* (Yan & Shim, 2019).

A integração desses sinais ocorre através de “hubs” regulatórios como a proteína 14-3-3, codificada pelo gene *Bmh1* (97,26%). Ren *et al.* (2022) revelaram que o gene *Bmh1* interage com a trealase neutra (*Nth1*) para modular o metabolismo energético sob estresse osmótico e térmico, funcionando como um mecanismo de sobrevivência frente a fungicidas e defesas da planta. Já a sinalização por cálcio, mediada pela calmodulina (*CAM*, 97,56%), compõe uma maquinaria basal conservada que permite ao fungo responder a flutuações iônicas no sítio de infecção (Nguyen *et al.*, 2008).

Integridade da Parede e Micotoxinas

Por fim, a coordenação entre crescimento e produção de toxinas é regida por quinases e fosfatases. O gene *Fgk3* (97,00%), um ortólogo da glicogênio sintase quinase (GSK3), é descrito por Qin *et al.* (2015) como um regulador mestre que controla tanto a acumulação de glicogênio quanto a produção de DON. A relevância biológica desse gene é tão expressiva que mutantes deletados perdem completamente a capacidade de produzir a toxina e infectar espiguetas de trigo.

Em contrapartida, o gene da fosfatase *Ppg1* (97,30%) integra o complexo STRIPAK, essencial para a via de integridade da parede celular (CWI). Chen *et al.* (2023) demonstraram

que o gene *Ppg1* regula a fusão hifal e a resposta a estresse oxidativo, garantindo que a parede celular, a primeira linha de contato com o hospedeiro, permaneça funcional durante o ataque.

A alta conservação de genes, validada funcionalmente pelos estudos encontrados no banco de dados, confirma que o gênero *Fusarium* opera uma plataforma genética de virulência estável. A redundância e a preservação destes mecanismos moleculares em espécies filogeneticamente distintas demonstram que o sucesso evolutivo do fungo também reside na robustez da sua biologia celular básica, capaz de sustentar a patogenicidade em múltiplos hospedeiros.

5 CONSIDERAÇÕES FINAIS

A análise dos recursos genômicos do gênero *Fusarium* disponíveis em bases de dados públicas revela um panorama marcado por assimetrias estruturais que afetam a confiabilidade e aplicabilidade desse acervo para o avanço científico e tecnológico. No que se refere à distribuição geográfica e institucional, observa-se uma concentração expressiva das submissões em países do Norte Global, com destaque nas instituições como a *United States Department of Agriculture* (USDA), nos Estados Unidos, e a *Wageningen University*, nos Países Baixos. Essa centralização evidencia um cenário de dependência científica, no qual regiões detentoras de elevada biodiversidade permanecem subordinadas a infraestruturas externas para o sequenciamento, diagnóstico e análise de seus próprios recursos biológicos.

Em relação à representatividade taxonômica, os dados revelam um forte viés em favor de linhagens associadas a elevado impacto econômico e sanitário. O complexo de espécies *F. oxysporum* concentra a maior parte dos genomas depositados, impulsionado principalmente por emergências fitossanitárias, como a raça tropical 4 (TR4), enquanto grande parte da diversidade do gênero permanece sub-representada, com a maioria das espécies contando com apenas um único genoma disponível.

Quanto à evolução temporal das submissões, observa-se um crescimento acentuado a partir de 2014, com picos expressivos entre 2019 e 2021, período que coincide com a popularização das tecnologias de sequenciamento de nova geração, especialmente aquelas baseadas na plataforma Illumina. Embora esse avanço tenha contribuído para o aumento do volume de dados disponíveis, a predominância de metodologias baseadas em leituras curtas impõe limitações significativas na resolução de regiões genômicas complexas.

Com relação à qualidade técnica das montagens, evidencia-se a fragilidade estrutural do acervo, uma vez que a maioria dos genomas apresenta baixa continuidade, caracterizada por valores reduzidos de N50, e apenas uma fração limitada atinge o nível de montagem cromossômica. Dessa forma, observa-se que a expansão quantitativa dos bancos de dados não tem sido acompanhada por um incremento proporcional na qualidade técnica das sequências, o que reforça a necessidade de curadorias mais rigorosas e da adoção de tecnologias baseadas em leituras longas para sustentar pesquisas futuras.

Por fim, a caracterização funcional realizada neste estudo demonstra que existe um arsenal patogênico central altamente conservado no gênero. A identificação de genes vitais estáveis, associados ao citoesqueleto, ao tráfego intracelular e à regulação metabólica, sugere que a virulência de espécies de *Fusarium* é sustentada por um maquinário molecular robusto.

Esses achados apontam tais mecanismos conservados como alvos promissores para o desenvolvimento de inovações biotecnológicas de controle, validando a importância de uma abordagem integrada de Saúde Única para o monitoramento e mitigação desses patógenos.

REFERÊNCIAS

- ACUÑA, R. *et al.* First Report of *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* Tropical Race 4 Causing Fusarium Wilt in Cavendish Bananas in Peru. **Plant Disease**, St. Paul, v. 106, n. 8, p. 2268, 1 ago. 2022. Disponível em: <https://cgspace.cgiar.org/items/ae2ee54a-4f6a-47ec-96f4-66865eb8e115>. Acesso em: 12 nov. 2025.
- AL-HATMI, A. M. S.; MEIS, J. F.; DE HOOG, G. S. Fusarium: Molecular Diversity and Intrinsic Drug Resistance. **PLOS Pathogens**, San Francisco, v. 12, n. 4, p. e1005464, 7 abr. 2016. Disponível em: <https://journals.plos.org/plospathogens/article?id=10.1371/journal.ppat.1005464>. Acesso em: 12 dez. 2025.
- ANDERSON, N. R. *et al.* Sensitivity of *Fusarium graminearum* to Metconazole and Tebuconazole Fungicides Before and After Widespread Use in Wheat in the United States. **Plant Health Progress**, St. Paul, v. 21, n. 2, p. 85–90, 1 jan. 2020. Disponível em: <https://apsjournals.apsnet.org/doi/10.1094/PHP-11-19-0083-RS>. Acesso em: 11 dez. 2025.
- ARMER, V. J.; KROLL, E.; DARINO, M.; SMITH, D. P.; URBAN, M.; HAMMOND-KOSACK, K. E. Navigating the Fusarium species complex: Host-range plasticity and genome variations. **Fungal Biology**, Amsterdam, p. S1878614624000886, jul. 2024. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.funbio.2024.07.004>. Acesso em: 11 dez. 2025.
- BADET, T.; OGGENFUSS, U.; ABRAHAM, L.; MCDONALD, B. A.; CROLL, D. A 19-isolate reference-quality global pangenome for the fungal wheat pathogen *Zymoseptoria tritici*. **BMC Biology**, London, v. 18, n. 1, p. 12, dez. 2020. Disponível em: <https://doi.org/10.1186/s12915-020-0744-3>. Acesso em: 15 nov. 2025.
- BATISTA, G. R.; ABEGG, M. A.; CAMPOS, R. Metabólitos fúngicos com potencial antimicrobiano isolados e caracterizados produzidos por gênero *Fusarium*: uma revisão sistemática da literatura. **Research, Society and Development**, Itabira, MG, v. 11, n. 9, p. e6711931513, 3 jul. 2022.
- BORNSTEIN, K.; GRYAN, G.; CHANG, E. S.; MARCHLER-BAUER, A.; SCHNEIDER, V. A. The NIH Comparative Genomics Resource: addressing the promises and challenges of comparative genomics on human health. **BMC Genomics**, London, v. 24, n. 1, p. 575, 27 set. 2023. Disponível em: <https://doi.org/10.1186/s12864-023-09643-4>. Acesso em: 13 nov. 2025.
- BUGINGO, C.; INFANTINO, A.; OKELLO, P.; PEREZ-HERNANDEZ, O.; PETROVIĆ, K.; TURATSINZE, A. N.; MOPARTHI, S. From Morphology to Multi-Omics: A New Age of Fusarium Research. **Pathogens**, Basel, v. 14, n. 8, p. 762, 1 ago. 2025. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/pathogens14080762>. Acesso em: 17 dez. 2025.
- CERI, S.; PINOLI, P. Data Science for Genomic Data Management: Challenges, Resources, Experiences. **SN Computer Science**, [Singapore], v. 1, n. 1, p. 5, jan. 2020. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s42979-019-0005-0>. Acesso em: 19 dez. 2025.
- CHEN, A. *et al.* The STRIPAK complex orchestrates cell wall integrity signalling to govern the fungal development and virulence of *Fusarium graminearum*. **Molecular Plant Pathology**, Oxford, v. 24, n. 9, p. 1139–1153, set. 2023. Disponível em:

<https://bsppjournals.onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/mpp.13359>. Acesso em: 22 dez. 2025.

CHEN, A.; XIE, Q.; LIN, Y.; XU, H.; SHANG, W.; ZHANG, J.; ZHANG, D.; ZHENG, W.; LI, G.; WANG, Z. Septins are involved in nuclear division, morphogenesis and pathogenicity in *Fusarium graminearum*. **Fungal Genetics and Biology**, v. 94, p. 79–87, set. 2016. Disponivel em: <http://dx.doi.org/10.1016/j.fgb.2016.07.005>. Acesso em: 22 dez. 2025.

Database resources of the National Center for Biotechnology Information. **Nucleic Acids Research**, v. 44, n. D1, p. D7–D19, 4 jan. 2016. Disponivel em: <https://academic.oup.com/nar/article/44/D1/D7/2503096>. Acesso em: 27 dez. 2025.

DE MAIO, N. *et al.* Comparison of long-read sequencing technologies in the hybrid assembly of complex bacterial genomes. **Microbial Genomics**, London, v. 5, n. 9, 1 set. 2019. Disponivel em: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC6807382/>. Acesso em: 12 dez. 2025.

DJOSSOU, A.; OUEDRAOGO, W. Y. D. D.; OUANGRAOUA, A. An overview of computational methods for gene prediction in eukaryotes: strengths, limitations, and future directions. **Bioinformatics Advances**, v. 5, n. 1, p. vbaf222, 26 dez. 2024. Disponivel em: <https://doi.org/10.1093/bioadv/vbaf222>. Acesso em: 14 dez. 2025.

EKWOMADU, T. I.; AKINOLA, S. A.; MWANZA, M. *Fusarium* Mycotoxins, Their Metabolites (Free, Emerging, and Masked), Food Safety Concerns, and Health Impacts. **International Journal of Environmental Research and Public Health**, v. 18, n. 22, p. 11741, 9 nov. 2021. Disponivel em: <https://www.mdpi.com/1660-4601/18/22/11741>. Acesso em: 12 dez. 2025.

FONES, H. N.; BEBBER, D. P.; CHALONER, T. M.; KAY, W. T.; STEINBERG, G.; GURR, S. J. Author Correction: Threats to global food security from emerging fungal and oomycete crop pathogens. **Nature Food**, v. 1, n. 7, p. 455–456, 6 jul. 2020. Disponivel em: <https://doi.org/10.1038/s43016-020-01111-0>. Acesso em: 12 dez. 2025.

GODA, A. A. *et al.* Global health and economic impacts of mycotoxins: a comprehensive review. **Environmental Sciences Europe**, v. 37, n. 1, p. 122, 17 jul. 2025. Disponivel em: <https://doi.org/10.1186/s12302-025-01166-x>. Acesso em: 12 dez. 2025.

GOMEZ-CHAVARRIA, D. A.; RUA-GIRALDO, A. L.; ALZATE, J. F. An evolutionary view of the *Fusarium* core genome. **BMC Genomics**, London, v. 25, n. 1, p. 304, 22 mar. 2024. Disponivel em: <https://link.springer.com/article/10.1186/s12864-024-10200-w>. Acesso em: 17 nov. 2025.

GONÇALVES, R. S.; MUSEN, M. A. The variable quality of metadata about biological samples used in biomedical experiments. **Scientific Data**, v. 6, n. 1, p. 190021, 19 fev. 2019. Disponivel em: <https://doi.org/10.1038/sdata.2019.21>. Acesso em: 19 dez. 2025.

GRANADOS-CASAS, A. O.; FERNÁNDEZ-BRAVO, A.; STCHIGEL, A. M.; CANO-LIRA, J. F. Contamination of fungal genomes of Onygenaceae (Phylum Ascomycota) in public databases: incidence, detection, and impact. **BMC Genomics**, London, v. 26, n. 1, p.

1057, 19 nov. 2025. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1186/s12864-025-12223-3>. Acesso em: 17 nov. 2025.

HAELEWATERS, D.; HOFMANN, T. A.; ROMERO-OLIVARES, A. L. Ten simple rules for Global North researchers to stop perpetuating helicopter research in the Global South. **PLOS Computational Biology**, v. 17, n. 8, p. e1009277, 19 ago. 2021. Disponível em: <https://journals.plos.org/ploscompbiol/article?id=10.1371/journal.pcbi.1009277>. Acesso em: 20 nov. 2025.

HOFSTETTER, V.; BUYCK, B.; EYSSARTIER, G.; SCHNEE, S.; GINDRO, K. The unbearable lightness of sequenced-based identification. **Fungal Diversity**, v. 96, n. 1, p. 243–284, maio 2019. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s13225-019-00428-3>. Acesso em: 17 dez. 2025.

HOOK, P. W.; TIMP, W. Beyond assembly: the increasing flexibility of single-molecule sequencing technology. **Nature Reviews Genetics**, v. 24, n. 9, p. 627–641, set. 2023. Disponível em: <https://www.nature.com/articles/s41576-023-00600-1>. Acesso em: 19 nov. 2025.

HUANG, Y.-N. *et al.* The systematic assessment of completeness of public metadata accompanying omics studies in the Gene Expression Omnibus. **Bioinformatics**, [S.l.], 23 nov. 2021. Disponível em: <http://biorxiv.org/lookup/doi/10.1101/2021.11.22.469640>. Acesso em: 9 jan. 2026. Acesso em: 17 dez. 2025.

JAIN, S.; AKIYAMA, K.; MAE, K.; OHGUCHI, T.; TAKATA, R. Targeted disruption of a G protein α subunit gene results in reduced pathogenicity in *Fusarium oxysporum*. **Current Genetics**, v. 41, n. 6, p. 407–413, set. 2002. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s00294-002-0322-y>. Acesso em: 19 dez. 2025.

KHAYI, S.; ARMITAGE, A. D.; GABOUN, F.; MEFTAH-KADMIRI, I.; LAHLALI, R.; FOKAR, M.; MENTAG, R. Chromosome-scale assembly uncovers genomic compartmentation of *Fusarium oxysporum* f. sp. *albedinis*, the causal agent of Bayoud disease in date palm. **Frontiers in Microbiology**, v. 14, p. 1268051, 11 out. 2023. Disponível em: <https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1268051>. Acesso em: 22 nov. 2025.

LETKO, M.; SEIFERT, S. N.; OLIVAL, K. J.; PLOWRIGHT, R. K.; MUNSTER, V. J. Bat-borne virus diversity, spillover and emergence. **Nature Reviews Microbiology**, v. 18, n. 8, p. 461–471, ago. 2020. Disponível em: <https://www.nature.com/articles/s41579-020-0394-z>. Acesso em: 22 dez. 2025.

LI, H.; ZHANG, Z.; QIN, G.; HE, C.; LI, B.; TIAN, S. Actin Is Required for Cellular Development and Virulence of *Botrytis cinerea* via the Mediation of Secretory Proteins. **mSystems**, v. 5, n. 1, p. 10.1128/msystems.00732-19, 11 fev. 2020. Disponível em: <https://journals.asm.org/doi/10.1128/msystems.00732-19>. Acesso em: 24 nov. 2025.

LIU, C. *et al.* FgGET3, an ATPase of the GET Pathway, Is Important for the Development and Virulence of *Fusarium graminearum*. **International Journal of Molecular Sciences**, v. 25, n. 22, p. 12172, 13 nov. 2024. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/ijms252212172>. Acesso em: 28 dez. 2025.

LOU, Y.; ZHANG, J.; WANG, G.; FANG, W.; WANG, S.; ABUBAKAR, Y. S.; ZHOU, J.; WANG, Z.; ZHENG, W. Genome-Wide Characterization of PX Domain-Containing Proteins Involved in Membrane Trafficking-Dependent Growth and Pathogenicity of *Fusarium graminearum*. **mBio**, v. 12, n. 6, p. e02324-21, 21 dez. 2021. Disponivel em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/34933449/>. Acesso em: 12 nov. 2025.

MA, L.-J. *et al.* Comparative genomics reveals mobile pathogenicity chromosomes in *Fusarium*. **Nature**, v. 464, n. 7287, p. 367–373, mar. 2010. Disponivel em: [10.1038/nature08850](https://doi.org/10.1038/nature08850). Acesso em: 12 dez. 2025.

MA, L.-J.; GEISER, D. M.; PROCTOR, R. H.; ROONEY, A. P.; O'DONNELL, K.; TRAIL, F.; GARDINER, D. M.; MANNERS, J. M.; KAZAN, K. *Fusarium* Pathogenomics. **Annual Review of Microbiology**, v. 67, n. 1, p. 399–416, 8 set. 2013. Disponivel em: <https://doi.org/10.1146%2Fannurev-micro-092412-155650>. Acesso em: 17 dez. 2025.

MARKS, R. A.; HOTALING, S.; FRANDSEN, P. B.; VANBUREN, R. Representation and participation across 20 years of plant genome sequencing. **Nature Plants**, v. 7, n. 12, p. 1571–1578, 29 nov. 2021. Disponivel em: <https://doi.org/10.1038%2Fs41477-021-01031-8>. Acesso em: 11 dez. 2025.

MAYMON, M.; SELA, N.; SHPATZ, U.; GALPAZ, N.; FREEMAN, S. The origin and current situation of *Fusarium oxysporum* f. sp. cubense tropical race 4 in Israel and the Middle East. **Scientific Reports**, v. 10, n. 1, p. 1590, 31 jan. 2020. Disponivel em: <https://doi.org/10.1038/s41598-020-58378-9>. Acesso em: 18 dez. 2025.

MENG, T.; JIAO, H.; ZHANG, Y.; ZHOU, Y.; CHEN, S.; WANG, X.; YANG, B.; SUN, J.; GENG, X.; AYHAN, D. H.; GUO, L. FoPGDB: a pangenome database of *Fusarium oxysporum*, a cross-kingdom fungal pathogen. **Database**, v. 2024, p. baae017, 27 mar. 2024. Disponivel em: <https://academic.oup.com/database/article/doi/10.1093/database/baae017/7636044>. Acesso em: 17 nov. 2025.

MUELLER, D. S. *et al.* Corn Yield Loss Estimates Due to Diseases in the United States and Ontario, Canada, from 2016 to 2019. **Plant Health Progress**, St. Paul, v. 21, n. 4, p. 238–247, 1 jan. 2020. Disponivel em: <https://doi.org/10.1094/PHP-05-20-0038-RS>. Acesso em: 12 dez. 2025.

NAVASCA, A.; SINGH, J.; RIVERA-VARAS, V.; GILL, U.; SECOR, G.; BALDWIN, T. Dispensable genome and segmental duplications drive the genome plasticity in *Fusarium solani*. **Frontiers in Fungal Biology**, Amsterdam, v. 6, p. 1432339, 5 fev. 2025. Disponivel em: <https://doi.org/10.3389/ffunb.2025.1432339>. Acesso em: 22 dez. 2025.

NGUYEN, Q. B.; KADOTANI, N.; KASAHARA, S.; TOSA, Y.; MAYAMA, S.; NAKAYASHIKI, H. Systematic functional analysis of calcium-signalling proteins in the genome of the rice-blast fungus, *Magnaporthe oryzae*, using a high-throughput RNA-silencing system. **Molecular Microbiology**, v. 68, n. 6, p. 1348–1365, jun. 2008. Disponivel em: <https://doi.org/10.1111%2Fj.1365-2958.2008.06242.x>. Acesso em: 12 nov. 2025.

NIKITIN, D. A.; IVANOVA, E. A.; SEMENOV, M. V.; ZHELEZOVA, A. D.; KSENOFONTOVA, N. A.; TKHAKAKHOVA, A. K.; KHOLODOV, V. A. Diversity,

Ecological Characteristics and Identification of Some Problematic Phytopathogenic Fusarium in Soil: A Review. **Diversity**, v. 15, n. 1, p. 49, 1 jan. 2023. Disponivel em: <https://doi.org/10.3390/d15010049>. Acesso em: 11 dez. 2025.

NILSSON, R. H. *et al.* The UNITE database for molecular identification of fungi: handling dark taxa and parallel taxonomic classifications. **Nucleic Acids Research**, v. 47, n. D1, p. D259–D264, 8 jan. 2019. Disponivel em: <https://doi.org/10.1093%2Fnar%2Fgky1022>. Acesso em: 17 nov. 2025.

QIN, J.; WANG, G.; JIANG, C.; XU, J.-R.; WANG, C. Fgk3 glycogen synthase kinase is important for development, pathogenesis and stress responses in *Fusarium graminearum*. **Scientific Reports**, v. 5, n. 1, p. 8504, 23 fev. 2015. Disponivel em: <https://doi.org/10.1038%2Fsrep08504>. Acesso em: 28 nov. 2025.

RAMPERSAD, S. Pathogenomics and Management of Fusarium Diseases in Plants. **Pathogens**, Basel, v. 9, n. 5, p. 340, 1 maio 2020. Disponivel em: <http://dx.doi.org/10.3390/pathogens9050340>. Acesso em: 29 dez. 2025.

REN, L.; HOU, Y.-P.; ZHU, Y.-Y.; ZHAO, F.-F.; DUAN, Y.-B.; WU, L.-Y.; DUAN, X.-X.; ZHANG, J.; ZHOU, M.-G. Validamycin A Enhances the Interaction Between Neutral Trehalase and 14-3-3 Protein Bmh1 in *Fusarium graminearum*. **Phytopathology®**, v. 112, n. 2, p. 290–298, fev. 2022. Disponivel em: <https://doi.org/10.1094%2FFPHYTO-05-21-0214-R>. Acesso em: 28 dez. 2025.

SÁENZ, V.; ALVAREZ-MORENO, C.; PAPE, P. L.; RESTREPO, S.; GUARRO, J.; RAMÍREZ, A. M. C. A One Health Perspective to Recognize Fusarium as Important in Clinical Practice. **Journal of Fungi**, v. 6, n. 4, p. 235, 20 out. 2020. Disponivel em: <http://dx.doi.org/10.3390/jof6040235>. Acesso em: 14 dez. 2025.

SMITS, T. H. M. The importance of genome sequence quality to microbial comparative genomics. **BMC Genomics**, London, v. 20, n. 1, p. 662, s12864- 019-6014–5, dez. 2019. Disponivel em: <https://doi.org/10.1186%2Fs12864-019-6014-5>. Acesso em: 17 dez. 2025.

STEFANOUDIS, P. V.; LICUANAN, W. Y.; MORRISON, T. H.; TALMA, S.; VEITAYAKI, J.; WOODALL, L. C. Turning the tide of parachute science. **Current Biology**, v. 31, n. 4, p. R184–R185, fev. 2021. Disponivel em: <https://doi.org/10.1016/j.cub.2021.01.029>. Acesso em: 17 dez. 2025.

STREIT, E.; NAEHRER, K.; RODRIGUES, I.; SCHATZMAYR, G. Mycotoxin occurrence in feed and feed raw materials worldwide: long-term analysis with special focus on Europe and Asia: Mycotoxin occurrence in feed and feed raw materials worldwide. **Journal of the Science of Food and Agriculture**, v. 93, n. 12, p. 2892–2899, set. 2013. Disponivel em: <https://doi.org/10.1002%2Fjsfa.6225>. Acesso em: 19 nov. 2025.

SUN, F.; LV, B.; ZHANG, X.; WANG, C.; ZHANG, L.; CHEN, X.; LIANG, Y.; CHEN, L.; ZOU, S.; DONG, H. The Endoplasmic Reticulum Cargo Receptor FgErv14 Regulates DON Production, Growth and Virulence in *Fusarium graminearum*. **Life**, v. 12, n. 6, p. 799, 27 maio 2022. Disponivel em: <https://doi.org/10.3390/life12060799>. Acesso em: 13 nov. 2025.

TADEI, N. S.; SILVA, N.; IWASE, C.; ROCHA, L. Fusarium mycotoxins in beer production: Characteristics, toxicity, incidence, legislation, and control strategies. **Scientia Agropecuaria**, v. 11, n. 2, p. 247–256, 8 jun. 2020. Disponivel em: <http://dx.doi.org/10.17268/sci.agropecu.2020.02.13>. Acesso em: 12 nov. 2025.

TERP, M.; NYITRAI, M.; RUSBJERG-WEBERSKOV, C. E.; SONDERGAARD, T. E.; LÜBECK, M. Gapless near Telomer-to-Telomer Assembly of *Neurospora intermedia*, *Aspergillus oryzae*, and *Trichoderma asperellum* from Nanopore Simplex Reads. **Journal of Fungi**, v. 11, n. 10, p. 701, 27 set. 2025. Disponivel em: <https://doi.org/10.3390/jof11100701>. Acesso em: 17 dez. 2025.

VALVERDE-BOGANTES, E.; BIANCHINI, A.; HERR, J. R.; ROSE, D. J.; WEGULO, S. N.; HALLEN-ADAMS, H. E. Recent population changes of Fusarium head blight pathogens: drivers and implications. **Canadian Journal of Plant Pathology**, v. 42, n. 3, p. 315–329, 2 jul. 2020. Disponivel em: <https://doi.org/10.1080/07060661.2019.1680442>. Acesso em: 12 nov. 2025.

XIA, R.; SCHAAFSMA, A. W.; WU, F.; HOOKER, D. C. Impact of the improvements in Fusarium head blight and agronomic management on economics of winter wheat. **World Mycotoxin Journal**, v. 13, n. 3, p. 423–440, 1 jul. 2020. Disponivel em: <https://doi.org/10.3920%2FWMJ2019.2518>. Acesso em: 14 dez. 2025.

ZHENG, W. *et al.* Retrograde trafficking from the endosome to the trans-Golgi network mediated by the retromer is required for fungal development and pathogenicity in *Fusarium graminearum*. **New Phytologist**, v. 210, n. 4, p. 1327–1343, jun. 2016. Disponivel em: <https://doi.org/10.1111%2Fnph.13867>. Acesso em: 14 nov. 2025.

APÊNDICE A

Artigo original

O gênero *Fusarium* sob a perspectiva da Saúde Única: Uma revisão narrativa

The Fusarium genus from a One Health perspective: A narrative review

Nícollas Emanuel Tolentino Melo^{1*} , Siomar de Castro Soares² , Mônica Hitomi Okura¹ , Mariângela Torreglosa Ruiz Cintra¹ 

Citação: Melo, N.; Soares, S.; Okura, M.; Cintra, M.; (2025). O gênero *Fusarium* sob a perspectiva da Saúde única: Uma revisão narrativa. *Revista Brasileira de Ciência, Tecnologia e Inovação*, 11, 15–30. <https://doi.org/10.18554/xxxxxxx>.

Recebido: 16 dez. 2025

Aceito: xx mar. 2026

Publicado: xx mar. 2026



Copyright: este é um artigo de acesso aberto distribuído sob os termos da Licença de atribuição Creative Commons, que permite uso irrestrito, distribuição, e reprodução em qualquer meio, desde que o autor original e a fonte sejam creditados.



1. Universidade Federal do Triângulo Mineiro , Programa de Mestrado Profissional em Inovações e Tecnologias, Uberaba (MG), Brasil.

2. Universidade Federal do Triângulo Mineiro , Programa de Pós-Graduação em Medicina Tropical e Infectologia, Uberaba (MG), Brasil.

* Autor correspondente: siomar.soares@uftm.edu.br

Resumo: O gênero *Fusarium* reúne fungos filamentosos de elevada plasticidade ecológica, atuando como saprófitas, fitopatógenos e agentes oportunistas em humanos e animais. Sua adaptabilidade e caráter trans-reino reforçam sua importância crítica para a saúde pública e o meio ambiente. Nesse contexto, objetivou-se discutir a relação desse microrganismo com a Saúde Única (One Health). Para isso, realizou-se uma revisão narrativa da literatura, analisando majoritariamente estudos entre 2015 e 2025. A análise apontou que o *Fusarium* impacta severamente a agricultura e a segurança alimentar via micotoxinas, além de causar infecções graves em animais e humanos. A virulência é agravada pela resistência aos antifúngicos azólicos, conectando o uso de defensivos agrícolas à falha terapêutica em pacientes. Conclui-se que o controle desse fungo exige ações multidisciplinares, validando a abordagem de Saúde Única como essencial para mitigar riscos à saúde global.

Palavras-chave: Fitopatogeno. Agricultura. Segurança Alimentar. Micotoxina. Resistência.

Abstract: The *Fusarium* genus comprises filamentous fungi with high ecological plasticity, acting as saprophytes, phytopathogens, and opportunistic agents in humans and animals. Their adaptability and trans-kingdom character reinforce their critical importance to public health and the environment. In this context, the objective was to discuss the relationship between this microorganism and One Health. To this end, a narrative review of the literature was conducted, analyzing mainly studies between 2015 and 2025. The analysis showed that *Fusarium* severely impacts agriculture and food security via mycotoxins, in addition to causing serious infections in animals and humans. Its virulence is aggravated by resistance to azole antifungals, linking the use of pesticides to therapeutic failure in patients. It is concluded that the control of this fungus requires multidisciplinary actions, validating the One Health approach as essential to mitigate global health risks.

Keywords: Plant pathogen. Agriculture. Food safety. Mycotoxin. Resistance.

1. Introdução

O gênero *Fusarium* representa um dos grupos de fungos filamentosos mais amplamente distribuídos e economicamente importantes no mundo (Wang, Wang e Sha, 2022). Disperso globalmente no solo e em substratos orgânicos, ele atua primariamente como saprófita, desempenhando um papel crucial na composição de matéria orgânica (Szaliński et al., 2021). No entanto, sua plasticidade ecológica permite que diversas espécies desse gênero atuem como patógenos oportunistas devastadores, capazes de infectar plantas, humanos e outros animais, o que lhes confere o status de patógeno trans-reino (Ma et al., 2013; Sáenz et al., 2020). Este termo é utilizado para definir um grupo de microrganismos capazes de ultrapassar barreiras filogenéticas distantes para infectar hospedeiros pertencentes aos reinos Plantae e Animalia, característica extremamente presente no gênero abordado (Navarro-Velasco et al., 2011; Sáenz et al., 2020).

A taxonomia de *Fusarium* é complexa e tem evoluído com o uso de ferramentas moleculares como o Multilocus Sequence Typing (MLST), técnica de fácil reprodução que sequencia múltiplos loci de genes conservados, nomeados como housekeeping, com o objetivo de detectar polimorfismos nucleotídicos e distinguir isolados com maior precisão, superando as limitações da identificação fenotípica. Dessa forma, atualmente percebeu-se que esse gênero é composto por complexos de espécies de difícil distinção morfológica que antes eram consideradas espécies únicas (Da Rosa et al., 2021; Dallé Da Rosa et al., 2018). Os mais prevalentes na prática clínica e na agricultura são o Complexo de Espécies *Fusarium solani* (FSSC) e o Complexo de Espécies *Fusarium oxysporum* (FOSC). O FSSC, por exemplo, é responsável pela maioria das infecções invasivas em humanos e animais, demonstrando uma adaptabilidade térmica e metabólica notável (Batista et al., 2020; Gleason, Allerstorfer e Lilje, 2020; Uemura et al., 2022). Já o FOSC se destaca pela presença de cromossomos acessórios que determinam a especificidade do hospedeiro, permitindo causar murcha vascular em mais de cem culturas agrícolas e ser a segunda etiologia mais frequente de fusariose em humanos (Batista et al., 2020; Ma et al., 2013; Meng et al., 2024; Sáenz et al., 2020).

Semelhante ao conceito de patógeno trans-reino, a Saúde Única conecta universos aparentemente distintos (Navarro-Velasco et al., 2011). O One Health é uma abordagem integrada que reconhece a interdependência fundamental entre a saúde humana, a saúde animal e os ecossistemas relacionados, promovendo uma colaboração multissetorial para enfrentar ameaças sanitárias complexas que, de forma direta ou indireta, impactam a saúde humana (Pettan-Brewer et al., 2021). Trata-se então de uma definição recente, porém crucial, visto a interconexão e a necessidade urgente de compreendermos a relação entre o equilíbrio dos ecossistemas e o comportamento humano (Sáenz et al., 2020).

Por fim, devido às características citadas e ao impacto gerado em diversos ecossistemas, entende-se que a abordagem da Saúde Única se faz necessária para estudar esse gênero de microrganismos. Este trabalho então tem como objetivo realizar uma revisão narrativa sobre o gênero de microrganismos *Fusarium* e compreender como ele pode se relacionar ao conceito de Saúde Única.

2. Métodos

Trata-se de uma pesquisa bibliográfica, fundamentada na análise crítica e reflexiva de estudos previamente conduzidos sobre o tema em questão. Esse tipo de abordagem permite a compilação e síntese de conhecimentos já existentes na literatura científica, fornecendo uma base sólida para entender a complexidade desse patógeno e como ele transita entre diferentes ecossistemas.

A revisão foi construída a partir de uma busca bibliográfica não sistemática no banco de dados PubMed (<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/>), motor de busca vinculado ao National Center for Biotechnology Information (NCBI). Para o levantamento foram utilizadas palavras-chave combinadas como: “*Fusarium*”, “One Health”, “pathogenicity”, “mycotoxins” e “fungicide resistance”.

Quanto aos critérios de inclusão, foram considerados artigos originais, revisões de literatura e relatos de caso publicados majoritariamente em inglês. O recorte temporal abrangeu principalmente os últimos 10 anos, de modo a garantir um panorama atualizado que vai desde a classificação das espécies até os problemas mais recentes de resistência. Por outro lado, foram excluídos trabalhos que fugiam do escopo ou que não traziam relevância direta para a discussão de Saúde Única.

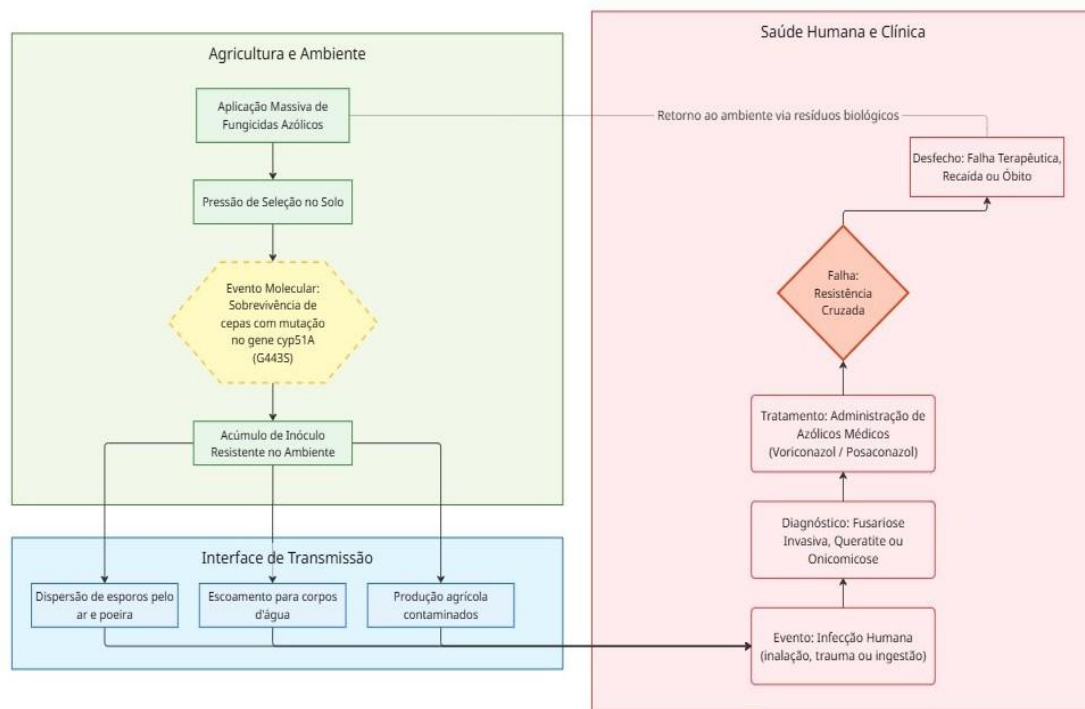
Dessa forma, a análise qualitativa permitiu compreender o cenário atual do gênero *Fusarium* e relacioná-lo com a Saúde Única, destacando a necessidade de novas estratégias de manejo. Para facilitar a visualização dos dados, as informações foram organizadas em tabelas e a dinâmica da resistência foi ilustrada em um fluxograma.

3. Resultados e Discussão

3.1 A perspectiva da Saúde Única

O conceito de Saúde Única refere-se a uma abordagem integrada que reconhece a interdependência entre a saúde humana, animal e ambiental, promovendo ações colaborativas entre múltiplas áreas, como medicina, veterinária, saúde pública, ecologia, antropologia, educação e outras profissões relacionadas ao cuidado comunitário (Brasil, 2024; Pettan-Brewer et al., 2021). Essa abordagem opera em diferentes escalas, do nível local ao global, permitindo soluções abrangentes e sustentáveis para desafios complexos de saúde (Pettan-Brewer et al., 2021).

O gênero *Fusarium* representa um exemplo evidente da necessidade dessa perspectiva, já que inclui microrganismos capazes de infectar plantas, animais e seres humanos, além de impactar diretamente o ambiente (Sáenz et al., 2020). No contexto agrícola, o uso intensivo de fungicidas especialmente os azóis exerce pressão seletiva que favorece o surgimento de cepas resistentes. Como o mesmo grupo de compostos é utilizado na medicina humana, a resistência desenvolvida no campo pode chegar ao ambiente clínico, comprometendo o tratamento de infecções fúngicas (Batista et al., 2020; Sáenz et al., 2020), como demonstrado no fluxograma da Figura 1.

Figura 1Ciclo de Transmissão e Resistência Cruzada de *Fusarium*.

Fonte: Elaborado pelo autor (2025).

Do ponto de vista ambiental, o solo e a água funcionam como importantes reservatórios do fungo. Esporos provenientes de solos agrícolas perturbados podem ser carreados para rios e oceanos, atingindo ecossistemas marinhos e afetando organismos como tartarugas-marinhas. Desse modo, a fusariose nos ovos desses animais evidencia como práticas agrícolas terrestres se conectam diretamente à saúde da vida selvagem e ao equilíbrio ambiental (Gleason, Allerstorfer e Lilje, 2020).

A biologia de *Fusarium* também destaca sua capacidade de transitar entre diferentes hospedeiros, incluindo plantas, insetos e mamíferos (Navarro-Velasco et al., 2011). Estudos indicam que muitos genes de virulência necessários para infectar plantas ou insetos são os mesmos utilizados para causar doença em humanos, sugerindo que o ambiente funciona como uma “escola” evolutiva para o desenvolvimento da patogenicidade (Sáenz et al., 2020).

Em ambientes hospitalares, sistemas de água e ar podem atuar como fontes de infecção, especialmente em pacientes imunocomprometidos, o que reforça a importância do monitoramento ambiental em unidades de saúde (Sáenz et al., 2020). No setor animal, fusarioses também impactam populações vulneráveis, contribuindo para desequilíbrios ecológicos e riscos à biodiversidade (Gleason, Allerstorfer e Lilje, 2020).

Assim, o controle de infecções por *Fusarium* não pode ser abordado isoladamente por setores clínicos ou agrônômicos. A detecção em culturas agrícolas, o monitoramento da saúde da vida selvagem, a vigilância ambiental e o diagnóstico rápido em humanos são dimensões interligadas de um mesmo problema. A abordagem de Saúde Única é, portanto, essencial para enfrentar os

desafios impostos por esse fungo versátil, protegendo a saúde pública, a economia e os ecossistemas (Sáenz et al., 2020).

3.2 Impacto na Agricultura: A ameaça global às culturas vegetais

Na agricultura, o gênero *Fusarium* se relaciona com perdas econômicas consideráveis (Wang, Wang e Sha, 2022). A infecção ocorre por meio da penetração desses microrganismos nas plantas, principalmente pelas raízes, colonizando o xilema e bloqueando o transporte de água, o que leva à murcha vascular, clorose e morte (Pegg et al., 2019).

A Doença da Murcha do Café (CWD), por exemplo, causada por *Fusarium xylarioides*, desenvolve o microrganismo nas raízes e coloniza os feixes vasculares, bloqueando o transporte de nutrientes e levando a planta a morte. Esta doença foi capaz de devastar plantações na África subsaariana. Zhang, X. et al., 2023 mostraram que populações específicas do fungo se adaptaram a diferentes temperaturas para infectar variedades distintas de café, como o arábica (cultivado em altitudes elevadas e fria) e o robusta (adaptado a terras baixas e quentes), sugerindo que as mudanças climáticas podem alterar a distribuição da doença.

Além disso o impacto se estende a outras culturas como a do abacaxi, onde o *F. solani* provoca o surgimento de manchas amarelas que evoluem para grandes lesões necróticas marrons nas pontas das folhas basais (Zhang et al., 2023). Já em cereais, o *F. tricinctum* causa a queda da espiga (*Fusarium* head Blight) através da produção de micotoxinas fitotóxicas, como as enniatinas e a moniliformina, onde a primeira atua como ionóforos integrando-se às membranas celulares para formar canais catiônicos, e a segunda, inibe sistemas enzimáticos dependentes de tiamina pirofosfato, resultando em necrose, murcha e comprometimento da qualidade dos grãos (Wang, Wang e Sha, 2022). Um ponto crucial é que a mesma espécie de fungo é capaz de infectar múltiplos hospedeiros. Armer et al., (2024) reuniu trabalhos que demonstram essa capacidade, e dentre as espécies destaca-se o *F. oxysporum*, agente etiológico de doenças em bananeiras, cana de açúcar, feijão, lentilha, batata, tomate e pimenta, além de toda a família Curcubitaceae, composta por frutas como pepinos, melões e abóboras. Isso gera um grande problema, pois dificulta a alternância de plantio entre essas culturas, além de o tratamento na plantação ser capaz de produzir uma cepa resistente que permanecerá no solo, afetando outras próximas cultivadas no local (Batista et al., 2020; Chen et al., 2021).

O controle da fusariose na agricultura é feito principalmente por meio da administração de compostos azóis, moléculas capazes de promover instabilidade na membrana celular por sua ação na biossíntese de ergosterol (Moonjely et al., 2023). Tal molécula também é utilizada no tratamento humano, o que traz preocupações quanto a resistências provocadas na agricultura (Sáenz et al., 2020).

3.3 Patogenicidade em Humanos e Animais: De infecções superficiais a sistêmicas

A capacidade do gênero *Fusarium* de infectar hospedeiros vertebrados e invertebrados destaca sua virulência generalista. Armer et al., (2024) também trouxeram essa observação em seu estudo, demonstrando como, assim como

nas plantas, diversos microrganismos são capazes de infectar um único hospedeiro, além de um único microrganismo infectar hospedeiros distintos. Em animais o fungo é uma ameaça emergente para a vida marinha e terrestre. Um exemplo crítico é a Fusariose dos Ovos de Tartaruga Marinha (Sea Turtle Fusariosis - SEFT), causada por espécies do complexo *Fusarium solani* (*Fusarium falciforme* e *Fusarium keratoplasticum*). Esses fungos penetram a casca dos ovos, digerem os tecidos embrionários e, conseqüentemente, causam altas taxas de mortalidade em espécies ameaçadas em todo o mundo (Gleason, Allerstorfer e Lilje, 2020). Além disso, infecções sistêmicas e no exoesqueleto foram relatadas em caranguejos-ferradura (*Limulus polyphemus*) e dermatites micóticas em mamíferos marinhos. Quando observado em animais terrestres, o cavalo chama a atenção, pois a ingestão do milho contaminado com micotoxinas, especialmente fumosinas, causa a leucoencefalomalácia equina, doença neurodegenerativa fatal (Evans et al., 2004; Tuxbury et al., 2014).

Em outros animais terrestres o gênero atua como um entomopatógeno letal. Estudos utilizando a traça-da-cera (*Galleria mellonella*) demonstram que o fungo é capaz de penetrar a cutícula do inseto, proliferar na hemolinfa e superar a resposta imune inata mediada por hemócitos, levando o hospedeiro à morte através da liberação de toxinas e invasão tecidual (Navarro-Velasco et al., 2011; Sharma e Marques, 2018). Essa interação possui uma grande relevância translacional, pois os genes de virulência necessários para matar o inseto frequentemente se assemelham aos utilizados para infectar mamíferos, o que indica mecanismos patogênicos conservados que justificam o uso desses modelos no estudo da doença humana (Navarro-Velasco et al., 2011).

Entre os animais domésticos, apesar de menos frequente que em humanos, a infecção pode assumir formas neurológicas graves e de difícil diagnóstico. Foi documentado, por exemplo, um caso de meningoencefalite fúngica fatal em um cão causado por *Fusarium solani*, que foi confundido com outras patologias do sistema nervoso central ao apresentar sintomas específicos como convulsões generalizadas e síndrome vestibular (Evans et al., 2004). A complexidade desse cenário ocorre na dificuldade de distinção histopatológica entre *Fusarium* e outros fungos oportunistas comuns, como *Aspergillus*, dessa forma exigindo técnicas moleculares ou de imuno-histoquímicas precisas para identificação correta do agente patogênico (Evans et al., 2004).

As infecções humanas variam de manifestações superficiais a quadros sistêmicos graves. Estima-se que cerca de dez espécies sejam patogênicas para humanos, incluindo *Fusarium solani*, *Fusarium oxysporum*, *Fusarium fujikuroi*, *Fusarium incarnatum-equiseti*, *Fusarium chlamydosporum*, *Fusarium dimerum*, *Fusarium sambucinum*, *Fusarium concolor* e *Fusarium lateritium*, sendo que aproximadamente 40–60% das infecções são atribuídas ao complexo *F. solani*, 20% ao *F. oxysporum* e 10% aos complexos *F. fujikuroi* e *F. moniliforme* (Batista et al., 2020).

As manifestações clínicas podem ser dermatológicas e cutâneas, mas também ocorrerem de forma sistêmica, afetando corrente sanguínea, ossos e cérebro, especialmente em pacientes hematológicos e imunocomprometidos, como indivíduos com neutropenia ou receptores de transplante (Batista et al., 2020; Da Rosa et al., 2021; Evans et al., 2004). Nesses casos, o fungo pode causar fusariose invasiva, uma condição de alta mortalidade caracterizada pela disseminação hematogênica e pela proliferação em múltiplos órgãos. O quadro

clínico costuma envolver febre persistente, lesões cutâneas e rápida deterioração do estado geral (Batista et al., 2020).

Se tratando de infecções superficiais a onicomicose é a mais comum, frequentemente associada a fatores como imunossupressão, diabetes, obesidade e traumatismos. Ela compromete parcial ou totalmente o aparelho ungueal (unhas), que perde a coloração e pode apresentar inflamação, inchaço e secreção (Uemura et al., 2022). Já a ceratite fúngica (ou queratite por *Fusarium*) é uma condição oftalmológica considerada uma emergência devido à sua rápida progressão e difícil manejo terapêutico. É mais prevalente em regiões tropicais e subtropicais e costuma estar relacionada ao contato com detritos vegetais, uso de lentes de contato, cirurgias oculares, doenças prévias da córnea ou uso excessivo de esteroides (Szaliński et al., 2021). Entre 55% e 65% dos casos estão associados a trauma ocular com matéria vegetal, especialmente em trabalhadores agrícolas expostos a ambientes quentes e úmidos que favorecem o crescimento do fungo, contexto recorrente em países tropicais (Cintra et al., 2024).

O tratamento dessas infecções é desafiador e marcado por altas taxas de recaída. Na onicomicose, utilizam-se medicamentos sistêmicos como itraconazol e terbinafina, embora a recorrência seja frequente (Uemura et al., 2022). Na ceratite, a penetração limitada dos antifúngicos nos tecidos oculares reduz a eficácia terapêutica, sendo a natamicina tópica o tratamento padrão, muitas vezes associada à anfotericina B ou ao voriconazol (Szaliński et al., 2021). Para infecções disseminadas, recorre-se a voriconazol, posaconazol, anfotericina B e, em alguns casos, desbridamento cirúrgico (Batista et al., 2020).

Mais uma vez é importante destacar que vários antifúngicos empregados na medicina humana são estruturalmente semelhantes aos utilizados na agricultura (Chen et al., 2021). Essa proximidade pode favorecer a seleção de cepas resistentes em múltiplos ambientes agrícolas, animais e humanos e representa um risco crescente para o controle das infecções por *Fusarium* no contexto de Saúde Única (Sáenz et al., 2020).

3.4 Mecanismos de Ação e Micotoxicidade

A patogenicidade de *Fusarium* não se limita à invasão física dos tecidos em humanos, animais e plantas: o gênero também é capaz de produzir uma ampla variedade de metabólitos secundários tóxicos (Ekwomadu, Akinola e Mwanza, 2021). Essas substâncias representam um risco significativo à saúde humana e animal, além de comprometerem a segurança alimentar em escala global (Streit et al., 2013).

As micotoxinas mais comuns associadas a espécies de *Fusarium* incluem tricotecenos, fumonisinas, zearalenonas, deoxynivalenol (DON), nivalenol e toxina T-2. Esses compostos possuem efeitos mutagênicos, carcinogênicos, hemorrágicos, neurotóxicos, estrogênicos e hepatotóxicos, estando também relacionados à má formação embrionária e à imunossupressão, assim como demonstrado no Quadro 1 (Adaptado de Ekwomadu, Akinola e Mwanza, 2021). Algumas espécies, como *Fusarium tricinctum*, sintetizam enniatinas (ENs) e moniliformina (MON). Os efeitos tóxicos dessas moléculas são bem conhecidos: as enniatinas funcionam como ionóforos, rompendo gradientes iônicos e causando morte celular por necrose, enquanto a moniliformina bloqueia enzimas dependentes de tiamina pirofosfato, prejudica o metabolismo

energético das mitocôndrias, o que pode provocar danos cardíacos (Wang, Wang e Sha, 2022).

Quadro 1

Micotoxinas Presentes no Gênero *Fusarium*.

Nome da Micotoxina	Espécies Produtoras	Mecanismo de Ação	Efeitos em Saúde (Humanos e Animais)	Fonte
Tricotecenos (Geral)	Diversas espécies, incluindo <i>F. graminearum</i> , <i>F. culmorum</i> , <i>F. poae</i> , <i>F. sporotrichioides</i> , <i>F. langsethiae</i> .	Potentes inibidores da síntese proteica eucariótica, interferindo nas etapas de terminação, alongamento e iniciação.	Causam doenças agudas/crônicas, vômitos, náuseas, perda de peso, distúrbios sanguíneos, imunossupressão e distúrbios do sistema nervoso.	Ekwomadu, Akinola e Mwanza, 2021; Moonjely <i>et al.</i> , 2023; Tadei <i>et al.</i> , 2020
Fumonisin (FB1, FB2)	Principalmente <i>F. verticillioides</i> e membros do complexo <i>F. fujikuroi</i> (FFSC).	Perturbam o metabolismo dos esfingolipídios e o desenvolvimento do tubo neural.	Causam leucoencefalomalácia (LEME) em equinos e edema pulmonar em suínos. Associadas a câncer de esôfago em humanos e má formação do tubo neural em gestantes. São carcinogênicas e hepatotóxicas.	Ekwomadu, Akinola e Mwanza, 2021; Tadei <i>et al.</i> , 2020
Zearalenona (ZEA)	<i>F. graminearum</i> ; <i>Fusarium sp.</i>	Atua como micoestrogênio.	Causa síndrome da feminização em suínos e desenvolvimento sexual precoce em humanos. Associada a risco de câncer de mama em humanos.	Armer <i>et al.</i> , 2024; Ekwomadu, Akinola e Mwanza, 2021; Tadei <i>et al.</i> , 2020
Moniliformina (MON)	Complexo de espécies <i>F. fujikuroi</i> (FFSC).	Inibe sistemas enzimáticos e gliconeogênese, especificamente o complexo da piruvato desidrogenase.	Associada à cardiotoxicidade aguda em frangos de corte. Representa uma ameaça à saúde humana e segurança alimentar.	Tadei <i>et al.</i> , 2020; Wang, Wang e Sha, 2022
Enniatinas (ENNs) (A, A1, B, B1)	Membros do complexo <i>F. tricinctum</i> (FTSC); Complexo <i>F. fujikuroi</i> (FFSC).	Peptídeos não-ribossomais (NPR) / Ciclopeptídeos.	Micotoxinas emergentes. Possuem potencial antimicrobiano. Risco à saúde humana (em produtos de tomate).	Batista, Abegg e Campos, 2022; Ekwomadu, Akinola e Mwanza, 2021; Ji <i>et al.</i> , 2023
Beauvericina (BEA)	<i>Fusarium sp.</i> ; Complexo <i>F. fujikuroi</i> (FFSC).	Peptídeo não-ribossomal (NPR).	Micotoxina emergente. Possui potencial antibacteriano (ex: contra <i>Staphylococcus aureus</i> e <i>Escherichia coli</i>). Risco à saúde humana (em produtos de tomate).	Batista, Abegg e Campos, 2022; Ekwomadu, Akinola e Mwanza, 2021; Ji <i>et al.</i> , 2023; Tadei <i>et al.</i> , 2020
Fusapironas (e derivados)	<i>F. semitectum</i> ; <i>Fusarium sp.</i>	Derivados de 2-pirona (α -pirona).	Atividade antifúngica forte contra fitopatógenos como <i>Botrytis cinerea</i> e <i>Geotrichum candidum</i> . Desoxifusapirona foi classificada como um novo antifúngico.	Batista, Abegg e Campos, 2022
Ácido Fusárico (FA)	<i>F. oxysporum</i> ; Complexo <i>F. fujikuroi</i> (FFSC).	Ligante metálico (ácido tetrâmico).	Atividade antibacteriana (fraca a forte) contra bactérias como <i>Bacillus mojavensis</i> e <i>Mycobacterium tuberculosis</i> . Associado à virulência fitopatogênica.	Armer <i>et al.</i> , 2024; Batista, Abegg e Campos, 2022; Tadei <i>et al.</i> , 2020

Fonte: Adaptado de Ekwomadu, Akinola e Mwanza, 2021.

Por se desenvolverem frequentemente em plantas comestíveis, as micotoxinas produzidas por *Fusarium* contaminam uma ampla variedade de

alimentos destinados tanto ao consumo humano quanto à nutrição animal (Ekwomadu, Akinola e Mwanza, 2021). Grãos e matérias-primas agrícolas são as mais afetadas, e o acondicionamento inadequado favorece ainda mais o crescimento do fungo e a produção de toxinas. Estudos de Streit et al., (2013) demonstram a amplitude desse problema: ao analisar 17.316 amostras de ração animal coletadas na Europa e na Ásia, o grupo de pesquisadores identificaram múltiplas micotoxinas, mais especificamente 72% das amostras continham pelo menos um contaminante, já 38% apresentavam dois ou mais.

Esses dados evidenciam que as micotoxinas de *Fusarium* representam uma ameaça relevante à saúde pública e à produtividade agropecuária, exigindo medidas contínuas de monitoramento e controle ao longo de toda a cadeia alimentar (Ekwomadu, Akinola e Mwanza, 2021).

3.5 Resistência: o problema chave

Estas espécies apresentam resistência primária e secundária a uma ampla gama de agentes antifúngicos, incluindo azóis, equinocandinas e polienos (Batista et al., 2020). A resistência primária corresponde à capacidade inata do microrganismo de tolerar determinados compostos, enquanto a resistência secundária emerge após a exposição aos antifúngicos. Essa resistência adquirida tem sido observada principalmente em resposta aos azóis, tanto no ambiente clínico quanto agrícola (Chen et al., 2021).

Um dos mecanismos mais estudados envolve a presença de múltiplos genes parálogos da família CYP51 (CYP51A, CYP51B e CYP 51C), alvo dos azóis. A expressão elevada desses genes em espécies como *F. graminearum* e *F. keratoplasticum* está diretamente associada ao aumento de suas resistências (Chen et al., 2021). Além disso, tratamentos com anfotericina B e posaconazol provocaram a regulação diferencial de genes relacionados à resistência antifúngica em *F. oxysporum* e *F. solani* (Batista et al., 2020). Em nível genético, Zhao et al., (2022) demonstraram que a alteração de um único nucleotídeo em *F. graminearum* foi suficiente para reduzir a sensibilidade a antifúngicos inibidores da biossíntese de ergosterol, diminuindo a reprodução sexual e a virulência, mas aumentando a esporulação, o que, paradoxalmente, intensifica o ciclo da doença.

No contexto agrícola, a diminuição da sensibilidade a metconazol e tebuconazol em cepas de *F. graminearum* evidencia que tratamentos combinados nem sempre são eficazes para conter a resistência (Anderson et al., 2020; Chen et al., 2021).

Além da resistência molecular, o gênero de microrganismos *Fusarium* também exibem fatores adicionais que aumentam sua virulência e dificultam o tratamento. Estes microrganismos apresentam capacidade intrínseca de formar biofilmes em tecidos vegetais, dispositivos médicos como lentes de contato e em tecidos humanos, especialmente na córnea. A formação desse biofilme confere uma barreira física e metabólica que reduz significativamente a eficácia de antifúngicos como natamicina e voriconazol, agravando o desafio terapêutico (Ratitong e Pearlman, 2021; Szaliński et al., 2021). Complementarmente, a produção de enzimas extracelulares, como proteases e fosfolipases, facilita a invasão tecidual e contribui para o agravamento das infecções (Gleason, Allerstorfer e Lilje, 2020; Ratitong e Pearlman, 2021; Szaliński et al., 2021).

Assim, a combinação entre resistência antifúngica, formação de biofilme e produção de enzimas degradativas torna microrganismos desse gênero patógenos de alta complexidade, com impacto direto na saúde humana, animal e vegetal e evidencia como a abordagem da Saúde Única se torna necessária no contexto desses microrganismos (Sáenz et al., 2020).

4. Conclusão

Por conta de sua capacidade de infectar uma vasta gama de hospedeiros, o gênero *Fusarium* demonstra a necessidade crítica da abordagem de Saúde Única para conectar a saúde humana, animal e ambiental. A exposição contínua a antifúngicos azólicos na agricultura impulsiona a seleção de cepas resistentes, comprometendo o tratamento de infecções humanas como onicomicose e ceratite, e elevando as taxas de recaída clínica, ao passo que a contaminação por micotoxinas ameaça a segurança alimentar global. Assim, o controle eficaz da fusariose não pode ocorrer de forma isolada, ele exige uma vigilância multidisciplinar que integre o monitoramento agrícola, a saúde da vida selvagem e o diagnóstico clínico para diminuir os riscos de resistência antimicrobiana e proteger a biodiversidade e a saúde pública.

Referências

- ANDERSON, N. R. et al. Sensitivity of *Fusarium graminearum* to Metconazole and Tebuconazole Fungicides Before and After Widespread Use in Wheat in the United States. *Plant Health Progress*, v. 21, n. 2, p. 85–90, 1 jan. 2020.
- ARMER, V. J.; KROLL, E.; DARINO, M.; SMITH, D. P.; URBAN, M.; HAMMOND-KOSACK, K. E. Navigating the *Fusarium* species complex: Host-range plasticity and genome variations. *Fungal Biology*, p. S1878614624000886, jul. 2024.
- BATISTA, B. G.; CHAVES, M. A. D.; REGINATTO, P.; SARAIVA, O. J.; FUENTEFRIA, A. M. Human fusariosis: An emerging infection that is difficult to treat. *Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical*, v. 53, p. e20200013, 2020.
- BATISTA, G. R.; ABEGG, M. A.; CAMPOS, R. Metabólitos fúngicos com potencial antimicrobiano isolados e caracterizados produzidos por gênero *Fusarium*: uma revisão sistemática da literatura. *Research, Society and Development*, v. 11, n. 9, p. e6711931513, 3 jul. 2022.
- BRASIL. Uma Só Saúde. O que é a Uma Só Saúde. Disponível em: <https://www.gov.br/saude/pt-br/assuntos/saude-de-a-a-z/u/uma-so-saude#:~:text=O%20que%20é%20uma%20só,%2C%20animal%2C%20vegetal%20e%20ambiental>. Acesso em: 15 out. 2024.
- CHEN, J.; WEI, J.; FU, L.; WANG, S.; LIU, J.; GUO, Q.; JIANG, J.; TIAN, Y.; CHE, Z.; CHEN, G.; LIU, S. Tebuconazole resistance of *Fusarium graminearum* field populations from wheat in Henan Province. *Journal of Phytopathology*, v. 169, n. 9, p. 525–532, set. 2021.
- CINTRA, M. E. C.; DA SILVA DANTAS, M.; AL-HATMI, A. M. S.; BASTOS, R. W.; ROSSATO, L. *Fusarium* Keratitis: A Systematic Review (1969 to 2023). *Mycopathologia*, v. 189, n. 5, p. 74, out. 2024.
- DA ROSA, P. D.; AQUINO, V.; FUENTEFRIA, A. M.; GOLDANI, L. Z. Diversity of *Fusarium* species causing invasive and disseminated infections. *Journal of Medical Mycology*, v. 31, n. 3, p. 101137, set. 2021.
- DALLÉ DA ROSA, P.; NUNES, A.; BORGES, R.; BATISTA, B.; MENEGHELLO FUENTEFRIA, A.; GOLDANI, L. Z. In vitro susceptibility and multilocus sequence typing of *Fusarium* isolates causing keratitis. *Journal de Mycologie Médicale*, v. 28, n. 3, p. 482–485, set. 2018.
- EKWOMADU, T. I.; AKINOLA, S. A.; MWANZA, M. *Fusarium* Mycotoxins, Their Metabolites (Free, Emerging, and Masked), Food Safety Concerns, and Health Impacts. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, v. 18, n. 22, p. 11741, 9 nov. 2021.

EVANS, J.; LEVESQUE, D.; DE LAHUNTA, A.; JENSEN, H. E. Intracranial Fusariosis: A Novel Cause of Fungal Meningoencephalitis in a Dog. *Veterinary Pathology*, v. 41, n. 5, p. 510–514, set. 2004.

GLEASON, F. H.; ALLERSTORFER, M.; LILJE, O. Newly emerging diseases of marine turtles, especially sea turtle egg fusariosis (SEFT), caused by species in the *Fusarium solani* complex (FSSC). *Mycology*, v. 11, n. 3, p. 184–194, 2 jul. 2020.

JI, X.; DENG, T.; XIAO, Y.; JIN, C.; LYU, W.; WU, Z.; WANG, W.; WANG, X.; HE, Q.; YANG, H. Emerging *Alternaria* and *Fusarium* mycotoxins in tomatoes and derived tomato products from the China market: Occurrence, methods of determination, and risk evaluation. *Food Control*, v. 145, p. 109464, mar. 2023.

MA, L.-J.; GEISER, D. M.; PROCTOR, R. H.; ROONEY, A. P.; O'DONNELL, K.; TRAIL, F.; GARDINER, D. M.; MANNERS, J. M.; KAZAN, K. *Fusarium* Pathogenomics. *Annual Review of Microbiology*, v. 67, n. 1, p. 399–416, 8 set. 2013.

MENG, T.; JIAO, H.; ZHANG, Y.; ZHOU, Y.; CHEN, S.; WANG, X.; YANG, B.; SUN, J.; GENG, X.; AYHAN, D. H.; GUO, L. FoPGDB: a pangenome database of *Fusarium oxysporum*, a cross-kingdom fungal pathogen. *Database*, v. 2024, p. baae017, 27 mar. 2024.

MOONJELY, S.; EBERT, M.; PATON-GLASSBROOK, D.; NOEL, Z. A.; ROZE, L.; SHAY, R.; WATKINS, T.; TRAIL, F. Update on the state of research to manage *Fusarium* head blight. *Fungal Genetics and Biology*, v. 169, p. 103829, dez. 2023.

NAVARRO-VELASCO, G. Y.; PRADOS-ROSALES, R. C.; ORTÍZ-URQUIZA, A.; QUESADA-MORAGA, E.; DI PIETRO, A. *Galleria mellonella* as model host for the trans-kingdom pathogen *Fusarium oxysporum*. *Fungal Genetics and Biology*, v. 48, n. 12, p. 1124–1129, dez. 2011.

PEGG, K. G.; COATES, L. M.; O'NEILL, W. T.; TURNER, D. W. The Epidemiology of *Fusarium* Wilt of Banana. *Frontiers in Plant Science*, v. 10, p. 1395, 20 dez. 2019.

PETTAN-BREWER, C. et al. From the Approach to the Concept: One Health in Latin America-Experiences and Perspectives in Brazil, Chile, and Colombia. *Frontiers in Public Health*, v. 9, p. 687110, 14 set. 2021.

RATITONG, B.; PEARLMAN, E. Pathogenic *Aspergillus* and *Fusarium* as important causes of blinding corneal infections — the role of neutrophils in fungal killing, tissue damage and cytokine production. *Current Opinion in Microbiology*, v. 63, p. 195–203, out. 2021.

SÁENZ, V.; ALVAREZ-MORENO, C.; PAPE, P. L.; RESTREPO, S.; GUARRO, J.; RAMÍREZ, A. M. C. A One Health Perspective to Recognize *Fusarium* as Important in Clinical Practice. *Journal of Fungi*, v. 6, n. 4, p. 235, 20 out. 2020.

SHARMA, L.; MARQUES, G. *Fusarium*, an Entomopathogen—A Myth or Reality? Pathogens, v. 7, n. 4, p. 93, 28 nov. 2018.

STREIT, E.; NAEHRER, K.; RODRIGUES, I.; SCHATZMAYR, G. Mycotoxin occurrence in feed and feed raw materials worldwide: long-term analysis with special focus on Europe and Asia: Mycotoxin occurrence in feed and feed raw materials worldwide. Journal of the Science of Food and Agriculture, v. 93, n. 12, p. 2892–2899, set. 2013.

SZALIŃSKI, M.; ZGRYŹNIAK, A.; RUBISZ, I.; GAJDZIS, M.; KACZMAREK, R.; PRZEŹDZIECKA-DOŁYK, J. *Fusarium* Keratitis—Review of Current Treatment Possibilities. Journal of Clinical Medicine, v. 10, n. 23, p. 5468, 23 nov. 2021.

TADEI, N. S.; SILVA, N.; IWASE, C.; ROCHA, L. *Fusarium* mycotoxins in beer production: Characteristics, toxicity, incidence, legislation, and control strategies. Scientia Agropecuaria, v. 11, n. 2, p. 247–256, 8 jun. 2020.

TUXBURY, K.; SHAW, G.; MONTALI, R.; CLAYTON, L.; KWIATKOWSKI, N.; DYKSTRA, M.; MANKOWSKI, J. *Fusarium solani* species complex associated with carapace lesions and branchitis in captive American horseshoe crabs *Limulus polyphemus*. Diseases of Aquatic Organisms, v. 109, n. 3, p. 223–230, 3 jul. 2014.

UEMURA, E. V. G.; BARBOSA, M. D. S.; SIMIONATTO, S.; AL-HARRASI, A.; AL-HATMI, A. M. S.; ROSSATO, L. Onychomycosis Caused by *Fusarium* Species. Journal of Fungi, v. 8, n. 4, p. 360, 31 mar. 2022.

WANG, Y.; WANG, R.; SHA, Y. Distribution, pathogenicity and disease control of *Fusarium tricinctum*. Frontiers in Microbiology, v. 13, p. 939927, 26 jul. 2022.

ZHANG, X.; PECK, L. D.; FLOOD, J.; RYAN, M. J.; BARRACLOUGH, T. G. Temperature contributes to host specialization of coffee wilt disease (*Fusarium xylarioides*) on arabica and robusta coffee crops. Scientific Reports, v. 13, n. 1, p. 9327, 8 jun. 2023.

ZHAO, H.; TAO, X.; SONG, W.; XU, H.; LI, M.; CAI, Y.; WANG, J.; DUAN, Y.; ZHOU, M. Mechanism of *Fusarium graminearum* Resistance to Ergosterol Biosynthesis Inhibitors: G443S Substitution of the Drug Target FgCYP51A. Journal of Agricultural and Food Chemistry, v. 70, n. 6, p. 1788–1798, 16 fev. 2022.