

UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA
INSTITUTO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS – ICIAG

CLAUDIA FABBRIS

**Diversidade e Distribuição Espacial de Fungos Fitopatogênicos como agentes de controle
biológico ao capim pé-de-galinha (*Eleusine indica*)**

Monte Carmelo – MG

2024

CLAUDIA FABBRIS

Diversidade e Distribuição Espacial de Fungos Fitopatogênicos como agentes de controle biológico ao capim pé-de-galinha (*Eleusine indica*)

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Agricultura e Informações Geoespaciais da Universidade Federal de Uberlândia, *Campus* Monte Carmelo, como parte das exigências para obtenção do título de Mestre.

Área de Concentração: Informações geoespaciais e tecnologias aplicadas à produção agrícola

Orientador:
Prof. Dr. Bruno Sérgio Vieira

Monte Carmelo – MG

2024

Ficha Catalográfica Online do Sistema de Bibliotecas da UFU
com dados informados pelo(a) próprio(a) autor(a).

F113
2025

Fabbris, Claudia, 1999-
Diversidade e distribuição espacial de fungos
fitopatogênicos como agentes de controle biológico ao
capim pé-de-galinha (*Eleusine indica*) [recurso
eletrônico] / Claudia Fabbris. - 2025.

Orientador: Bruno Sérgio Vieira.
Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de
Uberlândia, Pós-graduação em Agricultura e Informações
Geoespaciais.

Modo de acesso: Internet.

Disponível em: <http://doi.org/10.14393/ufu.di.2025.126>

Inclui bibliografia.

1. Agronomia. I. Vieira, Bruno Sérgio, 1978-,
(Orient.). II. Universidade Federal de Uberlândia. Pós-
graduação em Agricultura e Informações Geoespaciais.
III. Título.

CDU: 631

Bibliotecários responsáveis pela estrutura de acordo com o AACR2:

Gizele Cristine Nunes do Couto - CRB6/2091
Nelson Marcos Ferreira - CRB6/3074



UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA
Coordenação do Programa de Pós-Graduação em Agricultura e Informações
Geoespaciais
Rodovia LMG 746, Km 01, s/nº, Bloco 1AMC, Sala 1A202, Monte Carmelo-MG, CEP 38.500-000
Telefone: (34) 3810-1033 - ppgaig@iciag.ufu.br



ATA DE DEFESA - PÓS-GRADUAÇÃO

Programa de Pós-Graduação em:	Agricultura e Informações Geoespaciais				
Defesa de:	Dissertação de Mestrado Acadêmico				
Data:	27/02/2025	Hora de início:	8:00 h	Hora de encerramento:	11:50 h
Matrícula do Discente:	32312AIG006				
Nome do Discente:	Claudia Fabbris				
Título do Trabalho:	Diversidade e Distribuição Espacial de Fungos Fitopatogênicos como agentes de controle biológico para o capim pé-de-galinha (<i>Eleusine indica</i>)				
Área de concentração:	Informações geoespaciais e tecnologias aplicadas à produção agrícola				
Linha de pesquisa:	Sistemas Integrados de Produção Vegetal				
Projeto de Pesquisa:	Controle biológico de doenças de plantas e de plantas daninhas: prospecção e análise de distribuição espacial de antagonistas				

Reuniu-se na sala virtual <https://meet.google.com/maw-aqqj-wve>, a banca examinadora, designada pelo Colegiado do Programa de Pós-graduação em Agricultura e Informações Geoespaciais, assim composta: Prof. Bruno Sérgio Vieira (Presidente - Universidade Federal de Uberlândia, Campus de Monte Carmelo), Dra. Marcia Ferreira Queiroz (Biolatus Agrosience) e Dr. Bruno Wesley Ferreira (Agrobiológica Sustentabilidade S.A.). Iniciando os trabalhos o presidente da mesa, Dr. Bruno Sérgio Vieira, apresentou a Comissão Examinadora e o candidato, agradeceu a presença do público, e concedeu ao discente a palavra para a exposição do seu trabalho. A duração da apresentação da discente e o tempo de arguição e resposta foram conforme as normas do Programa.

A seguir o senhor presidente concedeu a palavra, pela ordem sucessivamente, aos examinadores, que passaram a arguir o candidato. Ultimada a arguição, que se desenvolveu dentro dos termos regimentais, a Banca, em sessão secreta, atribuiu o resultado final, considerando o candidato:

Aprovada

Esta defesa faz parte dos requisitos necessários à obtenção do título de Mestre.

O competente diploma será expedido após cumprimento dos demais requisitos, conforme as normas do Programa, a legislação pertinente e a regulamentação interna da UFU.

Nada mais havendo a tratar foram encerrados os trabalhos. Foi lavrada a presente ata que após lida e achada conforme foi assinada pela Banca Examinadora.



Documento assinado eletronicamente por **Bruno Sergio Vieira, Professor(a) do Magistério Superior**, em 27/02/2025, às 11:52, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **Marcia Ferreira Queiroz, Usuário Externo**, em 10/03/2025, às 11:21, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **Bruno Wesley Ferreira, Usuário Externo**, em 10/03/2025, às 12:38, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



A autenticidade deste documento pode ser conferida no site https://www.sei.ufu.br/sei/controlador_externo.php?acao=documento_conferir&id_orgao_acesso_externo=0, informando o código verificador **6120323** e o código CRC **DAFEB95B**.

AGRADECIMENTOS

Primeiramente a Deus por trilhar meu caminho e sempre olhar por mim.

Aos meus pais, Ana Claudia e Paulo, por estarem sempre presentes em todos os momentos mais importantes da minha vida, por todo amor incondicional, apoio e sacrifícios que fizeram por mim ao longo da vida. Sou imensamente grata por tê-los como guias, mentores e amigos.

Ao meu irmão, Paulo, pelo seu apoio, pelo seu cuidado e por sempre estar ao meu lado.

Às minhas avós, Ana e Neuza, por me ensinarem valores que jamais esquecerei. Vocês moldaram quem eu sou.

Ao meu orientador, Prof. Dr. Bruno Sérgio Vieira, por acreditar em minha capacidade de aprender, pelo incentivo, pela dedicação neste projeto, pela amizade e paciência.

À Nitro Biocontrol pelo investimento nesta pesquisa.

À Marcia Ferreira Queiroz, Eliane Mayumi Inokuti e Adryelle Anchieta Sousa pela disponibilidade e incentivo que foram fundamentais para realizar e prosseguir este estudo. Saliento o apoio incondicional prestado, a forma interessada, extraordinária e pertinente como acompanharam a realização deste trabalho.

À equipe UFU-Nitro Biocontrol pela motivação, parceria, dedicação e trabalho em equipe foi o que nos levou a atingir nosso objetivo.

À Danielle Davi Rodrigues Gondim por cada conselho, por cada palavra de incentivo e por cada momento compartilhado. Obrigada por ser minha amiga!

Aos participantes do Laboratório de Microbiologia e Fitopatologia (LAMIF), aos integrantes do Núcleo de Estudos em Controle Biológico (NCBio), professores Dr. André Luiz Firmino e Dr. Gilberto de Oliveira Mendes e aos técnicos Thúlio Mattos e Daniel Ribeiro por todo auxílio, conselhos e ensinamentos.

BIOGRAFIA

Claudia Fabbris nasceu em 27 de maio de 1999 na cidade de Ribeirão Preto (SP), onde passou a maior parte da sua vida com seus pais Ana Claudia Pazelli Fabbris e Paulo Sergio Fabbris, irmão Paulo Sergio Fabbris Junior e avós Ana Aparecida Moraes e Maria Neuza Pazello Fabbris. Em 2017 ingressou na 13^o turma de Agronomia da Universidade Federal de Uberlândia – UFU *campus* Monte Carmelo e participou por um período de 2 anos e meio do Programa de Educação Tutorial – PET, desenvolvendo projetos de iniciação científica, além de organizar e participar de diversos eventos como palestras, simpósios e cursos, e 1 ano e meio do Programa Institucional de Graduação Assistida - PROSSIGA, ministrando aulas de matemática e estatística básica. Em 2023, ingressou na Pós-Graduação em Agricultura e Informações Geoespaciais da Universidade Federal de Uberlândia – UFU *campus* Monte Carmelo, sendo bolsista CAPES. Durante esse período, conduziu experimentos com os fungos fitopatogênicos ao capim pé-de-galinha, avaliando o potencial de controle e especificidade nas culturas agrícolas.

SUMÁRIO

RESUMO	i
ABSTRACT	ii
INTRODUÇÃO GERAL	8
REFERÊNCIAS	12
CAPÍTULO 1	14
RESUMO	14
ABSTRACT	15
1 INTRODUÇÃO	16
2 MATERIAL E MÉTODOS	19
2.1 Coletas	19
2.2 Obtenção dos isolados	19
2.3 Teste de patogenicidade	21
2.4 Extração de DNA	22
2.5 Análise filogenética	22
2.7 Análise de distribuição espacial dos fungos fitopatogênicos à <i>Eleusine indica</i> e condições climáticas associadas	23
3 RESULTADOS	24
4 DISCUSSÃO	32
5 CONCLUSÃO	39
REFERÊNCIAS	40
CAPÍTULO 2	46
RESUMO	46
ABSTRACT	47
1 INTRODUÇÃO	48
2 MATERIAL E MÉTODOS	50
2.1 Extração de DNA	50
2.2 Escolha dos isolados	51
2.3 Análise filogenética	51
3 RESULTADOS E DISCUSSÃO	53
4 CONCLUSÃO	57
REFERÊNCIAS	58
CAPÍTULO 3	62
REFERÊNCIAS	67

RESUMO

O capim-pé-de-galinha (*Eleusine indica* L.) é uma planta daninha que compete com culturas agrícolas e desenvolveu resistência a herbicidas com diferentes mecanismos de ação. Este estudo fez parte de uma primeira etapa de um programa de controle biológico dessa planta alvo. A referida etapa envolveu a coleta de fungos fitopatogênicos associados à *E. indica*. Foram coletados 88 isolados de fungos em Minas Gerais, São Paulo e Goiás, dos quais 50 demonstraram patogenicidade ao capim-pé-de-galinha. Vinte e seis isolados foram considerados mais agressivos, esses pertencem aos gêneros foram *Bipolaris*, *Fusarium*, *Curvularia*, *Exserohilum* e *Alternaria*, cuja ocorrência foi influenciada por fatores climáticos como temperatura e precipitação. Observou-se maior incidência de fungos em condições de alta umidade e temperaturas entre 20°C e 30°C. Além disso, constatarem-se seis possíveis novas espécies de fungos fitopatogênicos à *E. indica*, por meio de análises filogenéticas, três do gênero *Curvularia* e três do gênero *Bipolaris*, revelando a necessidade de abordagens integradas para a delimitação taxonômica. A filogenia mostrou que a classificação baseada apenas em características morfológicas é insuficiente. Também foram descritas novas características morfológicas de *Curvularia nodulosa*, sendo a identificação confirmada por sequências de análises moleculares. A bioprospecção de fungos é essencial para o desenvolvimento de bio-herbicidas eficazes, sendo crucial para etapas posteriores visando à seleção de um antagonista para a espécie alvo.

Palavras-chave: Bioherbicida. Manejo de plantas daninhas. Prospeção

ABSTRACT

The goosegrass (*Eleusine indica* L.) is a weed that competes with agricultural crops and has developed resistance to herbicides with different modes of action. This study was part of the first phase of a biological control program for this target plant. This phase involved the collection of phytopathogenic fungi associated with *E. indica*. A total of 88 fungal isolates were collected in the states of Minas Gerais, São Paulo, and Goiás, of which 50 demonstrated pathogenicity to goosegrass. Twenty-six isolates were considered more aggressive, belonging to the genera *Bipolaris*, *Fusarium*, *Curvularia*, *Exserohilum*, and *Alternaria*, whose occurrence was influenced by climatic factors such as temperature and precipitation. A higher incidence of fungi was observed under conditions of high humidity and temperatures between 20°C and 30°C. Additionally, phylogenetic analyses identified six possible new species of phytopathogenic fungi associated with *E. indica*, three from the genus *Curvularia* and three from the genus *Bipolaris*, highlighting the need for integrated approaches for taxonomic delimitation. Phylogenetic analysis showed that classification based solely on morphological characteristics is insufficient. Furthermore, new morphological characteristics of *Curvularia nodulosa* were described, with identification confirmed through molecular sequence analyses. The bioprospecting of fungi is essential for the development of effective bio-herbicides and is crucial for subsequent stages aimed at selecting an antagonist for the target species.

Keywords: Bioherbicide; Weed management; Prospection

INTRODUÇÃO GERAL

As plantas daninhas representam um grupo diversificado de espécies que competem com as culturas agrícolas por recursos essenciais, como luz, água e nutrientes, podendo causar reduções significativas na produtividade agrícola. Para mitigar esses impactos, diversos métodos de controle são empregados, sendo o controle químico, por meio do uso de herbicidas, o mais amplamente utilizado devido à sua eficácia e rapidez na supressão dessas plantas indesejadas (CARVALHO, 2013).

No entanto, o uso intensivo e, por vezes, indiscriminado de herbicidas químicos tem levado ao surgimento de populações de plantas daninhas resistentes, tornando o manejo dessas espécies um desafio crescente na agricultura moderna (SANTOS, 2022). Um exemplo notável é o capim-pé-de-galinha (*Eleusine indica* L.), que desenvolveu resistência a múltiplos mecanismos de ação de herbicidas, dificultando seu controle e exigindo estratégias de manejo mais integradas (CORREIA, 2024).

O capim-pé-de-galinha (*Eleusine indica*) é uma gramínea anual pertencente à família Poaceae, amplamente distribuída em regiões tropicais e subtropicais. Apresenta colmos geralmente ramificados desde a base, com altura variando de 30 a 50 cm. As folhas possuem bainhas abertas, lígulas membranosas e lâminas planas ou conduplicadas, com largura entre 3 e 8 mm. A inflorescência é composta por 5 a 12 espigas fasciculadas, dispostas no ápice do colmo ou sobre um eixo breve, com comprimento de 5 a 7 cm. As espigas são imbricadas em duas séries, contendo de 6 a 10 flores, e apresentam comprimento de 5 a 5,5 mm. O fruto é uma cariopse com pericarpo muito fino, medindo de 1 a 1,5 mm de comprimento, contendo uma semente de coloração marrom-avermelhada e superfície granulada (GOVERNO DO MÉXICO, 2025). Em termos fisiológicos, *E. indica* é uma planta de metabolismo fotossintético tipo C4, o que lhe confere alta eficiência na fixação de carbono, especialmente em condições de alta luminosidade e temperaturas elevadas. Essa característica contribui para sua competitividade em diversos ambientes. Além disso, a espécie apresenta alta capacidade de produção de sementes, com uma planta podendo gerar até 140 mil sementes, o que facilita sua dispersão e estabelecimento em novas áreas (SCHERER, 2017). A adaptabilidade de *E. indica* a diferentes condições ambientais, incluindo solos argilosos e climas diversos, juntamente com sua alta taxa de reprodução, torna-a

uma planta daninha significativa em diversas regiões do mundo (GOVERNO DO MÉXICO, 2025).

Diante dessas problemáticas, o controle biológico surge como uma alternativa promissora, utilizando inimigos naturais para reduzir as populações de plantas daninhas. Os fungos fitopatogênicos desempenham um papel crucial nesse contexto devido à sua especificidade em infectar determinadas espécies de plantas daninhas, causando doenças que podem levar à redução ou eliminação dessas populações (VIEIRA; BARRETO; NECHET, 2018). A distribuição espacial desses fungos é influenciada por fatores ambientais, como temperatura, luz solar e precipitação, que podem afetar positiva ou negativamente seu desenvolvimento e eficácia como agentes de controle biológico. As estratégias de controle biológico incluem o método inoculativo, que envolve a introdução de um agente de controle em pequenas quantidades para que ele se estabeleça e controle a população-alvo ao longo do tempo, e o método inundativo, que consiste na aplicação massiva do agente de controle para uma ação imediata (VIEIRA; BARRETO; NECHET, 2018). O método clássico ou inoculativo envolve a introdução de um patógeno inimigo natural de uma planta-alvo, previamente selecionada em seu centro de origem, sendo inoculado na planta-alvo que, ao ser deslocada para uma nova área, torna-se difícil de controlar devido à ausência de seus inimigos naturais. O objetivo é restaurar o equilíbrio ecológico da região. Em contraste, o método de mico-herbicida ou inundativo emprega fungos fitopatogênicos endêmicos, que já mantêm uma associação com a planta-alvo. Esses fungos são produzidos em larga escala, formulados e aplicados de forma semelhante aos herbicidas químicos, visando controlar a planta daninha estabelecida na área (MCRAE, 1988).

O uso de bio-herbicidas teve início na década de 1980, na América do Norte, com o desenvolvimento e a comercialização de diversos produtos para o controle de espécies específicas de plantas daninhas. Entre eles, destaca-se o Collego® (atualmente LockDown™), à base do fungo *Colletotrichum gloeosporioides* f. sp. *aeschynomene*, destinado ao controle de *Aeschynomene virginica*; o Devine®, formulado com *Phytophthora palmivora* para controlar *Morrenia odorata*; o Biomal®, desenvolvido com *Colletotrichum gloeosporioides* f. sp. *malvae* para o controle de *Malva pusila*; e o Camperico®, que utiliza a bactéria *Xanthomonas campestris* pv. *poae* para o controle de *Poa annua* no Japão (FIGUEIREDO, 1995; IMAIZUMI et al., 1997). No Japão, também foi desenvolvido o Di-Bark® Parkinsonia, um produto à base dos fungos

Lasiodiplodia pseudotheobromae, *Neoscytalidium novaehollandiae* e *Macrophomina phaseolina*, registrado em 2018 e disponível comercialmente para o controle de *Parkinsonia aculeata* na Austrália (GALEA; GOULTER, 2013; MORIM, 2020).

No entanto, não há registros de bio-herbicidas no Brasil. Em 1980, a EMBRAPA Soja iniciou pesquisas pioneiras no desenvolvimento de um mico-herbicida para o controle da planta daninha conhecida como leiteiro (*Euphorbia heterophylla*) (MONDIM, 2023). Além disso, pesquisadores da Universidade de São Paulo (USP) têm investigado o potencial de actinobactérias como bioherbicidas no controle de plantas daninhas como o capim-colonião (*Panicum maximum*) e o capim-amargoso (*Digitaria insularis*). Estudos realizados em 2022 demonstraram que extratos de actinobactérias cultivadas em meio específico apresentaram efeitos inibitórios significativos na germinação dessas sementes, indicando o potencial dessas bactérias como bio-herbicidas (FRANKE et al., 2022). Pesquisadores da Universidade Federal de Uberlândia (UFU) também têm investigado o potencial de fungos fitopatogênicos para o controle de *Digitaria insularis* (SOUZA, 2024; GARCIA, 2024).

Os fungos fitopatogênicos avaliados quanto ao seu potencial para se tornarem bio-herbicidas podem ser classificados em necrotróficos e biotróficos. Os fungos fitopatogênicos necrotróficos atacam tecidos saudáveis das plantas, causando lesões em caules, folhas e raízes. Em geral, esses patógenos provocam sintomas como necrose, manchas foliares, lesões em caule e podridões, os quais são facilmente observados em campo (AULD; MORIN, 1995). Por outro lado, os fungos biotróficos se alimentam dos nutrientes do hospedeiro sem causar sua morte, estabelecendo uma relação parasita-hospedeiro equilibrada, sendo capazes de sobreviver e se multiplicar apenas em tecidos vivos (MELO; AZEVEDO, 2021).

Visando uma bioprospecção de fungos para o desenvolvimento de uma bio-herbicida, plantas doentes coletadas em campo devem ser georreferenciadas, utilizando-se um receptor GPS manual para obter suas coordenadas geográficas. Posteriormente, para compreender a distribuição espacial desses fungos em relação às suas ocorrências, é possível gerar mapas temáticos a partir dos dados de levantamento (DIANESE et al., 2022). Essas informações serão valiosas para o cadastro dos isolados fúngicos coletados no Sistema Nacional de Gestão do Patrimônio Genético e do Conhecimento Tradicional Associado (SisGen), bem como para

compreender a distribuição de certos grupos de fungos conforme fatores climáticos regionais e as condições em que os isolados foram coletados.

Nesse contexto, esse estudo teve como objetivos: 1) apresentar a distribuição espacial dos fungos fitopatogênicos necrotróficos associados ao capim-pé-de-galinha (*Eleusine indica*), coletados nos estados de Minas Gerais, Goiás e São Paulo, estimar suas ocorrências nas áreas de abrangência das coletas e observar como fatores abióticos interferem no desenvolvimento de isolados fúngicos; 2) identificar possíveis novas taxas de fungos fitopatogênicos associadas ao capim-pé-de-galinha, com foco no controle biológico de *Eleusine indica*; 3) descrever novas características morfológicas de *Curvularia nodulosa* associadas ao capim pé-de-galinha.

REFERÊNCIAS

- AULD, B. A.; MORIN, L. Constraints in the development of bioherbicides. **Weed Technology**, v. 9, n. 3, p. 638-652, set. 1995. Cambridge University Press (CUP). DOI: <http://dx.doi.org/10.1017/s0890037x00023964>.
- CARVALHO, L. B. **Plantas daninhas**: características e métodos de controle. Lages, SC: Edição do Autor, 2013.
- CORREIA, N. M. Controle químico de capim-pé-de-galinha resistente a herbicidas no outono-inverno na região do Cerrado. In: *Anais do XXXIII Congresso Brasileiro da Ciência das Plantas Daninhas e XXV Congresso Latinoamericano de Malezas*, 2024. p. 475.
- DIANESE, J. C. et al. Exploring the overlooked diversity of plant-associated Cerrado Microfungi. *Revisão Anual de Patologia de Plantas*, v. 28, p. 69-101, 2021. Sociedade Brasileira De Fitopatologia DOI: <http://dx.doi.org/10.31976/0104-038321v280004>.
- FIGUEIREDO, G. Herbicidas microbiológicos empregados no controle de planta daninhas. *Revisão Anual de Patologia de Plantas*, 3. ed, v. 1, p. 111-132, 1995.
- FRANKE, S. C. et al. Bioherbidas no controle de plantas daninhas. 2022. In: *Anais...* Florianópolis, SC: SCEPAGRI, 2022. Disponível em: <https://repositorio.ufsc.br/bitstream/handle/123456789/240439/Anais%20COBIAGRI%202022%20vers%C3%A3o%20final.pdf?sequence=1>. Acesso em: 09 fev. 2025.
- GALEA, V.; GOULTER, K. Field evaluation of a bioherbicide for control of parkinsonia (*Parkinsonia aculeata*) in Australia. In: *Proceedings of the 19th Australasian Plant Pathology Conference*, 2013, Auckland, New Zealand. *Anais...* Australasian Plant Pathology Society (APPS).
- GARCIA, F. Diversidade e distribuição espacial de fungos fitopatogênicos associados à *Digitaria insularis* e seu potencial como agentes de controle biológico. 88 f. Dissertação (Mestrado em Agricultura e Informações Geoespaciais) - Universidade Federal de Uberlândia, Monte Carmelo, 2024. DOI: <http://doi.org/10.14393/ufu.di.2024.310>.
- IMAIZUMI, S. et al. Biological control of annual bluegrass (*Poa annua* L.) with a Japanese isolate of *Xanthomonas campestris* pv. *poae* (JT-P482). *Biological Control*, v. 8, n. 1, p. 7-14, jan. 1997. Elsevier BV. DOI: <http://dx.doi.org/10.1006/bcon.1996.0475>.
- MCRAE, C. F. Classical and inundative approaches to biological weed control compared. **Plant Protection Quarterly**, v. 3, n. 3, p. 124-127, 1988.
- MELO, I. S.; AZEVEDO, J. L. (ed.). **Microbiologia Ambiental**. 2. ed. Jaguariúna: Embrapa, 2008. 647 p.

MONDIM. StartAgro. **Bioherbicidas:** uma revolução anunciada. Disponível em: <https://www.startagro.agr.br/bioherbicidas-uma-revolucao-anunciada/#:~:text=O%20projeto%20prev%C3%AA%20um%20investimento,obtidos%20pelo%20uso%20do%20glifosato>. Acesso em: 9 fev. 2025.

MORIN, L. Progress in biological control of weeds with plant pathogens. **Annual Review of Phytopathology**, v. 58, n. 1, p. 201-223, 25 ago. 2020. Annual Reviews. DOI:<http://dx.doi.org/10.1146/annurev-phyto-010820-012823>.

SANTOS, L. M. **Comercialização dos alimentos agroecológicos e orgânicos nos circuitos curtos em Aracaju/SE**. 126 f. Dissertação (Mestrado) - Curso de Geografia, Universidade Federal de Sergipe, São Cristóvão, 2022.

SCHERER, M. *Eleusine indica*: características morfológicas e fisiológicas. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Santa Maria, 2017. Disponível em: https://repositorio.ufsm.br/bitstream/handle/1/13926/DIS_PPGAGROBIOLOGIA_2017_SCHERER_MATHEUS.pdf?isAllowed=y&sequence=1. Acesso em: 9 fev. 2025.

SOUZA, A. P. Fungos fitopatogênicos associados a capim-amargoso (*Digitaria insularis*) em localidades da Zona da Mata e Triângulo Mineiro. 2022. Dissertação (Mestrado em Agricultura e Informações Geoespaciais) - Universidade Federal de Uberlândia, Monte Carmelo, 2022. DOI: <http://doi.org/10.14393/ufu.di.2022.135>.

VIEIRA, B. S.; BARRETO, R. W.; NECHET, K. L. Controle biológico de plantas daninhas com fungos fitopatogênicos. In: OLIVEIRA, M. F.; BRIGHENTI, A. M. (Eds.). **Controle de Plantas Daninhas: Métodos Físico, Mecânico, Cultural, Biológico e Alelopatia**. Brasília, DF: Embrapa, 2018. p. 113-136.

CAPÍTULO 1

Diversidade e distribuição espacial de fungos fitopatogênicos como agentes de controle biológico para o capim pé-de-galinha (*Eleusine indica*)

RESUMO

O presente trabalho abordou a diversidade e distribuição de fungos fitopatogênicos associados ao capim pé-de-galinha (*Eleusine indica*), planta daninha de grande impacto para a agricultura. O objetivo foi identificar fungos com potencial para controle biológico dessa espécie. Amostras com sintomas de doenças foram coletadas em Goiás, Minas Gerais e São Paulo, resultando em 88 isolados, dos quais 50 foram patogênicos à *E. indica*. 26 isolados foram considerados mais agressivos a partir de uma análise visual dos sintomas e foram identificados preliminarmente em nível de gênero, destacando-se *Bipolaris*, *Fusarium*, *Curvularia*, *Exserohilum* e *Alternaria*. Foi analisada a influência de fatores climáticos, como dias ensolarados (radiação UV), temperatura e precipitação na ocorrência dos isolados fúngicos. Esses fatores climáticos foram críticos para a ocorrência dos fungos encontrados, podendo trazer inferências sobre esses patógenos como agentes de controle biológico e para possíveis novas coletas direcionadas para gêneros específicos. No geral, a faixa de temperatura ideal para a ocorrência dos isolados fúngicos esteve entre 20 e 30 °C. Dias ensolarados, durante as coletas, influenciaram ou não a ocorrência dos fungos associados à *E. indica*, dependendo do gênero do fungo. Além disso, a precipitação também se mostrou um fator determinante, com maior incidência de isolados fúngicos em períodos de maior pluviosidade, sugerindo uma relação positiva entre a umidade relativa do ar e a dispersão ou infecção dos fungos fitopatogênicos. Novos testes serão conduzidos para corroborar o potencial dos fungos fitopatogênicos identificados como potenciais agentes de controle biológico contra *E. indica*.

Palavras-chave: Biocontrole; Bioprospecção; Mapeamento; Patogenicidade

ABSTRACT

This study investigated the diversity and distribution of phytopathogenic fungi associated with goosegrass (*Eleusine indica*), an aggressive weed in agriculture. The objective of this study was to identify fungi with potential for biological control of this species. Samples with disease symptoms were collected from Goiás, Minas Gerais, and São Paulo (Brazilian states), resulting in 88 isolates, of which 50 were phytopathogenic to *E. indica*. A total of 26 isolates were considered more aggressive based on visual symptoms analysis and were preliminarily identified at the genus level, with emphasis on *Bipolaris*, *Fusarium*, *Curvularia*, *Exserohilum*, and *Alternaria*. The influence of climatic factors, such as sunny days (UV radiation), temperature, and precipitation on fungal occurrence was analyzed. These climatic factors are critical for the presence of fungi, providing insights into their potential as biological control agents and guiding future surveys of specific genera. In general, the optimal temperature range for fungal occurrence is 20–30°C. The number of sunny days during surveys influenced the occurrence of fungi associated with *E. indica*, depending on the genera of the fungi. In addition, precipitation was also a determining factor for a higher incidence of fungal isolates during periods of increased rainfall, suggesting a positive relationship between relative humidity and the dispersal or infection of phytopathogenic fungi. New tests will be conducted to confirm the potential of the identified plant phytopathogenic fungi as biological control agents against *E. indica*.

Keywords: Biocontrol; Bioprospecting; Mapping; Pathogenicity

1 INTRODUÇÃO

Um dos principais problemas dos agricultores são as plantas daninhas, que possuem por definição, qualquer espécie vegetal que interfira negativamente na produção e são caracterizadas pela sua ampla capacidade de produção de sementes, dormência (FONTES et al., 2003) e alta capacidade competitiva por água, luz, nutrientes e espaço (DIAS et al., 2010). Além disso, podem ser hospedeiras de pragas e patógenos (DALAZEN et al., 2016), prejudicar a colheita e ter efeitos alelopáticos sobre as plantas cultivadas (ZANATTA et al., 2006), causando, dessa maneira, significativas perdas na qualidade e quantidade dos produtos de diversas culturas.

O método de controle de plantas daninhas mais utilizado é o químico, possuindo diversas classificações quanto à seletividade, translocação, época de aplicação, estrutura química, mecanismo de ação, entre outros fatores (OLIVEIRA; BRIGHENTI, 2018). Quanto à seletividade, há herbicidas que não são seletivos, ou seja, possuem um amplo espectro de ação, sendo eficazes em suprimir ou inibir qualquer planta com a dose recomendada. Quanto à translocação, há herbicida que possuem ação por contato com efeito rápido se manifestando em poucas horas e os de ação sistêmica que possuem efeito mais demorado devido à translocação via floema ou xilema, sendo, portanto, dependentes do funcionamento do metabolismo ativo das plantas (OLIVEIRA; BRIGHENTI, 2018).

Nos primeiros 40 anos da era dos herbicidas químicos, um novo Modo de Ação (MOA) era introduzido a cada 2 ou 3 anos. No entanto, esse ritmo inicial de descoberta e lançamento de novos MOA não se manteve e, atualmente, há uma estagnação na inovação na indústria química. Em 2021, a empresa FMC alcançou uma nova classificação de modo de ação para sua molécula herbicida proprietária, o *tetflupirrolimet*. Este composto foi reconhecido como o primeiro ingrediente ativo pertencente ao Grupo 28 do Comitê de Ação de Resistência a Herbicidas (HRAC) e da *Weed Science Society of America* (WSSA). Além disso, é o primeiro herbicida com um novo mecanismo de ação a ser introduzido na indústria de proteção de cultivos em mais de três décadas.

A resistência aos herbicidas químicos existentes tem aumentado devido à utilização repetida de herbicidas com o mesmo mecanismo de ação, em que muitas plantas daninhas estão desenvolvendo resistência múltipla a vários herbicidas, cada um com MOA diferente (HEAP

2023). Vários fatores contribuem para esse cenário, incluindo a concentração da indústria agroquímica em poucos grandes players, a falta de apoio aos programas de descoberta de novos herbicidas, e regulamentações cada vez mais rigorosas que dificultam o registro de novos produtos (DAVIS; FRISVOLD, 2017; COPPING et al., 2018). Atualmente, há 273 espécies de plantas daninhas resistentes a herbicidas no mundo, sendo 156 eudicotiledôneas e 117 monocotiledôneas, as quais foram relatadas em 101 culturas em 74 países. No Brasil, há 50 biótipos registrados de diversas espécies que são resistentes a algum herbicida químico (HEAP, 2024).

Nesse cenário de problemática quanto à resistência a compostos químicos, o capim pé-de-galinha (*Eleusine indica* (L.) Gaertn) é um alvo interessante para programas de Controle Biológico, pois desenvolveu resistência múltipla a herbicidas químicos, relatada no território brasileiro em 2017, aos herbicidas de inibição da Acetil CoA Carboxilase (ACCase) e inibidores da Enolpiruvil Shiquimato Fosfato Sintase (EPSP) (HEAP, 2024).

Eleusine indica pertence à família Poaceae, podendo ser anual ou perene, cespitosa, ereta, apresentando 30 a 50 centímetros de altura, colmos glabros e caracterizada por formar densas touceiras (LORENZI, 2014). É uma espécie monocotiledônea que possui um ciclo de vida de aproximadamente 120 dias, ocorrendo de outubro/abril (FONTES et al., 2003) e apresenta vantagens em solos compactados, de baixa fertilidade e acidez elevada (VIDAL; LAMEGO; TREZZI, 2006). É considerada uma planta daninha de verão, onde a fase de dormência das sementes ocorre na época mais fria do ano (FONTES et al., 2003). Apesar de ser originária da Ásia e sua forma de propagação ocorra pelas sementes (LORENZI, 2008), está distribuída pelas regiões tropicais, subtropicais e temperadas do mundo e encontrada em praticamente todas as regiões produtoras do Brasil (SILVA, 2020). É uma planta daninha presente em áreas cultivadas com diferentes culturas agrícolas, anuais ou perenes, onde dentre os vários aspectos negativos por ela causados, temos: redução da produtividade, perda de qualidade do produto agrícola e disseminação de pragas e doenças (CARVALHO, 2013). *Eleusine indica* é hospedeira de diversos patógenos prejudiciais às culturas, dentre eles: *Meloidogyne incognita*, *Rotylenchulus reniformis* e *Pratylenchus pratensis* (ANDRADE JUNIOR, 2018).

Dessa forma, a resistência de plantas daninhas aos herbicidas representa um desafio crescente, reforçando a necessidade de estratégias integradas que combinem métodos

preventivos, culturais, mecânicos e químicos (BARBOSA et al., 2022). A adoção do manejo integrado de plantas daninhas (MIPD) é essencial para a produção agrícola sustentável, contribuindo para a redução de custos de produção e minimizando impactos ambientais negativos. Além disso, práticas como a rotação de herbicidas e a combinação de diferentes métodos de controle ajudam a prevenir a resistência de plantas daninhas aos herbicidas, garantindo a eficácia do manejo em longo prazo (EMBRAPA, 2009). Dentre os métodos utilizados no MIPD, destaca-se o controle biológico que tem por objetivo a utilização de organismos vivos para reduzir a população de plantas daninhas (BARBOSA et al., 2022).

Os fungos fitopatogênicos desempenham um papel essencial no controle biológico de plantas daninhas, pois possuem alta especificidade para infectar determinadas espécies, causando doenças que podem reduzir ou eliminar essas populações (VIEIRA; BARRETO; NECHET, 2018). A distribuição espacial desses fungos é influenciada por variáveis ambientais, como temperatura, luz solar e precipitação, que podem afetar positiva ou negativamente seu desenvolvimento e eficácia no controle das plantas daninhas. As principais estratégias de controle biológico incluem o método inoculativo, que consiste na introdução de um agente de controle em pequenas quantidades, permitindo que ele se estabeleça e controle a população-alvo ao longo do tempo, e o método inundativo, que envolve a aplicação em massa do agente para proporcionar um efeito imediato (VIEIRA; BARRETO; NECHET, 2018). O método clássico ou inoculativo refere-se à introdução de um patógeno natural de uma planta-alvo, previamente selecionada em seu centro de origem e inoculada na planta-alvo. Ao ser deslocada para uma nova área, onde seus inimigos naturais estão ausentes, essa planta torna-se mais difícil de controlar, e o objetivo é restaurar o equilíbrio ecológico da região. Em contraste, o método de mico-herbicida ou inundativo utiliza fungos fitopatogênicos endêmicos, que já mantêm uma relação com a planta-alvo. Esses fungos são produzidos em grande escala, formulados e aplicados de maneira similar aos herbicidas químicos, com o intuito de controlar as plantas daninhas estabelecidas na área (MCRAE, 1988).

Para desenvolver um bioherbicida para *E. indica*, é necessário coletar e identificar fungos fitopatogênicos associados a esta espécie, que possuam características desejáveis, como facilidade de cultivo, produção eficiente de estruturas infecciosas, especificidade limitada a determinados hospedeiros, alta virulência, estabilidade genética, ação rápida no controle e

adequado *shelf life* (KUMAR; AGGARWAL; MALIK, 2018). Esse processo de bioprospecção envolve a coleta de plantas infectadas diretamente no campo, seguido de sua análise em laboratório para obtenção de culturas puras ou isoladas.

Diante disso, o presente trabalho teve como objetivo demonstrar a diversidade e a distribuição espacial de isolados fúngicos associados à *E. indica* coletados durante um programa de controle biológico para esse alvo, fazer inferências sobre aspectos climáticos que influenciam as ocorrências desses fungos e comprovar a patogenicidade desses isolados à *E. indica*.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Coletas

Foram realizadas coletas em três estados brasileiros (São Paulo, Goiás e Minas Gerais) e em diferentes datas: 25 de março, 6 de julho, 13 de julho, 11 de agosto e 3 de dezembro, de 2023, totalizando cinco coletas. Tecidos vegetais de *E. indica* que apresentavam lesões necróticas foram coletados, acondicionados em prensa botânica entre folhas de jornal e encaminhados para o Laboratório de Microbiologia e Fitopatologia (LAMIF), localizado na Universidade Federal de Uberlândia – campus Monte Carmelo (18°43'21,1"S, 47°31'27,4"W). As coletas ocorreram de forma aleatória, com paradas às margens das rodovias quando se avistava a planta-alvo. Com auxílio de um receptor GPS, foram coletadas as coordenadas geográficas a fim de elaborar mapas de distribuição espacial dos fungos fitopatogênicos associados à planta-alvo por meio do software QGIS 3.32.3.

2.2 Obtenção dos isolados

O primeiro procedimento realizado no laboratório foi a observação das lesões no microscópio estereoscópio para verificar qual isolamento seria indicado (direto ou o indireto), seguindo metodologia descrita por Alfenas e Mafia (2016).

Quando era possível a observação de estruturas fúngicas nas lesões, foi realizado o isolamento direto, que consiste na sua transferência com o auxílio de um objeto de ponta fina,

para uma placa de Petri contendo meio de cultura Batata Dextrose Ágar (BDA) em três pontos equidistantes e incubados em uma incubadora de demanda bioquímica de oxigênio (BOD) a 25 °C por 2 a 3 dias. Conforme o crescimento das colônias fúngicas, procedia o processo de repicagem para obter apenas uma colônia. Também foi realizada uma preparação microscópica das estruturas fúngicas visíveis observadas por meio do estereoscópio, que consistia em transferi-las para uma lâmina de vidro contendo uma gota de lactoglicerol, com auxílio de um instrumento pontiagudo. Logo após a transferência, uma lamínula foi depositada sobre a gota de lactoglicerol contendo as estruturas fúngicas para observação em microscópio Nikon Eclipse E100. A partir da observação das estruturas fúngicas, como conídios e conidióforos, permitiu-se a identificação preliminar dos isolados fúngicos em nível de gênero, assim, esses isolados receberam o código BEI (Biocontrol Eleusine indica).

Na ausência de estruturas fúngicas nas lesões, foi realizado o isolamento indireto, que consiste na transferência de pequenos fragmentos do tecido vegetal lesionado para placas de Petri contendo BDA em quatro pontos equidistantes. O corte desses fragmentos tissulares, às margens das lesões, foi realizado com auxílio de um bisturi previamente aquecido e imerso em álcool 70% por 1 minuto para diminuição da tensão superficial do tecido, em seguida, transferidos com pinça esterilizada para solução desinfestante de hipoclorito de sódio 1% por 3 minutos para desinfestação superficial. Após essa etapa, foi realizada a lavagem desses fragmentos em água destilada esterilizada (ADE) e secadas previamente em papel filtro esterilizado para transferência para a placas de Petri contendo o meio de cultura BDA. Conforme o crescimento das colônias fúngicas, realizava-se o processo de repicagem para obter apenas uma colônia. Por não ser possível a visualização das estruturas fúngicas e, conseqüentemente, não ser possível a identificação preliminar dos fungos, recebeu o código BEINI (Biocontrol Eleusine indica Não Identificados). Os isolados que receberam esse código foram repicados para placas de Petri contendo meio de cultura de caldo de vegetais ágar (CVA) para induzir a esporulação, assim, foi possível a identificação com base nos conídios e conidióforos. Nos casos em que não foi possível a observação de esporulação, foi realizada a extração de DNA para identificação molecular.

Após 15 dias do início do crescimento das colônias fúngicas em meio BDA, os isolados fúngicos foram armazenados pelo método de Castellani (Castellani 1939) e criopreservação a -80 °C. Com auxílio de um canudo esterilizado, foi realizado o corte das colônias em discos de 5

mm e transferidos para criotubos de 3 mL. No método de Castellani, os criotubos continham ADE e 6 discos de 5 mm de diâmetro do isolado e foram acondicionados em geladeira a 10 °C (Castellani 1939). Na técnica de criopreservação, os criotubos continham glicerol 10% juntamente com 6 discos de 5 mm de diâmetro do isolado e foram acondicionados em ultrafreezer a -80 °C (Alfenas e Mafia 2016). Os isolados fúngicos foram depositados na coleção do Laboratório de Microbiologia e Fitopatologia (LAMIF), localizado na Universidade Federal de Uberlândia – campus Monte Carmelo.

2.3 Teste de patogenicidade

As sementes de capim pé-de-galinha foram obtidas pela empresa AgroCosmos® e armazenadas a 5 °C. Foi utilizada uma mistura contendo solo, areia e esterco na proporção 2:1:1 e essa mistura foi esterilizada na autoclave por 1 hora. A semeadura de *E. indica* foi feita em bandejas e, após 10 dias, transplantadas individualmente em copos descartáveis de 240 mL contendo o substrato descrito. No início do desenvolvimento das plântulas de capim pé-de-galinha, as bandejas ficaram sob exposição solar para favorecer a germinação e a irrigação realizada uma vez ao dia. Após o transplântio, as plântulas foram transferidas para casa-de-vegetação, na qual possui um sistema de irrigação por microaspersão programado para irrigar três vezes ao dia, 8 h, 14 h e 17 h, respectivamente, por 10 minutos consecutivos.

Plântulas sadias de *E. indica*, no estágio de 2 pares de folhas permanentes, foram inoculadas com discos de micélio (5,0 mm de diâmetro) coletados a partir de colônias fúngicas cultivadas em meio de cultura BDA. A inoculação foi realizada depositando um disco de micélio na face adaxial de cada folha completamente desenvolvida, com aplicação de uma pressão para sua fixação na folha. Subsequentemente, as plantas foram incubadas em uma câmara úmida, feita com sacos plásticos umedecidos por 48 horas. Ao término desse período, ocorreu a primeira avaliação e as plantas inoculadas foram transferidas para casa-de-vegetação para observação do aparecimento de sintomas diariamente. O controle foi realizado por meio da inoculação de plantas com discos de micélio contendo somente o meio de cultura BDA.

2.4 Extração de DNA

No teste de patogenicidade, foram selecionados 26 isolados fúngicos considerados como mais agressivos, por meio de uma análise visual da manifestação de sintomas. Esses isolados foram cultivados em meio de cultura batata dextrose ágar (BDA) e incubados em BOD a 25 °C por 7 dias. O Kit *Wizard Genomic DNA Purification* (Promega) foi utilizado para a extração do DNA, seguindo as instruções do fabricante.

A identificação molecular dos isolados fúngicos foi realizada por meio da PCR (reação em cadeia da polimerase), que consiste na amplificação de regiões específicas do DNA. Para os isolados que não puderam ser identificados preliminarmente quanto ao gênero pela morfologia, foi realizada a PCR da região *Internal Transcribed Spacer* - ITS (ITS1/ITS4) conforme descrito por White et al. (1990).

Cada reação de PCR teve um volume total de 25 µL, composto por 0,3 µL de Taq DNA polimerase, 0,5 µL de dNTP (10 mM), 2,5 µL de solução tampão 10x, 1,25 µL de cada primer (10 µM), 1 µL de DNA (10-15 ng/µL) e 18,20 µL de água ultrapura esterilizada. A programação do termociclador para a reação de PCR consistiu em uma etapa inicial de desnaturação a 95°C por 3 minutos, seguida por 35 ciclos que incluem três etapas: desnaturação a 95°C por 30 segundos, anelamento a 50,8°C por 1 minuto e extensão a 72°C por 90 segundos. Após a conclusão dos ciclos, há uma etapa final de extensão a 72°C por 10 minutos, garantindo a finalização completa da síntese do DNA. Os produtos obtidos na PCR foram analisados em gel de agarose a 1% e visualizados sob transiluminador. Os fragmentos amplificados foram purificados e enviados para sequenciamento pela empresa ACTGene.

2.5 Análise filogenética

Após a fase de sequenciamento, os eletroferogramas e as sequências de cada isolado foram analisados por meio do software SeqAssem v07/2008. As sequências geradas, juntamente com aquelas obtidas do GenBank (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>), que é banco de dados público e abrangente de sequências genômicas e de DNA, mantido pelo *National Center*

for Biotechnology Information (NCBI), parte do National Institutes of Health (NIH) dos Estados Unidos, foram alinhadas utilizando o programa MEGA 7.0 e otimizadas pela ferramenta MAFFT e Gblocks no NGPhylogeny utilizando as configurações padrão (<https://ngphylogeny.fr/>). No SequenceMatrix 1.7.8 (VAIDYA; LOHMAN; MEIER, 2011), arquivos phy foram gerados para serem analisados no CIPRES Science Gateway v3.1 (MILLER; PFEIFFER; SCHWARTZ, 2012) por meio da ferramenta RAxML (*Randomized Axelerated Maximum Likelihood*) para inferência filogenética com base no método de máxima verossimilhança (*Maximum Likelihood* - ML). A árvore foi visualizada pelo FigTree v1.4.4 (RAMBAUT, 2014) e editada no Foxit PDF Editor v.2.2.1.1119 e Canva.

2.7 Análise de distribuição espacial dos fungos fitopatogênicos à *Eleusine indica* e condições climáticas associadas

Para o desenvolvimento do mapa de coleta, os pontos georreferenciados de coletas foram organizados em uma planilha e importados para o QGIS 3.32.3 como uma camada de texto delimitado. Posteriormente, esses pontos foram convertidos em um arquivo *shapefile* no formato de ponto. Arquivos *shapefile*, contendo os limites municipais e estaduais do Brasil, foram inseridos e, em seguida, os municípios onde ocorreram as coletas de fungos foram selecionados e exportados como uma nova camada *shapefile*. Essa camada foi então importada novamente para isolar visualmente esses municípios dos demais, permitindo que fossem destacados no mapa. Para os pontos de coleta, a ferramenta de simbologia foi utilizada para classificá-los conforme a ordem das coletas realizadas. Por fim, o mapa foi elaborado utilizando as camadas estaduais do Brasil, os municípios selecionados e os pontos de coleta, identificados por suas coordenadas decimais.

Para a elaboração de mapas climatológicos, foram utilizados dados históricos obtidos da plataforma Meteoblue (ISO 9001), os quais foram inseridos manualmente em campos específicos da tabela de atributos dos municípios de coleta. A ferramenta de simbologia permitiu classificar cada mapa de acordo com seu respectivo tema climatológico. Durante a criação desses mapas, foram utilizados a base cartográfica estadual do Brasil, os municípios de coleta e os dados

climatológicos classificados para cada município, aplicando gradientes de cores para representar cada tema de forma diferenciada.

Para o mapa de distribuição espacial, foi criada uma camada *shapefile* específica. Durante a edição dessa camada, foram inseridos pontos nos municípios para indicar a presença dos fungos coletados. No total, foram registrados 50 fungos, correspondendo a 50 pontos no mapa. A classificação foi feita de acordo com os nomes dos fungos, e diferentes formas geométricas foram atribuídas a cada um utilizando a ferramenta de simbologia. O mapa final foi composto pelas camadas estaduais do Brasil, os municípios de coleta e os pontos que indicavam quais fungos foram coletados em cada município.

3 RESULTADOS

As coletas foram realizadas em São Paulo, Goiás e Minas Gerais, sendo 3 em Goiás (GO), 7 em Minas Gerais (MG) e 8 em São Paulo (SP), totalizando 18 cidades, representadas pela Figura 1. Obteve-se um total de 28 pontos de amostragens: Rio Verde - GO (1), Santa Helena de Goiás - GO (1), Cristalina - GO (3), Monte Carmelo - MG (6), Patrocínio - MG (3), Ibiá - MG (2), São Gotardo - MG (1), Campos Alto - MG (1), Delta - MG (1), Sales Oliveira - SP (1), Guataporã - SP (1), São Carlos - SP (1), Pirassununga - SP (1), Araras - SP (1), Piracicaba - SP (1), Iracemápolis - SP (1), Holambra - SP (2).

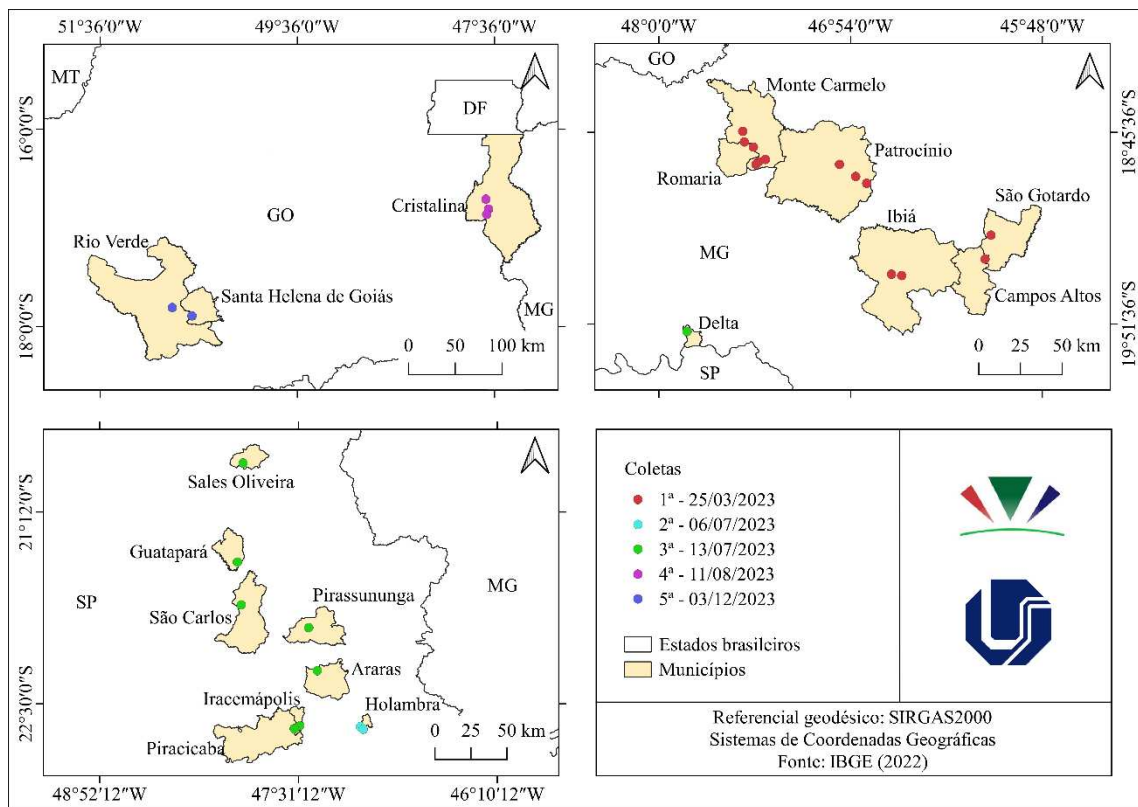


FIGURA 1. Mapa de distribuição das coletas de fungos associados à *E. Indica*

Após o processamento das amostras de *E. indica*, foram obtidos 43 isolados por meio de isolamento direto, que receberam o código BEI, e 45 isolados por isolamento indireto, codificados como BEINI, totalizando 88 isolados fúngicos. A partir da realização do teste de patogenicidade, 50 isolados fúngicos foram fitopatogênicos ao capim pé-de-galinha. A nível de gênero, foram encontrados os seguintes isolados fitopatogênicos: 2 - *Alternaria*, 17 - *Bipolaris*, 1 - *Epicoccum*, 7 - *Curvularia*, 1 - *Exserohilum* e 22 - *Fusarium*. As cidades que apresentaram isolados fitopatogênicos e a quantidade de ocorrências, destacando a frequência relativa dos isolados, são de grande relevância para se avaliar os fatores bióticos e abióticos que podem ter influência direta na patogenicidade dos isolados fúngicos (Tabela 2) e sua distribuição espacial (Figura 2).

TABELA 2. Quantidade de isolados fitopatogênicos e suas respectivas cidades de ocorrência

Coleta	Cidade	Quant. de isolados fitopatogênicos
1	Monte Carmelo (MG)	22
	Patrocínio (MG)	1
2	Holambra (SP)	6
3	Delta (MG)	5
	Guatapar� (SP)	5
	Iracem�polis (SP)	3
	Piracicaba (SP)	1
	Pirassununga (SP)	2
	S�o Carlos (SP)	1
4	Cristalina (GO)	1
5	Rio Verde (GO)	2
	Santa Helena de Go�s (GO)	1

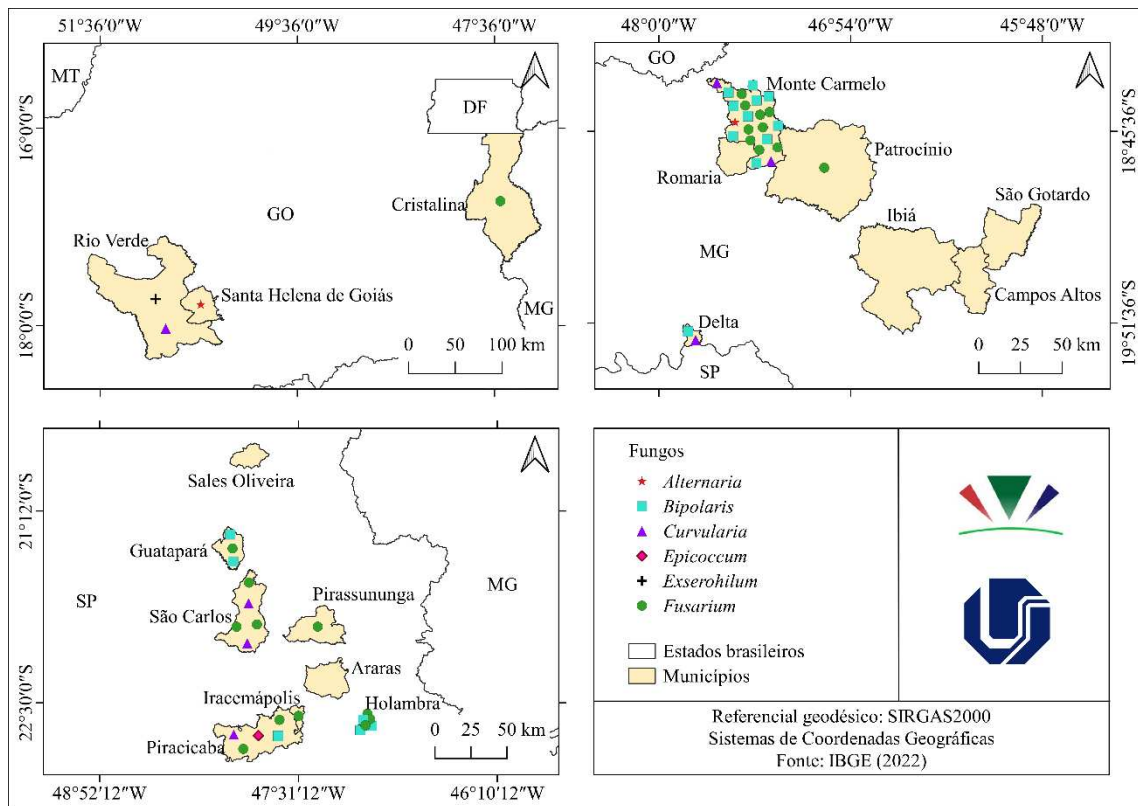


FIGURA 2. Distribui o espacial dos isolados f ngicos fitopatog nicos   *E. indica*

Bipolaris, *Fusarium* e *Curvularia* foram os gêneros fúngicos mais encontrados, os dois últimos foram encontrados nos três estados brasileiros coletados. O gênero *Bipolaris* foi encontrado nas cidades de Delta (MG), Guatapar (SP), Monte Carmelo (MG), Holambra (SP) e Piracicaba (SP); *Fusarium* em Cristalina (GO), Guatapar (SP), Holambra (SP), Iracempolis (SP), Monte Carmelo (MG), Patrocnio (MG), Piracicaba (SP), Pirassununga (SP), e So Carlos (SP); *Alternaria* em Monte Carmelo (MG) e Santa Helena de Gos (GO); *Curvularia* em Delta (MG), Monte Carmelo (MG), Piracicaba (SP); Rio Verde (GO) e So Carlos (SP); *Epicoccum* em Piracicaba (SP) e *Exserohilum* em Rio Verde (GO).

As coletas foram realizadas em pocas diferentes do ano, dessa forma, foi elaborado um mapeamento de precipitao mdia (Figura 3), da temperatura mdia mxima (Figura 4) e da temperatura mdia mnima (Figura 5) com uma base de dados desde 1940 das cidades em que os isolados fngicos foram obtidos, considerando o ms em que as amostras de *E. indica* foram coletadas.

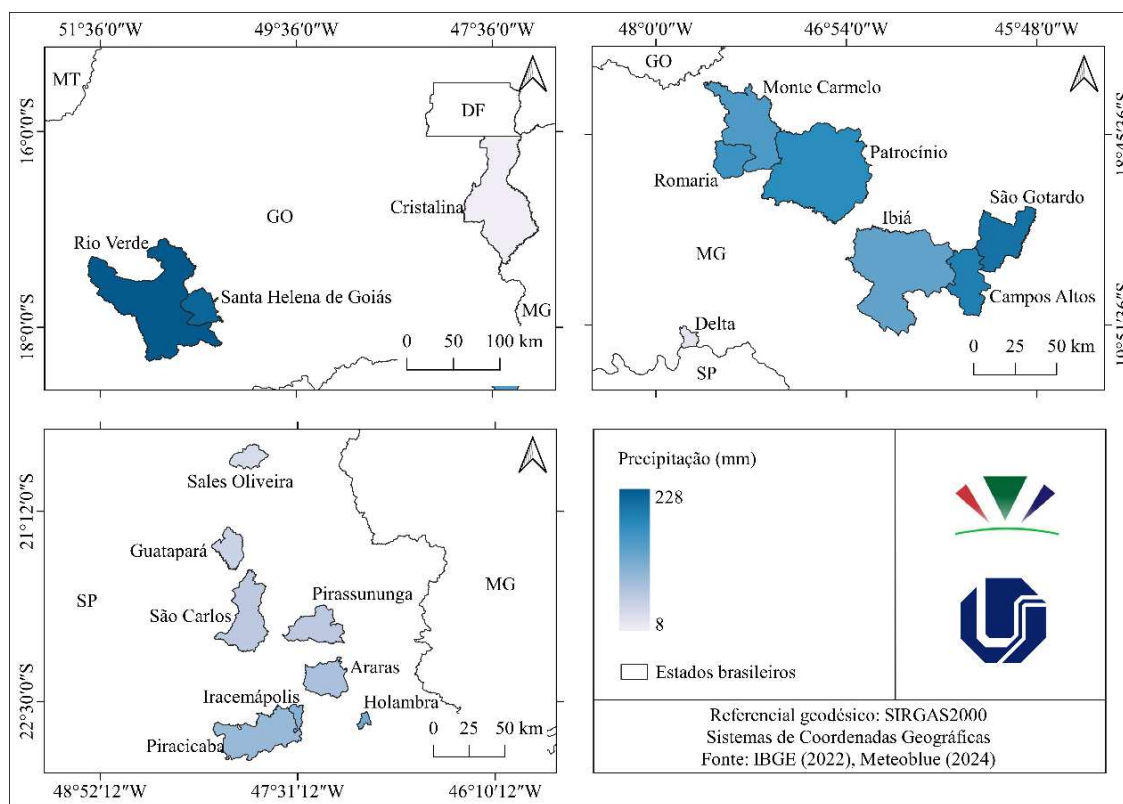


FIGURA 3. Precipitao mdia das cidades de coletas desde 1940

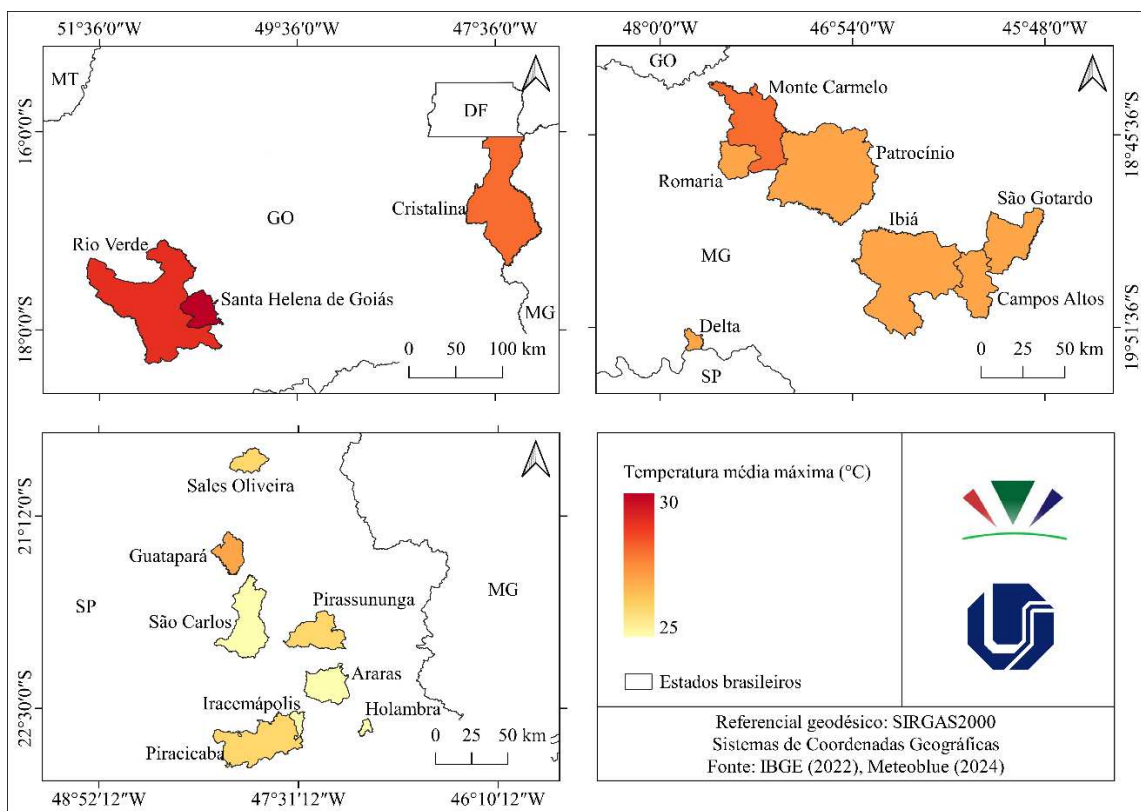


FIGURA 4. Temperatura média máxima das cidades de coletas desde 1940

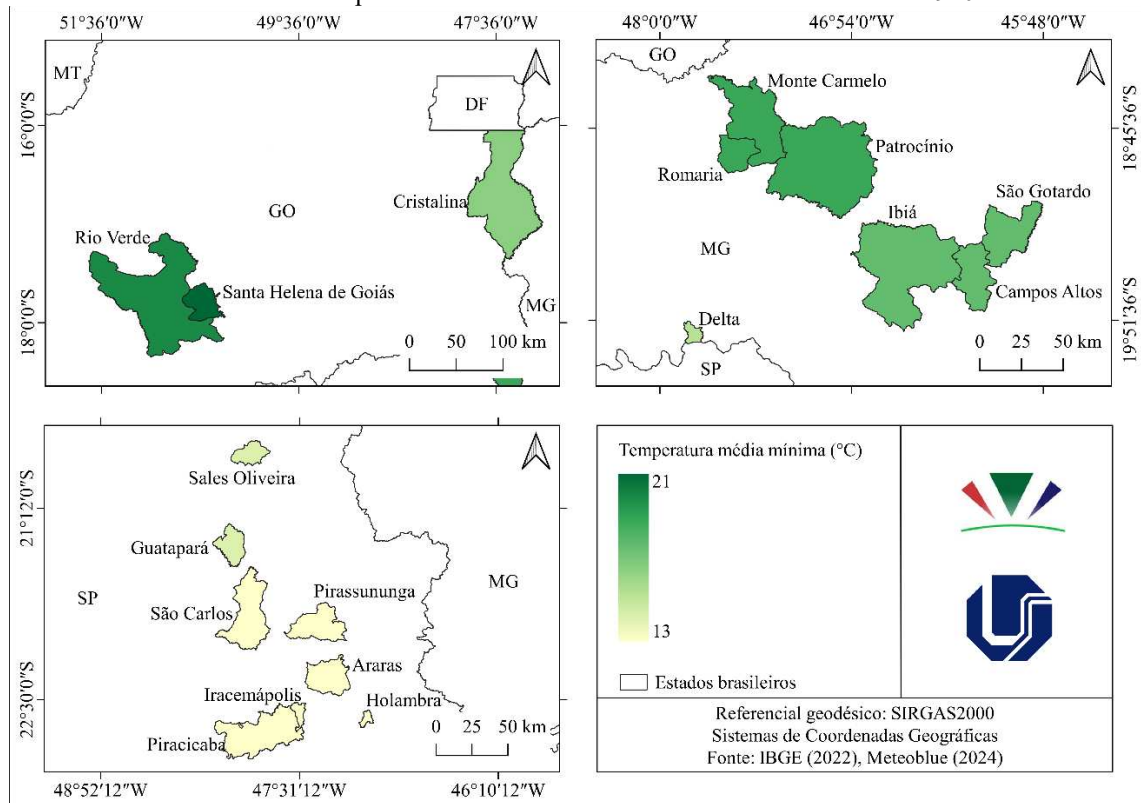


FIGURA 5. Temperatura média mínima das cidades de coletas desde 1940

De acordo com a coloração dos mapas, observa-se que há uma variação de 5 °C nas temperaturas médias máximas, 8 °C nas temperaturas médias e na precipitação houve uma variação de 220 mm. Como dito anteriormente, 26 isolados fitopatogênicos considerados mais agressivos foram escolhidos para serem discutidos com base nos dados climatológicos e períodos de coletas. A escolha desses isolados foi baseada na classificação visual das lesões foliares que causaram em *E. indica* após as inoculações artificiais e, assim, selecionados para etapas futuras de bioprospecção como potenciais agentes de controle biológico para a planta-alvo (Tabela 3). Além disso, foi confeccionada uma árvore filogenética dos isolados fitopatogênicos para confirmação da identificação a nível de gênero (Figura 6). Os isolados de *Fusarium* que apresentaram esporulação não estão inclusos nessa árvore.

TABELA 3. Isolados fúngicos fitopatogênicos mais agressivos à *E. indica* e suas localidades

Gênero	Cidade	Coleta	Quantidade
<i>Bipolaris</i>	Monte Carmelo (MG)	1 (março)	8
	Holambra (SP)	2 (julho)	3
	Piracicaba (SP)	3 (julho)	1
	Guataporá (SP)	3 (julho)	2
<i>Fusarium</i>	Monte Carmelo (MG)	1 (março)	3
	Patrocínio (MG)	1 (março)	1
	Holambra (SP)	2 (julho)	1
	Piracicaba (SP)	3 (julho)	2
<i>Curvularia</i>	Monte Carmelo (MG)	1 (março)	1
	Piracicaba (SP)	3 (julho)	1
<i>Exserohilum</i>	Rio Verde (GO)	5 (dezembro)	1
<i>Alternaria</i>	Monte Carmelo (MG)	1 (março)	1
	Santa Helena de Goiás (GO)	5 (dezembro)	1

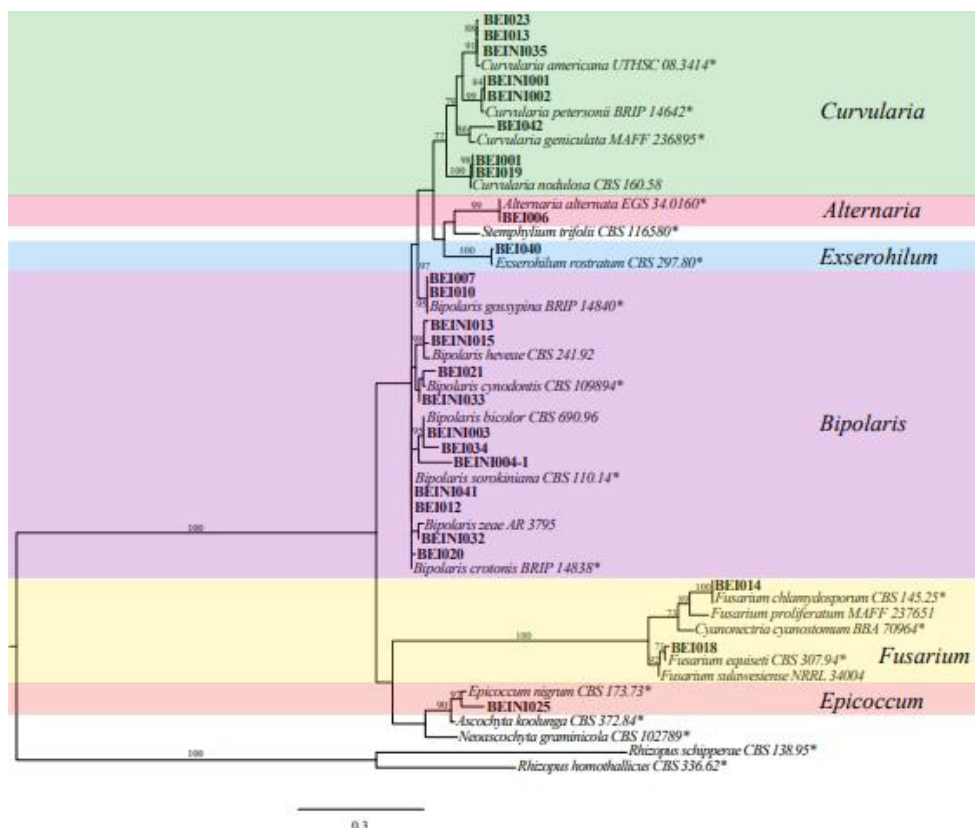


FIGURA 6. Análise filogenética inferida pela máxima verossimilhança baseada no alinhamento da região ITS de isolados fúngicos fitopatogênicos associados à *Eleusine indica* (capim pé-de-galinha) de várias famílias e *outgroup*. Somente os valores de suporte de RAxML acima de 70% são mostrados nos nós. Os gêneros dos isolados identificados na análise estão delimitados por caixas coloridas, com o nome do gênero indicado à direita. Isolados com “*” no final da identificação do isolado são isolados identificados como *ex-type* ou isolados representativos. A análise filogenética foi enraizada com os isolados *Rhizopus schipperae* CBS 138.95 e *Rhizopus homothallicus* CBS 336.62

Os 26 isolados fúngicos mais agressivos à *E. indica* foram distribuídos em 4 gêneros. A Fig. 7 refere-se às características de dias ensolarados, parcialmente nublado, nublado e os dias em que houve chuva. Foi possível observar que não houve tantos dias ensolarados durante os meses de coletas, mas que teve uma predominância no mês de julho nas cidades de Guatapará, Holambra e Piracicaba, com aproximadamente 10, 12 e 14 dias ensolarados, respectivamente.

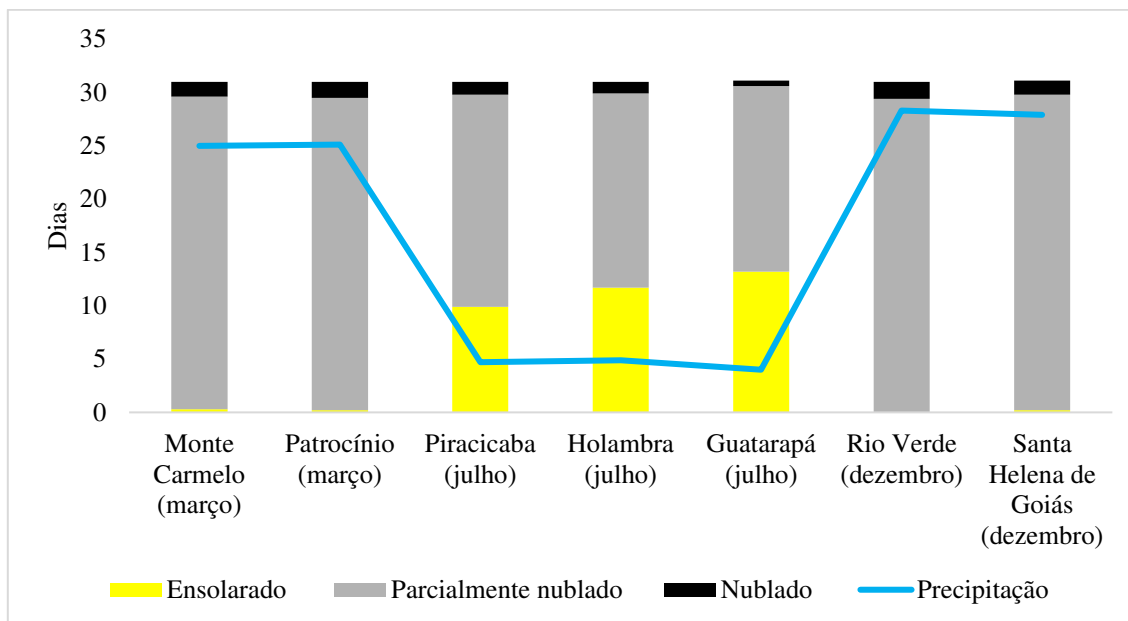


FIGURA 7. Céu nublado, sol e dias de precipitação

Outro fator abiótico importante para analisar é a temperatura (Figura 8), sendo um dos fatores críticos que afetam a fisiologia e a capacidade fitopatogênica de fungos (LEACH; COWEN, 2013; ALMIMAN, 2024). Foi possível observar que os meses apresentaram, em sua maioria, temperaturas de 24/28 °C e 28/32 °C, até nos meses de julho, sendo sua estação do ano caracterizada pelo inverno.

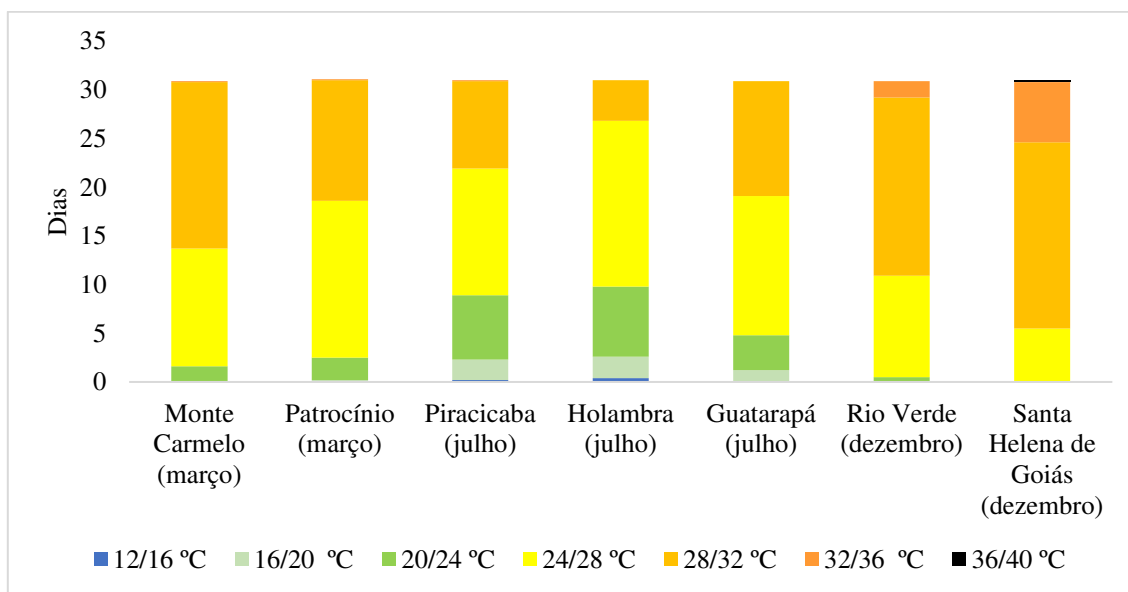


FIGURA 8. Temperaturas ao longo dos meses de coletas

A Figura 9 mostra os dias de precipitação com a quantidade em milímetros (mm), nos meses de coletas, outro fator abiótico que influencia a interação entre fungos fita patogênicos e plantas é a umidade e precipitação (PENG et al., 2021; EZZIYYANI et al., 2019). No Brasil, o verão é considerado chuvoso e o inverno seco e, com os dados apresentados, é possível observar que, em março e dezembro, tiveram aproximadamente 6 e 3 dias secos, respectivamente, enquanto em julho foram 27 dias secos aproximadamente.

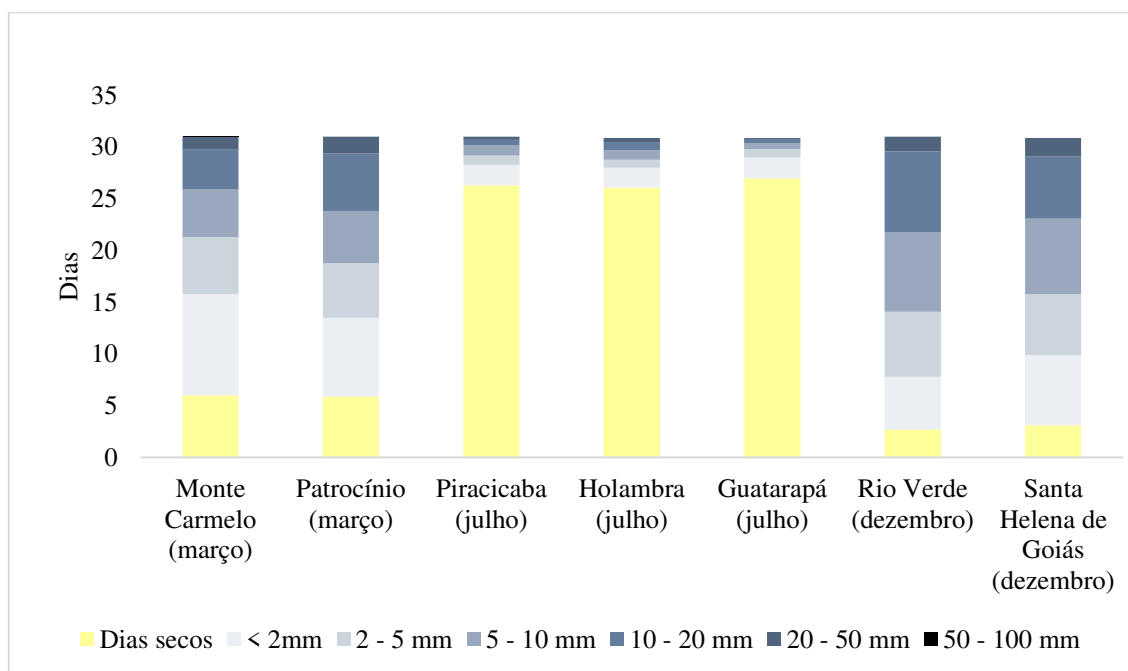


FIGURA 9. Precipitação nos meses de coletas

4 DISCUSSÃO

Esse trabalho apresenta uma primeira etapa de um programa inédito no Brasil, visando o desenvolvimento de um bioherbicida contendo propágulos de um fungo para o manejo de *E. indica*, uma das plantas daninhas mais importantes para a agricultura mundial. Coletas realizadas em três estados brasileiros revelaram uma diversidade da micobiota associada a esse alvo.

Isolados de *Bipolaris* foram encontrados em quatro cidades: Monte Carmelo (MG), Holambra (SP), Piracicaba (SP) e Guataporá (SP). Khan et al. (2023) investigaram o impacto de estressores bióticos e abióticos na diversidade e funcionalidade das espécies de *Bipolaris*, destacando que temperaturas elevadas (20 °C a 30 °C) favorecem o crescimento e a produção de

metabólitos secundários, aumentando sua patogenicidade. Muniz et al. (2024) e Ferreira et al. (2024) confirmaram que temperaturas entre 25 °C e 30 °C são ideais para a infecção de patógenos fúngicos, intensificando a ocorrência de doenças. Kleczewski, Flory e Clay (2012) analisaram a variação da patogenicidade de isolados de *Bipolaris* sob diferentes níveis de precipitação, concluindo que ela favorece sua dispersão e severidade em gramíneas daninhas, como *Microstegium vimineum*. Em sementes de *Urochloa decumbens*, Barbosa (2023) observou que a incidência de *Bipolaris* foi maior em áreas com acúmulo de precipitação entre 40 e 115 mm na pré-colheita. Sun et al. (2020) e Ferreira et al. (2024) associaram umidade relativa superior a 80% ao aumento da infecção de *Bipolaris* spp., incluindo *B. maydis* e Adhikari (2022) destacou que chuvas frequentes e umidades elevadas criam condições ideais para a propagação de *Bipolaris* spp. A influência da luz na germinação e desenvolvimento de *Bipolaris* também tem sido estudada. Moraes (2008) demonstrou que *Bipolaris euphorbiae* possui alta tolerância à luz solar e radiação ultravioleta, mantendo a viabilidade dos conídios, mesmo após longos períodos de exposição. Muniz (2022) analisou a germinação de seis isolados de *Bipolaris bicolor*, verificando que a luz afeta o crescimento do tubo germinativo, mas não a taxa total de germinação. As condições climáticas nas áreas de coleta estavam dentro da faixa ideal para fungos fitopatogênicos do gênero *Bipolaris*, mas a precipitação variou. Em São Paulo, houve mais dias secos do que chuvosos, enquanto Monte Carmelo apresentou maior incidência de *Bipolaris*, com temperaturas entre 24 °C e 32 °C e 25 dias de chuvas (2-100 mm) no período de coleta, favorecendo a ocorrência do fungo.

Fusarium spp. foram identificados em Monte Carmelo (MG), Patrocínio (MG), Holambra (SP) e Piracicaba (SP). O crescimento de *Fusarium* spp. e a produção de micotoxinas estão diretamente relacionados à temperatura, sendo que, a 30°C, sua patogenicidade pode aumentar, especialmente em interação com a umidade (MSHELIA et al., 2020). Gerling et al. (2022) demonstraram que a irrigação e a presença de gramíneas infectadas favorecem a dispersão de *Fusarium* spp. e a contaminação de cultivos vizinhos, incluindo plantas daninhas. A umidade do solo e a precipitação são fatores determinantes na germinação de conídios de *Fusarium* e no desenvolvimento de infecções em diversas espécies vegetais (BENCHEIKH; BELABED; ROUAG, 2024). A precipitação, medida em milímetros (mm), influencia diretamente a germinação de conídios e o desenvolvimento de fungos fitopatogênicos do gênero *Fusarium*, que afetam diversas espécies, incluindo plantas daninhas. Em *Fusarium verticillioides*, por exemplo,

a presença de água é essencial para a germinação dos conídios e infecção em hospedeiros suscetíveis (SOUSA, 2017). Embora a quantidade exata de precipitação necessária varie entre espécies de *Fusarium* spp. e condições ambientais, sabe-se que a água livre sobre as folhas é um fator crítico para a germinação (VIANA et al., 2001). A umidade relativa acima de 70% acelera o crescimento micelial e aumenta a produção de micotoxinas (DESAI; DUBEY; PRASAD, 2020; GUTIÉRREZ-POZO et al., 2024). A luz solar, especialmente a radiação UV, influencia a patogenicidade de *Fusarium*. Estudos indicam que a exposição à radiação UV pode aumentar sua virulência, afetando sua capacidade infecciosa e a produção de metabólitos secundários essenciais para sua patogenicidade (BECCARI; HAO; LIU, 2022; WANG; WANG; SHA, 2022). No entanto, a exposição prolongada à radiação UV-C pode reduzir a viabilidade fúngica e inibir a germinação dos conídios (ROCHA, 2019). Embora esses estudos se concentrem na radiação UV-C, eles sugerem que a exposição direta à luz solar, rica em radiação UV, pode impactar o desenvolvimento de *Fusarium* spp., variando conforme a intensidade e a composição espectral ao longo do dia e das estações. No presente estudo, a umidade foi o único fator climático que não coincidiu com os padrões observados, já que houve poucas chuvas nas cidades paulistas. A maior incidência de *Fusarium* spp. foi registrada em Monte Carmelo, onde as condições climáticas favoreceram sua proliferação: temperaturas entre 24 e 32 °C ao longo de 30 dias e 25 dias de chuva, com precipitação variando entre 2 e 100 mm. Esse cenário sugere que a combinação de temperatura elevada e alta umidade foi determinante para a ocorrência do fungo.

Isolados de *Curvularia* spp. foram identificados em Monte Carmelo (MG) e Piracicaba (SP). Estudos indicam que fatores ambientais, como temperatura e umidade, influenciam sua toxicidade e patogenicidade. Meepagala et al. (2016) mostraram que temperaturas elevadas aumentam a atividade fitotóxica de metabólitos de *Curvularia intermedia*, sugerindo seu potencial no controle biológico de *Pandanus amaryllifolius*. Temperaturas acima de 30 °C podem favorecer algumas espécies de *Curvularia*, mas extremos térmicos podem inibir seu crescimento (KHAN et al., 2023). A umidade e a precipitação são essenciais para a germinação dos conídios de *Curvularia* spp. (TORRES, 2013). Vaz-de-Melo et al. (2010) observaram que a severidade da infecção em híbridos de milho aumentou 30 dias após o florescimento, período em que as condições climáticas, como precipitação, favoreceram o desenvolvimento de *Curvularia* spp. A patogenicidade de *Curvularia lunata* em gramíneas também está diretamente ligada à umidade, intensificando infecções sob alta umidade (MARIN-FELIX; HERNÁNDEZ-RESTREPO;

CROUS, 2020). Santos et al. (2018) confirmaram que umidade adequada pode aumentar a virulência e proliferação de *Curvularia lunata* em culturas agrícolas e plantas daninhas. Níveis de umidade relativa entre 70% e 80% são ideais para seu crescimento e patogenicidade, especialmente em climas tropicais e subtropicais (MEHTA; MEENA; NAGDA, 2022). Suehara e Silva (2023) indicaram que fatores climáticos, como luz solar e vento, podem aumentar a distribuição atmosférica de esporos de fungos, incluindo *Curvularia* sp. Além disso, pesquisas sobre a influência da qualidade da luz no crescimento e esporulação de fungos fitopatogênicos sugerem que diferentes comprimentos de onda podem afetar esses processos, embora o impacto específico sobre *Curvularia* não tenha sido detalhado (VALLE, 1984). Portanto, embora não haja estudos específicos sobre a influência direta da luz solar no crescimento de *Curvularia* spp., é plausível que ela desempenhe um papel na dispersão e, possivelmente, no desenvolvimento desses fungos. Em alguns estudos, a exposição à luz UV foi associada ao aumento na produção de metabólitos secundários, os quais podem influenciar a interação com plantas hospedeiras e a patogenicidade (KHAN et al., 2023). Liu et al. (2019) relataram que a radiação UV aumenta a resistência a estresses ambientais em *Curvularia coicis*, sugerindo que essa adaptação pode estar relacionada à patogenicidade em plantas daninhas. Piracicaba-SP foi a única cidade que não se enquadrou em relação à umidade, devido ao número de dias secos nos dias da coleta. A maior ocorrência de isolados de *Curvularia* spp. foi em Monte Carmelo, o que está diretamente relacionado às condições climáticas, já que a coleta ocorreu no verão, com temperaturas variando entre 24 e 32 °C durante 30 dias e 25 dias com chuvas, com precipitação variando de 2 a 100 mm.

Exserohilum sp. foi encontrado em Rio Verde (GO). Camera e Deuner (2017) avaliaram a germinação de conídios *Exserohilum turcicum* com variação na temperatura e regime luminoso e obtiveram como resultado que 23 °C é a temperatura ideal, com a escuridão favorecendo esse processo. Machado (2021) indicou que a exposição à luz pode inibir o desenvolvimento de conídios de *Exserohilum turcicum*, especialmente em temperaturas entre 20 e 26 °C. É importante destacar que a precipitação não apenas facilita a germinação dos conídios de *Exserohilum turcicum*, mas também contribui para a disseminação do patógeno, uma vez que os conídios podem ser transportados pelo vento e por respingos de chuva (CASELA et al., 2002). A umidade relativa do ar próxima a 93% é essencial para a esporulação de *E. turcicum* e seu desenvolvimento (MACHADO, 2021), o crescimento ótimo do fungo ocorre entre 18°C e 27°C, enquanto o intervalo ideal para o desenvolvimento dos conídios é de 20°C a 26°C, com a luz

inibindo esse processo. A temperatura ideal para a esporulação de *Exserohilum* spp. é de 25 °C (LEACH; FULLERTON; YOUNG, 1977; WHITE, 1999; BHOWMIK; PRASADA, 1970). A ocorrência de *Exserohilum* sp. foi em Rio Verde-GO apresentando 24°C a 36 °C em 29 dias e a 28 dias com chuvas, variando de 2mm a 50 mm, favorecendo seu desenvolvimento.

Alternaria spp. foi encontrada em Monte Carmelo (MG) e Santa Helena de Goiás (GO). Carrascal-Hernández et al. (2022) discutiram estratégias de biocontrole para fungos fitopatogênicos, incluindo *Alternaria*, destacando como as condições ambientais, especialmente a temperatura, influenciam a patogenicidade desses fungos em diversas culturas. O estudo revela que temperaturas elevadas favorecem o crescimento e a virulência de *Alternaria* spp. em plantas hospedeiras. Fernandes, Casadevall e Gonçalves (2023) abordaram a interação entre temperaturas variáveis e a patogenicidade de diferentes espécies de *Alternaria*, indicando que o aumento das temperaturas favorece o crescimento do fungo e sua capacidade de causar doenças em plantas daninhas. Estudos também mostraram que altas temperaturas combinadas com baixa umidade reduzem significativamente sua ocorrência (GIORNI et al., 2024; BALODI et al., 2024). Amabile, Vasconcelos e Gomes (2002) observaram que índices de precipitação de 420,5 mm e 397,4 mm em duas épocas de cultivo de girassol ficaram abaixo do índice ideal de 650 mm (SIQUEIRA et al., 1980) e, apesar disso, a precipitação constante durante todo o ciclo do girassol favoreceu o desenvolvimento da mancha-de-alternária. Coelho et al. (2011) publicaram um estudo sobre *Alternaria solani* em tomateiro que revelou que a umidade relativa do ar média foi de 79,4% e a precipitação acumulada de 717,4 mm durante o período de avaliação favoreceram o desenvolvimento do patógeno. Liu et al. (2024) investigaram *Alternaria alternata*, um patógeno encontrado em *Cuscuta japonica*, sugerindo que a umidade e a precipitação afetam a capacidade do fungo em causar doenças nessa planta daninha, com a chuva aumentando a severidade das infecções e favorecendo a dispersão dos conídios. A umidade relativa acima de 70% tem sido associada à maior prevalência de *Alternaria* spp, pois é crucial para a germinação e o crescimento dos conídios (PYRRI et al., 2024; BALODI et al., 2024). Para Walker (1983), o isolado de *A. cassiae*, registrado como bioherbicida sob o nome de CASST nos Estados Unidos, esporula apenas quando exposto à luz solar direta ou submetido à radiação sob luz incandescente. Enquanto para Ávila et al. (2000) a esporulação de *A. cassiae* é favorecida por incubação da massa micelial a 25 °C e escuro contínuo. Embora a luz UV seja prejudicial a muitos fungos, *Alternaria* spp. mostraram alguma adaptabilidade, com níveis moderados de exposição à radiação

UV, podendo induzir respostas de estresse que afetam sua virulência e sobrevivência (GIORNI et al., 2024). Rajarammohan et al. (2019) sugeriram que *Alternaria* spp., especialmente *A. brassicae*, apresenta adaptações genéticas que permitem melhor sobrevivência e patogenicidade sob diversas condições de luz e radiação. A exposição à radiação UV pode afetar a expressão de genes relacionados à patogenicidade e a produção de toxinas por *A. alternata*, alterando sua capacidade de infectar hospedeiros. Além disso, a radiação UV pode induzir resistência em algumas plantas, impactando a dinâmica da infecção de *Alternaria* sp. (CAO et al., 2024). A maior ocorrência de *Alternaria* spp. foi em Monte Carmelo, totalmente interligada às condições climáticas, pois a coleta foi realizada no verão, com temperaturas variando entre 24°C e 32 °C durante 30 dias, com 25 dias de chuva variando de 2mm a 100 mm. Em Santa Helena de Goiás, as temperaturas variaram de 24°C a 36 °C durante 30 dias, com 28 dias de chuva variando de 2mm a 50 mm, favorecendo o desenvolvimento do fungo, portanto essa ocorrência.

Dessa forma, é de extrema importância averiguar fatores abióticos que podem ter tido uma influência direta na patogenicidade dos fungos encontrados, sendo que as coletas foram realizadas basicamente em duas estações diferentes: verão e inverno. Os verões no Brasil costumam apresentar temperaturas elevadas, com 2023 sendo registrado como o ano mais quente da história do país. A temperatura média do Brasil estava significativamente acima da média histórica, com ondas de calor e eventos climáticos extremos se tornando mais frequentes. Os padrões de precipitação também mudaram durante esses verões, particularmente sob a influência de fenômenos como o El Niño, que amplificou as temperaturas e alterou a distribuição das chuvas (THE WORLD BANK GROUP, 2021; ANDERSON; ASSUMPÇÃO, 2024). A umidade e a precipitação influenciam a interação entre fungos fitopatogênicos e plantas. A umidade adequada pode facilitar a infecção, pois muitos fungos fitopatogênicos dependem de um ambiente úmido para germinação, penetração e colonização (PENG et al., 2021; EZZIYYANI et al., 2019). O trabalho citado em seguida descreve o inverno em diferentes regiões do Brasil. No Sul, as temperaturas são mais frias, enquanto no Nordeste e Norte, o inverno é mais úmido e chuvoso. As condições climáticas no inverno brasileiro estão mudando, enfatizando a interação entre fenômenos climáticos, como o El Niño, e as condições de frio, além de explorar como isso afeta a agricultura e o meio ambiente (MARENGO et al., 2023).

Os fatores bióticos como as interações entre fungos fitopatogênicos e a microbiota do hospedeiro, por exemplo, são fundamentais para determinar a severidade de infecções fúngicas. Estudos revelam que a presença de outros microrganismos no ambiente pode modificar o sucesso de infecções fúngicas (YADAV; SINGH, 2024; FLORES-NUNEZ; STUKENBROCK, 2024). Já os fatores abióticos, como a variação de temperatura, disponibilidade de água, concentração de nutrientes e metais pesados, exercem pressões seletivas sobre os fungos, influenciando sua capacidade de sobreviver e se adaptar. Fatores como o estresse hídrico, salinidade e mudanças na temperatura alteram o comportamento patogênico de muitos fungos, seja aumentando sua agressividade ou restringindo seu crescimento. Além disso, endófitos fúngicos, que são microrganismos que vivem dentro das plantas sem causar danos, ajudam às plantas a lidar com esses estresses bióticos e abióticos, promovendo crescimento e resistência às doenças (VERMA et al., 2022; GOWTHAM et al., 2024).

Peng et al. (2021) publicaram um estudo que concentrou principalmente no uso de fungos fitopatogênicos como agentes de controle biológico. Os autores também discutem aspectos de sua distribuição e a importância de entender a biogeografia desses fungos para seu uso eficaz na agricultura. Dietzel et al. (2019) analisaram a distribuição geográfica de diversos patógenos de plantas nos EUA, evidenciando como os fatores ambientais influenciam na distribuição de fungos fitopatogênicos. O estudo mapeia áreas de suscetibilidade a diferentes patógenos e fornece dados detalhados sobre a abundância relativa de espécies em diferentes regiões. Outra pesquisa investigou, também, como a composição da comunidade de fungos fitopatogênicos influencia outras comunidades fúngicas em florestas subtropicais, apresentando dados sobre a distribuição espacial dos fungos nas diferentes fases de sucessão florestal (CHEN et al., 2024). Além disso, o INCT - Herbario Virtual da Flora e dos Fungos (2024), em parceria com o Centro de Referência em Informação Ambiental (CRIA), têm utilizado técnicas de modelagem para prever a distribuição potencial de fungos em várias regiões do Brasil, ampliando o entendimento sobre como diferentes espécies de fungos se distribuem e como fatores ambientais e climáticos podem influenciar essa distribuição ao longo do tempo.

5 CONCLUSÃO

O presente trabalho, inédito no Brasil, revelou uma diversidade significativa de fungos fitopatogênicos associados ao capim pé-de-galinha (*Eleusine indica*) nos três estados onde foram realizadas as coletas. Essa etapa inicial de prospecção é essencial para os próximos passos visando à seleção de um agente de controle biológico para *E. indica*. Novos testes serão conduzidos por essa mesma equipe para confirmar o potencial dos fungos fitopatogênicos identificados como potenciais agentes de controle biológico contra *E. indica*, podendo oferecer, futuramente, uma alternativa sustentável aos herbicidas químicos. A bioprospecção de fungos fitopatogênicos é essencial para o desenvolvimento de bioherbicidas eficazes, contribuindo para a sustentabilidade da agricultura e a redução do impacto ambiental dos métodos de controle tradicionais.

REFERÊNCIAS

- ADHIKARI, A. Identification, epidemiology, genomics and biocontrol of *Bipolaris* species, pathogens of crops and invasive grasses. 2022. Dissertação (Mestrado) - University of Florida, Florida, 2022.
- ALFENAS, A. C.; MAFIA, R. G. Métodos em fitopatologia. Viçosa: UFV, 2016.
- ALMIMAN, B. Identifying the optimal temperature and water activity conditions of phytopathogenic fungi recovered from Al-Baha province. *Journal of Umm Al-Qura University for Applied Sciences*, v. 10, p. 640–651, 2024. DOI: <https://doi.org/10.1007/s43994-024-00131-3>
- ANDERSON, I.; ASSUMPÇÃO, R. Risk of extreme climate events in Brazil: causes, challenges, and recommendations on resilience and sustainable development. 2024. Disponível em: https://www.ey.com/en_br/sustainability/risk-of-extreme-climate-events-in-brazil. Acesso em: 13 out. 2024.
- AMABILE, R. F.; VASCONSELOS, C. M.; GOMES, A. C. Severidade da mancha-de-alternária em cultivares de girassol na região do Cerrado do Distrito Federal. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v. 37, n. 3, p. 251-257, 2002. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2002000300004>
- ANDRADE JUNIOR, E. R. **Capim-pé-de-galinha** (*Eleusine indica*) **resistente a herbicidas inibidores da ACCase em áreas algodoeiras de Mato Grosso**. 2018. Tese (Doutorado) - Universidade Federal de Mato Grosso, 2018.
- ÁVILA, Z. R. A. Produção de inóculo de *Alternaria cassiae*. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v. 35, n. 3, p. 533-541, 2000. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2000000300008>
- BALODI, R. et al. *Alternaria alternata* species complex impairing solanaceous vegetables in Northern parts of India: an emerging problem in *Solanum lycopersicum* L. **3 Biotech**, v. 14, p. 218, 2024. DOI: <https://doi.org/10.1007/s13205-024-04059-7>
- BARBOSA, F. et al. PLANTAS DANINHAS: ESTRATÉGIAS ADAPTATIVAS E MÉTODOS DE CONTROLE NAS CULTURAS BRASILEIRAS. In: RIBEIRO, J.C.; SANTOS C.A.; CHALES A.S. CIEÊNCIAS AGRÁRIAS: Estudos sistemáticos e pesquisas avançadas 2. Ponta Grossa (PR): Atena, 2022. DOI: <https://doi.org/10.22533/at.ed.0412222116>
- BARBOSA, A. S. V. **Locais de produção na qualidade fisiológica e sanitária de sementes de *Urochloa decumbens***. 2023. Dissertação (Mestrado) - Universidade Estadual Paulista, 2023.
- BECCARI, G.; HAO, G.; LIU, H. *Fusarium* pathogenesis: infection mechanisms and disease progression in host plants. **Frontiers in Plant Science**, v. 13, p. 1-3, 2022. DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.1020404>
- BENCHEIKH, A.; BELABED, I.; ROUAG, N. *Fusarium* head blight of wheat: current knowledge on associated species and their mycotoxins, pathogenicity diversity, and management strategies. **Australasian Plant Pathology**, v. 53, p. 457–471, 2024. DOI: <https://doi.org/10.1007/s13313-024-00995-3>
- BHOWMIK, L.; PRASADA, R. Physiologic specialization in *Helminthosporium turcicum* Pass. from India. **Phytopathologische Zeitschrift, Berlim**, v. 68, n. 1, p. 84-87, 1970. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1439-0434.1970.tb02491.x>

- BOYETCHKO, S. M. et al. Biological weed control with pathogens: search for candidates to applications. **Agriculture and Food Production**, p. 239-274, 2002. DOI: [https://doi.org/10.1016/S1874-5334\(02\)80013-2](https://doi.org/10.1016/S1874-5334(02)80013-2)
- CAMERA, J. N.; DEUNER, C. C. Limiar térmico para a germinação de conídios de *Exserohilum turcicum*. **Revista Ceres**, v. 67, n. 5, p. 478-487, 2017. DOI: <https://doi.org/10.1590/0034-737X201764020005>
- CAO, C. et al. Pathogenic factors and mechanisms of the *Alternaria* leaf spot pathogen in apple. **Horticulturae**, v. 10, n. 3, p. 212-227, 2024. DOI: <https://doi.org/10.3390/horticulturae10030212>
- CARRASCAL-HERNÁNDEZ, D. C. et al. Eco-friendly biocontrol strategies of *Alternaria* phytopathogen fungus: a focus on gene-editing techniques. **Agriculture**, v. 12, n. 10, p. 1722-1745, 2022. DOI: <https://doi.org/10.3390/agriculture12101722>
- CARVALHO, L. B. Plantas daninhas. Lages: Editado pelo autor, 2013.
- CASELA, C. R. et al. Cultivo do milho: doenças foliares. Sete Lagoas: Embrapa, 2002.
- CASTELLANI, A. Viability of some pathogenic fungi in distilled water. **Journal of Tropical Medicine and Hygiene**, v. 42, n. 225, 1939.
- CHEN, M. et al. Community composition of phytopathogenic fungi significantly influences ectomycorrhizal fungal communities during subtropical forest succession. **Applied Microbiology and Biotechnology**, v. 108, p. 99, 2024. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00253-023-12992-5>
- COELHO, et al. Controle de *Alternaria solani* com fungicidas na cultura do tomateiro. **Revista Facultad Nacional de Agronomía Medellín**, v. 64, n. 1, p. 5845-5851, 2011. ISSN 0304-2847.
- COPPING, L. G. et al. The evolution of crop protection companies. **Outlooks on Pest Management**, v. 29, p. 25-37, 2018. DOI: <https://doi.org/10.1039/B308486H>.
- DALAZEN, G. et al. Hairy fleabane as a source of major insect pests of soybean. **Planta Daninha**, v. 34, p. 403-409, 2016. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0100-83582016340300001>.
- DAVIS, A. S.; FRISVOLD, G. B. Are herbicides a once in a century method of weed control? **Pest Management Science**, v. 73, n. 11, p. 2209-2220, 2017. DOI: <https://doi.org/10.1002/ps.4643>.
- DESAI, S.; DUBEY, S. C.; PRASAD, R. D. Impacts of climate change on *Fusarium* species vis-à-vis adaptation strategies. **Indian Phytopathology**, v. 73, n. 4, p. 593-603, 2020. DOI: <https://doi.org/10.1007/s42360-020-00258-3>.
- DIAS, A. C. R. et al. Competitiveness of alexandergrass or Bengal dayflower with soybean. **Planta Daninha**, v. 28, n. 3, p. 515-522, 2010. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0100-83582010000300008>
- DIETZEL, K. et al. Geographical Distribution of Fungal Plant Pathogens in Dust Across the United States. **Frontiers In Ecology And Evolution**, v. 7, n. 1, p. 1-8, 2019. Disponível em: <https://doi.org/10.3389/fevo.2019.00304>
- EMBRAPA. Manejo integrado de plantas daninhas. 2009. Disponível em: http://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/CPAC-2009/27986/1/doc_103.pdf. Acesso em: 16 mar. 2025.

EZZIYYANI, M. et al. Effect of Climate Change on Growth, Development and Pathogenicity of Phytopathogenic Telluric Fungi. **Advances In Intelligent Systems And Computing**, v. 911, n. 1, p. 14-21, 2019. DOI: https://doi.org/10.1007/978-3-030-11878-5_2

FENICAL, W. New pharmaceuticals from marine organisms. **Trends in Biotechnology**, v. 15, n. 9, p. 339-344, 1997. Disponível em: [https://doi.org/10.1016/S0167-7799\(97\)01081-0](https://doi.org/10.1016/S0167-7799(97)01081-0)

FERNANDES, C.; CASADEVALL, A.; GONÇALVES, T. Mechanisms of *Alternaria* pathogenesis in animals and plants. **FEMS Microbiology Reviews**, v. 47, n. 6, p. 1-25, 2023. Disponível em: <https://doi.org/10.1093/femsre/fuad061>

FERREIRA, C. M. et al. Characterization of the *Bipolaris maydis*: symptoms and pathogenicity in popcorn genotypes (*Zea mays* L.). **Brazilian Journal of Biology**, v. 84, n. 1, p. 1-7, 2024. DOI: <https://doi.org/10.1590/1519-6984.256799>

FLORES-NUNEZ, V. M.; STUKENBROCK, E. H. The impact of filamentous plant pathogens on the host microbiota. **BMC Biology**, v. 22, n. 1, p. 175-186, 2024. DOI: <https://doi.org/10.1186/s12915-024-01965-3>

FONTES, J. R. A. et al. **Manejo Integrado de Plantas Daninhas**. Planaltina: Embrapa Cerrados, 2003.

GERLING, M.; PETRY, L.; BARKUSKY, D. et al. Infected grasses as inoculum for *Fusarium* infestation and mycotoxin accumulation in wheat with and without irrigation. **Mycotoxin Research**, v. 39, n. 1, p. 19-31, 2023. DOI: <https://doi.org/10.1007/s12550-022-00470-2>

GIORNI, P. et al. In planta evaluation of different bacterial consortia for the protection of tomato plants against *Alternaria* spp. infection and *Alternaria* toxins presence in fruits. **Frontiers in Horticulture**, v. 3, n. 1, p. 1-12, 2024. DOI: <https://doi.org/10.3389/fhort.2024.1447425>

GOWTHAM, H. G. et al. Fungal Endophytes as Mitigators against Biotic and Abiotic Stresses in Crop Plants. **Journal of Fungi**, v. 10, n. 2, p. 116, 2024. DOI: <https://doi.org/10.3390/jof10020116>

GUTIÉRREZ-POZO, M. et al. Effect of Temperature, Relative Humidity, and Incubation Time on the Mycotoxin Production by *Fusarium* spp. **Responsible for Dry Rot in Potato Tubers. Toxins**, v. 16, n. 10, p. 414-429, 2024. DOI: <https://doi.org/10.3390/toxins16100414>

HEAP, I. M. **International Survey of Herbicide Resistant Weeds**. 2024. Disponível em: <http://www.weedscience.org>. Acesso em: 29 jan. 2025.

INCT - HERBÁRIO VIRTUAL DA FLORA E DOS FUNGOS. Biogeografia da Flora e Fungos do Brasil. Disponível em: <https://bigeo.inct.florabrasil.net/>. Acesso em: 13 out. 2024.

KHAN, N. A. et al. Diversity, lifestyle, genomics, and their functional role of *Cochliobolus*, *Bipolaris*, and *Curvularia* species in environmental remediation and plant growth promotion under biotic and abiotic stressors. **Journal Of Fungi**, v. 9, n. 2, p. 254-283, 2023. DOI: <https://doi.org/10.3390/jof9020254>

KLECZEWSKI, N. M.; FLORY, S. L.; CLAY, K. Variation in pathogenicity and host range of *Bipolaris* sp. causing leaf blight disease on the invasive grass *Microstegium vimineum*. **Weed Science**, v. 60, n. 3, p. 486-493, 2012. DOI: <https://doi.org/10.1614/WS-D-11-00187.1>

KUMAR, V.; AGGARWAL, N. K.; MALIK, A. Bioherbicidal concept: a novel strategy to control weeds. In: **MICROBIAL BIOPROSPECTING FOR SUSTAINABLE DEVELOPMENT**. Springer Singapore, 2018. p. 29-40. DOI: https://doi.org/10.1007/978-981-13-0053-0_2

- LEACH, M. D.; COWEN, L. E. Surviving the heat of the moment: a fungal pathogens perspective. **Plos Pathogens**, v. 8, n. 3, p. 1-4, 2013. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1003163>
- LEACH, C. M.; FULLERTON, R. A.; YOUNG, K. Northern leaf blight of maize in New Zealand: release and dispersal of conidia of *Drechslera turcica*. **Phytopathology**, v. 67, 1977.
- LIU, B. et al. Effects of *Lactobacillus plantarum* CQPC01-fermented soybean milk on activated carbon-induced constipation through its antioxidant activity in mice. **Food Science & Nutrition**, v. 7, n. 6, p. 2068-2082, 2019. DOI: <https://doi.org/10.1002/fsn3.1048>
- LIU, Y. et al. *Alternaria alternata* pathogen from *Cuscuta japonica* could serve as a potential bioherbicide. **J. Fungi**, v. 10, n. 7, p. 494, 2024. DOI: <https://doi.org/10.3390/jof10070494>
- LORENZI, H. **Manual de identificação e controle de plantas daninhas**: plantio direto e convencional. Nova Odessa: Instituto Plantarum, 2014.
- LORENZI, H. **Plantas daninhas do Brasil**: terrestres, aquáticas, parasitas e tóxicas. Nova Odessa: Instituto Plantarum, 2008.
- MACHADO, M. R. F. **Interactions between *Exserohilum turcicum* and maize seeds**: detection, effects and transmission of the pathogen. 2021. Tese (Doutorado) - Universidade Federal de Lavras.
- MARENGO, J. et al. A cold wave of winter 2021 in central South America: characteristics and impacts. **Clim Dyn**, v. 61, p. 2599–2621, 2023. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00382-023-06701-1>
- MARIN-FELIX, Y.; HERNÁNDEZ-RESTREPO, M.; CROUS, P. W. Multi-locus phylogeny of the genus *Curvularia* and description of ten new species. **Mycol Progress**, v. 19, p. 559–588, 2020. DOI: <https://doi.org/10.1007/s11557-020-01576-6>
- MATELIONIENÉ, N. et al. In vitro sensitivity test of *Fusarium* species from weeds and non-gramineous plants to triazole fungicides. **Pathogens**, v. 13, n. 2, p. 160, 2024. DOI: <https://doi.org/10.3390/pathogens13020160>
- MEEPAGALA, K. M.; JOHNSON, R. D.; DUKE, S. O. Curvularin and dehydrocurvularin as phytotoxic constituents from *Curvularia intermedia* infecting *Pandanus amaryllifolius*. **J. Agric. Chem. Env.**, v. 5, p. 12–22, 2016. DOI: <http://dx.doi.org/10.4236/jacen.2016.51002>.
- MEHTA, T.; MEENA, M.; NAGDA, A. Bioactive compounds of *Curvularia* species as a source of various biological activities and biotechnological applications. **Frontiers In Microbiology**, v. 13, p. 1-17, 2022. DOI: <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.1069095>
- MILLER, M. A.; PFEIFFER, W.; SCHWARTZ, T. The CIPRES science gateway: enabling high-impact science for phylogenetics researchers with limited resources. In: **PROCEEDINGS OF THE 1ST CONFERENCE OF THE EXTREME SCIENCE AND ENGINEERING DISCOVERY ENVIRONMENT: BRIDGING FROM THE EXTREME TO THE CAMPUS AND BEYOND**. New York: ACM, 2012. p. 1–8. DOI: <https://dl.acm.org/doi/10.1145/2335755.2335836>
- MSHELIA, L. P. et al. Effect of temperature, water activity and carbon dioxide on fungal growth and mycotoxin production of acclimatised isolates of *Fusarium verticillioides* and *F. graminearum*. **Toxins**, v. 12, n. 8, p. 478-492, 2020. DOI: <https://doi.org/10.3390/toxins12080478>.
- MORAES, C. **Produção massal e influência de fatores físicos no cultivo e viabilidade de *Bipolaris euphorbiae***. 2009. Dissertação (Mestrado) - Universidade Estadual Paulista.

MUNIZ, P. H. P. C. **Fotomorfogênese e patogenicidade de *Bipolaris bicolor* em trigo, milho e sorgo**. 2022. Dissertação (Mestrado) - Universidade Estadual de Goiás.

MUNIZ, P. H. P. C. et al. Characterization of *Bipolaris bicolor* germination: effects of a physical factor on fungal adaptability. **Braz J Microbiol**, v. 55, n. 4, p. 3521-3528, 2024. DOI: <https://doi.org/10.1007/s42770-024-01520-w>

OLIVEIRA, M. F.; BRIGHENTI, A. M. **Controle de plantas daninhas: métodos físico, mecânico, cultural, biológico e alelopatia**. Brasília: Embrapa, 2018.

PENG, Y. et al. Research progress on phytopathogenic fungi and their role as biocontrol agents. **Frontiers in Microbiology**, v. 12, p. 1-13, 2021. DOI: <https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.670135>

PITELLI, R. A. et al. Controle biológico de plantas daninhas. In: CONGRESSO LATINOAMERICANO DE MALEZAS, 1997, Manzanillo. **Anais...** p. 518-524.

PYRRI, I. et al. Variability in *Alternaria alternata* spore characteristics under different culture conditions: implications for automatic detection using air flow cytometry. **Aerobiologia**, v. 40, p. 437-446, 2024. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10453-024-09831-z>

RAMBAUT, A. **FigTree v1.4.4**: A graphical viewer of phylogenetic trees. Disponível em: <http://tree.bio.ed.ac.uk/software/figtree/>. Acesso em: 23 jan. 2025.

RAJARAMMOHAN, S. et al. Comparative genomics of *Alternaria* species provides insights into the pathogenic lifestyle of *Alternaria brassicae* – a pathogen of the Brassicaceae family. **BMC Genomics**, v. 20, p. 1036, 2019. DOI: <https://doi.org/10.1186/s12864-019-6414-6>

ROCHA, A. B. O. Efeito da luz fluorescente e da radiação UV-C no controle da podridão seca e rhizoctoniose em batata-semente após a colheita. **Revista Científica Multidisciplinar Núcleo do Conhecimento**, v. 4, n. 1, p. 155-169, 2019. ISSN 2448-0959.

SANTOS, P. R. R. et al. Morphological and molecular characterization of *Curvularia lunata* pathogenic to andropogon grass. **Bragantia**, v. 77, n. 2, p. 326-332, 2018. DOI: <https://doi.org/10.1590/1678-4499.2017258>

SILVA, W. L. **Herbicidas residuais no controle de *Eleusine indica* e na seletividade da cultura da soja**. 2020. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) – Instituto Federal Goiano, Goiânia.

SIQUEIRA, I. F. **Girassol**. Londrina: Fundação Instituto Agrônomo do Paraná, 1980.

SOUSA, R. R. **Incidência de *Fusarium verticillioides* em sementes de milho e métodos de inoculação em diferentes genótipos e estágios fenológicos**. 2017. Dissertação (Mestrado em Fitopatologia) – Universidade Federal do Tocantins, Palmas.

SUEHARA, M. B.; SILVA, M. C. P. Prevalência de fungos anemófilos no Brasil e a correlação com doenças respiratórias e infecções fúngicas. **Ciência & Saúde Coletiva**, v. 28, n. 11, 2023. DOI: <https://doi.org/10.1590/1413-812320232811.08302022>

SUN, X. et al. Etiology and symptoms of maize leaf spot caused by *Bipolaris* spp. in Sichuan, China. **Pathogens**, v. 9, n. 3, p. 229, 2020. DOI: <https://doi.org/10.3390/pathogens9030229>

THE WORLD BANK GROUP. Explore historical and projected climate data, climate data by sector, impacts, key vulnerabilities and what adaptation measures are being taken. Disponível em:

<https://climateknowledgeportal.worldbank.org/country/brazil/climate-data-historical>. Acesso em: 13 out. 2024.

TORRES, D. P. **Etiologia da mancha de *Curvularia* em gladiolo e aspectos da interação planta-patógeno**. 2013. Dissertação (Mestrado em Fitopatologia) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

VAIDYA, G.; LOHMAN, D. J.; MEIER, R. SequenceMatrix: concatenation software for the fast assembly of multi-gene datasets with character set and codon information. **Cladistics**, v. 27, n. 2, p. 171-180, 2011. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1096-0031.2010.00329.x>

VALLE, T. L. **Influência da qualidade da luz no crescimento e esporulação do *Metarhizium anisopliae* (Metch.) Sorokin**. 1984. Dissertação (Mestrado em Entomologia) – Universidade de São Paulo, São Paulo.

VAZ-DE-MELO, A. et al. Reação de híbridos de milho à *Curvularia* spp., sob dois níveis de adubação com nitrogênio, no sul do Tocantins. **Scientia Agraria**, Curitiba, v. 11, n. 2, p. 149-154, 2010. DOI: <https://doi.org/10.5380/rsa.v11i2.16590>

VERMA, A. et al. Fungal endophytes to combat biotic and abiotic stresses for climate-smart and sustainable agriculture. **Frontiers in Plant Science**, v. 13, p. 1-16, 2022. DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.953836>

VIANA, F. M. P. et al. **Recomendações para o controle das principais doenças que afetam a cultura do melão na Região Nordeste**. Fortaleza: Embrapa, 2001.

VIDAL, R. A.; LAMEGO, F. P.; TREZZI, M. M. Resistência de *Eleusine indica* aos inibidores de ACCase. **Planta Daninha**, v. 24, n. 1, p. 163-171, 2006. Disponível em: <http://hdl.handle.net/10183/77710>.

WALKER, H. L. Control of sicklepod, showy croton and coffee senna with fungal pathogen. **U.S. Patent**, n. 4, 390.360, 10 mar. 1982, 28 jun. 1983.

WANG, Y.; WANG, R.; SHA, Y. Distribution, pathogenicity and disease control of *Fusarium tricinctum*. **Frontiers in Microbiology**, v. 13, p. 1-11, 2022. DOI: <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.939927>

WHITE, D. G. *Compendium of corn diseases*. Minnesota: **The American Phytopathological Society**, 1999.

YADAV, U.; SINGH, P. C. Biotic stress to plants: fungal pathogen as a major biotic stress. In: CHAOHAN, P. S.; TEWARI, S. K.; MISRA, S. (orgs.). **Plant-Microbe Interaction and Stress Management**. Springer, 2024. p. 1-305. DOI: https://doi.org/10.1007/978-981-97-4239-4_15.

ZANATTA, J. F. et al. Interferência de plantas daninhas em culturas olerícolas. **Revista da FZVA**, v. 13, p. 39-57, 2006.

CAPÍTULO 2

POSSÍVEIS NOVOS TAXA FÚNGICOS FITOPATOGÊNICOS DA FAMÍLIA PLEOSPORACEAE ASSOCIADOS AO CAPIM PÉ-DE-GALINHA (*Eleusine indica*)

RESUMO

Este estudo aborda a diversidade e identificação de fungos da família Pleosporaceae associados ao capim pé-de-galinha (*Eleusine indica*) por meio de análises filogenéticas. Estas análises foram realizadas com softwares como MEGA 11, MAFFT, Gblocks e MrBayes, destacando-se a importância dos dados moleculares para identificação precisa, devido à sobreposição de caracteres morfológicos entre espécies. Os resultados mostraram que as características morfológicas, isoladamente, não são suficientes para identificação precisa, e que a classificação baseada apenas em características moleculares também é insuficiente. As análises de DNA revelaram que *Bipolaris* e *Curvularia* não podem ser combinados num único gênero monofilético. Destaca-se nesse trabalho 6 possíveis espécies novas, 3 do gênero *Curvularia* e 3 do gênero *Bipolaris*, sendo fundamental a utilização de abordagens integradas para delimitação taxonômica. Enfatizamos que a filogenia é essencial para a identificação precisa de novos taxa fúngicos e que estudos morfológicos estão sendo conduzidos com esses isolados para confirmar essas possíveis novas espécies, assim como preparar futuras publicações.

Palavras-chave: Análise molecular, Filogenia; Novas espécies

ABSTRACT

This study addresses the diversity and identification of fungi from the Pleosporaceae family associated with goosegrass (*Eleusine indica*) through phylogenetic analyses. These analyses were performed using software such as MEGA 11, MAFFT, Gblocks, and MrBayes, emphasizing the importance of molecular data for precise identification, due to the overlap of morphological traits between species. The results showed that morphological characteristics alone are not sufficient for accurate identification, and that classification based solely on molecular traits is also inadequate. DNA analyses revealed that *Bipolaris* and *Curvularia* cannot be combined into a single monophyletic genus. This study highlights 6 possible new species, 3 from the genus *Curvularia* and 3 from the genus *Bipolaris*, underscoring the need for integrated approaches for taxonomic delimitation. We emphasize that phylogeny is essential for the accurate identification of new fungal taxa, and morphological studies are being conducted with these isolates to confirm these potential new species and prepare for future publications.

Keywords: Molecular analysis; Phylogeny; New species

1 INTRODUÇÃO

O capim-pé-de-galinha (*Eleusine indica*) é uma planta daninha amplamente disseminada em diversos tipos de solo e climas tropicais e subtropicais, sendo uma das principais ameaças à agricultura, especialmente em culturas de grãos e pastagens. Essa planta, pertencente à família Poaceae, é caracterizada por sua alta capacidade de adaptação e resistência a diferentes métodos de controle (LORENZI et al., 2008). O capim-pé-de-galinha (*Eleusine indica*) é uma gramínea anual pertencente à família Poaceae, amplamente distribuída em regiões tropicais e subtropicais. Apresenta colmos geralmente ramificados desde a base, com altura variando de 30 a 50 cm. As folhas possuem bainhas abertas, lígulas membranosas e lâminas planas ou conduplicadas, com largura entre 3 e 8 mm. A inflorescência é composta por 5 a 12 espigas fasciculadas, dispostas no ápice do colmo ou sobre um eixo breve, com comprimento de 5 a 7 cm. As espigas são imbricadas em duas séries, contendo de 6 a 10 flores, e apresentam comprimento de 5 a 5,5 mm. O fruto é uma cariopse com pericarpo muito fino, medindo de 1 a 1,5 mm de comprimento, contendo uma semente de coloração marrom-avermelhada e superfície granulada (GOVERNO DO MÉXICO, 2025). O uso intensivo e, por vezes, indiscriminado de herbicidas químicos tem levado ao surgimento de populações de plantas daninhas resistentes, tornando o manejo dessas espécies um desafio crescente na agricultura moderna (SANTOS, 2022). Um exemplo notável é o capim-pé-de-galinha (*Eleusine indica* L.), que desenvolveu resistência a múltiplos mecanismos de ação de herbicidas, dificultando seu controle e exigindo estratégias de manejo mais integradas (CORREIA, 2024).

O controle biológico de plantas daninhas, em particular do capim-pé-de-galinha, tem se mostrado uma abordagem promissora, com foco no uso de organismos naturais, como fungos, bactérias e insetos, para reduzir a população da planta-alvo (OLIVEIRA; BRIGHENTI, 2018). A utilização de fungos fitopatogênicos, em especial, tem ganhado destaque nos últimos anos devido ao seu potencial de infecção e capacidade de controle específico, minimizando impactos no ecossistema e evitando os danos ambientais provocados pelos herbicidas (VIEIRA; BARRETO; NECHET, 2018).

Além disso, a crescente resistência do capim-pé-de-galinha a herbicidas tem levado a intensificação de pesquisas sobre fungos fitopatogênicos que atuam como agentes de biocontrole.

Esses estudos buscam não apenas identificar e isolar novos fungos, mas também entender a dinâmica de interação entre esses organismos e as plantas daninhas, para otimizar os métodos de controle e reduzir a dependência de produtos químicos no manejo agrícola (Carvalho et al., 2017). A importância dessa abordagem é reforçada por seu caráter sustentável, que visa reduzir os impactos negativos dos métodos convencionais de controle de plantas daninhas.

A família Pleosporaceae, pertencente à ordem Pleosporales e classe Dothideomycetes, compreende um grupo diverso de fungos amplamente distribuídos em diferentes habitats e modos de vida, incluindo formas saprófitas, endofíticas e fitopatogênicas. Estudos recentes têm contribuído para a elucidação das relações filogenéticas entre os gêneros dessa família, permitindo uma melhor compreensão de sua taxonomia e evolução (KODSUEB et al., 2006). Além disso, novas descobertas, como a descrição dos gêneros *Neostemphylium* e *Scleromyces*, têm ampliado o conhecimento sobre a diversidade e características morfológicas dos representantes da Pleosporaceae, reforçando sua importância ecológica e taxonômica (TORRES-GARCIA, 2022).

A distinção entre esses gêneros baseia-se em características específicas dos conídios. No gênero *Exserohilum*, os conídios possuem um hilo (ponto de fixação ao conidióforo) distintamente protuberante, característica que o diferencia de *Bipolaris* e *Drechslera*. Em *Bipolaris*, o hilo é apenas ligeiramente protuberante, enquanto em *Drechslera* o hilo não é protuberante. Essas diferenças morfológicas são fundamentais para a correta identificação e classificação desses fungos (ADÉLAIDE UNIVERSITY, 2023). De acordo com Manamgoda et al. (2012) os conídios de *Curvularia* tendem a ser relativamente curtos, com menos de 100 µm na maioria das espécies, e apresentam formato reto ou levemente curvado. Quando curvados, essa curvatura resulta do alargamento excessivo das células intermediárias. Já os conídios das espécies de *Bipolaris* são, em geral, maiores, ultrapassando 100 µm, possuem um maior número de distoseptos e podem ser retos ou suavemente curvados. A identificação de espécies de *Bipolaris* e *Curvularia* é desafiadora, pois as características morfológicas assexuais são insuficientes devido à alta variabilidade intraespecífica e à dificuldade em obter estágios sexuais em laboratório (ARABI; JAWHAR, 2007; MANAMGODA et al., 2015). Muitas descrições de espécies apresentam sobreposição de caracteres, como o comprimento, a septação e a largura dos conídios, que têm intervalos ambíguos entre as espécies (MANAMGODA et al., 2012; MANAMGODA et al., 2014).

Dessa forma, estudos filogenéticos recentes têm contribuído para uma melhor compreensão das relações entre esses gêneros. Análises de sequências de DNA revelaram que *Bipolaris* e *Curvularia* não podem ser combinados num único gênero monofilético, indicando que a classificação baseada apenas em características morfológicas pode ser insuficiente. Esses achados ressaltam a importância de abordagens

integradas, combinando dados morfológicos e moleculares, para uma delimitação taxonômica mais precisa (MANAMGODA et al., 2012).

O objetivo deste trabalho é determinar possíveis novas taxa fúngicas associados ao capim pé-de-galinha com base na filogenia.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Extração de DNA

Após teste de patogenicidade descrito no capítulo 1 dos isolados codificados como BEI (Biocontrol *Eleusine indica* – Isolamento direto) e BEINI (Biocontrol *Eleusine indica* não identificado– Isolamento indireto), foi feita a extração de DNA de todos os isolados fitopatogênicos. Esses isolados foram cultivados em meio de cultura batata dextrose ágar (BDA) e incubados em BOD a 25 °C por 7 dias. O Kit *Wizard Genomic DNA Purification* (Promega) foi utilizado para a extração do DNA, seguindo as instruções do fabricante.

A identificação molecular dos isolados fúngicos foi realizada por meio da PCR (reação em cadeia da polimerase), que consiste na amplificação de regiões específicas do DNA. Foi realizada a PCR da região *Internal Transcribed Spacer* - ITS (ITS1/ITS4) conforme descrito por White et al. (1990). Para amplificar o gene *glyceraldehyde-3-phosphate* (GPDH), os *primers* *gpd1* e *gpd2* (BERBEE et al., 1999). A região *Elongation Factor 1-alpha* (EF-1 α) foi amplificada utilizando os *primers* EF 983/2218R (SCHÖCH et al., 2009).

Cada reação de PCR teve um volume total de 25 μ L, composto por 0,3 μ L de Taq DNA polimerase, 0,5 μ L de dNTP (10 mM), 2,5 μ L de solução tampão 10x, 1,25 μ L de cada primer (10 μ M), 1 μ L de DNA (10-15 ng/ μ L) e 18,20 μ L de água ultrapura esterilizada. Para ITS, a programação do termociclador para a reação de PCR consistiu em uma etapa inicial de desnaturação a 95°C por 3 minutos, seguida por 35 ciclos que incluem três etapas: desnaturação a 95°C por 30 segundos, anelamento a 50,8°C por 1 minuto e extensão a 72°C por 90 segundos. Após a conclusão dos ciclos, há uma etapa final de extensão a 72°C por 10 minutos, garantindo a finalização completa da síntese do DNA.

Os fragmentos amplificados foram purificados e enviados para sequenciamento pela empresa ACTGene. Para GPDH, o programa de amplificação incluiu uma etapa inicial de desnaturação a 96 °C por 2 minutos, seguida de 35 ciclos de PCR com 1 minuto a 96 °C, 1 minuto a 52 °C e 45 segundos a 72 °C. A cada ciclo, o tempo foi estendido a 72 °C por 4 segundos, com uma extensão final de 10 minutos a 72 °C.

Para EF-1 α , incluiu uma etapa inicial de desnaturação a 95 °C por 3 minutos, seguida de 30 ciclos de 40 segundos de desnaturação a 94 °C, 50 segundos de anelamento dos primers a 54 °C e 1 minuto de extensão a 72 °C. Os produtos obtidos na PCR foram analisados em gel de agarose a 1% e visualizados sob transiluminador.

2.2 Escolha dos isolados

Os eletroferogramas e as sequências de cada isolado foram analisados por meio do software SeqAssem v07/2008. As sequências geradas foram avaliadas no GenBank (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>), que é banco de dados público e abrangente de sequências genômicas e de DNA, mantido pelo National Center for Biotechnology Information (NCBI), parte do National Institutes of Health (NIH) dos Estados Unidos. Os isolados que tiveram identidades próximas aos gêneros *Bipolaris*, *Curvularia* e *Exserohilum* foram selecionados para análise.

2.3 Análise filogenética

As sequências dos isolados selecionados foram alinhadas utilizando o programa MEGA 11 (TAMURA; STECHER; KUMAR, 2021). O alinhamento foi otimizado com as ferramentas MAFFT e Gblocks, através do NGPhylogeny (<https://ngphylogeny.fr/>), utilizando configurações padrão. No software SequenceMatrix 1.7.8 (VAIDYA; LOHMAN; MEIER, 2011), foram gerados arquivos Nexus (não intercalados), contendo dados sobre os limites dos genes, além de arquivos PHY para análise do alinhamento no AliView (LARSSON, 2014), a fim de gerar arquivos no formato Nexus, devidamente modificados para a análise no MrBayes. Esses alinhamentos foram analisados com o software MEGA 11 (TAMURA; STECHER; KUMAR, 2021), salvando as sequências no formato ideal para utilização no PAUP 4.0 (SWOFFORD, 2002), o que possibilitou a geração do arquivo mmodel.scores. A partir disso, foi gerado o arquivo modelo.out para as regiões ITS, GAPDH e TEF. Com base nesse processo, foi possível selecionar o melhor modelo de evolução utilizando o Akaike Information Criterion (AIC) no MrModeltest 2.3 (POSADA; CRANDALL, 1998). O arquivo Nexus do Aliview foi configurado e desenvolvido no CIPRES Science Gateway v3.1 (MILLER; PFEIFFER; SCHWARTZ, 2012), utilizando a ferramenta MrBayes 3.2.7a (RONQUIST et al., 2012) no OnAcess para inferência filogenética por meio da análise bayesiana. A árvore filogenética gerada foi visualizada no FigTree v1.4.4 (RAMBAUT, 2009) e editada no Foxit PDF Editor v2.2.1.1119 e no Canva. A Tabela 1 contém todos os isolados fúngicos utilizados na construção da árvore filogenética.

TABELA 1. Detalhes dos isolados submetidos à análise de sequência de DNA com múltiplos genes

Espécies	Código	GenBank			Referências
		ITS	GPDH	EF 1- α	
<i>A. alternata</i>	EGS 34.0160	AF071346	AF081400	-	Berbee et al (1999)
<i>B. austrostipae</i>	BRIP12490	KX452442	KX452408	KX452459	Tan et al. (2016)
<i>B. bicolor</i>	CBS 690.96	KJ909762	KM042893	KM093776	Manamgoda et al. (2014)
<i>B. bicolor</i>	ML9021	ON329189	OP554702	OP554633	Kaboré et al. (2022)
<i>B. bicolor</i>	YB450101	MH201400	MK372988	MK372987	Qin et al. (2019)
<i>B. bicolor</i>	MA1	MG948592	MG948593	MG948594	Liang et al. (2019)
<i>B. bicolor</i>	CPC 28825	MF490805	MF490827	MF490849	Marin-Felix (2017)
<i>B. crotonis</i>	CBS 274.91	KJ909768	KM034820	KM093758	Manamgoda et al. (2014)
<i>B. crotonis</i>	BRIP 14838	KJ415526	KJ415420	KJ415469	Tan et al. (2014)
<i>B. crotonis</i>	BRIP 15875	KJ415527	KJ415419	KJ415468	Tan et al. (2014)
<i>B. coffeana</i>	BRIP 14845	KJ415525	KJ415421	KJ415470	Tan et al. (2014)
<i>B. coffeana</i>	MFU0088	KJ922385	KM034841	KM093784	Manamgoda et al. (2014)
<i>B. coffeana</i>	MFU0090	KM230386	KM034840	KM093783	Manamgoda et al. (2014)
<i>B. gossypina</i>	BRIP 14840	KJ415528	KJ415418	KJ415467	Manamgoda et al. (2014)
<i>B. microlaenae</i>	CBS 280.91	JN601032	JN600974	JN601018	Manamgoda et al. (2012)
<i>B. microlaenae</i>	BRIP 15613	JN192378	JN600973	JN601017	Manamgoda et al. (2014)
<i>B. peregrinaensis</i>	BRIP 12790	JN601034	JN600977	JN601022	Manamgoda et al. (2012)
<i>B. peregrinaensis</i>	DAOM 221998	KJ922393	KM034849	KM093797	Manamgoda et al. (2014)
<i>B. sacchari</i>	ICMP 6227	KJ922386	KM034842	KM093785	Manamgoda et al. (2014)
<i>B. sorokiniana</i>	CBS 110.14	KJ922381	KM034822	KM093763	Manamgoda et al. (2014)
<i>B. sorokiniana</i>	CBS 120.24	KJ909776	KM034821	KM093762	Manamgoda et al. (2014)
<i>B. sorokiniana</i>	FIP 499	KJ922382	KM034828	KM093769	Manamgoda et al. (2014)
<i>B. sorokiniana</i>	MAFF 236448	KJ909792	KM034826	KM093767	Manamgoda et al. (2014)
<i>C. asiatica</i>	MFLUCC 10-0687	JX256422	JX276435	JX266591	Manamgoda et al. (2012)
<i>C. asiatica</i>	MFLUCC 10-0711	JX256424	JX276436	JX266593	Manamgoda et al. (2012)
<i>C. asiatica</i>	MFLUCC 10-0685	JX256425	JX276437	JX266594	Manamgoda et al. (2012)
<i>C. geniculata</i>	CBS 187.50	KJ909781	KM083609	KM230410	Manamgoda et al. (2014)
<i>C. geniculata</i>	MFLUCC 24-0022	PQ358371	PQ412486	PQ412458	Vu et al. (2019)
<i>C. radicifoliigena</i>	CGMCC3.19328	MN215695	MN264127	MN263988	Raza et al (2019)
<i>C. radicifoliigena</i>	LC11955	MN215697	MN264129	MN263990	Raza et al (2019)
<i>C. radicifoliigena</i>	LC11954	MN215696	MN264128	MN263989	Raza et al (2019)
<i>C. radicifoliigena</i>	NCK1281	LC802638	LC802648	LC802658	Huang et al. (2004)
<i>C. radicifoliigena</i>	LC11956	MN215698	MN264130	MN263991	Raza et al (2019)
<i>E. corniculatum</i>	BRIP 11426	LT837453	LT883533	LT883558	Hernández-Restrepo (2018)
<i>E. holmii</i>	CBS 505.90	KT265252	LT715889	LT883560	Hernández-Restrepo (2018)
<i>E. holmii</i>	CBS 413.65	MH870286	LT715890	LT883567	Hernández-Restrepo (2018)
<i>E. khartoumensis</i>	CBS 132708	NR_157476	LT715888	LT883569	Hernández-Restrepo (2018)
<i>E. minor</i>	BRIP 14615	LT837469	LT883544	LT883579	Hernández-Restrepo (2018)
<i>E. minor</i>	BRIP 14616	NR_158419	LT883545	LT883580	Hernández-Restrepo (2018)
<i>E. neoregeliae</i>	CBS 132832	NR_157457	LT715886	LT896607	Hernández-Restrepo (2018)
<i>E. neoregeliae</i>	CBS 132833	LT631315	LT715887	LT896608	Hernández-Restrepo (2018)
<i>E. rostratum</i>	CBS 297.80	KT265244	LT715895	LT883563	Hernández-Restrepo (2018)
<i>E. rostratum</i>	ER-AYA2	ON834368	ON859938	ON859968	Boonkorn et al. (2024)
<i>E. rostratum</i>	ER-AYA1	ON834367	ON859937	ON859967	Boonkorn et al. (2024)

Culturas ex-tipo, tipos ou representativas estão com os códigos em negrito

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

A árvore filogenética (Figura 1) apresentada inclui isolados dos gêneros *Curvularia*, *Bipolaris* e *Exserohilum*, com *Alternaria alternata* como *outgroup*. Os isolados BEI e BEINI, totalizando 20, estão distribuídos em diferentes clados, alguns agrupando com espécies já descritas e outros possivelmente representando espécies novas. A análise foi baseada em sequências genéticas, e os valores de suporte *bootstrap* elevados (acima de 90%) indicam confiabilidade na maioria dos agrupamentos.

Todos os isolados marcados em azul podem ser uma nova espécie ou uma variação intraespecífica. Analisando primeiro as espécies de *Curvularia*, pode-se dizer que há três possíveis novas espécies: a primeira representada por BEI013, BEI023, BEINI035, a segunda representada por BEINI001 e BEINI002 e a terceira representada por BEI042. Por exemplo, a primeira marcação apresenta três isolados BEI013, BEI023 e BEINI035. Pode-se observar que 95% das vezes, BEI023 e BEINI035 se agruparam em um clado diferente de BEI013, mas provavelmente ambos são a mesma espécie. Será necessário realizar uma caracterização morfológica desses isolados para a confirmação dessa nova espécie. Já BEINI001 e BEINI002 estão no mesmo clado, mas sem nenhuma espécie já descrita e BEI042 formando um clado isolado, próximo a *C. asiatica* e *C. geniculata*.

Para *Bipolaris* spp. há três possíveis novas espécies: a primeira representada por BEINI013, a segunda por BEINI015 e a terceira por BEINI004-1. Uma espécie próxima a BEINI013 e BEINI015 é *Bipolaris microlaenae*, descrita por Alcorn em 1990, isolada de folhas de *Microlaena stipoides* em Queensland, Austrália. Embora os isolados BEINI013 e BEINI015 inferem novas espécies, é necessário observar se compartilham algumas características morfológicas com *B. microlaenae*, pois Manamgoda et al. (2014) enfatizaram a necessidade de combinar dados morfológicos e moleculares para uma delimitação precisa das espécies. A relação filogenética entre BEINI004-1 e *Bipolaris bicolor* sugere que essa amostra pode inferir uma espécie nova ou pertencer à mesma espécie ou representar uma variante genética próxima. No entanto, a confirmação dessa identidade requer estudos adicionais, incluindo caracterização morfológica detalhada e análises genômicas complementares. Diferenças morfológicas e fisiológicas entre BEINI004-1 e isolados, previamente descritos de *Bipolaris bicolor*, podem indicar a existência de uma nova linhagem ou até mesmo uma espécie críptica dentro desse complexo taxonômico.

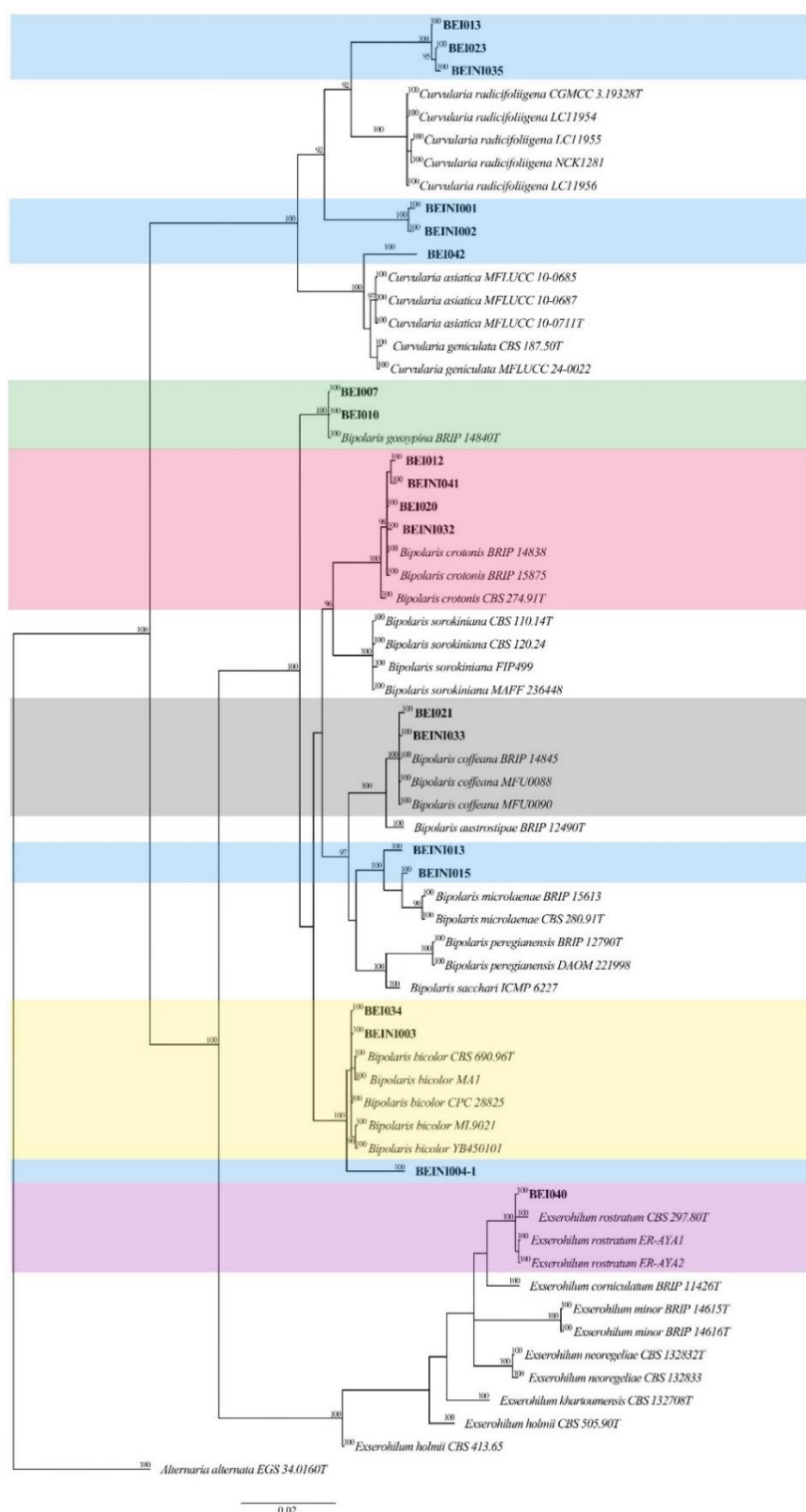


FIGURA 1. Árvore filogenética dos isolados BEI e BEINI associados a *E. indica* inferida a partir da análise Bayesiana com base nas sequências ITS, GAPDH e TEF. Os valores das probabilidades posteriores de Bayes $\geq 0,90$ estão indicados nos nós, respectivamente. Os isolados do estudo estão destacados em negrito. O clado mais próximo dos isolados na análise estão delimitados por caixas coloridas. Isolados com “T” no final da identificação do isolado são isolados identificados como ex-type ou isolados representativos. A análise filogenética foi enraizada com o isolado *Alternaria alternata* EGS 34.0160T.

Dentro do gênero *Bipolaris* foi possível observar que isolados desse estudo se agruparam com espécies já descritas anteriormente por outros pesquisadores. Por exemplo, o BEI007 e BEI010 foram identificadas como *Bipolaris gossypina*, BEI012, BEINI041, BEI020 e BEINI032 correspondem a *Bipolaris crotonis*; BEI021 e BEINI033 foram identificadas como *Bipolaris coffeana*; e BEI034 e BEINI003 correspondem a *Bipolaris bicolor*. Para o gênero *Exserohilum*, o isolado BEI040 foi identificado como *Exserohilum rostratum*. A combinação de análises morfológicas e moleculares proporcionou uma identificação mais precisa dessas espécies (SOUSA, 2015).

Dessa forma, é preciso prosseguir com este estudo e observar se as características morfológicas combinam com as espécies descritas. *Bipolaris gossypina* foi descrita por Sivan em 1985, isolada de sementes e folhas *Gossypium* sp. no Quênia, apresentando morfologia de estrutura assexuadas em meio de batata-dextrose-ágar (BDA) caracterizada por conidióforos ($130\text{--}250 \times 8\text{--}10 \mu\text{m}$), podendo ser encontrados isolados, em pares ou pequenos grupos. Eles são simples, com separações visíveis (septados), e a célula na base é arredondada e maior que as outras. É liso ou levemente verruculosos, com coloração variando do marrom claro ao marrom escuro. As cicatrizes conidiogênicas apresentam coloração marrom escuro. Os conídios ($55\text{--}80 \times 14\text{--}18 \mu\text{m}$), sendo lisos, retos, obclavados, subcilíndricos, às vezes rostrados, marrom oliváceo a marrom avermelhado médio, distoseptados (7–10). O hilo é truncado e ligeiramente saliente (MANAMGODA et al. 2014). De acordo com USDA Fungal Databases, *Bipolaris gossypina* só foi relatado em *Gossypium* sp. (SIVANESAN, 1985; RICHARDSON, 1990; TAN et al., 2014; MANAMGODA et al., 2014; TAN et al., 2016, RAZA et al., 2019; BHUNJUN et al., 2020). Sendo, portanto, possivelmente um primeiro relato em *Eleusine indica* no Brasil.

Bipolaris crotonis foi descrito por Sivan em 1985, isolado das folhas de *Croton* em Samoa. Morfologia assexuada em meio WA + palha de trigo descrita por conidióforos ($110\text{--}260 \times 6\text{--}10 \mu\text{m}$), surgindo isolados, terminais ou laterais, simples ou ramificados, septados, retos ou flexuosos, com geniculado na parte superior, de cor marrom claro a escuro, mais claro na parte superior. Superfície do nó conidiogênico marrom escuro e verrucosa. Conídios de ($60\text{--}138 \times 20\text{--}32 \mu\text{m}$), lisos, retos, elipsoides ou obclavados, subhialinos a marrom escuro, com o septo próximo ao hílion mais claro, distoseptados (4–11). Hilo truncado e ligeiramente protuberante. Colônias em WA + palha de trigo, com aparência algodonosa e aveludada, de cor cinza escuro a preta. Hifas subhialinas a marrom claro, lisas, septadas e ramificadas (MANAMGODA et al., 2014). De acordo com USDA Fungal Databases, *Bipolaris crotonis* foi relatado em *Croton* sp. em Samoa (SIVANESAN, 1985; TAN et al., 2014; MANAMGODA et al., 2014; TAN et al., 2016, RAZA et al., 2019; BHUNJUN, 2020), em *Eleusine indica* na Austrália (MANAMGODA et al., 2012; TAN et al., 2014; MANAMGODA et al., 2014; BHUNJUN et al., 2020) e nos países Papua Nova

Guiné e Vanuatu (MANAMGODA, 2012). Sendo, portanto, um primeiro relato desta espécie em *E. indica* no Brasil.

Bipolaris coffeana foi descrito por Sivan em 1985, isolado de folhas de *Coffea arabica* em Quênia. Morfologia assexuada em BDA caracterizada por apresentar hifas marrom claro, lisas e septadas. Conidióforos ($170\text{--}250 \times 4\text{--}6 \mu\text{m}$), dispostos em pequenos grupos, simples, cilíndricos, septados, com geniculado pronunciado e base dilatada, de cor marrom claro a escuro. Conídios ($35\text{--}69 \times 14\text{--}23 \mu\text{m}$), lisos, geralmente retos, raramente curvados, com formato oblongado, elipsoidal ou amplamente fusóide, marrom claro a escuro, distoseptados (4–7). Hilo ligeiramente proeminente e truncado. Colônias de coloração marrom média a escura, esporulando abundantemente (MANAMGODA et al., 2014). De acordo com USDA Fungal Databases, *Bipolaris coffeana* foi relatado em *Coffea arábica* em Quênia (SIVANESAN, 1985; TAN et al., 2014; MANAMGODA et al., 2014; TAN et al., 2016; RAZA et al., 2019; BHUNJUN, 2020), em *Bouteloua gracilis* (grama azul) nos Estados Unidos (MANAMGODA et al., 2014), em *Cynodon dactylon* (grama-seda) na Nova Zelândia (MANAMGODA et al. 2014) e em *Digitaria* sp. na Tailândia (MANAMGODA et al., 2014). Sendo, portanto, possivelmente um primeiro relato desta espécie em *Eleusine indica* no Brasil.

Bipolaris bicolor foi descrito por Shoemaker em 1959, isolado de colmos vivos de *Triticum* em Maharashtra (MITRA, 1930). Morfologia assexuada em BDA caracterizada por conidióforos ($78\text{--}596 \times 5\text{--}7 \mu\text{m}$), dispostos isoladamente ou em pequenos grupos, simples ou ramificados, septados, retos ou flexuosos, de cor marrom acinzentado, em microculturas BDA. Conídios ($23\text{--}80 \times 15\text{--}19 \mu\text{m}$), lisos, geralmente retos, raramente curvados, predominantemente cilíndricos, às vezes obclavados, afilando-se nas extremidades arredondadas, marrom acinzentado a marrom escuro, hialinos quando imaturos e, quando maduros, com as células terminais geralmente mais claras que as centrais, às vezes subhialinos, distoseptados (2–9). Hilo ($3\text{--}5 \mu\text{m}$) conspícuo. Colônias coloração cinza esbranquiçada, aveludadas e elevadas, com margens inteiras ou onduladas (MANAMGODA et al., 2014). De acordo com USDA Fungal Databases, *Bipolaris bicolor* foi relatado em várias espécies de plantas, dentre elas *Brachiaria ruziziensis* na Costa do Marfim (SIVANESAN, 1987), *Pennisetum* spp. na Austrália, Dinamarca, Índia, Zimbábue (SIVANESAN, 1987), *Sorghum* sp. na Dinamarca, Índia, Austrália e Nigéria (SIVANESAN, 1987), *Triticum aestivum* no Brasil (MENDES; SILVA; DIANESE, 1998), *Eleusine* spp., dentre elas *Eleusine indica* na Tailândia (MARIN-FELIX et al., 2017; Raza et al., 2019; Bhunjun et al., 2020). Sendo, portanto, possivelmente um primeiro relato dessa espécie no Brasil.

Exserohilum rostratum foi descrito por Leonard e Suggs em 1974, isolados de folhas secas de *Eragrostis major* em Washington. Hifas vegetativas ($2,5\text{--}8 \mu\text{m}$) septadas e ramificadas, de cor oliváceo pálido a marrom oliváceo pálido, lisas a verruculosas. Morfologia assexuada caracterizada por

conidióforos macronematosos, mononematosos, retos a flexuosos, geniculados na parte apical, septados, não ramificados, subcilíndricos, de cor marrom oliváceo pálido a marrom oliváceo escuro, com paredes celulares mais espessas que as das hifas vegetativas, lisos, tornando-se finamente verruculosos ao redor dos loci conidiógenos, com $65\text{--}395,5 \times 4\text{--}7,5 \mu\text{m}$ e base até $9 \mu\text{m}$ de largura. Células conidiógenas integradas, terminais e intercalares, mono a politréticas, proliferando simpodialmente, com pigmentação irregular, principalmente subcilíndricas, de $5,5\text{--}27,5 \mu\text{m}$ de comprimento, com poros rodeados por cicatrizes de até $3\text{--}4,5 \mu\text{m}$ de largura. Conídios ($15\text{--}190 \times 7\text{--}29 \mu\text{m}$) elipsoides, clavatados, obclavatados ou subcilíndricos, rostrados ou não, retos a moderadamente curvados, de cor marrom oliváceo pálido a marrom oliváceo escuro, com células basais e apicais frequentemente delimitadas por um septo escuro, lisos a verruculosos, distoseptados (1–15), e hilo ($3\text{--}4 \mu\text{m}$) truncado fortemente protuberante. Colônias em SNA com folhas de milho esterilizadas a 24°C , apresentavam diâmetro medindo $64\text{--}108 \text{ mm}$ após 7 dias, de aspecto peludo, de cor cinza oliváceo a preto oliváceo, apresentando áreas de micélio algodonoso, de cor branca a cinza oliváceo nas folhas de milho e margem fimbriada (HERNÁNDEZ-RESTREPO et al., 2018). De acordo com USDA Fungal Databases, *Exserohilum rostratum* foi relatado em *Triticum aestivum* (trigo) na Austrália (HERNÁNDEZ-RESTREPO et al., 2018), no Brasil (MENDES; SILVA; DIANESE, 1998) e na África do sul (HERNANDEZ-RESTREPO et al., 2018), *Oryza sativa* (arroz) em muitos países, dentre eles Brasil (MENDES; SILVA; DIANESE, 1998; SILVA et al., 2016), *Sorghum bicolor* (sorgo) em muitos países, dentre eles Brasil (MENDES; SILVA; DIANESE, 1998), *Zea mays* (milho) em diversos países, dentre eles Brasil (MENDES; SILVA; DIANESE, 1998), *Eleusine coracana* (capim-pé-de-galinha gigante) na Índia (SIVANESAN, 1987). Sendo, portanto, possivelmente um primeiro relato em *Eleusine indica* no Brasil.

4 CONCLUSÃO

Inferese-se que há seis possíveis novas espécies fúngicas fitopatogênicas associadas ao capim pé-de-galinha, 3 do gênero *Curvularia* e 3 do gênero *Bipolaris*. A análise filogenética das amostras resultou na identificação de várias espécies de *Bipolaris* e *Exserohilum*, algumas das quais estão associadas a importantes culturas agrícolas. A descoberta de possíveis novas espécies necessita da caracterização morfológica detalhada, pois é fundamental para sua descrição formal. A combinação de dados morfológicos e moleculares permite uma delimitação mais precisa das espécies e uma melhor compreensão de suas relações filogenéticas. Portanto, para confirmar a descoberta de novas espécies dos isolados (BEI e BEINI), é imperativo realizar estudos morfológicos abrangentes e análises genômicas adicionais.

REFERÊNCIAS

- ADELAIDE UNIVERSITY. *Exserohilum*. Disponível em: <https://www.adelaide.edu.au/mycology/fungal-descriptions-and-antifungal-susceptibility/hyphomycetes-conidial-moulds/exserohilum?>. Acesso em: 8 fev. 2025.
- ALCORN, J. L. *Bipolaris microlaenae* Alcorn. **Mycotaxon**, v. 39, p. 382, 1990.
- ARABI, M. I. E.; JAWHAR, M. Molecular and pathogenic variation identified among isolates of *Cochliobolus sativus*. **Australasian Plant Pathology**, v. 36, p. 17–21, 2007. DOI: <https://doi.org/10.1071/AP06081>.
- BERBEE, M. L.; PIRSEYEDI, M.; HUBBARD, S. *Cochliobolus* phylogenetics and the origin of known, highly virulent pathogens, inferred from ITS and glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase gene sequences. **Mycologia**, v. 91, n. 6, p. 964–977, 1999. DOI: <https://doi.org/10.1080/00275514.1999.12061106>.
- BOONKORN, Y. et al. Characterization, pathogenicity and fungicide response of *Exserohilum rostratum* causing leaf spot on rice in Thailand. **European Journal of Plant Pathology**, v. 170, p. 549–566, 2024. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10658-024-02918-w>.
- BHUNJUN, C. S. et al. A polyphasic approach to delineate species in *Bipolaris*. **Fungal Diversity**, v. 102, n. 3, p. 225–256, 2020. DOI: <http://dx.doi.org/10.1007/s13225-020-00446-6>.
- CORREIA, N. M. Controle químico de capim-pé-de-galinha resistente a herbicidas no outono-inverno na região do Cerrado. In: *Anais do XXXIII Congresso Brasileiro da Ciência das Plantas Daninhas e XXV Congresso Latinoamericano de Malezas*, 2024. p. 475.
- HERNÁNDEZ-RESTREPO, M. et al. Multi-locus phylogeny and taxonomy of *Exserohilum*. **Persoonia**, v. 41, p. 71–108, 2018. DOI: <https://doi.org/10.3767/persoonia.2018.41.05>.
- HUANG, Y. C. et al. Molecular epidemiology of clinical isolates of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in Taiwan. **Journal of Clinical Microbiology**, v. 42, n. 1, p. 307–310, 2004. DOI: <https://doi.org/10.1128/JCM.42.1.307-310.2004>.
- KABORÉ, K. H. et al. Genotyping-by-sequencing characterization and pathogenesis of fungal species isolated from brown spot of rice symptoms. **Frontiers in Plant Science**, v. 13, 2022. DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.1022348>.
- KODSUEB, R. et al. The family *Pleosporaceae*: intergeneric relationships and phylogenetic perspectives based on sequence analyses of partial 28S rDNA. **Mycologia**, v. 98, n. 4, p. 571–583, 2006. DOI: <https://doi.org/10.3852/mycologia.98.4.571>.
- LARSSON, A. AliView: um visualizador e editor de alinhamento rápido e leve para grandes conjuntos de dados. **Bioinformatics**, v. 30, n. 22, p. 3276–3278, 2014. DOI: <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btu531>.

- LEONARD, K. J.; SUGGS, E. G. *Setosphaeria prolata*, the ascigerous state of *Exserohilum prolatum*. **Mycologia**, v. 66, n. 2, p. 281–297, 1974. DOI: <https://doi.org/10.2307/3758363>.
- MANAMGODA, D. S. et al. A phylogenetic and taxonomic re-evaluation of the *Bipolaris* - *Cochliobolus* - *Curvularia* Complex. **Fungal Diversity**, v. 56, n. 1, p. 131–144, 2012. DOI: <https://doi.org/10.1007/s13225-012-0189-2>.
- MANAMGODA, D. S. et al. The genus *Bipolaris*. **Studies in Mycology**, v. 79, p. 221–288, 2014. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.simyco.2014.10.002>.
- MANAMGODA, D. S. et al. A taxonomic and phylogenetic re-appraisal of the genus *Curvularia* (*Pleosporaceae*): human and plant pathogens. **Phytotaxa**, v. 212, n. 3, p. 1–17, 2015. DOI: <https://doi.org/10.11646/phytotaxa.212.3.1>.
- MARIN-FELIX, Y. et al. New species and records of *Bipolaris* and *Curvularia* from Thailand. **Mycosphere**, v. 8, n. 9, p. 1556–1574, 2017. DOI: <https://doi.org/10.5943/mycosphere/8/9/11>.
- MENDES, M. A. S.; SILVA, V. L.; DIANESE, J. C. **Fungos em Plantas no Brasil**. Brasília: Embrapa-SPI/Embrapa-Cenargen, 1998. 555 p.
- MILLER, M. A.; PFEIFFER, W.; SCHWARTZ, T. The CIPRES science gateway: enabling high-impact science for phylogenetics researchers with limited resources. In: *Proceedings of the 1st Conference of the Extreme Science and Engineering Discovery Environment: Bridging from the Extreme to the Campus and Beyond*, 2012. **Anais...** New York: ACM, p. 1–8, 2012. <https://dl.acm.org/doi/10.1145/2335755.2335836>.
- MITRA, M. A new *Helminthosporium* blight of wheat seedling. **Transactions of the British Mycological Society**, v. 15, n. 3-4, p. 288, 1930.
- OLIVEIRA, M. F.; BRIGHENTI, A. M. **Controle de plantas daninhas: métodos físico, mecânico, cultural, biológico e alelopatia**. Brasília: Embrapa, 2018.
- POSADA, D.; CRANDALL, K. A. MODELTEST: testing the DNA substitution model. **Bioinformatics**, v. 14, n. 9, p. 817–818, 1998. DOI: <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/14.9.817>.
- QIN, J. et al. Pathogen identification of a *Bipolaris* leaf spot in *Momordica charantia*. *Acta Phytopathologica Sinica*, v. 49, n. 5, p. 711–714, 2019. DOI: <https://doi.org/10.13926/j.cnki.apps.000301>.
- RAMBAUT, A. FigTree: Tree figure drawing tool, version 1.4.0. Disponível em: <http://tree.bio.ed.ac.uk/software/figtree/>. Acesso em: 08 fev. 2025.
- RAZA, M.; ZHANG, Z. F.; HYDE, K. D. Culturable plant pathogenic fungi associated with sugarcane in southern China. **Fungal Diversity**, v. 99, p. 1–104, 2019. DOI: <https://doi.org/10.1007/s13225-019-00434-5>.
- RICHARDSON, M. J. An Annotated List of Seed-Borne Diseases. 4. ed. Zurique: **International Seed Testing Association**, 1990. 387 p.

RONQUIST, F. et al. MrBayes 3.2: Efficient Bayesian phylogenetic inference and model choice in large model spaces. **Systematic Biology**, v. 61, n. 3, p. 539-542, 2012. DOI: <https://doi.org/10.1093/sysbio/sys029>.

SANTOS, L. M. **Comercialização dos alimentos agroecológicos e orgânicos nos circuitos curtos em Aracaju/SE**. 126 f. Dissertação (Mestrado) - Curso de Geografia, Universidade Federal de Sergipe, São Cristóvão, 2022. SCHOCH, C. et al. A class-wide phylogenetic assessment of *Dothideomycetes*. **Stud Mycol**, v. 64, p. 1–15, 2009.

SHOEMAKER, R. A. Nomenclature of *Drechslera* and *Bipolaris*, grass parasites segregated from 'Helminthosporium'. **Canadian Journal of Botany**, v. 37, n. 5, p. 879-887, 1959. DOI: <https://doi.org/10.1139/b59-073>.

SIVAN, M. *Bipolaris gossypina* Sivan. **Transactions of the British Mycological Society**, v. 84, n. 3, p. 404, 1985.

SIVANESAN, A. New species of *Bipolaris*. **The Journal of the Science of Food and Agriculture**, v. 36, n. 1, p. 43-50, 1987. DOI: [https://doi.org/10.1016/S0007-1536\(85\)80003-6](https://doi.org/10.1016/S0007-1536(85)80003-6).

SIVANESAN, A. Graminicolous species of *Bipolaris*, *Curvularia*, *Drechslera*, *Exserohilum* and their teleomorphs. **Wallingford**: C.A.B. International, 1987. 261 p. ISSN 0027-5522.

SOUSA, K. T. L. **Caracterização taxonômica de espécies do complexo *Cladosporium cladosporioides* depositadas na micoteca URM da Universidade Federal de Pernambuco**. 2015. Dissertação (Mestrado em Microbiologia) — Universidade Federal de Pernambuco, Recife. Disponível em: <https://repositorio.ufpe.br/handle/123456789/24284>. Acesso em: 09 fev. 2025.

SWOFFORD, D. L. **PAUP**: Análise filogenética usando parcimônia (e outros métodos), versão 4.0. Sinauer Associates, 2002.

TAMURA, K.; STECHER, G.; KUMAR, S. MEGA11: Molecular evolutionary genetics analysis version 11. **Molecular Biology and Evolution**, v. 38, n. 7, p. 3022-3027, 2021. DOI: <https://doi.org/10.1093/molbev/msab120>.

TAN, Y. P. et al. Johnalcornia gen. et comb. nov., and nine new combinations in *Curvularia* based on molecular phylogenetic analysis. **Australasian Plant Pathology**, v. 43, n. 6, p. 623-634, 2014. DOI: <https://doi.org/10.1007/s13313-014-0315-6>.

TAN, Y. P.; CROUS, P. W.; SHIVAS, R. G. Eight novel *Bipolaris* species identified from John L. Alcorn's collections at the Queensland Plant Pathology Herbarium (BRIP). **Mycological Progress**, v. 15, p. 1203–1214, 2016. DOI: <https://doi.org/10.1007/s11557-016-1240-6>.

TORRES-GARCÍA, D. et al. Two novel genera, *Neostemphylium* and *Scleromyces* (Pleosporaceae) from freshwater sediments and their global biogeography. **Journal of Fungi (Basel)**, v. 8, n. 8, p. 868, 2022. DOI: <https://doi.org/10.3390/jof8080868>.

VAIDYA, G.; LOHMAN, D. J.; MEIER, R. SequenceMatrix: Concatenation software for the fast assembly of multi-gene datasets with character set and codon information. **Cladistics**, v. 27, n. 2, p. 171–180, 2011. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1096-0031.2010.00329.x>.

WHITE, D. G. *Compendium of corn diseases*. 2. ed. Minnesota: **The American Phytopathological Society**, 1999.

VU, D. et al. Large-scale generation and analysis of filamentous fungal DNA barcodes boosts coverage for kingdom fungi and reveals thresholds for fungal species and higher taxon delimitation. **Studies in Mycology**, v. 92, p. 135-154, 2019. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.simyco.2018.05.001>.

ZHANG, Y. et al. First report of *Bipolaris bicolor* causing a leaf spot disease on rubber tree. **Journal of Phytopathology**, v. 167, n. 9, p. 568-572, 2019. DOI: <https://doi.org/10.1111/jph.12839>.

CAPÍTULO 3

Novas características morfológicas de *Curvularia nodulosa*, fitopatógeno do capim pé-de-galinha (*Eleusine indica*) C. Fabbris, M.F. Queiroz, B. S. Vieira & A.L. Firmino



Novas características morfológicas de *Curvularia nodulosa* fitopatígeno do capim pé-de-galinha (*Eleusine indica*) C. Fabbris, M.F. Queiroz, B. S. Vieira & A.L. Firmino.

Classification - Pleosporaceae, Pleosporales, Ascomycota

Lesões anfigenas em folhas vivas, nas margens e no ápice, irregular, $30\text{--}57 \times 10\text{--}50$ mm, no início surgem como pontos escuros e com o desenvolvimento das lesões tornam-se marrom claro, com margens marrom-escuras, coalescendo. *Colônias* anfigenas. Hifas hialinas a marrom claro, septada e ramificada. *Conidióforos* $7,2\text{--}13,5 \times 2\text{--}3,5$ μm , macronematosos, isolados, simples, septados ou não septados, restritos à células conidiogênicas, curto, reto ou curvos, com uma célula basal inchada, apresentando coloração marrom claro. *Células conidiogênicas* $2\text{--}3 \times 2,4\text{--}3,9$ μm , monotréticas e terminais. *Conídios* $12,2\text{--}29 \times 4,4\text{--}8$ μm , retos, obclavados ou subcilíndricos, mais largos no meio ou logo abaixo para o lado do hilo, afinando para as extremidades, marrom pálido, 3–6 distoseptos, com hilo destacado $0,3\text{--}0,7 \times 1,1\text{--}1,6$ μm . *Clamidósporos* $2,2\text{--}6,1 \times 1,7\text{--}5,5$ μm globosos de coloração marrom claros, terminais ou em cadeias. Fase sexual não observada. Características culturais — Crescimento lento – 23 mm em batata-dextrose-água (BDA) e 35 mm em caldo de vegetais água (CVA) após 10 dias a 25 °C. Em BDA, a colônia apresentou um aspecto cotonoso, apresentando micélio aéreo e borda compacta, de colocação branca e formato circular; em CVA, a colônia apresentou formato circular com coloração branca no interior e nas extremidades coloração cinza, sem aspecto cotonoso.

Coleta. BRASIL, Minas Gerais, Monte Carmelo, Universidade Federal de Uberlândia/Campus Monte Carmelo, em folhas vivas de *Eleusine indica*, 25 de março de 2023, B. S. Vieira e M. F. Queiroz (holótipos VIC 49597 e VIC 49598, cultura ex-tipo COAD 3859 e COAD 3860).

Notas – A partir de uma pesquisa realizada com o megablast no banco de dados de nucleotídeos do NCBI (GenBank), por meio da comparação sequencial parcial região do ITS, o resultado mais próximo para COAD 3859 foi *Curvularia nodulosa* (GenBank MH857738.1; Identidade 602/602 – 100%). Para a sequência do GAPDH, obteve-se uma semelhança de 97% com *Curvularia kusanoi* (GenBank LT715862.1; Identidade 582/609 – 95%), *Curvularia nicotiae* (GenBank LT715861.1; Identidade 580/610 – 95%) e 94% com *Curvularia nodulosa* (GenBank LT715863.1; Identidade 523/593 – 99%). De forma semelhante, a comparação sequencial parcial da região ITS para o isolado COAD 3860 também indicou *Curvularia nodulosa* (GenBank

MH857738.1; Identidade 635/641 – 99%) como o resultado mais próximo. A sequência do GAPDH, por sua vez, apresentou 96% de semelhança com *Curvularia kusanoi* (GenBank LT715862.1; Identidade 584/609 – 96%), 95% com *Curvularia nicotiae* (GenBank LT715861.1; Identidade 580/610 – 95%) e 94% com *Curvularia nodulosa* (GenBank LT715863.1; Identidade 593/593 – 100%).

Os eletroferogramas e as sequências de cada isolado foram comprovados com o software SeqAssem v07/2008. As sequências geradas, juntamente com aquelas obtidas do GenBank (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>), banco público e abrangente de sequências genômicas mantidas pelo National Center for Biotechnology Information (NCBI), foram alinhadas utilizando o programa MEGA 11 (TAMURA; STECHER; KUMAR, 2021). O alinhamento foi otimizado com as ferramentas MAFFT e Gblocks, através do NGPhylogeny (<https://ngphylogeny.fr/>), utilizando configurações padrão. No software SequenceMatrix 1.7.8 (VAIDYA, LOHMAN, MEIER, 2011), foram gerados arquivos Nexus (não intercalados), contendo dados sobre os limites dos genes, além de arquivos PHY para análise do alinhamento no AliView (LARSSON, 2014), a fim de gerar arquivos no formato Nexus, devidamente modificados para a análise no MrBayes. Esses alinhamentos foram analisados com o software MEGA 11 (TAMURA; STECHER; KUMAR, 2021), salvando as sequências no formato ideal para utilização no PAUP 4.0 (SWOFFORD, 2002), o que possibilitou a geração do arquivo mrmodel.scores. A partir disso, foi gerado o arquivo modelo.out para as regiões ITS, GAPDH e TEF. Com base nesse processo, foi possível selecionar o melhor modelo de evolução utilizando o Akaike Information Criterion (AIC) no MrModeltest 2.3 (POSADA; CRANDALL, 1998). O arquivo Nexus do Aliview foi configurado e desenvolvido no CIPRES Science Gateway v3.1 (MILLER; PFEIFFER; SCHWARTZ, 2012), utilizando a ferramenta MrBayes 3.2.7a (RONQUIST et al., 2012) no OnAcess para inferência filogenética por meio da análise bayesiana. A árvore filogenética gerada foi visualizada no FigTree v1.4.4 (Rambaut, 2014) e editada no Foxit PDF Editor v.2.2.1.1119 e no Canva. A documentação filogenética das regiões ITS, GAPDH e TEF revelou que COAD 3859 e COAD 3860 são *C. nodulosa* (Figura 1).

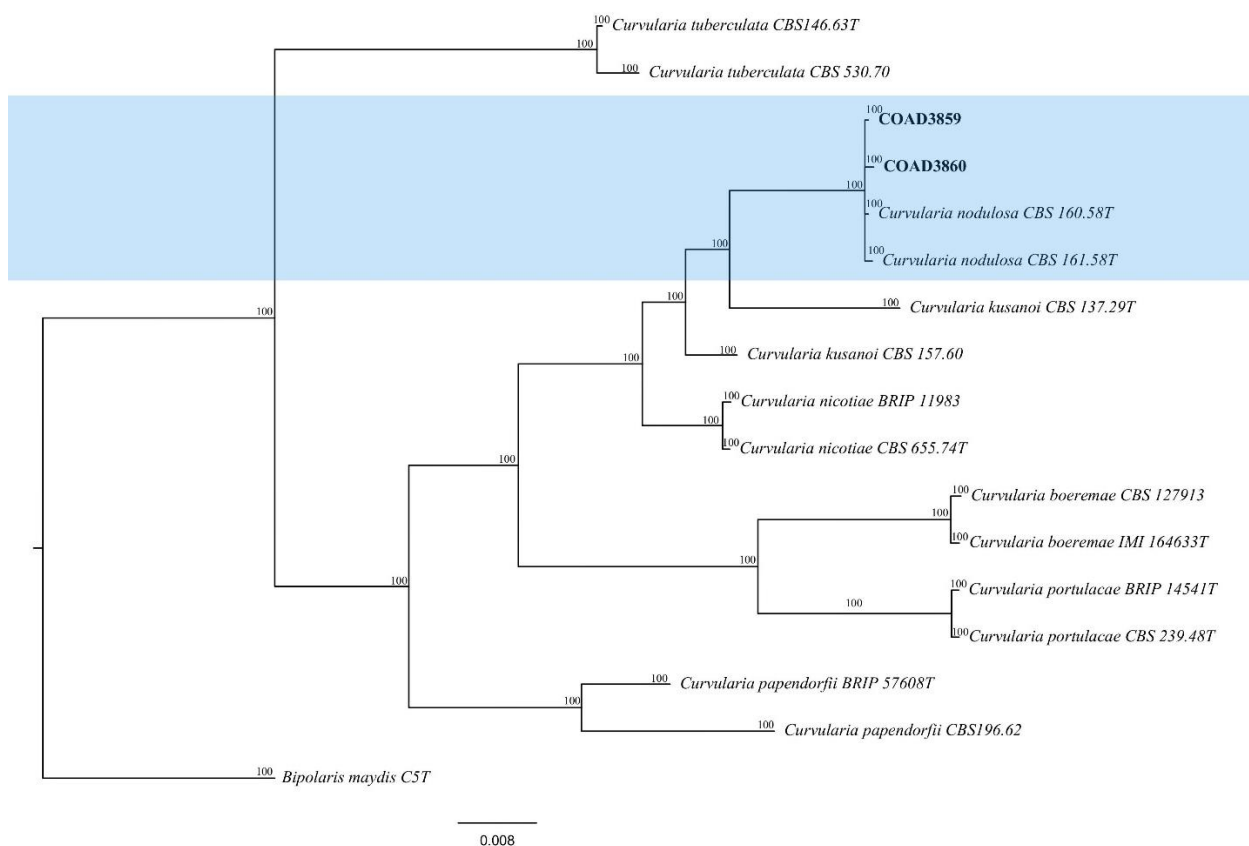


FIGURA 1. Árvore filogenética dos isolados COAD 3859 e COAD 3860 associados a *E. indica* inferida a partir da análise Bayesiana com base nas sequências ITS, GAPDH e TEF. Os valores das probabilidades posteriores de Bayes $\geq 0,90$ estão indicados nos nós, respectivamente. Os isolados do estudo estão destacados em negrito. O clado mais próximo dos isolados na análise estão delimitados por caixas coloridas. Isolados com “*” no final da identificação do isolado são isolados identificados como ex-type ou isolados representativos. A análise filogenética foi enraizada com o isolado *Bipolaris maydis* C5.

Embora ambos os isolados desse estudo foram identificados como *C. nodulosa*, esses apresentam características morfológicas distintas das descritas por Batista, Bezerra e Souza (1960). Segundo a descrição desses autores, os conidióforos de *C. nodulosa* são maiores do que os dos isolados COAD 3859 e COAD 3860, com dimensões variando de $28-70 \times 5-8 \mu\text{m}$. Além disso, a morfologia descrita na planta também apresenta diferenças. No estudo mencionado, os conidióforos foram descritos como levemente em zig-zag, com 2–4 septos, de cor marrom, isodiamétricos, eretos e com escaras laterais e no ápice. Os conídios também eram maiores, com tamanhos variando de $24-73 \times 12-19 \mu\text{m}$, embora o formato tenha sido considerado basicamente o mesmo, sendo obclavado a subelipsoide, acropleurógeno, com 1–7 septos e coloração marrom.

De acordo com as informações fornecidas pelo USDA Fungal Databases, *C. nodulosa* foi registrada em *Citrus* spp. no Omã (AL-SADI, 2014), *Digitaria* sp. na Índia (SIVANESAN,

1987) e *Eleusine* spp., incluindo *Eleusine indica* no Brasil (MENDES, 1998) e nos Estados Unidos (MANAMGODA et al., 2015).

Claudia Fabbri, Laboratório de Microbiologia e Fitopatologia, Universidade Federal de
Uberlândia;

Monte Carmelo, 38500-000, MG, Brasil; e-mail: claudiafabbris@ufu.br

Marcia F. Queiroz, Departamento de Fitopatologia, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa,
36570-900, MG, Brazil; e-mail: marciaqueiroz.mfq@gmail.com

André L. Firmino, Laboratório de Microbiologia e Fitopatologia, Universidade Federal de
Uberlândia;

Monte Carmelo, 38500-000, MG, Brasil; e-mail: andrefirmino@ufu.br

Bruno S. Vieira, Laboratório de Microbiologia e Fitopatologia, Universidade Federal de
Uberlândia;

Monte Carmelo, 38500-000, MG, Brasil; e-mail: brunovieira@ufu.br

Ilustrações coloridas: *Curvularia nodulosa* causando manchas foliares em *Eleusine indica*.

Conidióforos, com células conidiogênicas monotréticas. Conídios obclavados ou subcilíndricos.

Colônias em meios BDA e CVA. Barras de escala = 10 µm.

REFERÊNCIAS

- AL-SADI, A. M. et al. Characterization and pathogenicity of fungal pathogens associated with root diseases of Citrus in Oman. **International Journal of Agriculture & Biology**, v. 16, p. 371-376, 2014.
- BATISTA, A. C.; BEZERRA, J. L.; SOUZA, R. G. de. **Algumas espécies de *Helminthosporium***. Recife: Instituto de Micologia, 1960.
- LARSSON, A. AliView: um visualizador e editor de alinhamento rápido e leve para grandes conjuntos de dados. **Bioinformatics**, v. 30, n. 22, p. 3276-3278, 2014. DOI: <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btu531>.
- MILLER, M. A.; PFEIFFER, W.; SCHWARTZ, T. The CIPRES science gateway: enabling high-impact science for phylogenetics researchers with limited resources. In: Proceedings of the 1st Conference of the Extreme Science and Engineering Discovery Environment: Bridging from the Extreme to the Campus and Beyond, 2012. **Anais...** New York: ACM, p. 1-8. DOI: <https://dl.acm.org/doi/10.1145/2335755.2335836>.
- MANAMGODA, Dimuthu Sandarenu et al. A taxonomic and phylogenetic re-appraisal of the genus *Curvularia* (Pleosporaceae): human and plant pathogens. *Phytotaxa*, [S.L.], v. 212, n. 3, p. 175-198, 8 jun. 2015. DOI: <https://doi.org/10.11646/phytotaxa.212.3.1>.
- MENDES, M. A. S. **Fungos em plantas no Brasil**. Brasília: Embrapa-SPI/Embrapa-Cenargen, 1998.
- POSADA, D.; CRANDALL, K. A. MODELTEST: testando o modelo de substituição de DNA. **Bioinformatics**, v. 14, n. 9, p. 817-818, 1998. DOI: <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/14.9.817>.
- RONQUIST, F. et al. MrBayes 3.2: Inferência filogenética bayesiana eficiente e escolha de modelo em um grande espaço de modelo. **Systematic Biology**, v. 61, n. 3, p. 539-542, 2012. DOI: <https://doi.org/10.1093/sysbio/sys029>.
- SIVANESAN, A. Graminicolous species of *Bipolaris*, *Curvularia*, *Drechslera*, *Exserohilum* and their teleomorphs. **Mycological Papers**, v. 158, p. 1-261, 1987.
- SWOFFORD, D. L. **PAUP**: Análise filogenética usando parcimônia (e outros métodos), versão 4.0. Sinauer Associates, 2002.

TAMURA, K.; STECHER, G.; KUMAR, S. MEGA11: Análise genética evolutiva molecular versão 11. **Molecular Biology and Evolution**, v. 38, n. 7, p. 3022-3027, 2021. DOI: <https://doi.org/10.1093/molbev/msab120>.

UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE. **Fungal Databases**. Disponível em: <https://fungi.ars.usda.gov/>. Acesso em: 20 out. 2024.

VAIDYA, G.; LOHMAN, D. J.; MEIER, R. SequenceMatrix: concatenation software for the fast assembly of multi-gene datasets with character set and codon information. **Cladistics**, v. 27, n. 2, p. 171–180, 2011. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1096-0031.2010.00329.x>.