

Universidade de Brasília

Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária - FAV

Curso de Agronomia

Trabalho de Conclusão de Curso

Diversidade fúngica associada às manchas foliares do algodoeiro no Brasil

Brasília - DF

2025

LAURA FREITAS COPATI

Diversidade fúngica associada às manchas foliares do algodoeiro no Brasil

Monografia apresentada como requisito para conclusão do curso de Agronomia da Universidade de Brasília - UnB.

Orientador: Prof. Danilo Batista Pinho.

Brasília - DF

2025

LAURA FREITAS COPATI

Diversidade fúngica associada às manchas foliares do algodoeiro no Brasil

Artigo apresentado como requisito para conclusão do curso de Agronomia da Universidade de Brasília - UnB.

Brasília - DF, 10 de fevereiro de 2025

Banca Examinadora

_____

Prof. Danilo Batista Pinho

_____

Clemildo de Sousa Queiroz Junior

_____

M. Sc. Thais França Silva

Com imensa gratidão, dedico este trabalho à minha família, cujo apoio incondicional e incentivo constante foram essenciais em cada etapa desta jornada.

AGRADECIMENTOS

Agradeço ao meu orientador, Prof. Danilo Batista Pinho, pela oportunidade de aprofundar meus conhecimentos na área da fitopatologia, bem como pela chance de trabalhar em um laboratório de referência nos estudos micológicos;

Agradeço a banca examinadora, Clemildo e Thaís, que mesmo em períodos decisórios para a defesa de mestrado e doutorado, respectivamente, puderam se dedicar à avaliação desse trabalho. Vocês também foram de extrema importância para meu crescimento profissional e desenvolvimento pessoal;

Agradeço aos meus companheiros e amigos de laboratório, Jeffersson e Gustavo , que foram fundamentais para os primeiros conhecimentos sobre o ambiente de trabalho em laboratório. Também agradeço ao Clemildo e a Thaís, vocês demonstraram que o ambiente de trabalho pode ser construtivo, comunicativo, leve, de valorização e reconhecimento;

Agradeço ao Prof. Willie por sua enorme colaboração referente as análises filogenéticas. Sei que alguns dias foram de muita correria e prazos curtos, mas sua ajuda foi essencial para realização desse trabalho;

Agradeço a Victória Matos, por introduzir a cultura do algodoeiro. Sem você talvez eu não teria apresentado um tema tão importante para o agronegócio brasileiro como esse;

Agradeço de coração à minha amiga Maria Clara, companheira desde o ensino médio, com quem tenho a alegria de compartilhar esta jornada acadêmica no curso de Agronomia. Amiga, saiba que sua companhia deixou meus dias mais alegres, coloridos e muito leves. Fico feliz por termos compartilhado esse tempo juntas;

Agradeço, acima de tudo, à minha família. Ao meu pai, por me incentivar a ingressar no curso de agronomia; à minha mãe, por sua paciência e apoio incondicional; ao meu irmão, pelos momentos de parceria; e à Zeni (Luzeni), por cuidar do nosso lar com tanto carinho. Cada um de vocês foi essencial na construção da base da pessoa que sou hoje;

Agradeço às minhas avós, Edileusa e Marília cujos ensinamentos e amor seguem me guiando até hoje. Aos meus avôs, Petrúcio, que me mostrou a UnB para além da sala de aula, e Franscisco, que despertou em mim o interesse pelo campo muito antes de eu ingressar na faculdade;

Por fim, agradeço a Universidade de Brasília e a todos os meus familiares, amigos e professores que me acompanharam nessa jornada acadêmica.

Diversidade fúngica associada às manchas foliares do algodoeiro no Brasil

Resumo:
O algodoeiro tem sido cultivado extensivamente devido a rentabilidade econômica proporcionada pela sua utilização na indústria têxtil e alimentícia, pelo aumento do potencial produtivo da cultura e pela seleção de cultivares resistentes a doenças. Nesse contexto, quanto menor a incidência de doenças, maior a produtividade e qualidade da fibra de algodão. Até recentemente, as manchas foliares eram consideradas um problema fitossanitário secundário. Fatores como a precipitação pluviométrica contínua, temperaturas favoráveis, presença de inóculo em restos culturais, ausência de resistência nos cultivares e o direcionamento da aplicação de fungicidas para o controle da mancha de ramularia favoreceram o surgimento das manchas foliares em estágios iniciais, causando a desfolha e consequentemente a redução da produtividade. Apesar disso, a etiologia das manchas foliares permanece imprecisa, uma vez que vários gêneros fúngicos estão associados com a doença. Baseado nessa lacuna, esse projeto teve o objetivo de identificar molecularmente os fungos causadores de manchas foliares nas principais regiões produtoras de algodão. Para isso, folhas de algodão com sintomas característicos de manchas foliares foram coletadas em diferentes regiões dos estados do Acre (AC), Bahia (BA), Goiás (GO) Mato Grosso (MT), Mato Grosso do Sul (MS) e no Distrito Federal (DF). A amostragem foi realizada em três momentos do ciclo produtivo em, aproximadamente, 90, 120 e 150 dias após a emergência. A diagnose foi realizada por isolamento direto de estruturas reprodutivas dos fungos associados às manchas e posterior sequenciamento parcial do gene RPB2 para confirmação da identidade. A frequência de *Corynespora* e *Ramulariopsis* não foi considerada, pois esses dois fungos são considerados os principais patógenos do algodoeiro. Os 362 isolados previamente identificados por comparação de sequências do gene RPB2 foram identificados como *Cercospora* (n=112), *Allophoma* (n=101), *Alternaria* (n=59), *Paramyrothecium* (n=38), *Colletotrichum* (n=30), *Bipolaris* (n=7), *Leptosphaerulina* (n=7), *Stagonosporopsis* (n=5), *Albifimbria* (n=1), e *Curvularia* (n=1). Novas espécies de *Allophoma* e *Paramyrothecium* serão propostas de acordo com as regras do Código Internacional de Nomenclatura para Algas, Fungos e Plantas. As espécies mais frequentes foram *Cercospora iranica* (31%), *Allophoma* sp. nov. (28%), *Alternaria gossypina* (10,3%), *Paramyrothecium* sp. nov. (10,8%), *Colletotrichum plurivorum* (7,7%), *Alternaria jacinthicola* (6%), *Bipolaris* sp. (1,9%), *Leptosphaerulina chartarum* (1,9%), *Stagonosporopsis actaceae* (0,9%), *S. pogostemonis* (0,5%), *Colletotrichum truncatum* (0,6%), *Albifimbria verrucaria* (0,3%) e *Curvularia* sp. (0,3%). A frequência de *Cercospora iranica* no DF, GO, BA, MT e MS foi de 100, 55, 32, 28 e 26,9%, respectivamente. Espécies de *Alternaria* foram representativas em 37, 32, 20 e 15% das amostras coletadas no MS, BA, GO e MT, respectivamente. *Allophoma* spp. foram encontradas em 34, 25, 20, 18 e 10% das amostras no AC, BA, MT, MS e GO, respectivamente. *Colletotrichum* spp. foram encontradas em baixa frequência no MT (6%), GO (5%) e BA (4%) enquanto *Stagonosporopsis* possui baixa frequência na BA (7%), GO (5%) e MT (1%). *Paramyrothecium* sp. ocorreu somente no MT (22%) e MS (9%) enquanto *Leptosphaerulina* ficou restrita no Goiás (5%) e MT (4%). *Bipolaris* sp. teve uma frequência de 33% no AC e apenas 9 e 4% no MS e MT, respectivamente. Em relação aos diferentes momentos de amostragem, *Paramyrothecium* foi observado principalmente no início do ciclo da cultura enquanto os demais gêneros foram encontrados em todos os períodos de amostragem. Portanto, os resultados desse estudo demonstram o panorama da distribuição de patógenos fúngicos associados à complexa sintomatologia conhecida por manchas do algodoeiro.

Palavras-chave: Complexo de doenças de plantas, Fitopatologia, Fungos, *Gossypium hirsutum*, Taxonomia.

Fungal diversity associated with cotton leaf spots in Brazil

Abstract:

Cotton has been extensively cultivated due to its economic profitability, supported by its diverse applications in the textile and food industries, its increased yield potential, and the development of cultivars resistant to one or more diseases. In this context, lower disease incidence leads to higher productivity and improved fiber quality. Until recently, foliar spots were considered a secondary phytosanitary issue. However, factors such as continuous rainfall, favorable temperatures, the presence of inoculum in crop residues, the absence of resistant cultivars, and the targeted application of fungicides for ramularia leaf spot control have contributed to the early onset of foliar spots, leading to defoliation and, consequently, reduced yield. Nevertheless, the etiology of foliar spots remains unclear, as multiple fungal genera are associated with the disease. Addressing this gap, this study aimed to morpho-molecularly identify the fungi responsible for foliar spots in major cotton-producing regions. To achieve this, cotton leaves exhibiting characteristic foliar spot symptoms were collected from different regions in the states of Acre (AC), Bahia (BA), Goiás (GO), Mato Grosso (MT), Mato Grosso do Sul (MS), and the Federal District (DF). Sampling was conducted at three stages of the production cycle, approximately 90, 120, and 150 days after emergence. Diagnosis was performed through direct isolation of fungal reproductive structures associated with the spots, followed by partial sequencing of the RPB2 gene for identity confirmation. The frequency of *Corynespora* and *Ramulariopsis* was not considered, as these fungi are the primary pathogens affecting cotton. The 362 isolates previously identified by RPB2 gene sequence comparison were classified as *Cercospora* (n=112), *Allophoma* (n=101), *Alternaria* (n=59), *Paramyrothecium* (n=38), *Colletotrichum* (n=30), *Bipolaris* (n=7), *Leptosphaerulina* (n=7), *Stagonosporopsis* (n=5), *Albifimbria* (n=1), and *Curvularia* (n=1). New species of *Allophoma* and *Paramyrothecium* will be proposed according to the rules of the International Code of Nomenclature for Algae, Fungi, and Plants. The most frequent species identified were *Cercospora iranica* (31%), *Allophoma* sp. nov. (28%), *Alternaria gossypina* (10.3%), *Paramyrothecium* sp. nov. (10.8%), *Colletotrichum plurivorum* (7.7%), *Alternaria jacinthicola* (6%), *Bipolaris* sp. (1.9%), *Leptosphaerulina chartarum* (1.9%), *Stagonosporopsis actaceae* (0.9%), *S. pogostemonis* (0.5%), *Colletotrichum truncatum* (0.6%), *Albifimbria verrucaria* (0.3%), and *Curvularia* sp. (0.3%). The frequency of *Cercospora iranica* in DF, GO, BA, MT, and MS was 100%, 55%, 32%, 28%, and 26.9%, respectively. *Alternaria* species were present in 37%, 32%, 20%, and 15% of samples collected in MS, BA, GO, and MT, respectively. *Allophoma* spp. were found in 34%, 25%, 20%, 18%, and 10% of samples from AC, BA, MT, MS, and GO, respectively. *Colletotrichum* spp. were found at low frequencies in MT (6%), GO (5%), and BA (4%), while *Stagonosporopsis* was detected at low frequencies in BA (7%), GO (5%), and MT (1%). *Paramyrothecium* sp. occurred only in MT (22%) and MS (9%), whereas *Leptosphaerulina* was restricted to Goiás (5%) and MT (4%). *Bipolaris* sp. had a frequency of 33% in AC and only 9% and 4% in MS and MT, respectively. Regarding the different sampling periods, *Paramyrothecium* was primarily observed at the beginning of the crop cycle, while the other genera were found throughout all sampling periods. Therefore, the results of this study provide an overview of the distribution of fungal pathogens associated with the complex symptomatology known as cotton leaf spots.

Keywords: Fungi, *Gossypium hirsutum,* Plant Disease Complex, Plant Pathology, Taxonomy.

INTRODUÇÃO

O algodão brasileiro (*Gossypium hirsutum* L.) é internacionalmente competitivo e se destaca entre as commodities devido ao alto aproveitamento de seus subprodutos, incluindo a pluma, a casca do caroço, o óleo e a torta da amêndoa (Severino *et al*, 2019). Em 2024, o Brasil se tornou o maior exportador mundial de algodão, comercializando mais de três bilhões de dólares e quase duas milhões de toneladas (Ministério da Agricultura e Pecuária, 2024). Além disso, o investimento constante em tecnologia de produção e expansão da área cultivada para o Cerrado brasileiro tornou o algodão competitivo internacionalmente (ABRAPA, 2021; Silva *et al*., 2019).

O cultivo do algodoeiro no Cerrado iniciou a partir da década de 90 devido ao esforço contínuo do melhoramento vegetal para (i) o desenvolvimento de cultivares adaptadas a esse bioma, (ii) aumento do potencial produtivo das cultivares, e (iii) seleção de cultivares com resistência a uma ou várias doenças (Morello *et al*., 2020; Suassuna *et al*., 2020). Neste contexto, quanto menor a incidência de doenças, maior a produtividade e qualidade da fibra de algodão (Tormen e Blum, 2019).

As condições climáticas do Cerrado brasileiro são favoráveis ao desenvolvimento de doenças que afetam a cultura do algodoeiro. Práticas como o plantio de um número limitado de cultivares de algodão em áreas extensas, da mesma forma, favorecem o desenvolvimento de doenças, enquanto a resistência genética e/ou controle químico podem reduzir os danos causados pelos patógenos (Nociti, 2019).

Até recentemente, as manchas foliares eram consideradas um problema fitossanitário secundário, mas fatores como a precipitação pluviométrica contínua, temperaturas favoráveis, presença de inóculo em restos culturais, ausência de resistência nos cultivares e o direcionamento da aplicação de fungicidas para o controle da mancha de ramularia, fizeram com que essa doença passasse a surgir mais cedo, causando a desfolha precoce de folhas e consequentemente a redução da produtividade (Araujo e Suassuna, 2003; Saran, 2013).

No Brasil, a etiologia das manchas foliares permanece imprecisa, uma vez que vários gêneros fúngicos estão associados com a doença, e que a maioria das identificações são realizadas exclusivamente por comparações morfológicas de um número limitado de isolados (Araujo & Suassuna, 2003; Saran, 2013). Além disso, tem sido comprovado que a análise molecular associada a dados morfológicos, é necessária para resolver complexos de espécies de patógenos vegetais. Essa abordagem polifásica tem revelado várias espécies fúngicas associadas a uma doença em várias culturas agrícolas (Juliatti *et al*., 2020; Silva et., 2021; Videira *et al*., 2016).

A identificação precisa dos agentes causais das manchas foliares do algodoeiro no Brasil, bem como a abundância relativa e a distribuição geográfica de cada agente causal, são particularmente

importantes para as recomendações das estratégias de manejo da doença e são essenciais para os programas de melhoramento do algodoeiro. No entanto, estudos abrangentes que investigam a etiologia das manchas foliares do algodoeiro são escassos na literatura (Suassuna *et al*., 2020). Dessa forma, identificação precisa das espécies em cada área de cultivo, combinada com as medidas fitossanitárias, pode minimizar os danos causados pelas manchas foliares do algodoeiro.

Baseado nas lacunas da cadeia produtiva do algodoeiro, esse estudo teve o objetivo de identificar precisamente os fungos associados com as manchas foliares do algodoeiro nas principais regiões produtoras.

MATERIAL E MÉTODOS

Coleta de amostras e isolamento

As coletas foram realizadas em regiões produtoras de algodão nos estados do Acre (AC), Bahia (BA), Goiás (GO), Mato Grosso (MT), Mato Grosso do Sul (MS) e no Distrito Federal (DF). Informações relevantes foram anotadas na caderneta de coleta e os sintomas foram documentados no próprio local com auxílio de uma câmera digital. Folhas de algodoeiro, com sintomas de mancha foliar foram coletadas, herborizadas e examinadas sob microscópio estereoscópico e de luz para determinação do gênero fúngico e associação com o sintoma na planta.

Os isolados foram obtidos através do isolamento direto das lesões necróticas das folhas (Alfenas *et al*., 2016). Os esporos foram transferidos para placas de Petri de 90 mm de diâmetro, contendo meio de cultura batata-dextrose-ágar (BDA) e extrato-de-malte-ágar (EMA). As placas foram incubadas em câmara de crescimento a 25°C.

Para garantir a pureza genética dos isolados, culturas foram obtidas pela remoção de uma pequena porção da ponta de uma hifa isolada. Após o período de 7 a 20 dias de incubação a 25 °C no escuro, as culturas foram identificadas por observação das características culturais e estruturas somáticas em microscópio de luz. As características morfológicas foram analisadas e comparadas com as informações da literatura.

Os isolados obtidos foram depositados na Coleção de Culturas da Universidade de Brasília e armazenados em (i) água esterilizada, (ii) glicerol 10%, (iii) tubo de BDA inclinado, (iv) ultrafreezer -80°C e (v) nitrogênio líquido conforme Alfenas *et al*., (2016).

Extração de DNA genômico

Inicialmente, os isolados foram cultivados durante 7 dias em placas de Petri com meio de cultura BDA e, posteriormente, a extração do DNA genômico foi realizada utilizando o kit de purificação de DNA genômico da Promega seguindo as recomendações do fabricante. A qualidade do DNA foi verificada por eletroforese em gel de agarose (1 %) corado com corante fluorescente GelRed e visualizado sob luz ultravioleta. As amostras foram armazenadas a - 20 °C para posterior utilização.

Amplificação e sequenciamento do DNA genômico

As reações de PCR foram realizadas com 6,25 µL de MyTaqTM Mix 2x (Bioline EUA Inc., Taunton, Inglaterra), 0,3 µL de cada primer (senso e anti-senso, Tabela 1), 1 µL de DNA genômico e 4,65 µL de água ultrapura para completar o volume total de 12,5 mL. Para a identificação prévia, o DNA de todos os isolados foi amplificado e sequenciado com os iniciadores de uma região parcial do gene RPB2 correspondente a RNA polimerase II (Silva *et al*., 2021). Isolados representativos de cada espécie e localidade foram selecionados para uma abordagem multigênica utilizando o sequenciamento das regiões genômicas indicadas na literatura para cada gênero fúngico (Figura 1).

Tabela 1. Primers utilizados para amplificação e sequenciamento das diferentes regiões genômicas.

REGIÃO	PRIMERS	SEQUÊNCIA (5' to3')
RPB2	5F2	GGGGWGAYCAGAAGAAGGC (Sung *et al*., 2007)
	7cR	CCCATRGCTTGYTTRCCCAT (Liu *et al*., 1999)
LSU	LR5	TCCTGAGGGAAACTTCG (Vilgalys e Hester., 1990)
	V9G	TTACGTCCCTGCCCTTTGTA (Hoog e Gerrits., 1998)
ACT	ACT-512F	ATGTGCAAGGCCGGTTTCGC
	ACT-783R	TAC GAG TCC TTC TGG CCC AT (Carbone e Kohn., 1999)
CAL	CAL-228F	GAGTTCAAGGAGGCCTTCTCCC (Carbone e Kohn., 1999)
	Cal2RD	TGRTCNGCCTCDCGGATCATCTC (Groenewald *et al*., 2013)
HIS	CYLH3F	AGGTCCACTGGTGGCAAG
	CYLH3R	AGC TGG ATG TCC TTG GAG TG (Crous *et al*., 2004)
TEF	EF1F	TGCGGTGGTATCGACAAGCGT
	EF2R	AGCATGTTGTCGCCGTTGAAG (Jacobs *et al*., 2004)
GAPDH	GDF1	GCCGTCAACGACCCCTTCATTGA
	GDR1	GGG TGG AGT CGT ACT TGA GCA TGT (Templeton *et al*., 1992; Guerber *et al*., 2003)
TUB2	T1	AACATGCGTGAGATTGTAAGT
	T22	TCTGGATGTTGTTGGGAATCC (O'Donnell e Cigelnik., 1997)
APMAT	AM-F	TCATTCTACGTATGTGCCCG
	AM-R	CCAGAAATACACCGAACTTGC (Silva *et al*., 2012)

Análises filogenéticas

Os eletroferogramas de cada amostra foram alinhados para montagem da sequência consenso utilizando o software DNA Dragon (www.sequentix.de). Os espécimes foram previamente identificados por comparação de sequências da região parcial do gene RPB2. Posteriormente, isolados representativos foram selecionados para inferir a árvore filogenética concatenada com as diferentes regiões genômicas. Sequências adicionais dos isolados de referência das espécies filogeneticamente relacionadas foram obtidas do banco de dados do GenBank (http://www.ncbi.nlm.nih.gov) e alinhadas com as novas sequências geradas usando o programa MUSCLE (Edgar, 2004), implementado no software MEGA (Tamura *et al*., 2013).

Os modelos de substituição de nucleotídeos foram determinados para cada região gênica separadamente com MrModeltest 2.3 (Posada e Buckley, 2004) e selecionado de acordo com o Akaike Information Criterion (AIC). As análises de Inferência Bayesiana (IB) foram realizadas com MrBayes v. 3.1.2 (Ronquist e Huelsenbeck, 2003) usando o método de Markov Chain Monte Carlo (MCMC), inicialmente com cada região genômica separadamente e posteriormente com as sequências concatenadas. As quatro cadeias MCMC foram conduzidas simultaneamente, iniciando as árvores aleatoriamente até 10.000.000 de gerações. As árvores foram amostradas a cada 1.000 gerações, resultando em 10.000 árvores. As primeiras 2.500 árvores foram descartadas da análise. Os valores de probabilidade posterior (Rannala e Yang, 1996) foram determinados da árvore consenso através das 7.500 árvores remanescentes.

As análises de máxima verossimilhança (ML) foram realizadas utilizando o modelo GTR + GAMMA com o algoritmo RAxML 8.2.9 (Stamatakis, 2014). Os valores de suporte dos ramos (bootstrap) foram calculados usando 1000 réplicas.

O MrBayes e RAxML foram executados no servidor CIPRES Science Gateway 3.1 (Miller *et al*., 2011). A árvore foi visualizada no software FigTree (http://tree.bio.ed.ac.uk/software/figtree/).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os 362 isolados previamente identificados por comparação de sequências do gene RPB2 foram identificados como *Cercospora* (n=112), *Allophoma* (n=101), *Alternaria* (n=59), *Paramyrothecium* (n=3), *Colletotrichum* (n=30), *Bipolaris* (n=7), *Leptosphaerulina* (n=7), *Stagonosporopsis* (n=5), *Albifimbria* (n=1), e *Curvularia* (n=1). Novas espécies de *Allophoma* e *Paramyrothecium* serão propostas de acordo com as regras do Código Internacional de Nomenclatura para Algas, Fungos e Plantas.

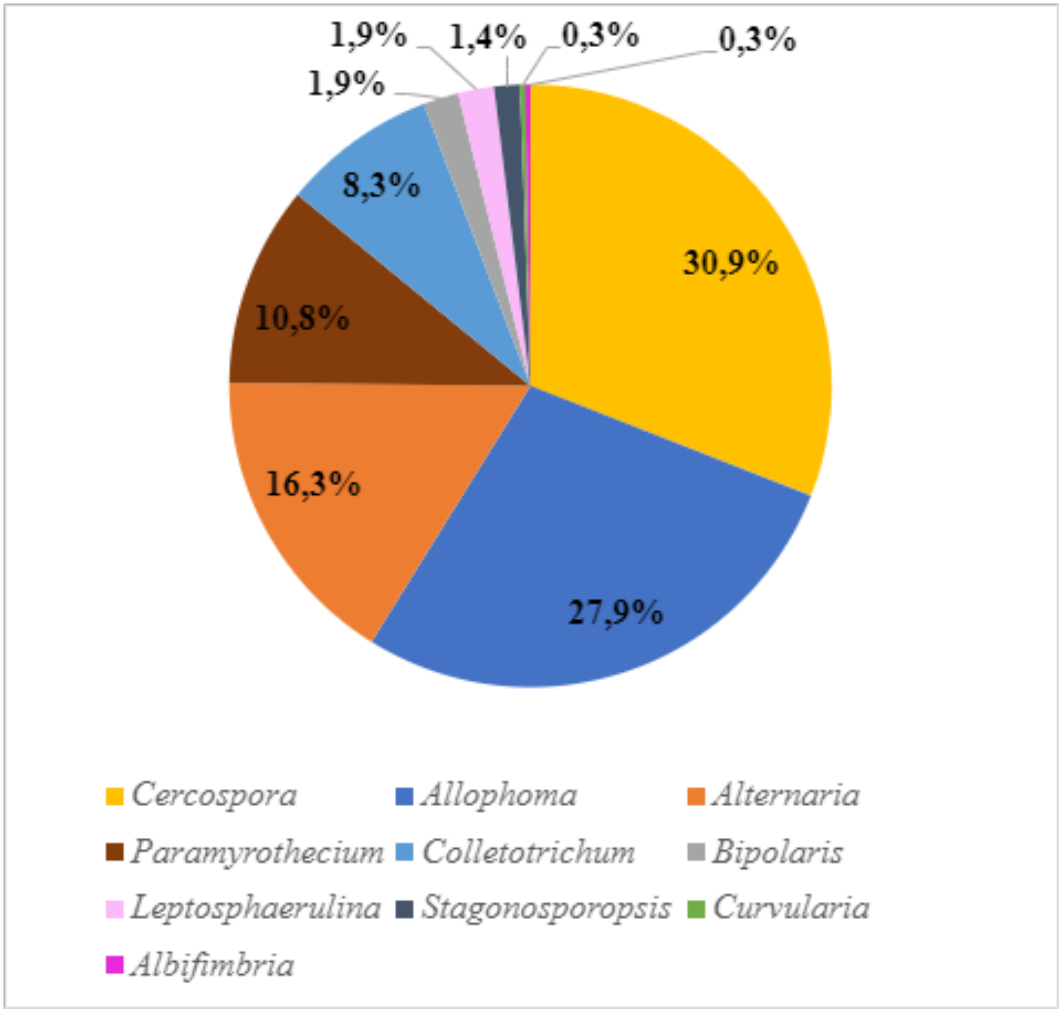
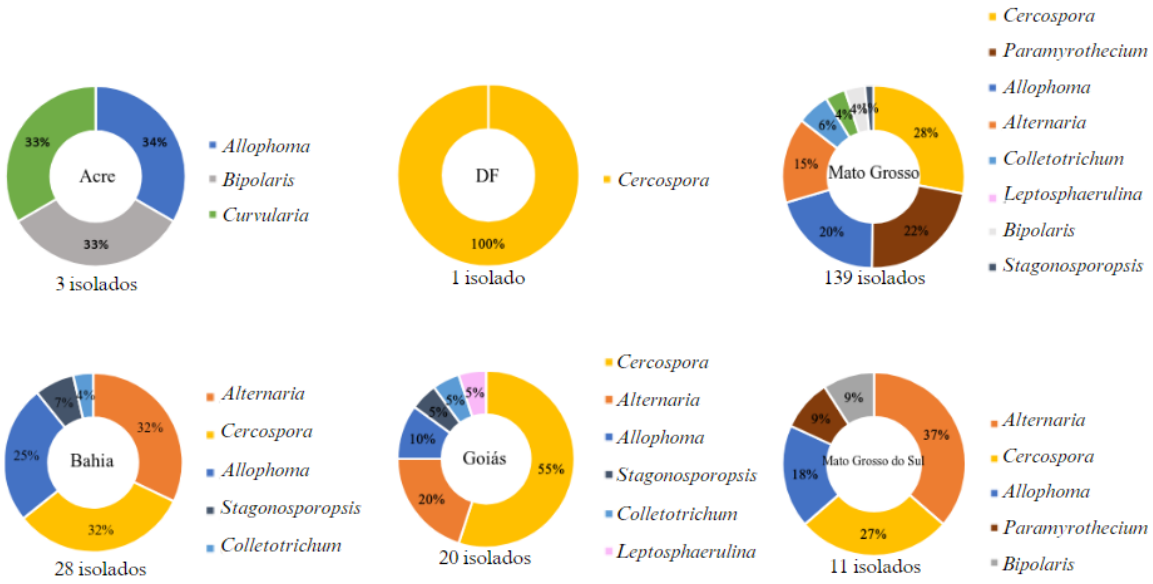


Figura 1. Frequência percentual dos diferentes gêneros fúngicos associados com às manchas foliares do algodoeiro.



As espécies mais frequentes foram *Cercospora iranica* (31%), *Allophoma* sp. nov. (28%), *Alternaria gossypina* (10,3%), *Paramyrothecium* sp. nov. (10,8%), *Colletotrichum plurivorum* (7,7%), *Alternaria jacinthicola* (6%), *Bipolaris* sp. (1,9%), *Leptosphaerulina chartarum* (1,9%), *Stagonosporopsis actaceae* (0,9%), *S. pogostemonis* (0,5%), *Colletotrichum truncatum* (0,6%), *Albifimbria verrucaria* (0,3%) e *Curvularia* sp. (0,3%).**Figura 2.** Frequência percentual dos diferentes gêneros fúngicos encontrados nos estados do Acre (AC), Bahia (BA), Goiás (GO), Mato Grosso (MT), Mato Grosso do Sul (MS) e no Distrito Federal (DF).

As espécies mais frequentes foram *Cercospora iranica* (31%), *Allophoma* sp. nov. (28%), *Alternaria gossypina* (10,3%), *Paramyrothecium* sp. nov. (10,8%), *Colletotrichum plurivorum* (7,7%), *Alternaria jacinthicola* (6%), *Bipolaris* sp. (1,9%), *Leptosphaerulina chartarum* (1,9%), *Stagonosporopsis actaceae* (0,9%), *S. pogostemonis* (0,5%), *Colletotrichum truncatum* (0,6%), *Albifimbria verrucaria* (0,3%) e *Curvularia* sp. (0,3%). De acordo com a Figura 2, é possível observar que isolados de *Cercospora* foram encontrados em todos os estados, exceto no Acre. As espécies *Cercospora cf. flagellaris, C. gossypii, C. gossypiicola* e *C. gossypina* foram relatadas no algodoeiro, sendo esta última responsável por perdas de até 11% de área foliar (Albu *et al*., 2016; Bakhshi *et al*., 2018; Puia *et al*, 2021). Os isolados obtidos nesse estudo agruparam com as sequências referência de *C. iranica*. Essa espécie foi confirmada por análises filogenéticas das regiões genômicas RPB2, LSU, ITS, ACT, CAL e HIS (Figura 3). Esse fungo foi descrito causando doença em *Vicia faba* e foi relatado em *Hydrangea* sp. e *Phaseolus vulgaris* no Irã (Bakhshi *et al*., 2015; 2021). Por isso, esse é o primeiro relato desse fungo no algodoeiro e no Brasil. A frequência de *Cercospora iranica* no DF, GO, BA, MT e MS foi de 100, 55, 32, 28 e 27%, respectivamente (Figura 2).

As espécies *Alternaria alternata*, *A. gossypii*, *A. gossypina*, *A. humicola*, *A. longipedicellata*, *A. macrospora*, *A. porri* e *A. tenuis* foram relatadas no algodoeiro, sendo que somente *A. alternata*, *A. macrospora* e *A. porri* foram relatadas nesse hospedeiro no Brasil (USDA, 2025; Woudenberg *et al*., 2015). A mancha de *Alternaria* pode reduzir em até 15% a produção de cultivares suscetíveis de algodoeiro (Cia e Fuzatto, 2006). As análises filogenéticas das regiões RPB2, GAPDH e TEF confirmam a presença de *A. gossypina* e *A. jacinthicola* em 10,3 e 6% das amostras. *A. gossypina* é uma espécie frequentemente relatada no algodoeiro em quinze países (África do Sul, Austrália, China, Colômbia, Costa do Marfim, Coreia do Sul, Estados Unidos, Malawi, Moçambique, Nigeria, Sudão, Tanzânia, Zâmbia e Zimbábue) (USDA, 2025). Embora exista relato de *A. jacinthicola* e *A. gossypina* causando doença em *Nopalea cochenillifera* no Brasil (Infante *et al*., 2021), esse é o primeiro relato mundial dessas duas espécies no algodoeiro. Espécies de *Alternaria* foram representativas em 37, 32, 20 e 15% das amostras coletadas no MS, BA, GO e MT, respectivamente (Figura 4).

Os gêneros semelhantes a *Phoma* relatados no algodoeiro incluem *Ascochyta*, *Phoma* e *Leptosphaerulina* (Chen *et al*., 2015, USDA, 2025). No entanto, a distinção morfológica entre esses gêneros representa um desafio (Marin-Felix *et al*., 2019). *L. chartarum* (=*Pithomyces chartarum*) é um fungo cosmopolita com uma ampla gama de hospedeiros que foi relatado causando doença no algodoeiro nos Estados Unidos e na Venezuela (USDA, 2025). No Brasil, esse fungo foi relatado em *Brachiaria brizantha, B. decumbens, B. dictyoneura, B. humidicola, B. mutica, B. radicans, Chloris gayana, Cynodon dactylon, C. plectostachyus, Desmodium intortum, D. pabulare, Digitaria decumbens, Dioclea* sp., *Dolichos* sp., *Glycine max, Glycine wightii, Hyparrhenia rufa, Linum usitatissimum, Lolium perenne, Medicago sativa, Melinis minutiflora, Mimosa* sp., *Oryza sativa, Panicum makueni, Panicum maximum, Paspalum notatum, P. paniculatum, P. virgatum, P. purpureum, Phaseolus vulgaris, Pteridium aquilinum, Rhynchosia* sp., *Setaria anceps, Stylosanthes viscosa, Trifolium repens, Triticum aestivum* e *Zea mays* (USDA, 2025). Como apenas *Leptosphaerulina* sp. havia sido relatada no algodoeiro no país, este é o primeiro registro de *L. chartarum* nessa cultura no Brasil. Neste estudo, essa espécie foi identificada apenas em Goiás (5%) e Mato Grosso (4%).

Stagonosporopsis é um gênero morfologicamente semelhante a *Phoma*, sem registros prévios no algodoeiro (Chen *et al*., 2015; USDA, 2025). Neste estudo, duas espécies foram identificadas: *S. actaceae* (0,9%) e *S. pogostemonis* (0,6%), ambas encontradas apenas na Bahia (7%), Goiás (5%) e Mato Grosso (1%). *S. actaceae* foi relatada em *Actaea alba, A. rubra, A. spicata*, *Cimicifuga simplex*, *Thalictrum minus* nos Estados Unidos, Países Baixos, Polônia e Rússia (Greene, 1950; Shaw, 1973; Mulenko *et al*, 2008, Melnik e Pystina, 1995; Aveskamp *et al*, 2010), enquanto *S. pogostemonis* foi relatada em *Brassica oleracea, Capsicum annuum*, *Fragaria x ananassa*, *Pogostemon cablin* e *Stevia rebaudiana* na China e Itália (Dong *et al*, 2021; Cao *et al*, 2024; Zou *et al*, 2025; Gao *et al*,2024;

Habib *et al*, 2024). Portanto, esse é o primeiro registro mundial de *S. actaceae* e *S. pogostemonis* no algodoeiro.

Até o momento, nenhuma espécie de *Allophoma* foi relatada no algodoeiro. No entanto, existem registros de *Phoma* sp. e *Ascochyta gossypii* no Brasil, enquanto *Ascochyta gossypii*, *A. malvicola*, *Phoma exigua, P. gossypii, P. gossypiicola* e *P. sorghina* são relatadas nesse hospedeiro na Australia, Bulgária, China, Estados Unidos, Grécia, Guatemala, Índia, México, Tanzânia e Venezuela (USDA, 2025). Entre os taxa, somente *A. malvicola* e *P. gossypii* permanecem como nomes válidos. *P. exigua* e *P. sorghina* foram reclassificadas como *Boeremia exigua* e *Epicoccum sorghinum*, respectivamente. *A. gossypii* foi renomeada como *P. gossypiicola* e, posteriormente, transferida para *Nothophoma gossypiicola* (Chen *et al*., 2015). Além disso, a identificação de *Allophoma* é feita por meio da comparação de sequências das regiões ITS, LSU, TUB2 e RPB2 devido a sobreposição de características morfológicas entre as diferentes espécies (Marin-Felix *et al*., 2019). Como os isolados de *Allophoma* obtidos nesse estudo formaram dois clados filogeneticamente distintos, duas novas espécies serão propostas de acordo com as normas do Código Internacional de Nomenclatura para algas, fungos e plantas. *Allophoma* spp. foram encontradas em 33, 25, 20, 18 e 10% das amostras no AC, BA, MT, MS e GO, respectivamente (Figura 5).

A maioria dos isolados do gênero *Colletotrichum* obtidos nas lavouras de algodoeiro pertenciam à espécie *C. plurivorum* enquanto poucos isolados de *C. theobromicola* e *C. truncatum* foram obtidos (Figura 6). A ramulose causada pelo fungo *Colletotrichum* é a principal doença transmitida pelas sementes de algodão no Brasil (Silva-Mann *et al*., 2005). Historicamente, essa doença é ocasionada pelo fungo *C. theobromicola* (*C. gossypii* var. *cephalosporiodes*), mas recentemente as espécies *C. plurivorum* e *C. truncatum* foram relatadas no algodoeiro (Damm *et al*., 2019; Salustiano *et al*., 2014; Juliatii *et al*., 2020). *Colletotrichum* spp. (Figura 6) foram encontradas em baixa frequência no MT (6%), GO (5%) e BA (4%).

Historicamente, as espécies *Myrothecium roridum* e *M. verrucaria* foram relatadas no algodoeiro, porém apenas *M. roridum* foi registrado no Brasil com perdas estimadas em até 60% da produção (USDA, 2025; Meyer *et al*., 2006; Silva *et al, 2006*). Essas espécies foram reclassificadas como *Paramyrothecium roridum* e *Albifimbria verrucaria*, respectivamente (Lombard *et al*., 2016). Este estudo registra a primeira ocorrência de *Albifimbria verrucaria* no algodoeiro no Brasil. Surpreendentemente, todos os isolados de *Paramyrothecium* agruparam-se em um clado filogeneticamente distinto das demais espécies do gênero. Portanto, uma nova espécie será proposta, seguindo as regras do Código Internacional de Nomenclatura para Algas, Fungos e Plantas. *Paramyrothecium* foi observado principalmente no início do ciclo da cultura. Além disso, esse fungo (Figura 8) foi encontrado somente no MT (22%) e MS (9%).

A comparação das sequências da região RPB2 dos isolados de *Bipolaris* e *Curvularia* corresponde a *Bipolaris maydis* e *Curvularia geniculata*, respectivamente. Enquanto apenas *Bipolaris gossypina* foi relatada no algodoeiro no Quênia, *Curvularia affinis*, *C. brachyspora*, *C. inaequalis* e *C. lunata* foram registradas no Brasil (USDA, 2025). Mesmo que as sequências desses isolados correspondam com tais espécies, outras regiões genômicas serão analisadas para a identificação precisa. Adicionalmente, os isolados de *Curvularia* foram encontrados apenas no Acre (33%), enquanto os isolados de *Bipolaris* foram registrados no Acre (33%), Mato Grosso do Sul (9%) e Mato Grosso (4%).

De acordo com as informações apresentadas, este estudo demonstra o panorama da distribuição de fungos associados à complexa sintomatologia conhecida como manchas foliares do algodoeiro. É fundamental enfatizar que testes de patogenicidade ainda serão realizados para comprovar se esses

fungos têm a capacidade de causar manchas foliares no algodoeiro.

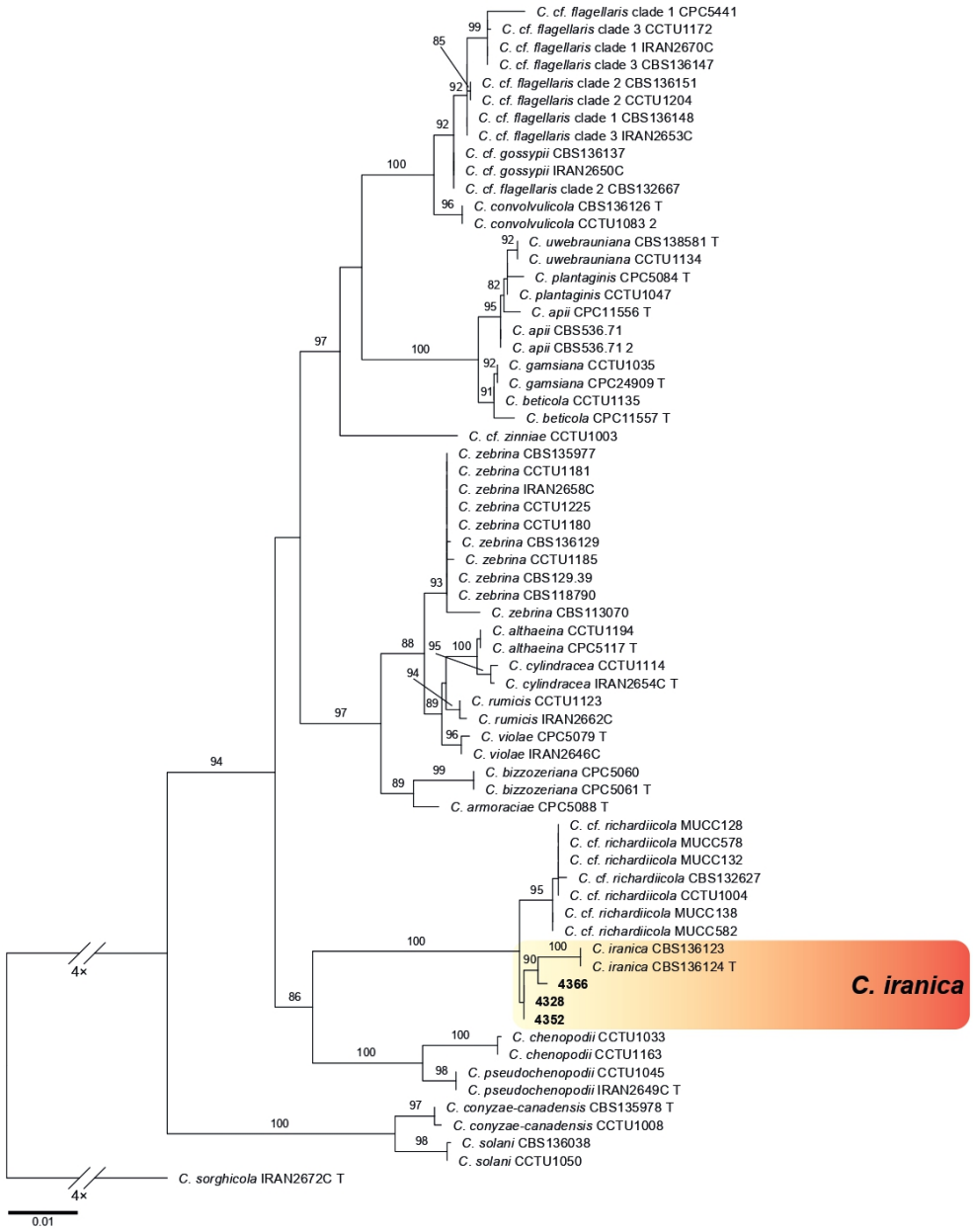


Figura 3. Árvore filogenética de *Cercospora* inferida por análise de máxima verossimilhança baseada nas regiões genômicas RPB2, LSU, ACT, CAL, HIS e TEF.

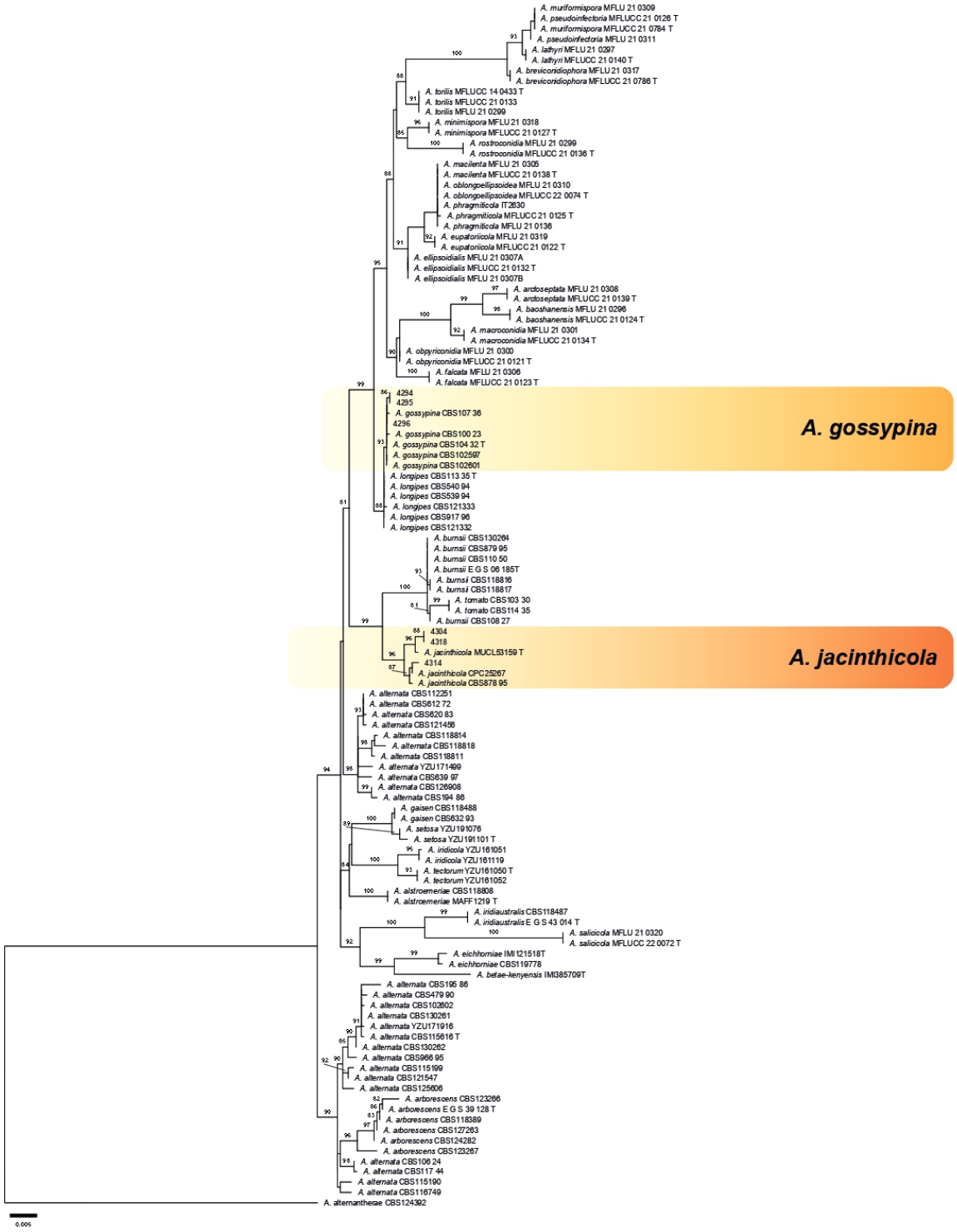


Figura 4. Árvore filogenética de *Alternaria* inferida por análise de máxima verossimilhança baseada nas regiões genômicas RPB2, GAPDH e TEF.

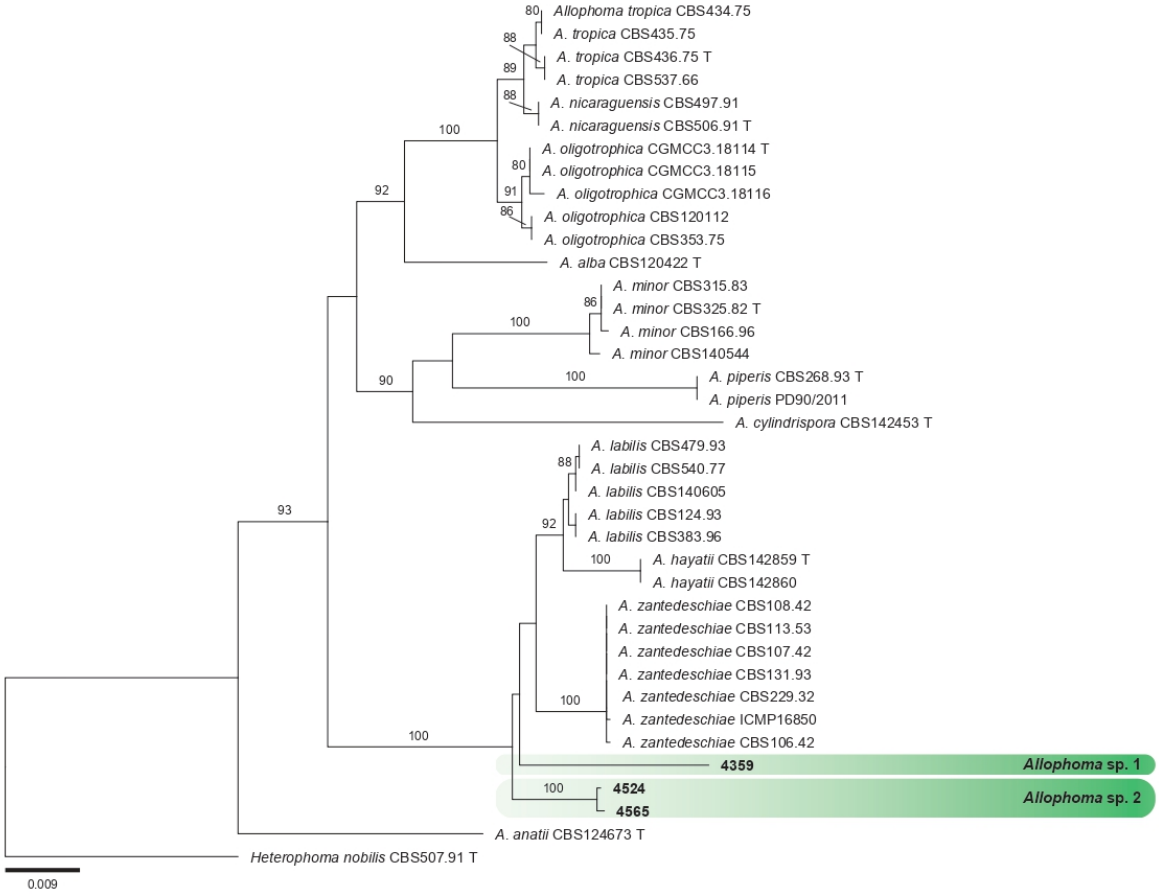


Figura 5. Árvore filogenética de *Allophoma* inferida por análise de máxima verossimilhança baseada nas regiões genômicas RPB2, LSU e TUB2.

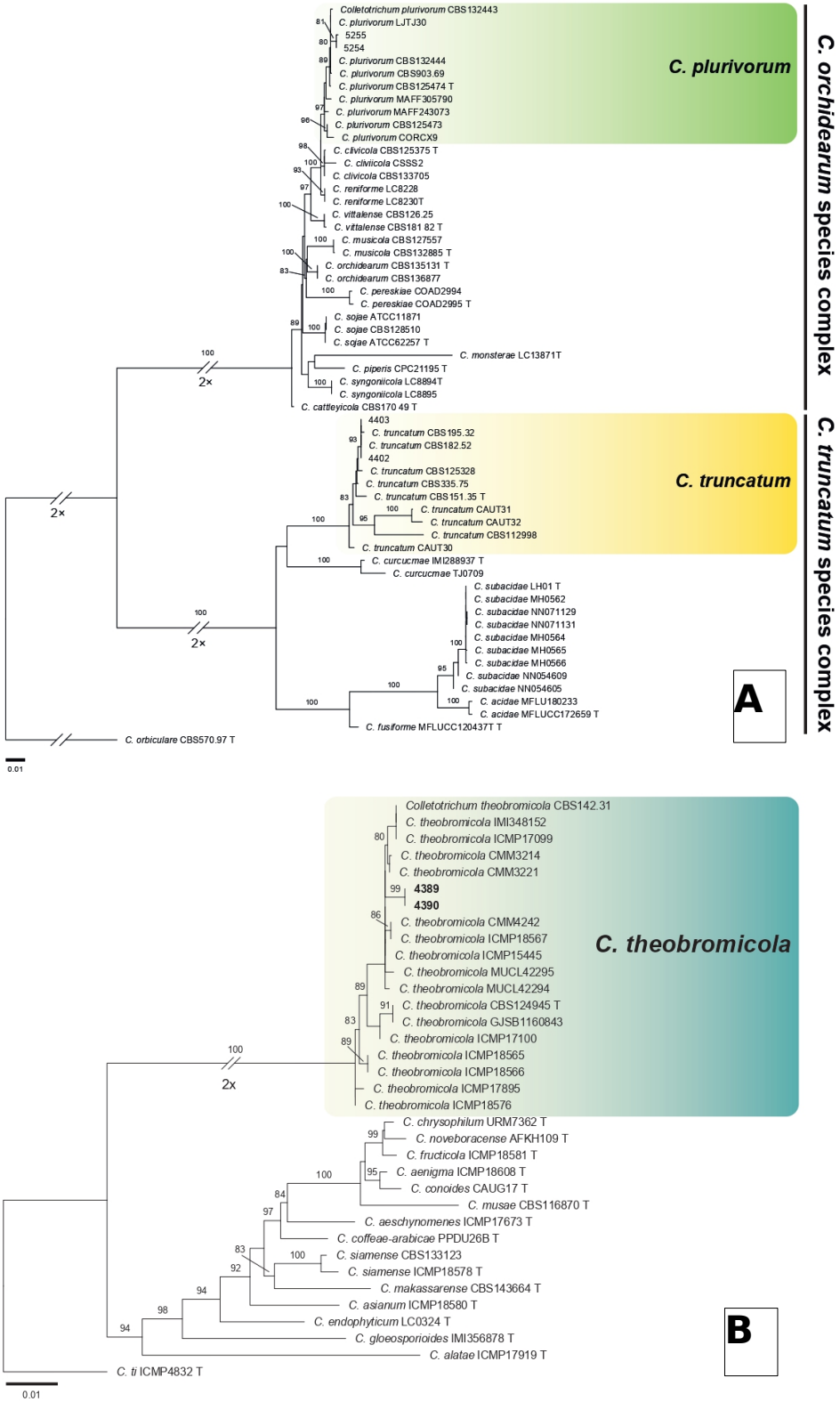


Figura 6. Árvore filogenética de *Colletotrichum* inferida por análise de máxima verossimilhança baseada nas regiões genômicas TUB2, ACT e HIS. **A.** Complexo *Colletotrichum orchidearum* e *C. truncatum*. **B.** Complexo *C. gloeosporioides*.

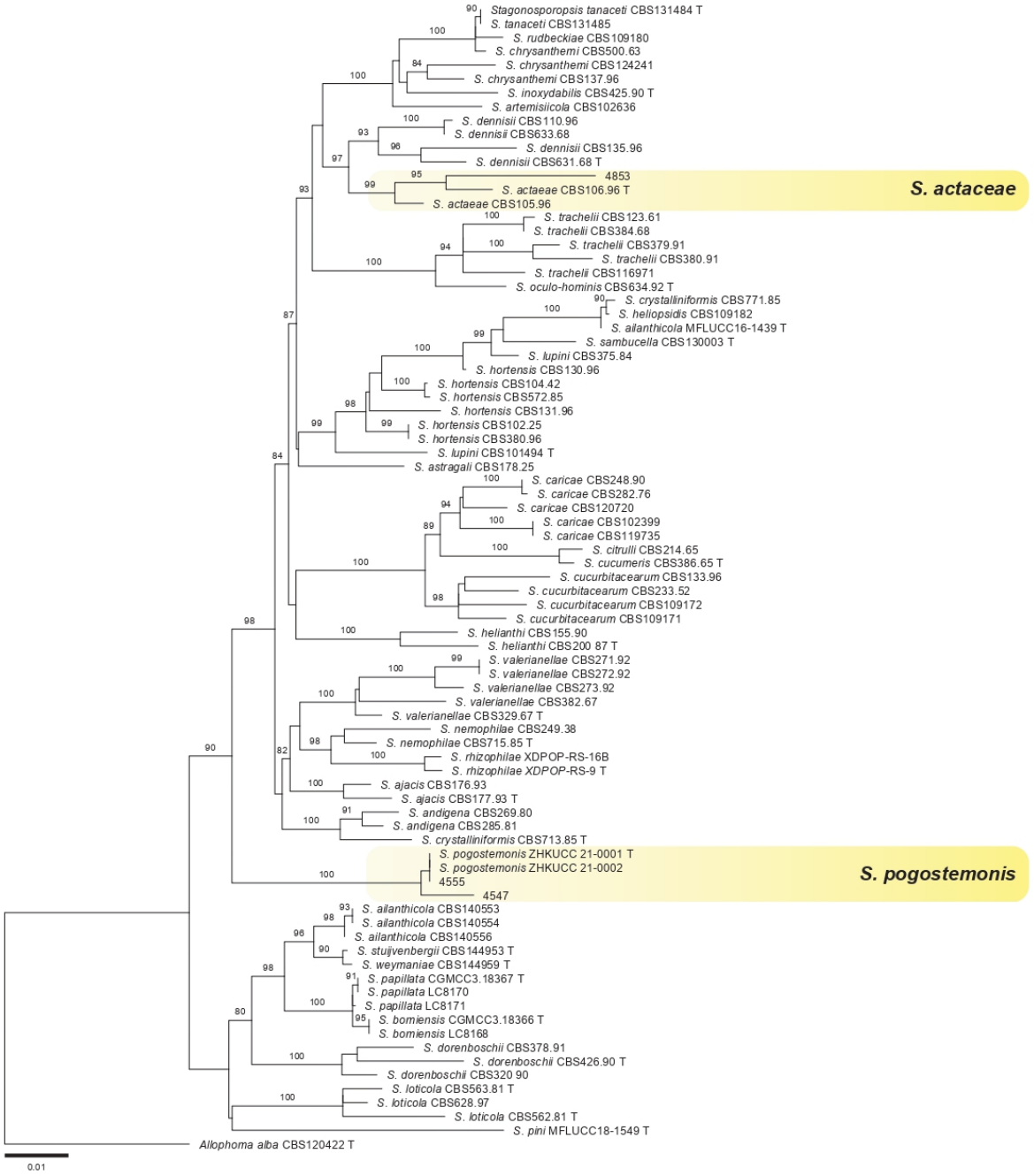


Figura 7. Árvore filogenética de *Stagonosporopsis* inferida por análise de máxima verossimilhança baseada nas regiões genômicas RPB2, LSU e TUB2.

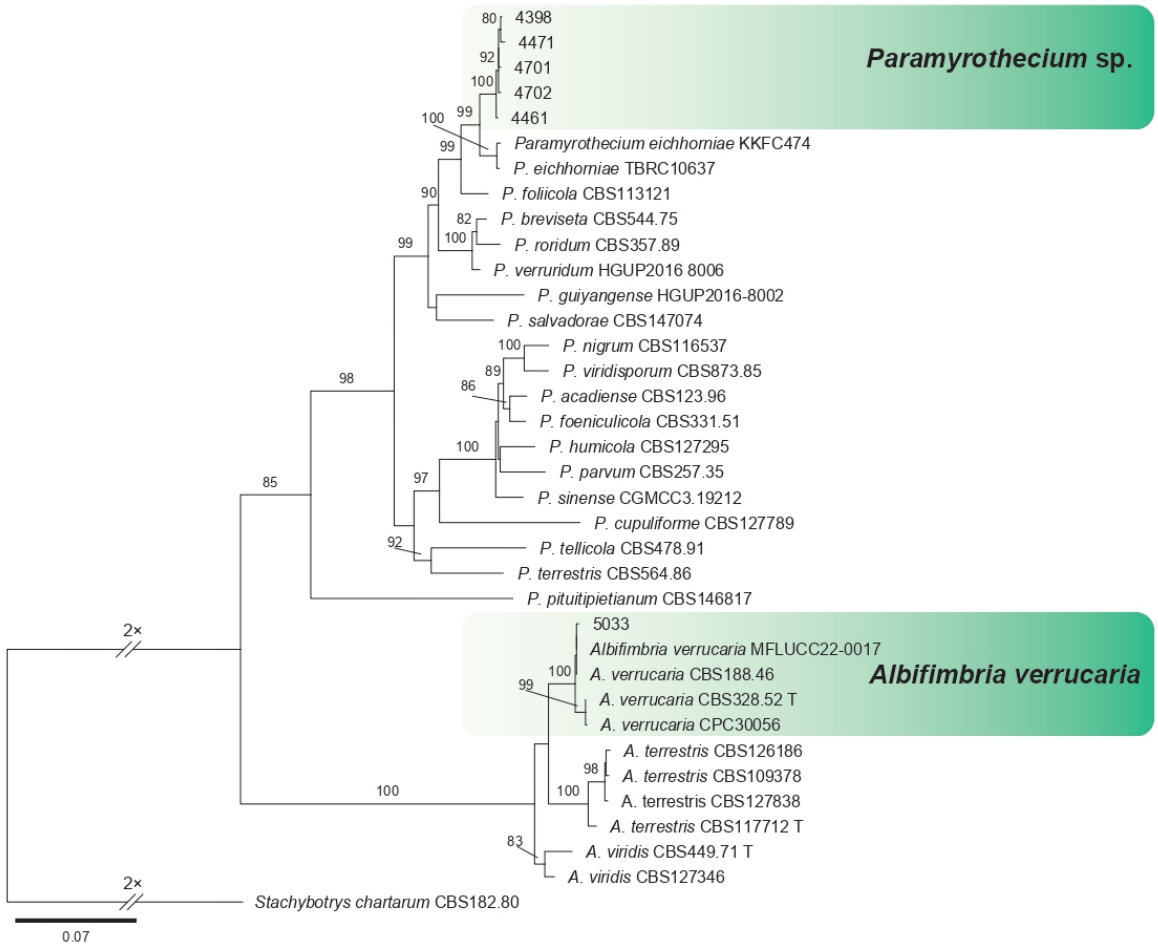


Figura 8. Árvore filogenética de *Paramyrothecium* e *Albifimbria* inferida por análise de máxima verossimilhança baseada nas regiões genômicas RPB2, LSU, TUB2, TEF e CAL.

CONCLUSÃO

A identificação dos fungos associados às manchas foliares do algodoeiro revelou 10 gêneros, sendo *Cercospora*, *Allophoma*, *Alternaria* e *Paramyrothecium* os mais frequentes. Além disso, 10 espécies foram registradas pela primeira vez no algodoeiro e três novas espécies serão propostas.

Essas informações são fundamentais para orientar programas de melhoramento genético do algodoeiro e para o desenvolvimento de métodos de controle mais eficientes. Além disso, contribuem para retardar a resistência dos patógenos aos fungicidas, reduzindo os custos de produção e aumentando a produtividade.

REFERÊNCIAS

ABRAPA. Associação Brasileira dos produtores de algodão. Disponível em: https://www.abrapa .com.br/Paginas/dados/algodao-no-mundo.aspx. Acesso em: 10/05/2021.

ALBU, S. *et al*. *Cercospora cf. flagellaris* and *Cercospora cf. sigesbeckiae* are associated with Cercospora leaf blight and purple seed stain on soybean in North America. Phytopathology, v. 106, n. 11, p. 1376-1385, 2016.

ALFENAS, A.C., MAFIA R.G. *Métodos em fitopatologia*. 2016. 2. ed. [s.l.]: Universidade Federal de Viçosa (UFV), 2016.

ARAUJO, A. E., SUASSUNA, N. D. Guia de identificação e controle das principais doenças do algodoeiro no estado de Goiás, 2003. 40p. (Embrapa Algodão. Circular Técnica, 103).

ARAÚJO, A. E. *et al*. Controle da mancha de ramularia nas principais áreas produtoras de algodão do Brasil: resultados dos ensaios em rede na safra 2017/2018. Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento 100. Embrapa Algodão. 24 p., 2019.

AVESKAMP, M. M *et al*. Highlights of the Didymellaceae: a polyphasic approach to characterise *Phoma* and related pleosporalean genera. Studies in mycology, v. 65, n. 1, p. 1-60, 2010.

BAKHSHI, M. *et al*. Application of the consolidated species concept to *Cercospora* spp. from Iran. Persoonia-Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi, v. 34, n. 1, p. 65-86, 2015.

BAKHSHI, Mounes *et al*. Novel primers improve species delimitation in *Cercospora*. IMA fungus, v. 9, p. 299-332, 2018.

BAKHSHI, Mounes *et al*. Cryptic diversity, multilocus phylogeny, and pathogenicity of cercosporoid fungi associated with common bean and cowpea. Plant Pathology, v. 70, n. 7, p. 1665-1676, 2021.

CAO, Shun *et al*. *Stevia rebaudiana* is a new host of *Stagonosporopsis pogostemonis* associated with leaf spot disease in China. Plant Disease, v. 108, n. 12, p. 3654, 2024.

CARBONE, Ignazio; KOHN, Linda M. A method for designing primer sets for speciation studies in filamentous ascomycetes. Mycologia, v. 91, n. 3, p. 553-556, 1999.

CHEN, Q. *et al*. Resolving the Phoma enigma. Studies in mycology, v. 82, p. 137-217, 2015.

CIA, Edivaldo; FUZATTO, Milton Geraldo. Relevância de patógenos varia de acordo com a região. Visão Agrícola Algodão, Piracicaba, n. 6, p. 35-39, 2006.

Conheça características da produção de algodão no Brasil. Disponível em: <https://www.gov.br/agricultura/pt-br/assuntos/noticias/conheca-caracteristicas-da-producao-de-algodao-no-brasil>. Acesso em: 13 fev. 2025.

CROUS, Pedro W. *et al*. *Calonectria* species and their *Cylindrocladium anamorphs*: species with sphaeropedunculate vesicles. Studies in mycology, v. 50, n. 2, p. 415-430, 2004.

DAMM, U. *et al.* The *Colletotrichum dracaenophilum, C. magnum* and *C. orchidearum* species complexes. Studies in mycology, v. 92, n. 1, p. 1-46, 2019.

DONG, Zhang-Yong *et al*. *Stagonosporopsis pogostemonis*: a novel ascomycete fungus causing leaf spot and stem blight on *Pogostemon cablin* (Lamiaceae) in South China. Pathogens, v. 10, n. 9, p. 1093, 2021.

EDGAR, R. C. MUSCLE: multiple sequence alignment with high accuracy and high throughput. Nucleic Acids Research, v. 32, p. 1792-1797, 2004.

GAO, Huiping *et al*. First report of *Stagonosporopsis pogostemonis* causing root rot on strawberry in China. Plant Disease, n. ja, 2024.

GREENE, H. C. Notes on Wisconsin Parasitic Fungi. XIV. The American Midland Naturalist, v. 44, n. 3, p. 630-642, 1950.

GROENEWALD, J. Z. *et al*. Species concepts in *Cercospora*: spotting the weeds among the roses. Studies in Mycology, v. 75, n. 1, p. 115-170, 2013.

GUERBER, John C. *et al.* Characterization of diversity in *Colletotrichum acutatum* sensu lato by sequence analysis of two gene introns, mtDNA and intron RFLPs, and mating compatibility. Mycologia, v. 95, n. 5, p. 872-895, 2003.

HABIB, Wassim *et al.* First report of *Stagonosporopsis pogostemonis* causing leaf spot on cauliflower in Italy. Plant Disease, v. 108, n. 2, p. 517, 2024.

DE HOOG, G. S.; VAN DEN ENDE, AHG Gerrits. Molecular diagnostics of clinical strains of filamentous Basidiomycetes: Molekulare Diagnostik klinischer Stämme filamentöser Basidiomyzeten. Mycoses, v. 41, n. 5-6, p. 183-189, 1998.

INFANTE, Nayana Bruschi *et al*. *Alternaria* species associated with cladode brown spot in cactus prickly pear (*Nopalea cochenillifera*). European Journal of Plant Pathology, v. 160, p. 215-226, 2021.

JACOBS, Karin *et al. Leptographium wingfieldii* introduced into North America and found associated with exotic *Tomicus piniperda* and native bark beetles. Mycological research, v. 108, n. 4, p. 411-418, 2004.

JULIATTI, F. C., JULIATTI, F. C., JULIATTI, B. C. M., DE PAULA, C. A. Emergence, and epidemics of a new disease in Araguaia valley: anthracnosis of cotton caused by *Colletotrichum truncatum*, varietal reaction and difficulties of chemical control. Bioscience Journal, v. 36, n.6, p.2120-2132, 2020.

KATOH, K., STANDLEY, D. M. MAFFT multiple sequence alignment software version 7: Improvements in performance and usability. Molecular biology and evolution, v. 30(4), p. 772-780, 2013.

LEDO, A. da S.; FAZOLIN, M. Ocorrência da mancha branca (*Cercospora* sp.) e da mancha zonada (*Sclerotium coffeicolum Stan*) em cultivares de gravioleira em Rio Branco-Acre. 1995.

LIU, Yajuan J.; WHELEN, Sally; HALL, Benjamin D. Phylogenetic relationships among ascomycetes: evidence from an RNA polymerse II subunit. Molecular biology and evolution, v. 16, n. 12, p. 1799-1808, 1999.

LOMBARD, Lorenzo *et al*. Generic hyper-diversity in *Stachybotriaceae*. Persoonia-Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi, v. 36, n. 1, p. 156-246, 2016.

LÜCKING, R., AIME, M.C., ROBBERTSE, B. *et al*. Unambiguous identification of fungi: where do we stand and how accurate and precise is fungal DNA barcoding?. IMA Fungus v. 11, p. 1-32, 2020.

MA, Z.; FELTS, D.; MICHAILIDES, T.J. Resistance to azoxystrobin in Alternaria isolates from pistachio in California. Pesticide Biochemistry and Physiology, v. 77, n.2, p. 66-74, 2003.

MA, Z.; PROFFER, T.J.; JACOBS, J.L.; SUNDIN, G.W. Overexpression of the 14α-demethylase target gene (CYP51) mediates fungicide resistance in *Blumeriella jaapii*. Applied and Environmental Microbiology, Washington, v.72, n.4, p. 2581-2585, 2006.

MARIN-FELIX, Yasmina et al. Genera of phytopathogenic fungi: GOPHY 3. Studies in mycology, v. 94, p. 1-124, 2019.

MELNIK, V. A.; PYSTINA, K. A. Novitates de micromycetibus reservati svirensis inferioris. Novosti Sist Nizsh Rast, v. 30, p. 29-36, 1995.

MEYER, Maurício Conrado et al. *Myrothecium* leaf spot of cotton caused by *Myrothecium roridum*. Summa Phytopathologica, v. 32, p. 390-393, 2006.

MILLER, M. A., PFEIFFER, W., SCHWARTZ, T. The CIPRES science gateway: a community resource for phylogenetic analyses. In: Proceedings of the 2011 TeraGrid Conference: extreme digital discovery, p. 1-8, 2011.

MORELLO, C. D. L., SUASSUNA, N. D., PEDROSA, M. B., BARROSO, P. A. V., SILVA FILHO, J. L. D., SUASSUNA, T. D. M. F., LAMAS, F. M. Cultivar BRS 433FL B2RF: upland cotton with high-quality fiber, insect resistance and glyphosate tolerance for the Brazilian Savanna. Crop Breeding and Applied Biotechnology, v. 20, 2020.

MULENKO, Wiesław; MAJEWSKI, Tomasz; RUSZKIEWICZ-MICHALSKA, Małgorzata. A preliminary checklist of micromycetes in Poland. 2008.

NOCITI, L.A.S. Algodoeiro: Principais doenças da cultura. Campos & Negócios Grãos, p.66-69, 2019. Disponível em: https://revistacampoenegocios.com.br/principais-doencas-do-algodoeiro. Acesso em: 11 maio 2021

O'DONNELL, Kerry; CIGELNIK, Elizabeth. Two divergent intragenomic rDNA ITS2 types within a monophyletic lineage of the fungusfusariumare nonorthologous. Molecular phylogenetics and evolution, v. 7, n. 1, p. 103-116, 1997.

POSADA, D.; BUCKLEY, T. R. Model selection and model averaging in phylogenetics: advantages of Akaike information criterion and Bayesian approaches over likelihood ratio tests. Systematic Biology, v. 53, p. 793-808, 2004.

PUIA, Jacqueline Dalbelo *et al*. Comportamento diferencial de genótipos de algodoeiro à *Cercospora gossypina*. Nativa, v. 9, n. 2, 2021.

RANNALA, B.; YANG, Z. Probability distribution of molecular evolutionary trees: a new method of phylogenetic inference. Journal of Molecular Evolution, v. 43, p. 304-311, 1996.

RONQUIST, F., HUELSENBECK, J. P. MrBayes 3: Bayesian phylogenetic inference under mixed models. Bioinformatics, v.19, p. 1572-1574., 2003.

SALUSTIANO, Maria Eloisa *et al*. The etiological agent of cotton ramulosis represents a single phylogenetic lineage within the *Colletotrichum gloeosporioides* species complex. Tropical Plant Pathology, v. 39, p. 357-367, 2014.

SARAN, P.E. Manual de identificação das doenças do algodoeiro, 2013. 53p. (Coletâneas da FMC).

SEVERINO, L. S.. *et al* Produto: ALGODÃO-Parte 01: Caracterização e Desafios Tecnológicos. Série desafios do agronegócio brasileiro (NT3), 2019.

SHAW, Charles Gardner. Host fungus index for the Pacific Northwest-1. Hosts. Washington State University, Pullman, n. Washington Agricultural Experiment Station Bulletin 756, 1973.

SILVA, A. S., RENNO, M. H. L., QUITANIA, A. C. R., CAFÉ-FILHO, A. C., MILLER, R. N. G., ARAUJO, A. E.; PINHO, D. B. Ramularia leaf spot: PCR-based methods reveal widespread distribution of *Ramulariopsis pseudogycines* and limited presence of *R. gossypii* in Brazil. Research Square, p. 1-23, 2021.

SILVA, Diogo Nuno *et al*. Application of the Apn2/MAT locus to improve the systematics of the *Colletotrichum gloeosporioides* complex: an example from coffee (*Coffea* spp.) hosts. Mycologia, v. 104, n. 2, p. 396-409, 2012.

SILVA, J. C.; BETTIOL, W.; SUASSUNA, N. D. Ramularia leaf spot: an emergent disease of cotton in Brazil. Tropical plant pathology, v. 44, p. 473–482, 2019.

SILVA, Juliano César da *et al*. Fungitoxicidade de grupos químicos sobre *Myrothecium roridum* in vitro e sobre a mancha-de-mirotécio em algodoeiro. Pesquisa Agropecuária Brasileira, v. 41, p. 755-761, 2006.

SILVA-MANN, Renata *et al*. AFLP markers differentiate isolates of *Colletotrichum gossypii* from *C. gossypii* var. *cephalosporioides*. Fitopatologia Brasileira, v. 30, p. 169-172, 2005.

STAMATAKIS, A. RAxML version 8: a tool for phylogenetic analysis and post-analysis of large phylogenies. Bioinformatics, v. 30, p. 1312-1313, 2014.

STIELOW, J. B., LEVESQUE, C. A., SEIFERT, K. A., MEYER, W., IRINY, L., SMITS, D., ROBERT, V. One fungus, which genes? Development and assessment of universal primers for potential secondary fungal DNA barcodes. Persoonia: Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi, v.35, p. 242, 2015.

SUASSUNA, N. D., MORELLO, C. D. L., SILVA FILHO, J. L. D., PEDROSA, M. B., PERINA, F. J., MAGALHÃES, F. O. D. C., SOFIATTI, V., LAMAS, F. M. BRS 372 and BRS 416: high-yielding cotton cultivars with multiple disease resistance. Crop Breeding and Applied Biotechnology, v. 20, 2020.

SUNG, Gi-Ho *et al*. A multi-gene phylogeny of *Clavicipitaceae* (Ascomycota, Fungi): Identification of localized incongruence using a combinational bootstrap approach. Molecular phylogenetics and evolution, v. 44, n. 3, p. 1204-1223, 2007.

TAMURA, K.; STECHER, G.; PETERSON, D.; FILIPSKI, A.; KUMAR, S. MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 6.0. Molecular Biology and Evolution, v. 30, p. 2725-2729, 2013.

TEMPLETON, Matthew D. *et al*. Cloning and molecular characterization of the glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase-encoding gene and cDNA from the plant pathogenic fungus *Glomerella cingulata*. Gene, v. 122, n. 1, p. 225-230, 1992.

TORMEN, N. R.; BLUM, L. E. B. Ramularia leaf spot effect on yield and fiber quality of cotton submitted to fungicide application. Revista Caatinga, v. 32, p. 634-646, 2019.

USDA Agricultural Research Service. (Ano). Fungal Database. U.S. Department of Agriculture. Disponível em: https://nt.ars-grin.gov/fungaldatabases/. Acesso em 08/02/2025.

VIDEIRA, S. I. R. *et al*. All that glitters is not *Ramularia*. Studies in Mycology, v. 83, p. 49-163, 2016.

VILGALYS, Rytas; HESTER, Mark. Rapid genetic identification and mapping of enzymatically amplified ribosomal DNA from several *Cryptococcus* species. Journal of bacteriology, v. 172, n. 8, p. 4238-4246, 1990.

WOUDENBERG, J. H. C. *et al*. *Alternaria* section *Alternaria*: Species, formae speciales or pathotypes?. Studies in mycology, v. 82, n. 1, p. 1-21, 2015.

ZOU, Mengting *et al*. First Report of *Stagonosporopsis pogostemonis* Causing the Fruit Rot Disease of *Capsicum annuum L*. in China. Crop Protection, p. 107130, 2025.