

**UNIVERSIDADE FEDERAL DO RECÔNCAVO DA BAHIA
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS, AMBIENTAIS E BIOLÓGICAS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIAS AGRÁRIAS
CURSO DE MESTRADO**

Fungos associados a lesões foliares em *Agave sisalana* e avaliação do potencial antagônico de *Trichoderma* spp.

Tainá Delmondes Santos da Conceição

**CRUZ DAS ALMAS - BAHIA
DEZEMBRO – 2025**

**Fungos associados a lesões foliares em *Agave sisalana* e
avaliação do potencial antagônico de *Trichoderma* spp.**

Tainá Delmondes Santos da Conceição
Bacharel em Biologia, UFRB, 2023

Dissertação apresentada ao Colegiado do Programa de Pós-Graduação em Ciências Agrárias da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, como requisito parcial para a obtenção do Título de Mestre em Ciências Agrárias (Área de Concentração: Agricultura Tropical).

Orientadora: Profa. Dra. Ana Cristina Fermino Soares

**CRUZ DAS ALMAS - BAHIA
DEZEMBRO – 2025**

FICHA CATALOGRÁFICA

C744f

Conceição, Tainá Delmondes Santos da.

Fungos associados a lesões foliares em *Agave sisalana* e avaliação do potencial antagônico de *Trichoderma* spp. / Tainá Delmondes Santos da Conceição. Cruz das Almas, BA, 2025.
70f.; il.

(Dissertação) – Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Centro de Ciências Agrárias Ambientais e Biológicas, Mestrado em Ciências Agrárias.

Orientadora: Prof. Dra. Ana Cristina Fermino Soares.

1.Sisal – Doenças e pragas. 2.Sisal – Controle biológico. 3.Fitopatologia – Análise. I.Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Centro de Ciências Agrárias Ambientais e Biológicas. II.Título.

CDD: 633.577


**UNIVERSIDADE FEDERAL DO RECÔNCAVO DA BAHIA
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS, AMBIENTAIS E BIOLÓGICAS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIAS AGRÁRIAS
CURSO DE MESTRADO**

**Fungos associados a lesões foliares em *Agave sisalana* e
avaliação do potencial antagônico de *Trichoderma* spp.**


Comissão Examinadora da Defesa de Dissertação de

Tainá Delmondes Santos da Conceição


Aprovada em 12 de Dezembro de 2025

Documento assinado digitalmente
 ANA CRISTINA FERMINO SOARES
Data: 26/02/2026 17:46:18-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Profa. Dra. Ana Cristina Fermينو Soares
Universidade Federal do Recôncavo da Bahia - UFRB
Orientadora

Documento assinado digitalmente
 LEILANE SILVEIRA D AVILA
Data: 26/02/2026 17:58:28-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Profa. Dra. Leilane Silveira D'Avila
Universidade Federal do Recôncavo da Bahia – UFRB
Examinadora Interna

Documento assinado digitalmente
 NICHOLAS VINICIUS SILVA
Data: 26/02/2026 20:03:45-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Dr. Nicholas Vinicius Silva
Universidade Estadual de Campinas - UNICAMP
Examinador Externo

DEDICATÓRIA

Aos meus pais,
Semírames e José,
Dedico.

AGRADECIMENTOS

A Deus, pela presença constante, por me sustentar nos momentos de dificuldades e por me conceder a graça de realizar esta conquista.

Aos meus pais, Semírames e José, pelo amor incondicional, apoio constante e pela força que me sustentou nos momentos mais desafiadores. A dedicação e o exemplo de vocês foram essenciais para que eu chegasse até aqui, nada disso seria possível sem vocês.

Aos meus irmãos, Taís e Tiago, pelo amor e companheirismo, e aos meus amigos de quatro patas, Zeca e Afonso, pela alegria e pelo carinho que tornaram os dias mais suaves durante esta caminhada.

A minha orientadora, Ana Cristina, por me acolher com carinho em seu grupo de pesquisa, por acreditar em mim mesmo nos momentos mais difíceis e por não desistir desse trabalho. Agradeço pela paciência, dedicação e por compartilhar conhecimentos que contribuíram imensamente para o meu crescimento pessoal e científico.

Aos meus amigos e colegas de laboratório, agradeço pela convivência, pelo apoio e pelo incentivo. Por compartilharem alegrias e dividirem as dificuldades ao longo dessa jornada. Vocês me ajudaram a ser resiliente. Agradeço imensamente a Yasmin, Lucas, Jéssica e, em especial, a Adriana, Denilson e Layla, sem vocês, este trabalho jamais seria possível.

Aos amigos de outros grupos de pesquisa, Sinara, Malena, André, Luiz, Tiago e Lenon, pela amizade, pelas risadas, pelo apoio constante e pelas palavras de incentivo, sempre serei grata.

A Universidade Federal do Recôncavo da Bahia (UFRB) e CAPES, pelo suporte e apoio financeiro nas pesquisas.

Ao Programa de Pós Graduação em Ciências Agrárias (PPGCAG).

A todos que contribuíram direta ou indiretamente para que este trabalho fosse possível.

Muito obrigada!

EPÍGRAFE

“A imaginação é mais importante do que o conhecimento. O conhecimento é limitado. A imaginação abrange o mundo inteiro”.

(Albert Einstein, 1929)

Fungos associados a lesões foliares em *Agave sisalana* e avaliação do potencial antagônico de *Trichoderma* spp.

RESUMO GERAL

O sisal (*Agave sisalana* Perrine) é cultivado no semiárido da Bahia para a extração da fibra de suas folhas, sendo a Bahia o principal estado produtor e o Brasil o maior produtor mundial dessa fibra. Adaptado às condições de seca e altas temperaturas devido ao seu metabolismo ácido das crassuláceas (CAM), o sisal desempenha papel socioeconômico relevante, sendo uma importante fonte de renda em regiões com baixa produtividade agrícola. O interesse pelo plantio de *Agaves* tem aumentado também pelo seu potencial como fonte de biogás e bioetanol. Contudo, a *A. sisalana* vem apresentando problemas com doenças fúngicas, como a podridão vermelha causada por *Aspergillus welwitschiae*, além de relatos recentes de fitopatógenos associados a manchas foliares, podridões e murchas vasculares. O correto diagnóstico e descrição dessas doenças e a definição de estratégias de controle, a exemplo do controle biológico com destaque para fungos do gênero *Trichoderma* são necessários para o manejo sustentável dessa cultura. Este trabalho teve como objetivo identificar espécies fúngicas associadas a lesões foliares em *A. sisalana* e avaliar o potencial antagônico de *Trichoderma asperellum* e *T. spirale*. Amostras de folhas sintomáticas foram coletadas em municípios da região produtora de sisal para o isolamento e a caracterização morfológica e molecular do agente patogênico. Ensaio *in vitro* e em casa de vegetação avaliaram o antagonismo dos isolados de *Trichoderma* frente aos fitopatógenos. As análises filogenéticas revelaram a presença de isolados pertencentes aos gêneros *Fusarium*, *Bisifusarium* e *Paecilomyces*. Dois isolados, um de *Fusarium* e outro de *Bisifusarium*, apresentaram posicionamento filogenético distinto das espécies descritas na literatura atual, sugerindo a presença de possíveis novas espécies dentro desses gêneros. Além disso, a presença de isolado de *Paecilomyces* representa o primeiro registro desse gênero associado a manchas foliares em *A. sisalana*. Nos ensaios *in vitro* de cultura pareada, *T. asperellum* e *T. spirale* inibiram em até 69% o crescimento micelial desses patógenos, e nos compostos voláteis, a inibição foi de até 48 %. Ensaio em casa de vegetação confirmaram a capacidade de ambos os isolados de reduzir a severidade das lesões foliares, evidenciando seu potencial como agentes de biocontrole. Os resultados ampliam o conhecimento sobre as doenças fúngicas no sisal e reforçam o potencial do uso de *Trichoderma* no manejo sustentável de doenças dessa cultura, contribuindo para a sustentabilidade socioeconômica do setor sisaleiro.

Palavras-chave: *Bisifusarium*, *Fusarium*, *Paecilomyces*, Sisal.

Fungi associated with leaf lesions of *Agave sisalana* and evaluation of the antagonistic potential of *Trichoderma* spp.

GENERAL ABSTRACT

Sisal (*Agave sisalana* Perrine) is cultivated in the semi-arid region of Bahia for the extraction of fiber from its leaves, with Bahia being the main producing state and Brazil the world's largest producer of this fiber. Adapted to drought and high-temperature conditions due to its Crassulacean Acid Metabolism (CAM), sisal plays an important socioeconomic role, serving as a significant source of income in regions with low agricultural productivity. Interest in cultivating *Agave* species has also increased due to their potential as sources of biogas and bioethanol. However, *A. sisalana* has been affected by fungal diseases, such as red rot caused by *Aspergillus welwitschiae*, in addition to recent reports of phytopathogens associated with leaf spots, rots, and vascular wilts. Accurate diagnosis and description of these diseases, as well as the definition of control strategies particularly biological control, with emphasis on fungi of the genus *Trichoderma* are necessary for the sustainable management of this crop. This study aimed to identify fungal species associated with leaf lesions in *A. sisalana* and to evaluate the antagonistic potential of *Trichoderma asperellum* and *T. spirale*. Samples of symptomatic leaves were collected in municipalities within the sisal producing region for the isolation and morphological and molecular characterization of the pathogen. In vitro and greenhouse assays were conducted to evaluate the antagonism of *Trichoderma* isolates against the phytopathogens. Phylogenetic analyses revealed the presence of isolates belonging to the genera *Fusarium*, *Bisifusarium*, and *Paecilomyces*. Two isolates, one of *Fusarium* and one of *Bisifusarium*, showed distinct phylogenetic placement compared to species currently described in the literature, suggesting the presence of possible new species within these genera. In addition, the presence of a *Paecilomyces* isolate represents the first report of this genus associated with leaf spots in *A. sisalana*. In paired culture in vitro assays, *T. asperellum* and *T. spirale* inhibited mycelial growth of these pathogens by up to 69%, while in volatile compound assays, inhibition reached up to 48%. Greenhouse experiments confirmed the ability of both isolates to reduce the severity of leaf lesions, highlighting their potential as biocontrol agents. These results expand the knowledge of fungal diseases in sisal and reinforce the potential of using *Trichoderma* in the sustainable management of diseases affecting this crop, contributing to the socioeconomic sustainability of the sisal sector.

key words: *Bisifusarium*, *Fusarium*, *Paecilomyces*, Sisal.

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 – Primers utilizados nas reações de PCR.....	29
Tabela 2 – Protocolo de ciclagem das PCRs utilizadas no termociclador	29
Tabela 3 – Inibição (%) do crescimento micelial de isolados fúngicos: <i>Fusarium</i> sp. (4, 6, 7, 36, 37), <i>Bisifusarium</i> sp. (5) e <i>Paecilomyces</i> sp. (40), por <i>Trichoderma asperellum</i> (F12) e <i>Trichoderma spirale</i> (R62) em ensaio de cultura pareada	49
Tabela 4 – Inibição (%) do crescimento micelial de isolados fúngicos: <i>Fusarium</i> sp. (4, 6, 7, 36, 37) e <i>Bisifusarium</i> sp. (5), por compostos orgânicos voláteis de <i>Trichoderma asperellum</i> (F12) e <i>Trichoderma spirale</i> (R62)	52
Tabela 5 - Análise de Variância das manchas foliares com tratamento preventivo com <i>Trichoderma asprellum</i> e <i>T. spirale</i>	54
Tabela 6 - Análise de Variância das manchas foliares com tratamento curativo com <i>Trichoderma asprellum</i> e <i>T. spirale</i>	56

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1** – Produto de PCR em gel de agarose 1%. Regiões dos genes: β - tub (A); *tef1* e *rpb2* (B)..... 30
- Figura 2** – Árvore filogenética das espécies de *Fusarium* pelo método de máxima verossimilhança baseado no alinhamento múltiplo com sequências de nucleotídeos do gene *tef1*. *Trichoderma helicolixii*, *Trichoderma hausknechtii*, *Trichoderma guizhouense* e *Trichoderma harzianum* foram usados como grupo externo 35
- Figura 3.** *Fusarium* sp. 4. Colônia em OA 7 dias a 25°C (A); Colônia em BDA 7 dias a 25°C: verso (B), reverso (C). Macroconídios (D). Microconídios (E). Clamidósporos (F). 42
- Figura 4** – Árvore filogenética das espécies de *Bisifusarium* pelo método de máxima verossimilhança baseado no alinhamento múltiplo com sequências de nucleotídeos do gene *tef1*. *Fusarium citri*, *Fusarium humuli*, *Rectifusarium robinianum*, *Rectifusarium ventricosum*, *Trichoderma anaharzianum*, *Trichoderma simile*, foram usados como grupo externo..... 42
- Figura 5** – Árvore filogenética das espécies de *Bisifusarium* pelo método de máxima verossimilhança baseado no alinhamento múltiplo com sequências de nucleotídeos do gene β - tub. *Fusarium citri*, *Fusarium ventricosum*, *Fusarium robinianum*, foram usados como grupo externo 44
- Figura 6.** *Bisifusarium* sp 5. Colônia em OA 7 dias a 25°C (A); Colônia em BDA 7 dias a 25°C: verso (B), reverso (C). Microconídios (D). Fiálides (E). Macroconídios (F). 46
- Figura 7** – Árvore filogenética das espécies de *Paecilomyces* pelo método de máxima verossimilhança baseado no alinhamento múltiplo com sequências de nucleotídeos do gene β - tub. *Monascus floridanus* e *Monascus argentinensis* foram usados como grupo externo 47
- Figura 8** – Árvore filogenética das espécies de *Paecilomyces* pelo método de máxima verossimilhança baseado no alinhamento múltiplo com sequências de nucleotídeos do gene *rpb2*. *Monascus floridanus* e *Monascus argentinensis* foram usados como grupo externo 48
- Figura 9** – Ensaio de cultura pareada dos isolados fúngicos. Controles: *Fusarium* sp. 4(A), *Bisifusarium* sp. 5(B), *Fusarium* sp. 6(C), *Fusarium* sp. 7(D), *Fusarium* sp. 36(E), *Fusarium* sp. 37(F) e *Paecilomyces* sp. 40(G). Tratamento com *Trichoderma spirale* (R62): 4(H), 5(I), 6(J), 7(K), 36(L), 37(M) e 40(N). Tratamento com *Trichoderma asperellum* (F12): 4(O), 5(P), 6(Q), 7(R), 36(S), 37(T) e 40(U). 50

Figura 10. Ensaio de compostos orgânicos voláteis dos isolados fúngicos. Controles: *Fusarium* sp. 4(A), *Bisifusarium* sp. 5(B), *Fusarium* sp. 6(C), *Fusarium* sp. 7(D), *Fusarium* sp. 36(E), *Fusarium* sp. 37(F) e *Paecilomyces* sp. 40(G); Tratamento com *Trichoderma spirale* (R62): 4(H), 5(I), 6(J), 7(K), 36(L), 37(M) e 40 (N); Tratamento com *Trichoderma asperellum* (F12): 4(O), 5(P), 6(Q), 7(R), 36(S), 37(T) e 40(U).....53

Figura 11. Teste de patogenicidade das manchas foliares em *Agave sisilana*. Controle (A). Isolados: *Fusarium* sp. 4(B), *Fusarium* sp. 6(C), *Fusarium* sp. 7(D) *Paecilomyces* sp. 40(E).....54

Figura 12. Potencial de biocontrole de *Trichoderma asperellum* (F12) e *Trichoderma spirale* (R62) contra manchas foliares causadas pelos fungos *Fusarium* sp. 4, *Fusarium* sp. 6, *Fusarium* sp. 7 e *Paecilomyces* sp. 40 em *Agave sisalana* cultivado em casa de vegetação. Tratamento preventivo (A); tratamento curativo (B). 55

SUMÁRIO

1.0 INTRODUÇÃO	16
2.0 REFERENCIAL TEÓRICO.....	18
2.1 Cultura do sisal (<i>Agave sisalana</i> Perrine).....	18
2.2 Gênero <i>Fusarium</i>	20
2.3 Gênero <i>Bisifusarium</i>	22
2.4 Gênero <i>Paecilomyces</i>	23
2.5 Controle Biológico.....	25
2.6 Gênero <i>Trichoderma</i> e o uso na Agricultura.....	26
3.0 MATERIAL E MÉTODOS.....	28
3.1 Isolamento e Preservação dos fungos.....	28
3.2 Identificação dos isolados fúngicos.....	28
3.2.1 Extração de DNA.....	28
3.2.2 Amplificação e sequenciamento de regiões dos genes <i>its</i> , <i>tef1</i> , β - <i>tub</i> e <i>rpb2</i>	29
3.2.3 Análises filogenéticas.....	30
3.2.4 Caracterização morfológica.....	31
3.3 Avaliação <i>in vitro</i> da eficiência de <i>Trichoderma</i> spp. no controle de isolados fúngicos.....	32
3.3.1 Teste de cultura.....	32
3.3.2 Teste de compostos orgânico voláteis.....	32
3.3.3 Avaliação do percentual de inibição do patógeno.....	32
3.4 Teste de patogenicidade.....	33
3.5 Efeito de <i>Trichoderma</i> spp. no controle de fitopatógenos em condições de casa de vegetação.....	34
4.0 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	35
4.1 Identificação dos isolados fúngicos.....	35
4.2 Avaliação <i>in vitro</i> da eficiência de <i>Trichoderma</i> spp. no controle de isolados fúngicos.....	49
4.3 Teste de patogenicidade e efeito de <i>Trichoderma</i> spp. no controle de fitopatógenos em condições de casa de vegetação.....	53
5.0 CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	58
6.0 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	59

1. INTRODUÇÃO

O Brasil consolida-se como o principal produtor mundial de fibra de sisal (*Agave sisalana* Perrine), sendo a Bahia responsável por aproximadamente 94% da produção nacional, concentrada na Região Sisaleira. Essa cultura desempenha papel socioeconômico essencial para comunidades rurais do semiárido, representando uma das poucas alternativas de renda em áreas marcadas por baixa produtividade agrícola e baixos índices de desenvolvimento humano (IDH) (Silva et al., 2008; FAO, 2025; IBGE, 2021; Atlas Brasil, 2025).

O sisal é uma espécie xerófita originária das regiões áridas e semiáridas do México, caracterizada pelo metabolismo ácido das crassuláceas (CAM), que possibilita a fixação noturna de CO₂ e minimiza a perda de água por transpiração, conferindo-lhe alta resistência à seca e adaptabilidade a condições edafoclimáticas extremas (Luttge, 2004; Stewart, 2015).

Além de sua importância histórica como principal fonte mundial de fibra dura utilizada na fabricação de cordas, tapetes e outros produtos industriais, o sisal vem ganhando destaque em novos contextos tecnológicos e sustentáveis. Seu potencial como matéria-prima para produção de biogás, bioetanol e compósitos de alta resistência o posiciona como elemento estratégico no avanço da bioeconomia e na transição para modelos agrícolas de baixo impacto ambiental (Broeren et al., 2017; Raya et al., 2022; González, 2025).

Apesar de sua relevância socioeconômica, a produção de sisal no Brasil vem tendo declínio expressivo nas últimas décadas, reflexo da mecanização limitada, da baixa adoção tecnológica e da incidência de doenças fúngicas. Entre essas, destaca-se a podridão vermelha, causada por *Aspergillus welwitschiae*, considerada a principal enfermidade da cultura por provocar a morte das plantas e perdas significativas na produção de fibra (Broeren et al., 2017; Duarte et al., 2018; Silva; Beltrão, 1999). Além da podridão vermelha, relatos recentes indicam a ocorrência de outros fitopatógenos associados a manchas foliares, podridões e murchas vasculares em *Agave*, causadas por fungos dos gêneros *Fusarium*, *Neoscytalidium* e *Alternaria* que comprometem ainda mais o vigor das plantas e a qualidade do produto final (Neves et al., 2025; Vega-Ramos; Uvalle-Bueno; Gómez-Leyva, 2013; Xie et al., 2021; Wu et al., 2024).

Considerando a diversidade de fungos associados ao sisal, a correta identificação dos agentes etiológicos é fundamental para a compreensão da doença. A caracterização precisa desses microrganismos permite distinguir espécies patogênicas de fungos oportunistas ou endofíticos e constitui base indispensável para a implementação de estratégias de manejo adequadas e eficazes (Cubeiro et al., 2024).

Nesse contexto, visando o desenvolvimento de estratégias de manejo sustentável que minimizem o uso de defensivos químicos e promovam a saúde do agroecossistema, o uso de microrganismos benéficos, especialmente fungos do gênero *Trichoderma*, apresenta-se como alternativa promissora para o controle biológico de doenças em *A. sisalana*. Espécies de *Trichoderma* são reconhecidas por seu rápido crescimento, elevada capacidade competitiva e múltiplos mecanismos de ação, incluindo micoparasitismo, antibiose e indução de resistência sistêmica nas plantas, além de atuarem como promotores de crescimento vegetal (Harman, 2006; Chaverri et al., 2015; Tyśkiewicz et al., 2022).

Assim, o presente estudo foi desenvolvido com os objetivos de identificar fungos associados a sintomas de manchas foliares em plantas de *Agave sisalana* e avaliar o potencial antagônico de isolados de *Trichoderma asperellum* e *T. spirale* frente a esses fitopatógenos, visando contribuir para o desenvolvimento de estratégias sustentáveis de manejo e controle de doenças na cultura do sisal.

2. REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Cultura do sisal (*Agave sisalana* Perrine)

O sisal (*Agave sisalana* Perrine) é originário da península de Yucatán no México, e foi introduzido em várias regiões do mundo, inclusive no Brasil, Angola, China, Quênia, Moçambique, África do Sul e Tailândia, em função de sua aptidão para produção de fibras naturais. No Brasil, a cultura foi incorporada no início do século XX e, por se adaptar bem a condições de seca prolongada e altas temperaturas, tornou-se predominante no Nordeste, especialmente no semiárido da Bahia (Santos; Silva, 2017).

A espécie *A. sisalana* pertence à família *Asparagaceae*, subfamília *Agavoideae* e gênero *Agave*. Essa família, anteriormente reconhecida como *Agavaceae*, foi incorporada à *Asparagaceae* em revisões filogenéticas baseadas em análises moleculares (APG IV, 2016). Essa classificação evidencia a estreita relação de *A. sisalana* com outras plantas xerófitas adaptadas a ambientes áridos e semiáridos, destacando seus mecanismos fisiológicos que favorecem a sobrevivência sob baixa disponibilidade hídrica (Luttge, 2004; Stewart, 2015 Garcia et al., 2019).

Uma das características fisiológicas mais notáveis do sisal é o metabolismo ácido crassuláceo (CAM), que se caracteriza pela abertura estomática à noite e fixação de CO₂ em forma de ácido málico, reduzindo a perda de água por transpiração durante o dia. As plantas com metabolismo CAM, como o sisal, utilizam uma fração significativamente menor de água para produção de fitomassa em comparação com culturas C₃ ou C₄, o que torna a espécie altamente recomendável para cultivo em solos pobres ou áridos (Luttge, 2004; Stewart, 2015). Estudos de transcriptômica de *A. sisalana* identificaram módulos genéticos associados à fotossíntese, sinalização hormonal e resposta ao estresse hídrico, confirmando sua notável adaptabilidade a ambientes adversos (Sarwar et al., 2019).

A reprodução de *A. sisalana* ocorre predominantemente de forma vegetativa, por rebentos provenientes de rizomas ou por bulbilhos formados após a floração. A planta é monocárpica, ou seja, morre após florescer, apresentando

ciclo produtivo médio de cerca de sete anos (Suinaga et al., 2006; Silva et al., 2008). No território sisaleiro, formado por cerca de vinte municípios do semiárido baiano, é cultivado principalmente uma espécie para produção de fibra, a *Agave sisalana* cuja fibra é rica em celulose e lignina e utilizada para fabricação de cordas, barbantes, artesanato, e a planta também vem despertado interesse para a produção de biogás e bioetanol (Andrade et al., 2012; Basu et al., 2012; Davis et al., 2017; Raya et al., 2023).

Além dessa espécie, híbridos como o H11648 [(*A. amaniensis* × *A. angustifolia*) × *A. amaniensis*] e o híbrido 400 folhas também vêm sendo estudados. Esses híbridos apresentam folhas mais longas e maior teor de fibra, características que podem elevar o rendimento da produção e otimizar o processamento industrial, além de maior tolerância à podridão vermelha (Souza et al., 2018; Monja-Mio et al., 2019; Raya et al., 2023).

Nos últimos anos, com o avanço da bioeconomia e o aumento da demanda por materiais sustentáveis e renováveis, o sisal vem adquirindo importância como fonte de fibras duras e matéria-prima para novos bioprodutos. O interesse renovado em espécies de *Agave* inclui seu uso em bioenergia e biomateriais de alta resistência, em consonância com as políticas globais de mitigação das mudanças climáticas e promoção da sustentabilidade agrícola (Morán et al., 2008; Palomo-Briones et al., 2018; Raya et al., 2022).

O Brasil é o maior produtor mundial de fibra de sisal, responsável por cerca de 36% da produção global (FAO, 2025), com destaque para o estado da Bahia, que responde por aproximadamente 94% desse total (IBGE, 2021). A produção do sisal constitui a base de sustentação socioeconômica de comunidades rurais e oferece uma alternativa de geração de renda em regiões de baixa produtividade agrícola (Broeren et al., 2017).

Apesar de sua relevância socioeconômica, a produção de sisal no Brasil tem diminuído nas últimas décadas. Enquanto na década de 1990 o país produzia cerca de 300 mil toneladas anuais de fibra, atualmente esse número gira em torno de 98 mil toneladas (Silva; Beltrão, 1999; Soares et al., 2020; FAO, 2025). Esse decréscimo é atribuído à adoção limitada de tecnologias no manejo da cultura, à mecanização deficiente, especialmente pela dependência de equipamentos rudimentares, e à vulnerabilidade da cultura a doenças, como a podridão vermelha

causada pelo fungo *Aspergillus welwitschiae* (Silva; Beltrão, 1999; Broeren et al., 2017; Duarte et al., 2018).

Embora a podridão vermelha seja considerada a principal doença da cultura, outros sintomas como manchas foliares, podridões e murchas vasculares, causadas principalmente por fungos dos gêneros *Fusarium*, *Neoscytalidium* e *Alternaria*, também têm sido relatados, reforçando a necessidade de estudos sobre sua etiologia e manejo (Vega-Ramos; Uvalle-Bueno; Gómez-Leyva, 2013; GAUTAM, 2013; MIRHOSSEINI et al., 2015; RAMÍREZ-RAMÍREZ et al., 2017; Xie et al., 2021; Wu et al., 2024).

2.2 Gênero *Fusarium*

O gênero *Fusarium* compreende um dos grupos de fungos filamentosos mais importantes e diversificados do filo *Ascomycota*, reconhecidos tanto por sua relevância ecológica quanto pelo impacto econômico que exercem sobre a agricultura global. Historicamente, a taxonomia de *Fusarium* passou por sucessivas revisões desde as primeiras descrições do gênero por Link, em 1809, que o definiu com base em características morfológicas dos conídios (Link, 1809). Ao longo do século XX, a classificação baseou-se principalmente na morfologia de macroconídios, microconídios e clamidósporos, bem como nas estruturas de frutificação, segundo os esquemas propostos por Wollenweber e Reinking (1935) e posteriormente aperfeiçoados por Booth (1971). No entanto, devido à grande variabilidade e plasticidade fenotípica das espécies, o modelo morfológico tornou-se limitado, o que levou à incorporação de dados moleculares e filogenéticos, redefinindo os limites taxonômicos do gênero (O'Donnell et al., 1997; Summerell, 2019).

Espécies de *Fusarium* apresentam hifas septadas, hialinas e ramificadas, com formação característica de macroconídios falciformes e multisseptados, microconídios unicelulares ou bicelulares, e clamidósporos esféricos de parede espessa, geralmente formados em cadeias ou isoladamente (Leslie; Summerell, 2006). As colônias exibem ampla variação em coloração e textura, podendo apresentar tons brancos, rosados, violáceos ou alaranjados, frequentemente

associados à produção de pigmentos característicos. Tais características, embora úteis para identificação preliminar, devem ser complementadas por ferramentas moleculares (Sanna et al., 2023).

Com o advento dessas técnicas de biologia molecular, a taxonomia de *Fusarium* foi reorganizada em complexos de espécies (species complexes), que refletem linhagens evolutivas distintas dentro do gênero. Atualmente, o *Fusarium oxysporum* species complex (FOOSC), *F. solani* species complex (FSSC) e *F. fujikuroi* species complex (FFSC) estão entre os mais estudados, englobando espécies com diferentes estilos de vida, desde sapróbios e endófitos até severos fitopatógenos e oportunistas em humanos (Leslie; Summerell, 2006; Short et al., 2013; Coleman, 2016; Wang et al., 2022). Essa reestruturação filogenética também permitiu o reconhecimento de novos gêneros correlatos, como *Bisifusarium*, que anteriormente era incluído no gênero *Fusarium* (Lombard et al., 2015).

O gênero *Fusarium* é responsável por doenças severas que causam danos econômicos significativos em uma ampla gama de culturas de interesse econômico, como milho, trigo, soja, algodão, banana, tomate e feijão (Areie, 2019). Entre as principais enfermidades destacam-se a murcha vascular, podridões radiculares e podridões de espiga e grãos, que comprometem a produtividade e qualidade das colheitas. Espécies como *F. oxysporum*, *F. solani* e *F. verticillioides* são especialmente relevantes, por apresentarem ampla distribuição geográfica e elevada adaptabilidade a diferentes hospedeiros (Zemankoa; Lebeda, 2001; Leslie; Summerell, 2006). Em cultivos de *Agave tequilana*, espécies de *Fusarium*, como *F. oxysporum*, têm sido relatadas como agentes causais de podridões radiculares, ocasionando expressivas perdas produtivas (Vega- Ramos; Uvalle-Bueno; Gómez-Leyva, 2013).

Além disso, diversas espécies são produtoras de micotoxinas, como fumonisinas, tricotecenos e zearalenona, que representam sérios riscos à saúde humana e animal, e constituem importante problema para a segurança alimentar (Desjardins, 2006; Sanna et al., 2023).

2.3 Gênero *Bisifusarium*

O gênero *Bisifusarium* constitui um grupo relativamente recente de fungos filamentosos, pertencente à família *Nectriaceae*, filo *Ascomycota*, classe *Sordariomycetes*, e ordem *Hypocreales*. Essa família engloba cerca de 82 gêneros, incluindo o *Fusarium*, que é amplamente estudado (Lombard et al., 2015). A revisão taxonômica de Lombard et al. (2015), baseada em análises filogenéticas multilocus, envolvendo dez marcadores gênicos e detalhadas observações morfológicas, redesenhou a sistemática da família. Entre as mudanças, destaca-se a segregação do complexo *Fusarium dimerum* para o gênero *Bisifusarium*, formalmente proposto para refletir as linhagens evolutivas distintas identificadas.

O nome *Bisifusarium* faz referência à morfologia característica dos macroconídios dessas espécies, que apresentam de um a dois septos, que é um diferencial marcante em relação aos macroconídios multisseptados típicos do *Fusarium sensu stricto* (Lombard et al., 2015). As espécies apresentam colônias de crescimento rápido, com coloração que varia do branco ao rosado, geralmente com reverso amarelado a marrom-claro. As hifas são hialinas, finas e septadas, e os conidióforos podem ser simples ou ramificados, portando fiáides monofilicas e polifílicas. Os macroconídios são falciformes a retos, com paredes finas e apresentam um a dois septos; os microconídios são elipsoidais a ovais, usualmente produzidos isoladamente ou em pequenas cadeias. Os clamidósporos, quando presentes, são hialinos, de parede espessa, isolados ou em cadeias curtas, devido à semelhança morfológica com *Fusarium*, a identificação precisa do gênero exige análises filogenéticas (Lombard et al., 2015; Zhang et al., 2024).

Atualmente, o gênero inclui 16 espécies válidas, predominantemente saprófitas, encontradas em variados ambientes (Zhang et al., 2024). Entre seus representantes mais conhecidos está *Bisifusarium domesticum*, empregado como microrganismo de maturação na produção de queijos, *B. biseptatum* e *B. solicola*, que são frequentemente isoladas de solos, *B. lunatum*, que tem sido relatado principalmente em cactáceas dos gêneros *Opuntia* e *Gymnocalycium*, e *B. keratinophilum* foi notado por sua capacidade de degradar queratina das penas de galinha (Schroers et al., 2009; Ropars et al., 2012; Lombard et al., 2015; Visagie et al., 2024; Wang et al., 2024). Além dessas, algumas espécies do gênero possuem

relevância médica, como *B. delphinoides*, *B. penzigii* e *B. dimerum*, associadas a infecções oportunistas em humanos, abrangendo quadros que vão desde ceratomicoses, que são infecções na córnea causadas por fungos, até infecções sistêmicas em pacientes imunocomprometidos (Schroers et al., 2009; Zhang et al., 2024).

2.4 Gênero *Paecilomyces*

O gênero *Paecilomyces* é constituído por fungos filamentosos amplamente distribuídos sobretudo em solos, resíduos orgânicos e ambientes agrícolas, apresentando papel relevante em diversos contextos ecológicos e biotecnológicos (Wu 1985; Basso et al. 2010; SHI et al., 2025). Originalmente descrito por Bainier em 1907, o gênero foi estabelecido com base em características morfológicas das estruturas de reprodução assexuada, especialmente a forma dos conidióforos e conídios, que se distinguem pela aparência peniciloide e coloração amarelada a lilás (Bainier, 1907; Brown; Smith, 1957). O gênero *Paecilomyces* foi considerado um gênero extenso e heterogêneo, englobando espécies com distintas relações filogenéticas, o que resultou em controvérsias taxonômicas significativas (Samson, 1974; Luangsa-ard et al., 2004).

O avanço das análises moleculares trouxe uma profunda revisão na sistemática do grupo. Estudos filogenéticos baseados na região 18S do nrDNA demonstraram que *Paecilomyces* era polifilético e o gênero foi redefinido, resultando na reclassificação de várias espécies. Por exemplo, *Paecilomyces lilacinus* foi transferido para o gênero *Purpureocillium*, atualmente denominado *Purpureocillium lilacinum* e *Paecilomyces fumosoroseus* foi inserido no gênero *Isaria*, sendo atualmente *Isaria fumosorosea* (Luangsa-ard et al., 2011).

Morfológicamente, espécies de *Paecilomyces* apresentam conidióforos que podem ser ramificados de forma irregular, com fialídeos geralmente claviformes ou em forma de clava estreita, terminando em um pescoço longo e fino. Os conídios são unicelulares, geralmente elipsoides a cilíndricos e formam-se em cadeias. A colônia pode ter coloração variada, como o verde-oliva, marrom ou lilás, exibindo crescimento rápido e textura aveludada ou farinácea, que se assemelha a

uma camada de pó ou farinha na superfície (Houbraken; Samson 2011).

As espécies que permanecem no gênero *Paecilomyces*, como *P. variotii*, *P. formosus*, *P. divaricatus* e *P. dactylethromorphus*, são reconhecidas por sua versatilidade metabólica e ampla distribuição ambiental (Moreno-Gavíra et al., 2020). *Paecilomyces variotii*, por exemplo, tem sido amplamente estudado pelo seu potencial de degradação de compostos orgânicos recalcitrantes, capacidade termotolerante e uso em processos de biorremediação e fermentação industrial (Luangsa-ard et al., 2011; Herrera; Toledo; Mioso, 2015; Li et al, 2020).

Espécies desse gênero são produtoras de uma ampla gama de enzimas extracelulares, como quitinases, proteases, lipases e celulasas, as quais atuam na degradação de compostos orgânicos complexos e têm aplicação em bioprocessos industriais, biorremediação e formulações de controle biológico (Herrera; Toledo; Mioso, 2015). Metabólitos secundários isolados dessas espécies apresentam propriedades antibacterianas, antifúngicas, antioxidantes e antitumorais, reforçando interesse biotecnológico (Piatkowski; Krzyzewska; Nawrot, 2003; Saha et al., 2016; Isaka et al., 2007; Moreno-Gavíra et al., 2020). Algumas espécies também exercem papel endofítico benéfico, favorecendo o crescimento vegetal por meio da produção de fitohormônios, como ácido indol-acético e giberelinas, além de modular respostas ao estresse abiótico, incluindo salinidade (Khan et al., 2012).

O gênero é amplamente reconhecido pelo seu potencial como agente de biocontrole, devido à capacidade de parasitar fungos, nematoides e artrópodes além de competir por recursos no ambiente (Suárez Contreras; Rangel Riaño, 2013; Munawar et al., 2015; Nguyen et al., 2017; Moreno-Gavíra et al., 2020). Diversas espécies produzem quitinases que degradam componentes estruturais da parede celular de microrganismos, resultando na inibição do crescimento de fitopatógenos como *Aspergillus*, *Colletotrichum* e *Rhizoctonia* (Chen et al., 2007). Um estudo feito por Moreno-Gavíria e colaboradores (2021), por exemplo, demonstrou que *Paecilomyces variotii* teve efeito antagônico sobre *Mycosphaerella melonis* e *Podosphaera xanthii*, agentes etiológicos de doenças que afetam melão e abobrinha evidenciando o potencial do gênero na supressão de patógenos agrícolas.

Entretanto, algumas espécies de *Paecilomyces* são fitopatogênicas, como

por exemplo, *P. formosus* citado como agente causal de doenças em pistache (Torabi et al., 2019). Além disso, há relatos de espécies de *Paecilomyces* como causadores de infecções cutâneas, subcutâneas e ceratomicoses (Antas et al., 2012; Shi et al., 2025).

2.5 Controle Biológico

O controle biológico consiste na utilização de organismos vivos para suprimir pragas ou patógenos que afetam culturas agrícolas. Essa abordagem se apoia na premissa de que predadores naturais, parasitas ou microrganismos antagonistas podem regular populações de agentes nocivos ou reduzir a incidência de doenças, promovendo o equilíbrio no ecossistema cultivado (Cook; Baker, 1983). Os agentes de biocontrole (BAC) são organismos introduzidos com o objetivo de combater fitopatógenos ou pragas, de modo que a planta hospedeira não sofra danos significativos diante da presença do agente agressor (Bettiol, 1991; Meyer et al., 2019).

Registros históricos apontam práticas rudimentares de controle biológico desde séculos atrás. Por exemplo na China, formigas foram utilizadas para suprimir pulgões em plantações de citros (Fontes; Valadares-Inglis, 2020). No entanto, foi somente a partir do século XIX que o controle biológico passou a ser estudado e aplicado, com marco significativo na introdução da joaninha *Rodolia cardinalis* Mulsant para conter a cochonilha australiana *Icerya purchasi* Maskell na Califórnia, o que resultou em controle quase completo da praga poucos anos após sua aplicação (Debach, 1974; Fontes; Valadares-Inglis, 2020).

Ao longo dos séculos XX e XXI, o controle biológico ganhou aceitação crescente como componente fundamental no manejo integrado de pragas e doenças (MIP/MID). Essa expansão foi impulsionada pela necessidade de conservar a biodiversidade, reduzir a dependência por defensivos químicos e garantir a segurança alimentar (Bale et al., 2008; Dhanarajan, 2017). Hoje, o controle biológico é considerado uma opção sustentável e viável frente à dependência exclusiva de produtos químicos.

Os microrganismos possuem um papel fundamental no controle biológico, atuando por meio de mecanismos de ação como competição, antibiose, parasitismo e indução de resistência à planta. A competição refere-se à disputa por espaço, água e nutrientes (Harman, 2006). A antibiose envolve a produção de metabólitos voláteis e não voláteis, com efeito tóxico ou inibidor sobre o patógeno (Meyer et al., 2019). No micoparasitismo, o organismo antagonista coloniza ou invade estruturas do patógeno, comprometendo sua viabilidade (Bettiol, 1991). A indução de resistência refere-se à ativação de mecanismos de defesa da planta, mediante um estímulo pelo agente de biocontrole, resultando em aumento da resistência à infecção (Pieterse et al., 1996; Yu et al., 2022).

Nas últimas décadas, uma diversidade de microrganismos vem sendo investigada como agentes de biocontrole. Gêneros como *Metarhizium* spp., *Bacillus* spp., *Beauveria* spp. têm sido amplamente empregados no controle de pragas e doenças em várias culturas (Groth et al., 2017; Mckinnon et al., 2017; Mascarin et al., 2019; Zhang et al., 2023; Karačić et al., 2024). Além desses, fungos do gênero *Trichoderma* destacam-se pela ampla aplicabilidade agrícola, alta eficácia, facilidade de formulação e combinação de múltiplos mecanismos de ação, o que os torna agentes promissores de biocontrole (Tyśkiewicz et al., 2022).

2.6 Gênero *Trichoderma* e o uso na agricultura

O gênero *Trichoderma* pertencente ao filo *Ascomycota*, classe *Sordariomycetes*, ordem *Hypocreales* e família *Hypocreaceae*. Intensos avanços científicos, impulsionados por estudos de filogenia molecular multilocus e genômica comparativa, tem ampliado significativamente o conhecimento sobre *Trichoderma* spp. Esses avanços tem levado à descrição de novas espécies e a reavaliação taxonômica com delimitações mais precisas. Atualmente, o gênero compreende mais de 400 espécies válidas descritas, segundo o MycoBank (2025), refletindo sua elevada diversidade e complexidade.

Espécies de *Trichoderma* são ubíquas em solos agrícolas, na rizosfera e tecidos de plantas, podendo atuar como saprófitas, micotróficas ou mutualistas, colonizando até tecidos internos das plantas. Essa versatilidade ecológica está

associada à sua capacidade de explorar diferentes estratégias tróficas e interações benéficas com plantas, o que reforça seu potencial na formulação de bioinoculantes comerciais para aumento da produtividade e saúde vegetal (Chaverri et al., 2015; Tyśkiewicz et al., 2022).

Espécies desse gênero produzem enzimas de interesse industrial, como quitinases, celulasas e proteases, que participam tanto da degradação de tecidos fúngicos quanto de processos biotecnológicos (Troian et al., 2014; Schuster; Schmoll, 2010). O gênero *Trichoderma* também se destaca pela ação na biorremediação, contribuindo para a degradação de compostos tóxicos e a imobilização de metais pesados em solos contaminados (Mukherjee et al., 2013).

Reconhecido como um dos grupos fúngicos mais importantes na agricultura e biotecnologia, *Trichoderma* spp. destaca-se pela ampla gama de aplicações. É utilizado no controle biológico de fitopatógenos em diversas culturas, como trigo, batata, tomate, feijão, videira, sisal, atuando contra patógenos como *Fusarium* spp., *Rhizoctonia solani*, *Botrytis cinerea*, *Sclerotinia sclerotiorum* e *Aspergillus welwitschiae*. Seu modo de ação envolve mecanismos como competição por espaço e nutrientes, micoparasitismo, antibiose e indução de resistência sistêmica nas plantas (Harman, 2006; Chaverri et al., 2015; Tyśkiewicz et al., 2022; Barbosa et al., 2024; Guzmán-Guzmán et al., 2025).

Sua rápida taxa de crescimento e elevada capacidade de esporulação favorecem a produção em larga escala, consolidando *Trichoderma* como um agente de biocontrole eficiente e economicamente viável (Tyśkiewicz et al., 2022). No entanto, a eficácia do controle pode variar conforme a cepa, as condições ambientais, o método de aplicação e a microbiota do solo, sendo necessários estudos adicionais e formulações específicas para otimizar sua performance (Sánchez; Rebolledo, 2010; Barbosa et al., 2024).

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Isolamento e preservação dos fungos

Os fungos foram isolados a partir de folhas de *Agave sisalana* coletadas em plantios localizados nos municípios de Conceição do Coité (S 11° 33' 50" O 39° 16' 58") e Valente (S 11° 24' 43" O 39° 27' 43"), Bahia. As amostras foram encaminhadas ao Laboratório de Microbiologia Agrícola da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia (UFRB).

Fragmentos foliares foram retirados da região limítrofe entre o tecido saudável e o lesionado, seguindo-se o processo de desinfestação superficial. Os fragmentos foram imersos em álcool 70% por 1 minuto, em hipoclorito de sódio a 1% por 1 minuto e, posteriormente, lavados três vezes com água destilada esterilizada, conforme metodologia descrita por Pereira, Azevedo e Petrini (1993). Após secagem em papel de filtro esterilizado, os fragmentos foram transferidos para placas de Petri contendo meio Batata Dextrose Ágar (BDA) e incubados a $28 \pm 2^\circ\text{C}$. Após o isolamento das colônias, os fungos foram preservados segundo o método de Castellani (1967).

Os isolados *Trichoderma asperellum* (F12) e *Trichoderma spirale* (R62) utilizados neste estudo pertencem à coleção micológica do Laboratório de Microbiologia Agrícola da UFRB. Esses isolados foram obtidos partir de folhas e raízes saudáveis de *A. sisalana*, respectivamente, e identificados por Barbosa et al. (2024).

3.2 Identificação dos isolados fúngicos

3.2.1 Extração de DNA

Os isolados fúngicos foram cultivados em meio BDA e incubados a 25°C por quatro dias. Em seguida, o DNA genômico total dos fungos foi extraído utilizando o kit de extração FastDNA™ SPIN da MP Biomedicals, seguindo as instruções do fabricante. O DNA foi visualizado por meio de eletroforese em gel de agarose a 1%.

3.2.2 Amplificação e sequenciamento de regiões dos genes *its*, *tef1*, β - tub e *rpb2*.

Para identificação molecular dos isolados, foi utilizado a técnica da Reação em Cadeia da Polimerase (PCR) e sequenciamento do gene ITS (*internal transcribed spaces*) para identificar primeiramente o gênero dos isolados. Posteriormente, foram sequenciadas regiões dos genes *tef1* (*Translation Elongation Factor 1-alpha*) e β - tub (β - *tubulin*) para os fungos pertencentes ao gênero *Fusarium*, e β - tub e *rpb2* (*RNA polymerase II second largest subunit gene*) para o fungo pertencente ao gênero *Paecilomyces*. Os primers utilizados na PCR estão descritos na tabela 1. A seguinte reação foi utilizada na PCR: 14,3 μ L de H₂O, 2,5 μ L Tampão 10x, 2,0 μ L MgCl₂ (25 mM), 2,0 μ L dNTP (2,5 mM), 1,0 μ L de cada primer (10pmol/ μ L), 0,2 μ L Taq polimerase (5U/ μ L) e 2,0 μ L de DNA molde. Os protocolos de ciclagem utilizadas no termociclador estão especificados nas tabelas 2.

Tabela 1. Primers utilizados nas reações de PCR.

Gene	Primer	Sequência	Sentido	Referência
ITS	ITS1	TCCGTAGGTGAACCTGCGG	Forward	White et al., 1990
	ITS4	TCCTCCGCTTATTGATATGC	Reverse	
<i>tef1</i>	EF1	ATGGGTAAGGARGACAAGAC	Forward	O' Donnell <i>et al.</i> , 1998
	EF2	GGARGTACCAGTSATCATG	Reverse	
β - tub	T1	AACATGCGTGAGATTGTAAGT	Forward	O' Donnell <i>et al.</i> , 1997
	T2	TAGTGACCCTTGGCCAGTTG	Reverse	
β - tub	bt2a	GGTAACCAAATCGGTGCTGCTTTC	Forward	Glass; Donaldson, 1995
	bt2b	ACCCTCAGTGTAGTGACCCTTGGC	Reverse	
<i>rpb2</i>	5'	GAYGAYMGWGATCAYTTYGG	Forward	Liu <i>et al.</i> , 1999
	7cR	CCCATRGCTTGYYTTRCCCAT	Reverse	

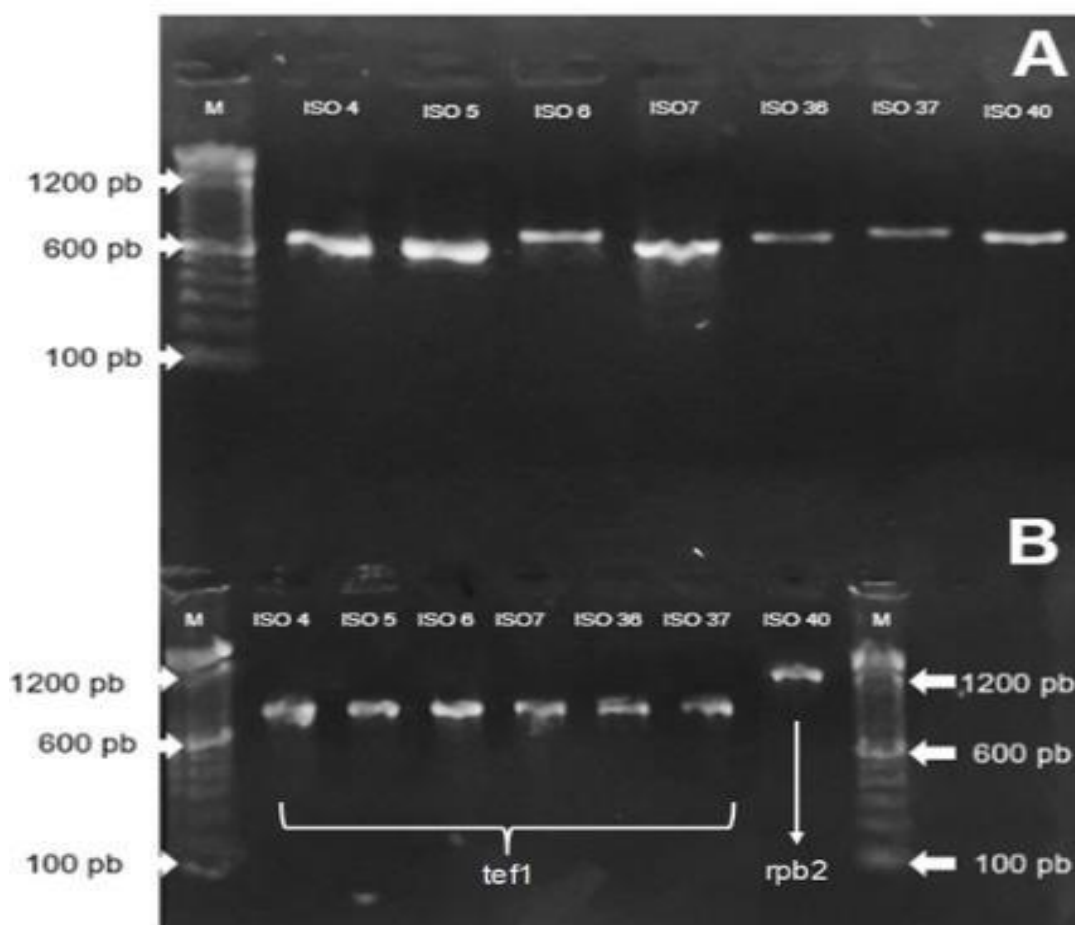
Tabela 2. Protocolo de ciclagem das PCRs utilizadas no termociclador.

Regiões genicas	Desnaturação inicial	Ciclos	Desnaturação	Anelamento	Extensão	Extensão final
ITS	94 °C – 3'	35	94 °C – 30 "	55 °C – 30 "	72 °C – 1'	72°C – 7'
<i>tef1</i>	94°C – 3'	35	94 °C – 45"	55 °C – 45"	72 °C – 1'	72°C – 10'
β - tub	95 °C – 5'	35	94 °C – 30"	54°C – 45"	72 °C – 1'	72 °C – 5'
<i>rpb2</i>	94°C – 3'	35	94 °C – 30 "	55 °C – 45"	72 °C – 1'	72°C – 7'

Os produtos de PCR (Figura 1) foram purificados utilizando o kit GFX™ PCR DNA and Gel Band Purification, seguindo as orientações do fabricante. O sequenciamento foi realizado pelo método Sanger pela empresa Rizobioma Brasil

Tecnologia Microbiana LTDA (Campinas/SP). Os eletroferogramas foram editados no DNADragon 4.4.2.

Figura 1. Produto de PCR em gel de agarose 1%. Regiões dos genes: β - tub (A); tef1 e rpb2 (B).



Autora: Tainá Delmondes

3.2.3 Análises filogenéticas

As análises filogenéticas foram realizadas utilizando as sequências de nucleotídeos obtidas neste estudo e também sequências homólogas recuperadas nas bases de dados do *National Center for Biotechnology Information* (NCBI). As sequências recuperadas foram escolhidas mediante a comparação das identidades conferidas pela ferramenta BLASTn (Altschul, 1997). O alinhamento múltiplo das sequências de nucleotídeos foi feito utilizando o software MAFFT v7 (Kato et al., 2013), e posteriormente editado manualmente no MEGA 12. Foram

realizadas análises filogenéticas pelo método da máxima verossimilhança. A confiabilidade da topologia das árvores foi verificada pelo método de *bootstrap*.

3.2.4 Caracterização morfológica

Os isolados foram reativados em meio de cultura BDA. Em seguida, discos de micélio (5mm) foram transferidos para diferentes meios de cultura, a depender do gênero do fungo e a recomendação na literatura científica, conforme descrito a seguir.

Os meios utilizados para a caracterização morfológica foram: ágar extrato de malte (MEA), ágar aveia (OA) e batata dextrose ágar (BDA). Foram adicionados 20 mL de meio em cada placa de Petri descartável, seguido de incubação em câmara BOD a 25 °C, com fotoperíodo de 12 horas, por 14 dias. O crescimento das colônias foi avaliado após sete dias, observando-se o diâmetro, tipo de crescimento, formação de micélio e produção de pigmentos solúveis. A coloração das colônias foi descrita com base na cartela de cores de Kornerup e Wanscher (1978).

Para a caracterização microscópica, foi realizado o microcultivo em placas de Petri contendo BDA. As culturas foram incubadas por 7 a 10 dias a 25 °C, com fotoperíodo de 12 horas. As lâminas microscópicas foram preparadas com azul de algodão em lactofenol e observadas em microscópio óptico. Foram avaliadas as formas, tamanho e número de septos dos macroconídios e microconídios, bem como a presença de clamidósporos.

A caracterização microscópica foi conduzida por meio de microcultivo, com as estruturas analisadas entre sete e dez dias de incubação. As fotografias foram obtidas utilizando os microscópios Zeiss Imager A2 AXIO e Leica, e as imagens macroscópicas das colônias foram registradas no sétimo dia de crescimento.

3.3 Avaliação *in vitro* da eficiência de *Trichoderma* spp. no controle de isolados fúngicos

3.3.1 Teste de cultura pareada

O potencial antagônico de dois isolados de *Trichoderma*, previamente identificados por Barbosa et al. (2024) como *Trichoderma asperellum* (F12) e *Trichoderma spirale* (R62), foi avaliado frente aos fungos isolados e identificados neste estudo. Os ensaios foram conduzidos em meio de cultura BDA, em placas de Petri, utilizando a técnica de cultivo pareado.

Para o experimento, discos de micélio (5 mm de diâmetro) de *Trichoderma* foram transferidos para placas com BDA, a 2,0 cm de uma das bordas da placa. Na extremidade oposta, à mesma distância da borda, foi posicionado um disco do patógeno. As placas foram incubadas a 25 ± 2 °C, com fotoperíodo de 12 horas por sete dias. Como controle, o patógeno foi cultivado individualmente, sem a presença de *Trichoderma*, nas mesmas condições.

3.3.2 Teste de compostos orgânico voláteis

Para investigar a ação de compostos orgânicos voláteis produzidos por *Trichoderma*, foi utilizada a metodologia baseada no cultivo em placas bipartidas contendo meio BDA, de forma a impedir o contato físico entre os microrganismos. Em um compartimento da placa foi colocado um disco de 5 mm de diâmetro da cultura do isolado de *Trichoderma* e no outro compartimento foi colocado o disco com igual diâmetro, da cultura do patógeno. As placas foram incubadas a 25 ± 2 °C, com fotoperíodo de 12 horas, durante sete dias. O tratamento controle consistiu no cultivo do patógeno isoladamente, nas mesmas condições.

3.3.3 Avaliação do percentual de inibição do patógeno

A eficiência do biocontrole foi determinada com base na redução do crescimento micelial do patógeno em ambos os ensaios (cultivo pareado e exposição a compostos voláteis), em comparação ao controle. A taxa de inibição

do crescimento micelial foi calculada conforme a fórmula:

$I (\%) = [(C_{\text{test}} - C_{\text{trat}}) / C_{\text{test}}] \times 100$, no qual I representa a taxa de inibição, C_{test} é o crescimento médio da colônia no tratamento controle, e C_{trat} é o crescimento médio na presença do agente de biocontrole .

Os experimentos foram conduzidos em delineamento inteiramente casualizado (DIC), com cinco repetições por tratamento. Os dados foram submetidos à análise de variância (ANOVA) e as médias comparadas pelo teste de Tukey, ao nível de 5% de significância. Para os dados que não atenderam os pressupostos da ANOVA, foi necessário fazer a transformação dos dados utilizando raiz quadrada. As análises estatísticas foram realizadas no software R (R Core Team, 2022).

3.4 Teste de patogenicidade.

A avaliação da patogenicidade dos isolados fúngicos foi realizada em plantas de *Agave sisalana* com cerca de dois anos de idade, cultivadas em vasos de plástico em casa de vegetação sob irrigação regular. Para o ensaio, os fungos foram previamente cultivados em meio BDA, à temperatura de 28 ± 2 °C por um período de 14 dias. A inoculação nas folhas consistiu na realização de pequenos ferimentos com uma agulha de seringa esterilizada (1 mL), seguidos da aplicação de discos de micélio com 5 mm de diâmetro, depositados diretamente sobre as lesões.

Logo após a inoculação foi criada uma condição de câmara úmida ao redor das folhas, utilizando sacos plásticos transparentes e algodão umedecido. Após 48 horas, os sacos foram removidos e as plantas permaneceram em observação por 30 dias para monitoramento do desenvolvimento dos sintomas. O experimento foi conduzido com nove repetições para cada tratamento. Como controle negativo, aplicou-se apenas discos de meio BDA (5 mm), sem a cultura, sobre folhas submetidas ao mesmo tipo de ferimento superficial (Li et al., 2023).

3.5 Efeito de *Trichoderma* spp. no controle de fitopatógenos em condições de casa de vegetação

Os experimentos foram conduzidos em casa de vegetação da Universidade Federal do recôncavo da Bahia. Os isolados fúngicos que demonstraram capacidade de causar manchas foliares foram selecionados para os testes de controle biológico. Os fungos fitopatogênicos foram cultivados em meio BDA. Os isolados de *T. asperellum* (F12) e *T. spirale* (R62) foram inicialmente cultivados em meio BDA, e após 7 dias, os discos de micélio foram adicionados em um frasco do tipo Erlenmeyer contendo 50 g de arroz previamente autoclavado. Todos os cultivos foram incubados em BOD a 28 ± 2 °C por um período de 14 dias. Após o crescimento, foram adicionados 20 mL de solução salina e duas gotas de Tween 20 a cada frasco de Erlenmeyer, seguidos de agitação manual para o desprendimento dos conídios. A suspensão foi filtrada e sua concentração ajustada para 1×10^8 esporos mL^{-1} , utilizando uma câmara de Neubauer.

Foram conduzidos dois experimentos distintos: I) com uma agulha de seringa esterilizada (1 mL), foram feitos microferimentos nas folhas de mudas de *A. sisalana*. Em seguida, discos de micélio (5 mm de diâmetro) dos fitopatógenos foram colocados diretamente sobre os microferimentos nas folhas, sendo presos com um pedaço de durex. Após quatro dias fez-se a aplicação da suspensão de conídios (1×10^8 esporos mL^{-1}) dos isolados de *Trichoderma*. II) inicialmente foram feitos microferimentos nas folhas, conforme já descrito, seguidos da aplicação imediata da suspensão de conídios de *Trichoderma* (1×10^8 esporos mL^{-1}). Após quatro dias, os discos de micélio dos fitopatógenos foram colocados sobre os microferimentos nas folhas.

Em ambos os experimentos, as folhas foram mantidas em câmara úmida por 48 horas para favorecer o processo de infecção e colonização pelo fungo. O tratamento controle consistiu apenas na aplicação dos discos de micélio dos fitopatógenos sobre os microferimentos sem *Trichoderma*. A avaliação foi realizada diariamente e, 20 dias após a inoculação, por meio da medição do comprimento e da largura das lesões. O delineamento experimental foi inteiramente casualizado, com três repetições por tratamento. Os dados foram submetidos à análise de

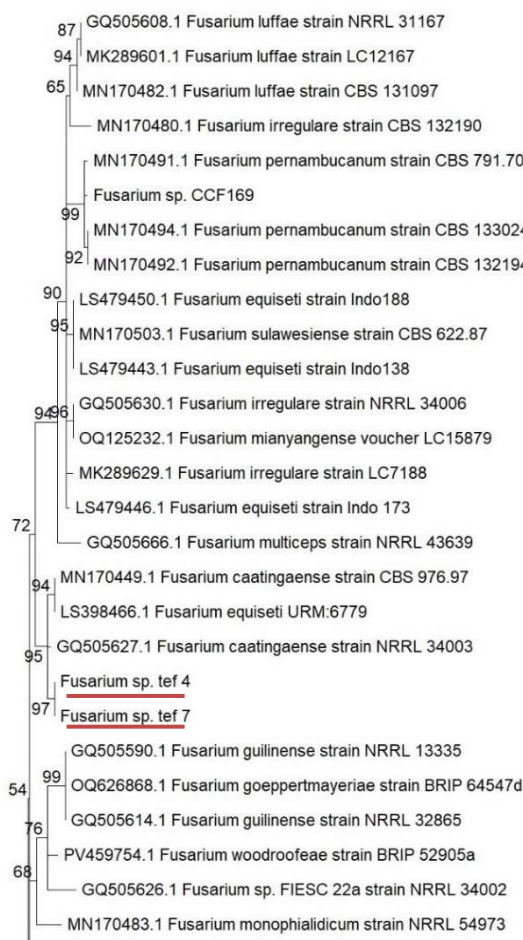
variância (ANOVA), e as médias foram comparadas pelo teste de Tukey a 5% de significância, utilizando o software R (R Core Team, 2022).

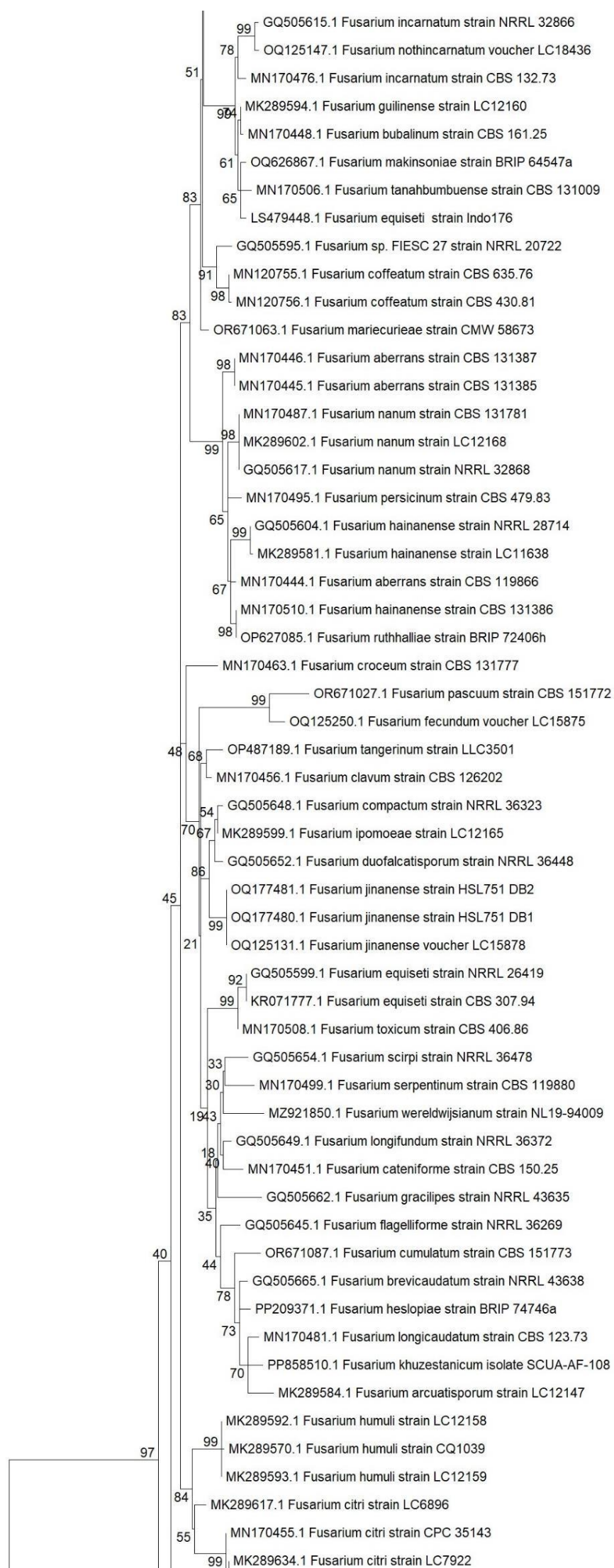
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

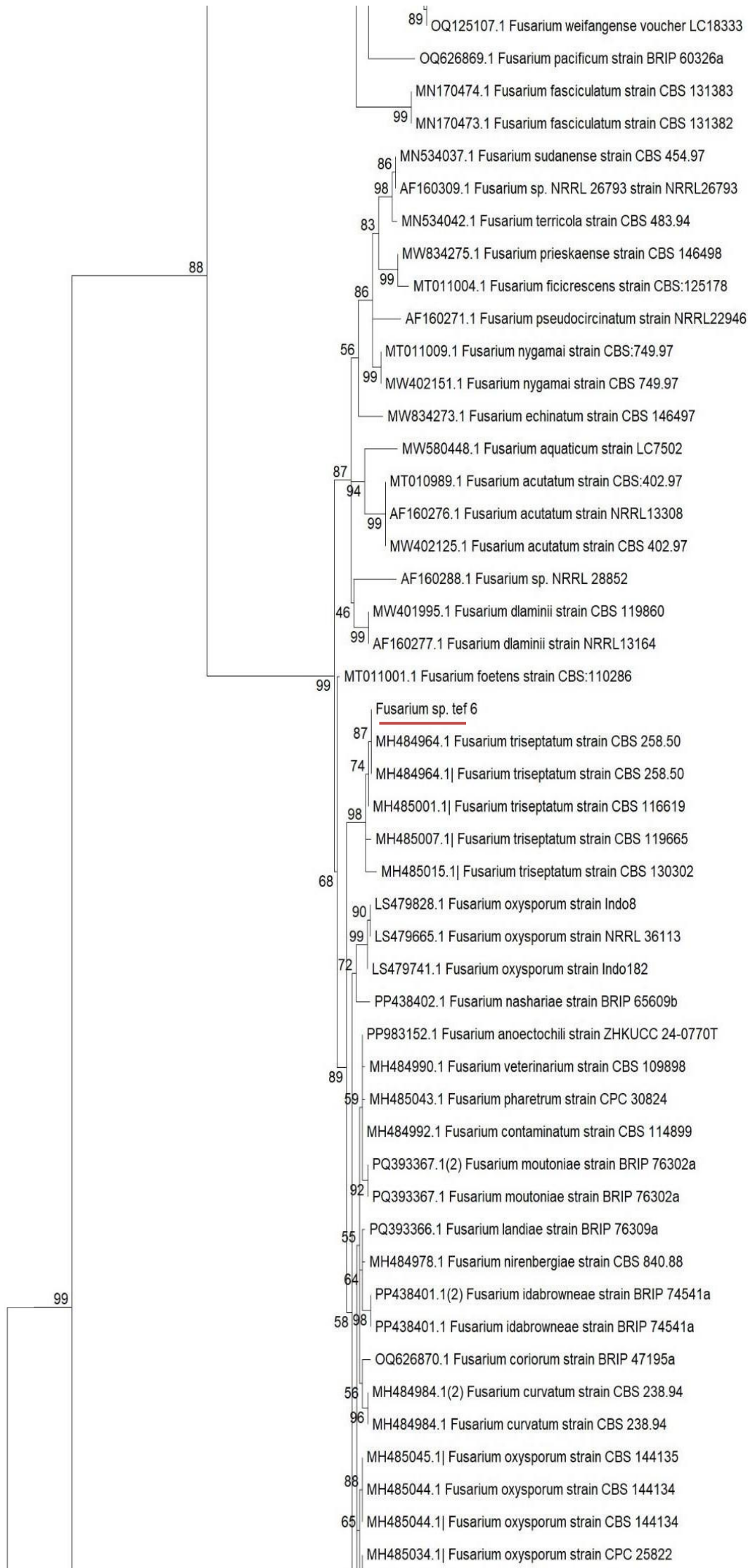
4.1 Identificação dos isolados fúngicos

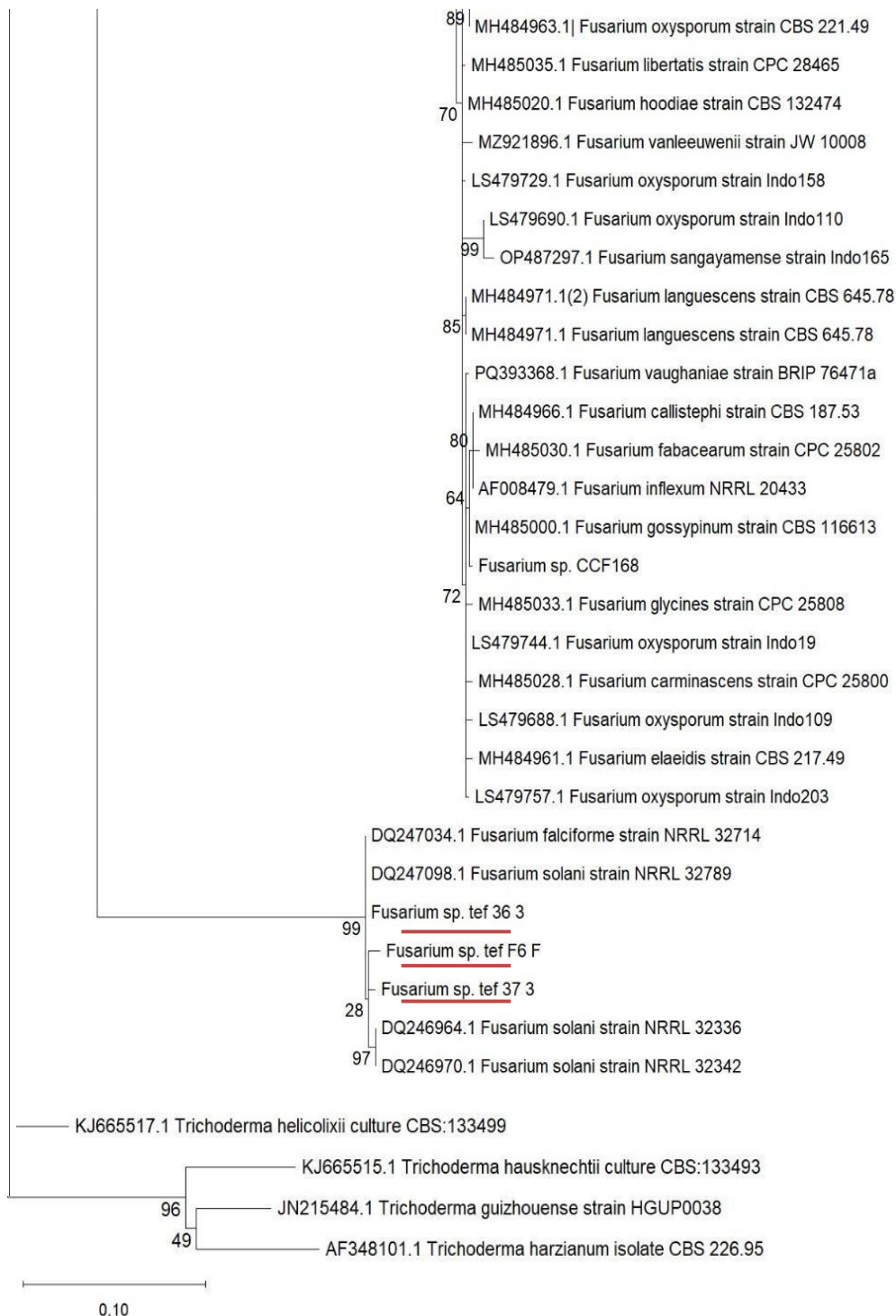
Dos isolamentos feitos nas folhas com lesões, foram obtidos dez isolados fúngicos, sendo eles: 4, 5, 6, 7, 12, F6, 34, 36, 37 e 40. Quando comparadas as sequências de ITS dos isolados com o banco de dados no *National Center for Biotechnology Information* (NCBI), foram identificados seis isolados pertencentes ao gênero *Fusarium* (4, 6, 7, 36, 37 e F6) (Figura 2), três isolados pertencentes ao gênero *Bisifusarium* (5, 34 e 12) (Figura 3 e 4) e um isolado do gênero *Paecilomyces* (40) (Figura 5 e 6).

Figura 2. Árvore filogenética das espécies de *Fusarium* pelo método de máxima verossimilhança baseado no alinhamento múltiplo com sequências de nucleotídeos do gene *tef1*. *Trichoderma helicolixii*, *Trichoderma hausknechtii*, *Trichoderma guizhouense* e *Trichoderma harzianum* foram usados como grupo externo.









Autora: Tainá Delmondes

A análise filogenética evidenciou que os isolados 4 e 7 apresentam estreita relação entre si, formando um grupo bem sustentado com alto suporte estatístico (*bootstrap* 97), porém filogeneticamente distinto das demais espécies analisadas (Figura 2). Esse resultado sugere que esses isolados possam representar uma linhagem nova e distinta dentro do complexo *Fusarium incarnatum – equiseti* (FIESC).

O completo FIESC é um grupo filogeneticamente diversificado de fungos do gênero *Fusarium*, considerado um dos mais taxonomicamente complexos da família *Nectriaceae* (O'Donnell et al., 2009; Lombard et al., 2015). O complexo é composto por espécies crípticas, caracterizadas por alta semelhança morfológica, e filogeneticamente subdividido em dois subgrupos: o clado *Incaratum* e o clado *Equiseti* (O'Donnell et al., 2009; Wang et al., 2019).

As espécies desse complexo ocorrem em variados ecossistemas, podendo atuar como sapróbios em solo ou matéria vegetal morta. Entretanto, algumas espécies têm sido associadas a diversas doenças em culturas economicamente importantes, como trigo, arroz, milho, algodão, soja e hortaliças (Desjardins, 2006; Ávila et al., 2019; Han et al., 2023; Bibi et al., 2024). Em trigo, por exemplo, espécies como *Fusarium pernambucanum*, *F. sulawesiense* e *F. clavum* foram associadas a casos de giberela (*Fusarium* Head Blight — FHB) no México (Leyva-Mir et al., 2022). Em hortaliças, isolados pertencentes ao complexo foram relatados como causadores de manchas foliares em alface, rúcula, rabanete e espinafre na Itália (Matić et al., 2020). Entretanto, não há relatos de espécies desse complexo que causem danos à cultura de *A. sisalana*. Além disso, várias espécies dentro do FIESC apresentam potencial para produção de micotoxinas, como tricotecenos e zearalenona, representando não apenas um problema fitossanitário, mas também um risco à segurança alimentar e à saúde humana (Desjardins, 2006; Sannaet al., 2023).

De acordo com as análises filogenéticas, o isolado 6 está intimamente relacionado à *Fusarium triseptatum* (Figura 2). Essa espécie foi descrita por Lombard et al (2019), e é caracterizada por possuir conídios com três septos, o que justifica seu nome “triseptatum”, sendo inserida no clado Complexo de Espécies *Fusarium oxysporum* (FOSC). O FOSC é amplamente reconhecido por incluir agentes causadores de diversas doenças devastadoras em plantas cultivadas em todo o mundo, como murchas vasculares, podridões radiculares, tombamentos e manchas foliares, afetando várias espécies hospedeiras (O'Donnell et al., 2009; Arie, 2019; Lombard et al., 2019).

Dentre as principais espécies do complexo, *F. oxysporum* destaca-se como a mais estudada e de maior relevância econômica, sendo reconhecida como agente causal de diversas murchas vasculares que ocasionam perdas significativas em culturas de importância agrícola, como tomate, algodão, batata-

doce, feijão e café (Michielse; Rep, 2009; Fourie et al., 2011; Gordon, 2017; Lombard et al., 2019). Em *Agaves*, estudos apontam *F. oxysporum* como agente causal de murcha vascular em *Agave tequilana* Weber var. Azul (Ávila-Miranda et al., 2010). Em plantações comerciais da região de Los Altos (Jalisco, México), foi demonstrado que *F. oxysporum* representava mais de 50% dos isolados de solo e raiz associados ao sintoma de murcha em *Agave tequilana* (López-Bautista et al., 2020).

Embora menos investigado, *F. triseptatum* vem ganhando atenção crescente por seu potencial fitopatogênico, sendo relatado em tomate, algodão, batata-doce, mandioca e outras espécies agrícolas, associado a manchas foliares, podridões e murcha (Lombard et al., 2019; Carrijo et al., 2023; Severo et al., 2024; Silva et al., 2025). No presente estudo, *F. triseptatum* foi encontrado associado as manchas foliares em *A. sisalana*.

Os isolados 36, 37 e F6, de acordo com as análises filogenéticas, fazem parte do complexo de espécies de *Fusarium solani* (FSSC) (Figura 2). As espécies do FSSC são reconhecidas principalmente por seu papel como agentes de podridões radiculares, cancro e murcha vascular em diversas culturas agrícolas, como como feijão, soja, algodão, batata-doce, tomate e cana-de-açúcar (Aoki et al., 2005, 2012; Sandoval-Denis; Crous, 2018). Há registros de *F. solani* associados à podridão basal e radicular em *Agave tequilana* (Chávez-Sánchez et al., 2022; Montaña-Becerra et al., 2025).

Além do impacto agrônômico, espécies do FSSC também são notórios como patógenos oportunistas em humanos e animais. Membros desse complexo estão entre os agentes fúngicos filamentosos mais frequentemente associados a infecções oportunistas, chamadas de fusarioses, especialmente em indivíduos imunocomprometidos (Al-Hatmi et al., 2016; Coleman, 2016; O'Donnell et al., 2020). Além disso, essas espécies são capazes de produzir micotoxinas, como nivalenonas, enniatinas e tricotecenos, que podem afetar a qualidade dos alimentos e causar impactos adversos à saúde humana (Desjardins, 2006; Logrieco; Perrone; Mulè, 2007; Al-Hatmi et al., 2016; Mule et al., 2021).

Trabalhos recentes propuseram a reorganização do FSSC em um gênero separado chamado *Neocosmospora*, com a recombinação de várias linhagens do FSSC sob este nome, em especial pelo trabalho detalhado de Sandoval-Denis; Crous (2018), que revisaram tipos, descreveram espécies e estabilizaram nomes

dentro de *Neocosmospora*. Entretanto, O'Donnell et al. (2020) argumentaram contra a transferência definitiva do FSSC para *Neocosmospora*, apresentando análises filogenômicas abrangentes que indicam que o FSSC está filogeneticamente inserido no conjunto mais amplo que forma *Fusarium*, e a separação poderia causar instabilidade nomenclatural, complicar diagnósticos clínicos e fitossanitários e fragmentar uma literatura já vasta sobre *Fusarium*.

A incorporação de novos marcadores moleculares e de métodos filogenéticos complementares, como o inferência Bayesiana, é necessária para fortalecer a precisão e a confiabilidade dos resultados dos isolado de *Fusarium* identificados neste trabalho.

***Fusarium* sp. 4**

Colônias em AO a 25°C, crescimento radial 42 – 44 mm em 7 dias. Micélio aéreo denso e flocoso, branco a branco-creme, formando massa cotonosa uniforme. Margem regular, ligeiramente elevada (Figura 3A).

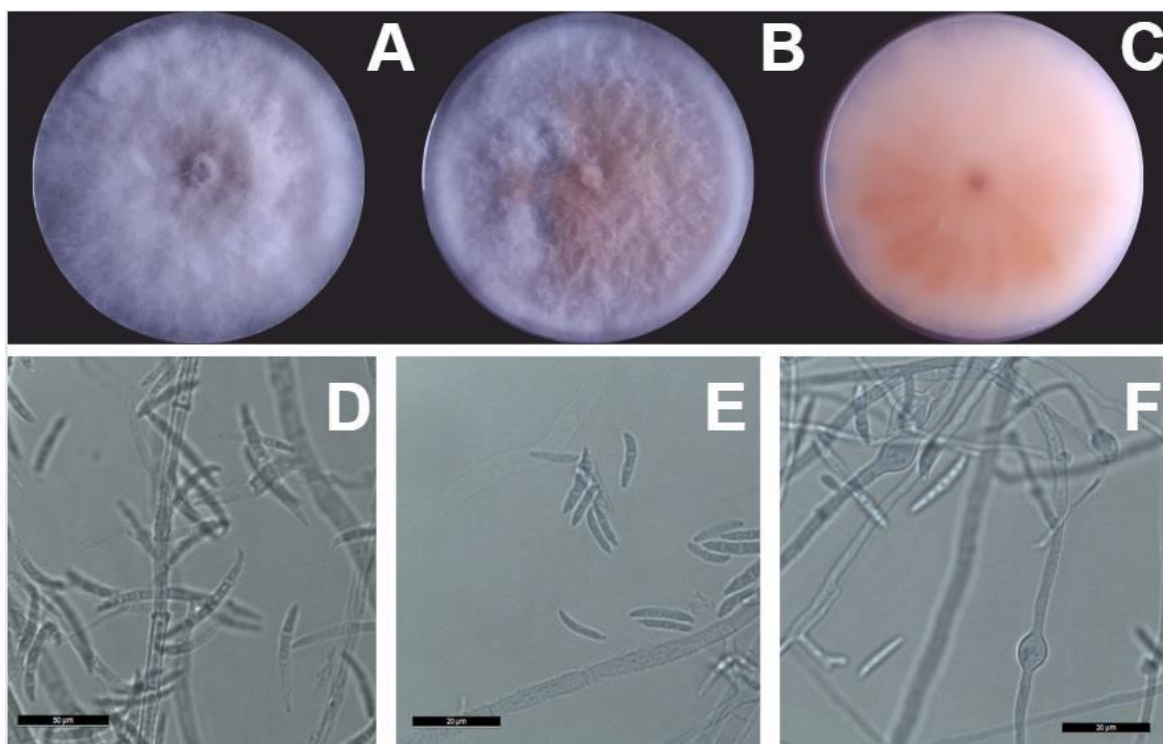
Em BDA a 25°C, crescimento radial 43 – 45 mm em 7 dias. Colônias com micélio aéreo denso flocoso, espesso e homogêneo, branco com centro de tonalidade branco-creme. O reverso varia de bege-claro a alaranjado, com pigmentação suave distribuída radialmente. Presença de exsudato hialino (Figura 3B-C).

Hifas hialinas, lisas e septadas. Conidióforos são simples ou pouco ramificados, fiálides monofiáldicas. As fiálides são subclavadas a cilíndricas, hialinas. Microconídio, curvos a levemente falciformes, 1 – 2 septos, medindo (8–) 10 – 20 (– 23) × 2 – 3 µm. Macroconídios falciformes, 3–5-septados, com célula apical afilada e célula basal arredondada ou discretamente pedicelada, medindo (18–) 20 – 30 (–35) × 4 – 5 µm. Clamidósporos intercalar solitários ou em pares, globosos a subglobosos, com paredes lisas a levemente espessadas, medindo (5–) 7,0 – 11 (–15) × 5 – 10 µm de diâmetro.

O conjunto das características morfológicas, colônias flocosas e pigmentadas em OA, macroconídios falciformes de 3–5 septos, microconídios curvos, fiálides simples e presença de clamidósporos intercalares, indicam afinidade com espécies do complexo *Fusarium incarnatum–equiseti*. O isolado compartilha semelhanças com *Fusarium caatingaense*, especialmente quanto à forma e septação dos macroconídios e ao padrão de conidiação, embora apresente micélio aéreo mais

abundante e pigmentação central mais extensa quando comparado à espécie descrita.

Figura 3. *Fusarium* sp. 4. Colônia em OA 7 dias a 25°C (A); Colônia em BDA 7 dias a 25°C: verso (B), reverso (C). Macroconídios (D). Microconídios (E). Clamidósporos (F).

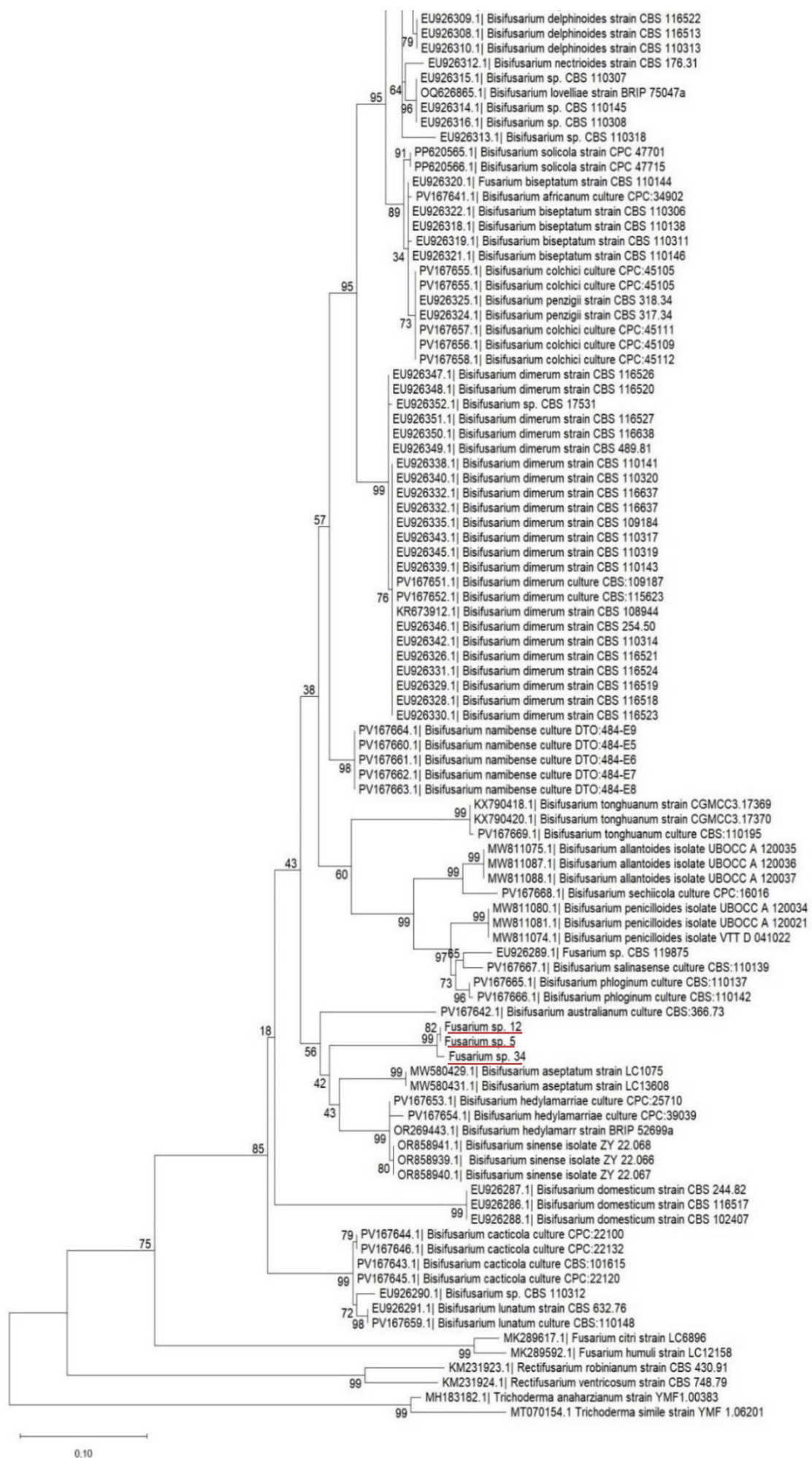


Autora: Tainá Delmondes

A análise filogenética evidenciou que os isolados 5, 12 e 34 estão intimamente relacionados, agrupando-se dentro do gênero *Bisifusarium*, formando uma linhagem próxima a *Bisifusarium australianum* e *B. aseptatum*, porém filogeneticamente distinta, sugerindo a existência de uma possível espécie nova (Figura 4 e Figura 5).

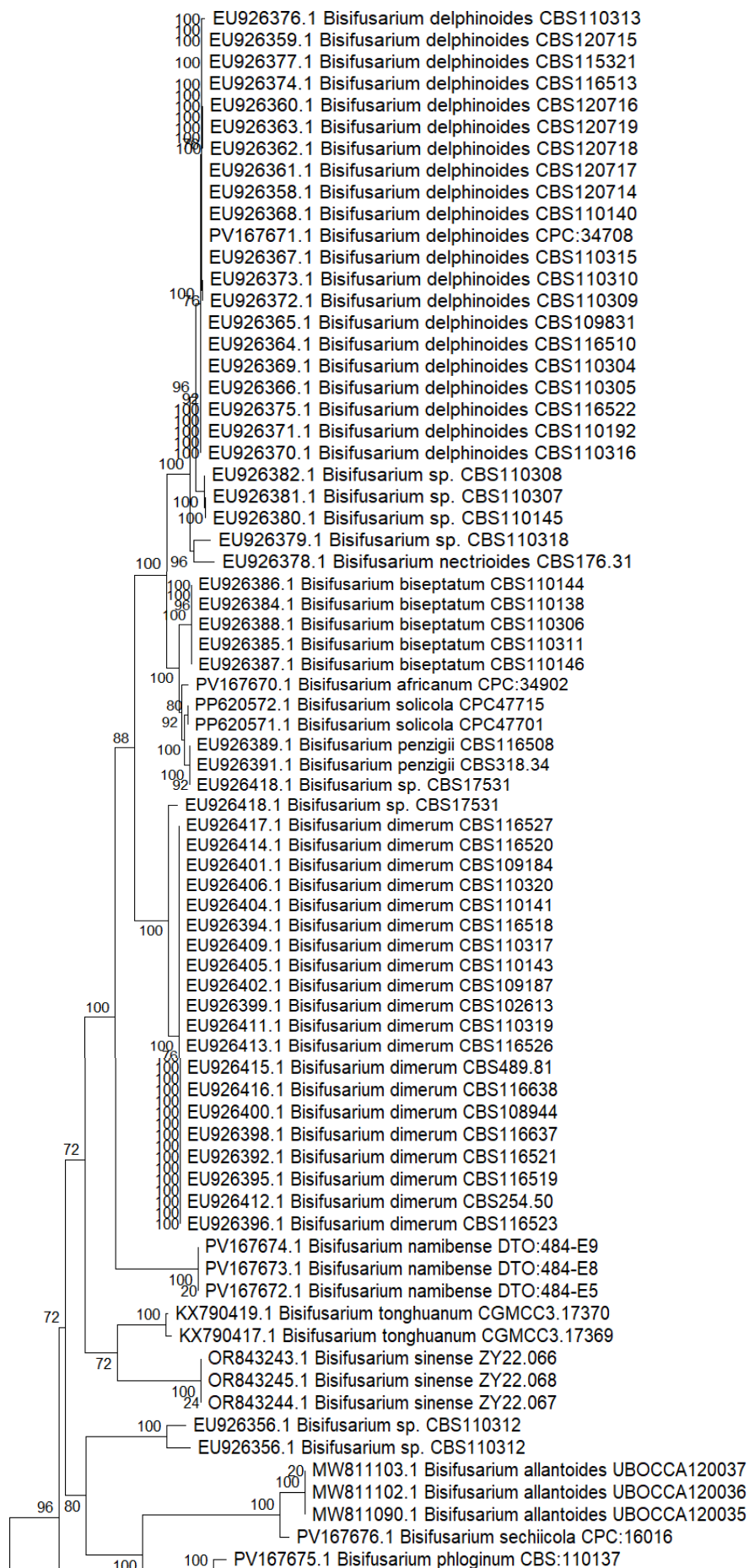
Figura 4. Árvore filogenética das espécies de *Bisifusarium* pelo método de máxima verossimilhança baseado no alinhamento múltiplo com sequências de nucleotídeos do gene *tef1*. *Fusarium citri*, *Fusarium humuli*, *Rectifusarium robinianum*, *Rectifusarium ventricosum*, *Trichoderma anaharzianum*, *Trichoderma simile*, foram usados como grupo externo.

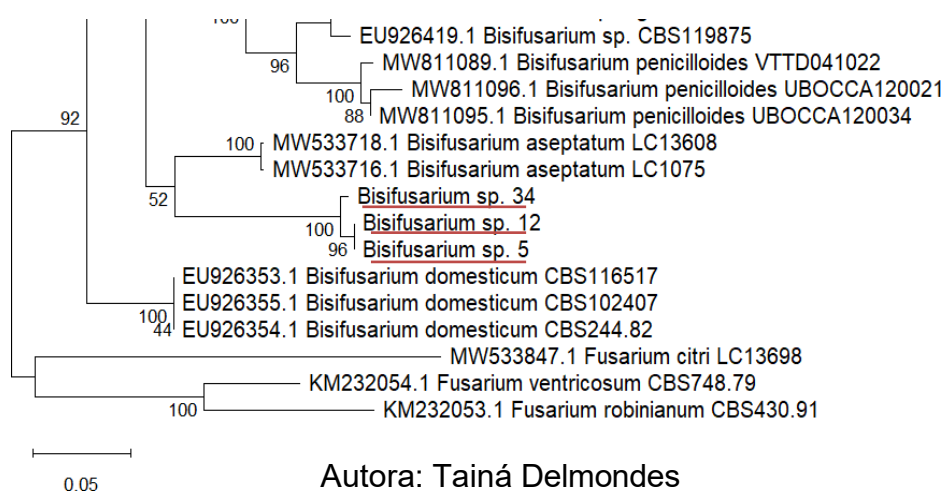




Autora: Tainá Delmondes

Figura 5. Árvore filogenética das espécies de *Bisifusarium* pelo método de máxima verossimilhança baseado no alinhamento múltiplo com sequências de nucleotídeos do gene β - tub. *Fusarium citri*, *Fusarium ventricosum*, *Fusarium robinianum*, foram usados como grupo externo.





O gênero *Bisifusarium* foi estabelecido recentemente para separar determinadas linhagens do amplo gênero *Fusarium* (Lombard et al., 2015; Zhang et al., 2024). Algumas espécies de *Bisifusarium* têm sido associadas a doenças relevantes em culturas alimentares e forrageiras. Por exemplo, *Bisifusarium delphinoides* é conhecida por causar podridões em raízes, enquanto outras espécies do gênero têm sido reportadas como agentes causais de podridões e deterioração pós-colheita em culturas como arroz, cana-de-açúcar e milho (Crous et al., 2021; Zhang et al., 2024). Os isolados de *Bisifusarium* identificados neste estudo não causaram mancha foliar em *A. sisalana*, mas podem ser potenciais agentes causadores de doenças em outras culturas e este é o primeiro relato deste gênero associado a *A. sisalana* e no semiárido da Bahia.

Além do impacto agrícola, certas espécies de *Bisifusarium* são capazes de produzir micotoxinas, e espécies como *B. delphinoides* e *B. dimerum* foram relatadas como oportunistas em infecções humanas, incluindo casos de ceratite e onicomicose (Ali et al., 2023).

***Bisifusarium* sp. 5**

Colônias em OA a 25 °C apresentaram crescimento radial 21 – 22 mm em 7 dias. Micélio aéreo hialino pouco denso com zonas radiais pouco marcadas, coloração branca a creme-rosada, margem plana e regular (Figura 6A).

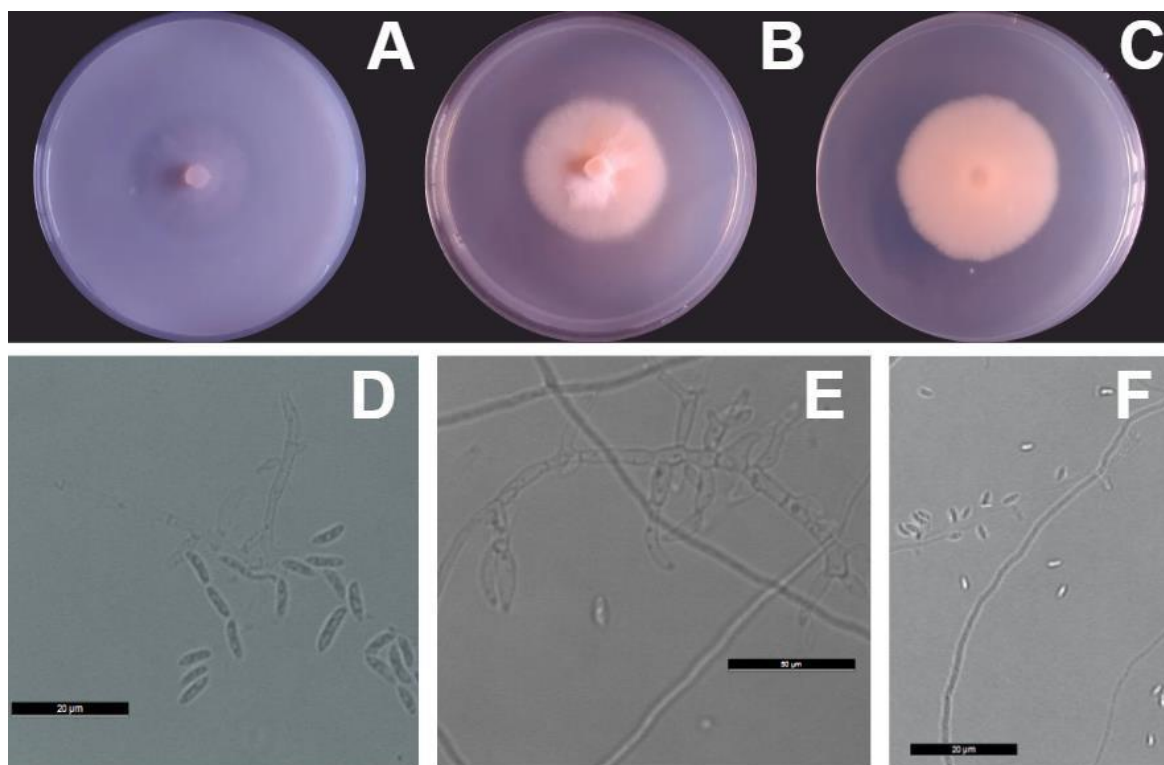
Colônias em BDA a 25 °C apresentaram crescimento radial 18 – 20 mm em 7 dias. Micélio aéreo pouco denso, cotonoso, formando uma massa central elevada de aspecto ramificado. Coloração variando entre branco-rosada a salmão-pálida. Margem é discretamente sulcada de modo radial. Reverso com coloração salmão-pálida. Ausência exsudato (Figura 6B-C).

Conidióforos simples a pouco ramificados, fiálides monofiálicas subuladas a

subcilíndricas inseridas lateralmente ao longo das hifas. Microconídios hialinos, lisos, predominantemente elipsóides a reniformes, majoritariamente aseptados, ocasionalmente 1 septo $3 - 6 \times 2 - 3 \mu\text{m}$. Macroconídios delgados, falciformes, levemente curvos, com laterais quase paralelas, afinando suavemente em ambas as extremidades. Possuem 1– 3 septos e medem $(6,4-7 - 10 (-11,5) \times 3 - 4 \mu\text{m}$. Clamidósporos não observados.

O conjunto das características morfológicas indica afinidade com espécies do gênero *Bisifusarium*. O isolado compartilha semelhanças com *Bisifusarium aseptatum*, especialmente quanto ao formato e septação reduzida dos conídios. Entretanto, distingue-se pelo crescimento mais lento em OA, maior densidade de micélio central em BDA, pigmentação salmão-pálida mais evidente no reverso e macroconídios ligeiramente mais frequentes e mais robustos que os descritos para *B. aseptatum*.

Figura 6. *Bisifusarium* sp. 5. Colônia em OA 7 dias a 25°C (A); Colônia em BDA 7 dias a 25°C: verso (B), reverso (C); Macroconídios (D); Fiálides (E); Microconídios (F).

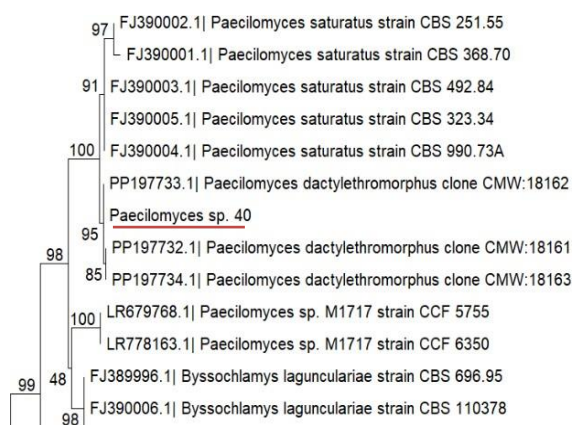


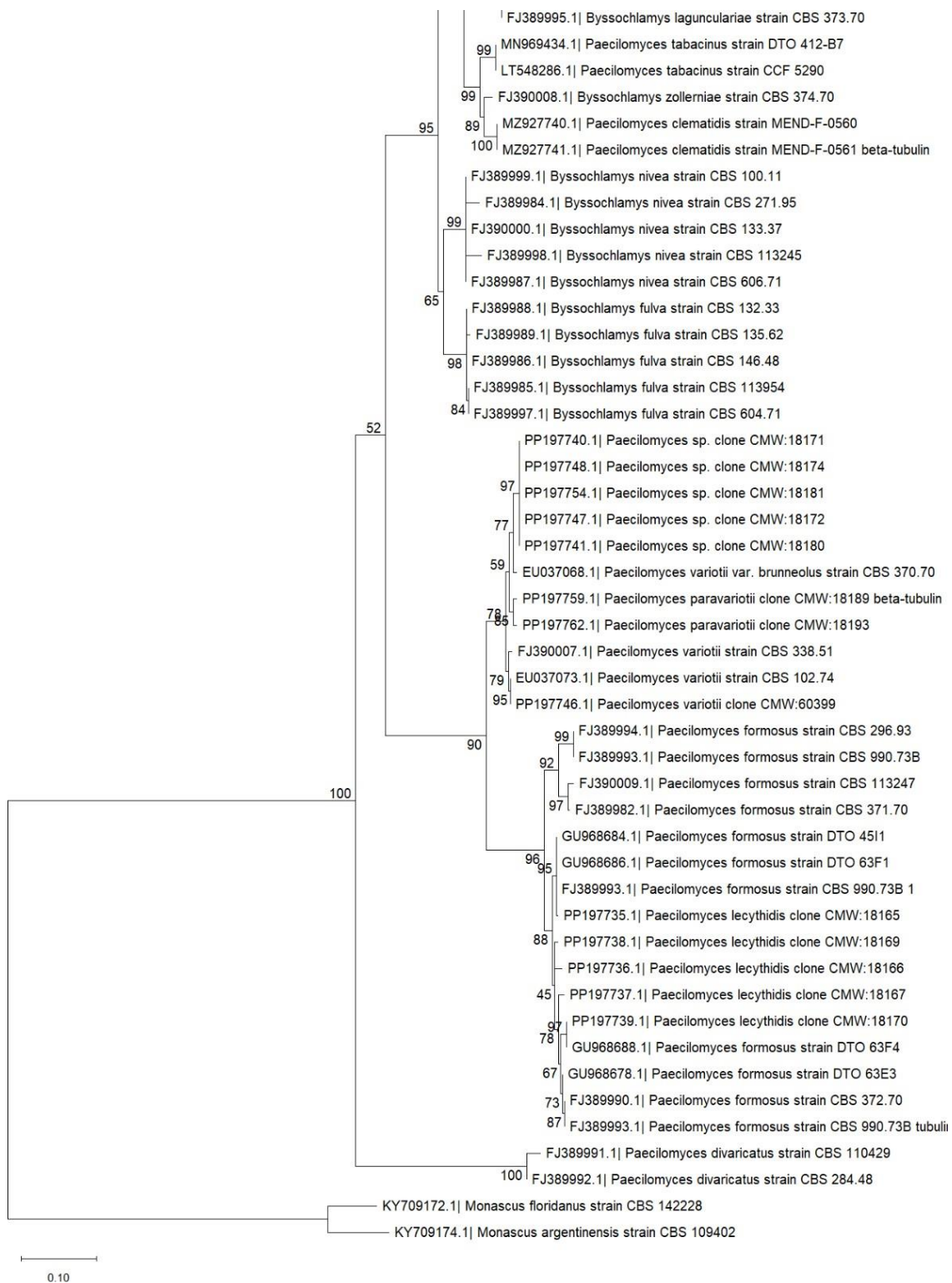
Autora: Tainá Delmondes

A análise filogenética demonstrou que o isolado 40 se agrupa de forma consistente dentro do gênero *Paecilomyces*, exibindo estreita relação com *Paecilomyces dactylethromorphus*, tanto para o gene β - tub quanto para o rpb2, o que confirma sua identidade com alto suporte estatístico (Figura 5 e 6). O gênero, historicamente abrangente e heterogêneo, passou por extensas revisões após análises multilocus evidenciarem seu caráter polifilético. Esse processo levou à redistribuição de várias espécies para novos gêneros, porém *P. dactylethromorphus* permaneceu em *Paecilomyces*, compondo uma linhagem filogeneticamente bem delimitada (Inglis; Tigano 2006; Luangsa-ard et al., 2011).

Espécies de *Paecilomyces* apresentam ampla distribuição ambiental, sendo encontradas em solo, matéria orgânica em decomposição, rizosfera, sedimentos marinhos, produtos alimentícios e até como parasitas de insetos e nematoides, refletindo sua elevada plasticidade ecológica (Wu, 1985; Basso et al., 2010; Shi et al., 2025; Moreno-Gavéria et al., 2020). Essa diversidade ecológica está associada à sua versatilidade metabólica, evidenciada pela capacidade de produzir enzimas extracelulares, como proteases, quitinases e celulases, e uma ampla gama de metabólitos bioativos, incluindo compostos antimicrobianos, fungicidas, nematocidas e citotóxicos, utilizados tanto em bioprocessos quanto como potenciais agentes de biocontrole (Piatkowski; Krzyzewska; Nawrot, 2003; Saha et al., 2016; Moreno-Gavéria et al., 2020). Embora frequentemente associado a interações benéficas, o gênero também inclui espécies patogênicas (Antas et al., 2012; Torabi et al., 2019). No entanto, não havia registros prévios da associação de *P. dactylethromorphus* com sintomas foliares em *Agave sisalana*.

Figura 7. Árvore filogenética das espécies de *Paecilomyces* pelo método de máxima verossimilhança baseado no alinhamento múltiplo com sequências de nucleotídeos do gene β - tub. *Monascus floridanus* e *Monascus argentinensis* foram usados como grupo externo.

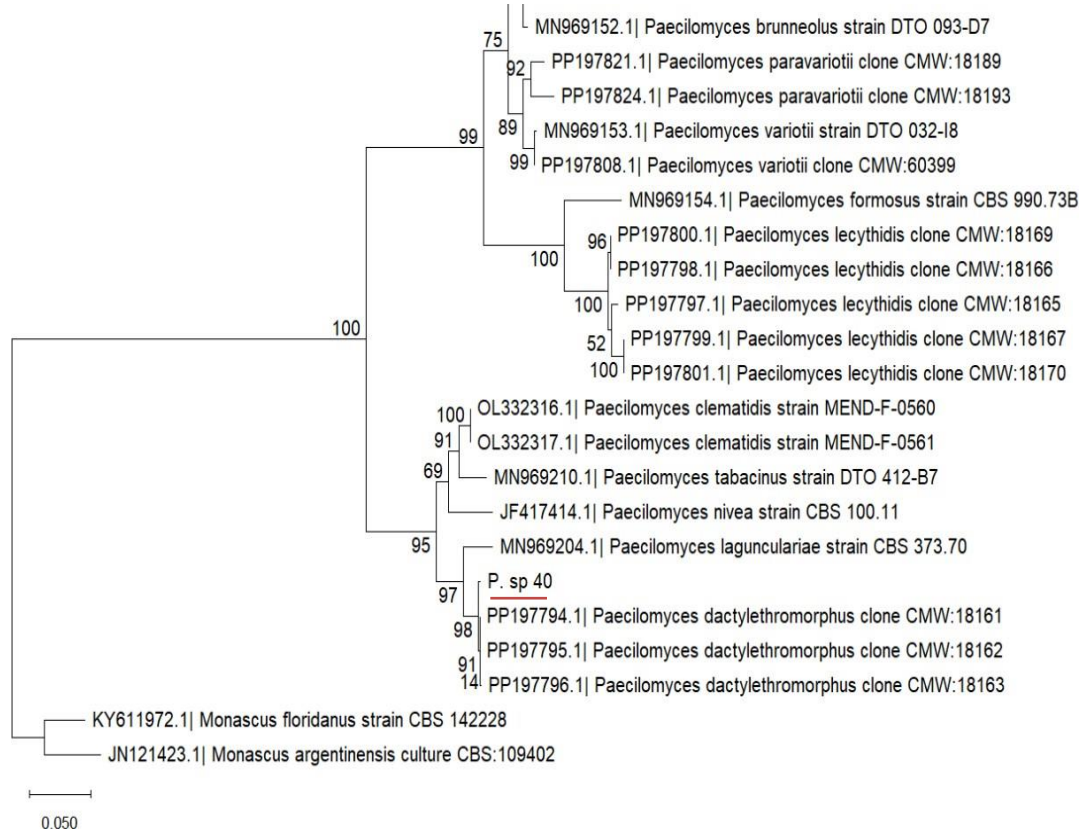




Autora: Tainá Delmondes

Figura 8. Árvore filogenética das espécies de *Paecilomyces* pelo método de máxima verossimilhança baseado no alinhamento múltiplo com sequências de nucleotídeos do gene *rpb2*. *Monascus floricatus* e *Monascus argentinensis* foram usados como grupo externo.

57 PP197802.1| *Paecilomyces* sp. clone CMW:18171
 94 PP197816.1| *Paecilomyces* sp. clone CMW:18181
 99 PP197810.1| *Paecilomyces* sp. clone CMW:18174
 95 PP197809.1| *Paecilomyces* sp. clone CMW:18172
 PP197803.1| *Paecilomyces* sp. clone CMW:18180



Autora: Tainá Delmondes

4.2 Avaliação *in vitro* da eficiência de *Trichoderma* spp. no controle de isolados fúngicos

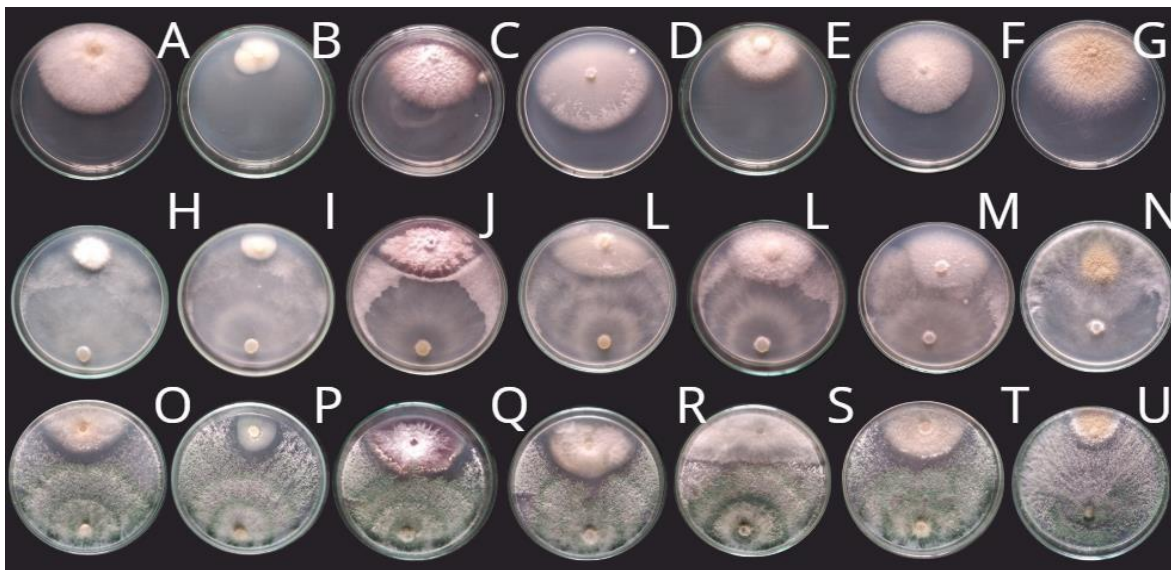
Avaliou-se o potencial antagonístico dos isolados *T. asperellum* (F12) e *T. spirale* (R62) frente aos diferentes isolados fúngicos testados, pelo método de cultivo pareado. As porcentagem de inibição do crescimento micelial estão apresentadas na Tabela 3 e a figura 9 ilustra o pareamento das culturas.

Tabela 3. Inibição (%) do crescimento micelial de isolados fúngicos: *Fusarium* sp. (4, 6, 7, 36, 37), *Bisifusarium* sp. (5) e *Paecilomyces* sp. (40), por *Trichoderma asperellum* (F12) e *Trichoderma spirale* (R62) em ensaio de cultura pareada.

Tratamentos	Isolados fúngicos						
	4	5	6	7	36	37	40
	% Inibição						
F12	48,18 a	34,00 a	48,90 b	56,86 a	42,64 a	33,96 a	69,49 a
R62	50,36 a	34,10 a	58,08 a	38,70 b	41,48 a	33,77 a	34,53 b
Controle	0,00 b	0,00 b	0,00 c	0,00 c	0,00 b	0,00 b	0,00 c
CV %	28,62	22,58	10,66	14,61	23,52	17,31	14,03

Médias seguidas pela mesma letra na coluna não diferem entre si, pelo teste de Tukey ($p \leq 0,05$).

Figura 9. Ensaio de cultura pareada dos isolados fúngicos. Controles: *Fusarium* sp. 4(A), *Bisifusarium* sp. 5(B), *Fusarium* sp. 6(C), *Fusarium* sp. 7(D), *Fusarium* sp. 36(E), *Fusarium* sp. 37(F) e *Paecilomyces* sp. 40(G). Tratamento com *Trichoderma spirale* (R62): 4(H), 5(I), 6(J), 7(K), 36(L), 37(M) e 40(N). Tratamento com *Trichoderma asperellum* (F12): 4(O), 5(P), 6(Q), 7(R), 36(S), 37(T) e 40(U).



Autora: Tainá Delmondes

Trichoderma asperellum (F12) apresentou maior capacidade de inibição contra o isolado *Paecilomyces* sp. 40, atingindo 69,49%, estatisticamente superior aos demais tratamentos. Por sua vez, *T. spirale* (R62) apresentou maior eficácia contra o isolado *Fusarium* sp. 6, com 58,08% de inibição, significativamente superior ao percentual obtido pelo *T. asperellum* (F12) (48,90%). Nos isolados *Fusarium* sp. 4, *Bisifusarium* sp. 5, *Fusarium* sp. 36 e *Fusarium* sp. 37, tanto *T. asperellum* (F12) quanto *T. spirale* (R62) apresentaram efeitos inibitórios semelhantes, sem diferença estatística significativa entre eles, porém ambos foram significativamente superiores ao controle, evidenciando o efeito antagonista na interação fúngica. Para o isolado *Fusarium* sp. 7, o antagonista *T. asperellum* (F12) foi mais eficiente, com 56,86% de inibição, em comparação aos 38,7% de inibição promovidos por *T. spirale* (R62).

Estudos têm destacado o potencial do gênero *Trichoderma* como agente biocontrolador eficaz contra diversas espécies patogênicas de *Fusarium* em testes *in vitro* (Vinali et al., 2008; Tančić-Živanov et al., 2017; Anjum et al., 2020). Segundo Harman et al. (2006), *Trichoderma* spp. apresentam múltiplos mecanismos de

antagonismo, incluindo competição por espaço e nutrientes, produção de enzimas hidrolíticas que degradam a parede celular do fungo patogênico e a liberação de metabólitos antifúngicos que inibem o crescimento do patógeno. Nos ensaios conduzidos neste estudo, foi possível distinguir diferenças nas estratégias utilizadas pelos dois isolados avaliados. O isolado *T. asperellum* (F12) formou halos de inibição bem definidos frente à maior parte dos fitopatógenos testados, podendo indicar ação química mediada por metabólitos difusíveis. Em contraste, o isolado *T. spirale* (R62) apresentou um comportamento mais próximo de mecanismos de competição por espaço e nutriente, ou possivelmente ação de micoparasitismo, sendo análises adicionais necessárias para a confirmação (Figura 10). Esses mecanismos contribuem para a alta eficácia observada em ensaios de inibição de cultura pareada.

Além disso, Quevedo et al. (2023) relataram a eficácia de isolados de *Trichoderma* no controle de *Fusarium oxysporum* em culturas hortícolas, observando taxas de inibição superiores a 60% em condições laboratoriais. Resultados semelhante apresentados por Chen et al. (2021), que demonstraram que isolados de *Trichoderma* spp. apresentam variados graus de antagonismo contra *F. oxysporum* em ensaios de cultura pareada, com inibição do crescimento micelial superior a 30%, atribuída à produção de enzimas hidrolíticas e metabólitos antifúngicos, e Azevedo et al. (2020) encontraram diferenças significativas na capacidade antagonista entre isolados de *Trichoderma* na inibição de *Fusarium solani*. Esses resultados corroboram aos obtidos no presente trabalho.

A diversidade genética de *Trichoderma* contribui para a variabilidade do potencial antagonista, o que explica as diferenças observadas entre *T. asperellum* (F12) e *T. spirale* (R62) frente a diferentes isolados de *Fusarium* (Figura 9). Slama et al. (2023) discutem que a seleção de isolados antagonistas específicos para o controle efetivo de *Fusarium* em culturas agrícolas é fundamental, uma vez que características adaptativas locais e a compatibilidade entre antagonista e patógeno influenciam diretamente os resultados práticos do controle biológico.

A avaliação da inibição do crescimento micelial do patógeno por compostos orgânicos voláteis (COVs) produzidos pelos isolados de *Trichoderma* mostrou diferenças estatisticamente significativas entre os tratamentos para todos os isolados testados ($p < 0,05$) (Tabela 4) com exceção do isolado *Paecilomyces* sp.

40 (Figura 10). O isolado *Bisifusarium* sp. 5 foi o mais sensível à ação dos voláteis, apresentando maiores percentuais de inibição por *T. asperellum* (F12) (48,68%) e *T. spirale* (R62) (44,73%), sem diferença significativa entre os dois antagonistas. O isolado *Fusarium* sp. 6 foi inibido apenas por *T. asperellum* (F12) (15,79%), enquanto *T. spirale* (R62) não causou inibição. O antagonista *T. spirale* (R62) foi mais eficaz no isolado *Fusarium* sp. 4 (28,88%) comparado ao *T. asperellum* (F12) (9,72%). Para os isolados *Fusarium* sp. 7 e *Fusarium* sp. 36, ambos os isolados de *Trichoderma* apresentaram baixo efeito inibitório, com inibição entre 6,57% e 17,04%. No isolado *Fusarium* sp. 37, *T. spirale* (R62) mostrou maior inibição (21,05%) do que *T. asperellum* (F12) (10,52%).

Tabela 4. Inibição (%) do crescimento micelial de isolados fúngicos: *Fusarium* sp. (4, 6, 7, 36, 37) e *Bisifusarium* sp. (5), por compostos orgânicos voláteis de *Trichoderma asperellum* (F12) e *Trichoderma spirale* (R62).

Tratamento	% Inibição					
	4	5	6	7	36	37
F12	9,72 b	48,68 a	15,79 a	17,04 a	6,57 a	10,52 b
R62	28,88 a	44,73 a	0,00 b	13,63 a	0,00 b	21,05 a
Controle	0,00 c	0,00 b	0,00 b	0,00 b	0,00 b	0,00 c
CV %	23,57	10,11	25,64	29,27	22,68	21,05

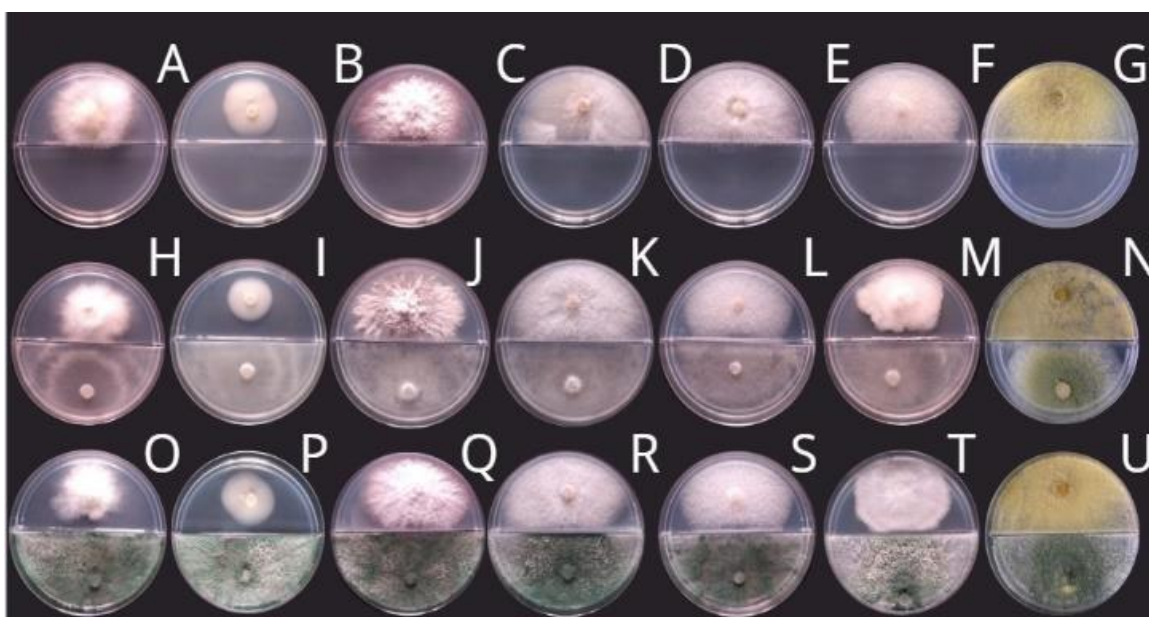
Médias seguidas pela mesma letra na coluna não diferem entre si, pelo teste de Tukey ($p \leq 0,05$).

A variabilidade observada entre os isolados patogênicos confirma que a atividade antifúngica dos COVs é dependente das particularidades metabólicas de cada genótipo envolvido na interação. Os compostos produzidos por *Trichoderma*, como álcoois, cetonas, terpenos e, sobretudo, lactonas voláteis como a 6-pentil- α -pirona (6-PP), apresentam capacidade de inibir espécies de *Botrytis*, *Fusarium*, *Rhizoctonia*, *Alternaria*, *Sclerotinia*, com diferenças entre as linhagens (Li et al., 2018; You et al., 2022; Jong et al., 2023). A maior sensibilidade de *Bisifusarium* sp. 5, por exemplo, reflete relatos já documentados na literatura, em que a exposição a misturas voláteis pode resultar em supressões superiores a 50%, evidenciando que certos patógenos possuem menor tolerância à ação desses compostos (Kong et al., 2022; Jong et al., 2023).

A composição e a intensidade dos COVs variam substancialmente entre cepas de *Trichoderma*, influenciando diretamente o grau de inibição observado em ensaios de cultivo duplo (Ruangwong et al., 2021). Esses padrões reforçam que a

eficácia dos compostos voláteis varia conforme o patógeno, sugerindo que algumas espécies apresentam respostas fisiológicas capazes de reduzir o impacto desses metabólitos, o que resulta em menor suscetibilidade aos voláteis emitidos. Portanto, embora os COVs representem um componente essencial para o biocontrole, sua eficácia depende da compatibilidade entre os genótipos envolvidos, tornando indispensável a seleção cuidadosa de isolados antagonistas com perfis voláteis compatíveis com os patógenos predominantes na cultura de interesse (Modrzewska et al., 2022; Jong et al., 2023).

Figura 10. Ensaio de compostos orgânicos voláteis dos isolados fúngicos. Controles: *Fusarium* sp. 4(A), *Bisifusarium* sp. 5(B), *Fusarium* sp. 6(C), *Fusarium* sp. 7(D), *Fusarium* sp. 36(E), *Fusarium* sp. 37(F) e *Paecilomyces* sp. 40(G); Tratamento com *Trichoderma spirale* (R62): 4(H), 5(I), 6(J), 7(K), 36(L), 37(M) e 40 (N); Tratamento com *Trichoderma asperellum* (F12): 4(O), 5(P), 6(Q), 7(R), 36(S), 37(T) e 40(U).

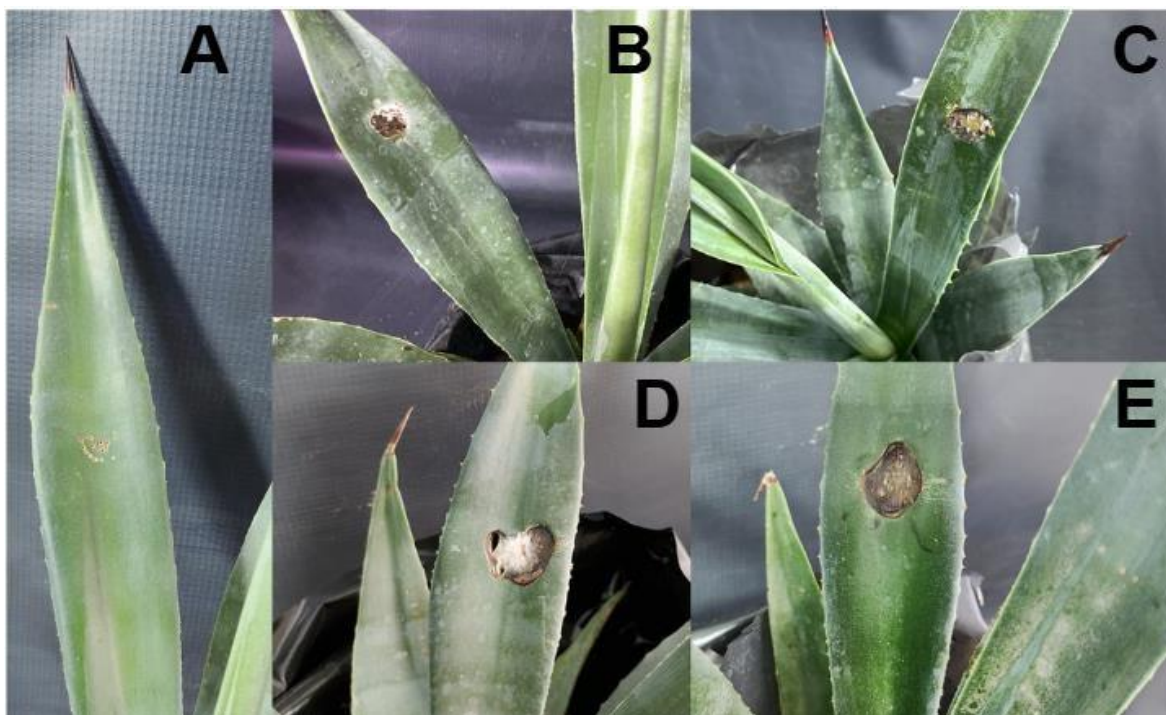


Autora: Tainá Delmondes

4.3 Teste de patogenicidade e efeito de *Trichoderma* spp. no controle de fitopatógenos em condições de casa de vegetação

Dentre os isolados fúngicos obtidos neste trabalho, quatro foram capazes de causar mancha foliar em *A. sisalana*, sendo eles: isolado *Fusarium* sp. 4, *Fusarium* sp. 6, *Fusarium* sp. 7 e *Paecilomyces* sp. 40 (Figura 11).

Figura 11. Teste de patogenicidade das manchas foliares em *Agave sisalana*. Controle (A). Isolados: *Fusarium* sp. 4(B), *Fusarium* sp. 6(C), *Fusarium* sp. 7(D) *Paecilomyces* sp. 40(E).



Autora: Tainá Delmondes

No tratamento preventivo, no qual os isolados de *Trichoderma* foram aplicados previamente à inoculação do fitopatógeno, a análise de variância revelou efeito significativo dos tratamentos sobre a severidade das manchas foliares causadas pelos isolados *Fusarium* sp. 4, *Fusarium* sp. 6 e *Fusarium* sp. 7 ($p < 0,05$) (Tabela 5).

Tabela 5. Análise de Variância das manchas foliares com tratamento preventivo com *Trichoderma asperellum* e *T. spirale*.

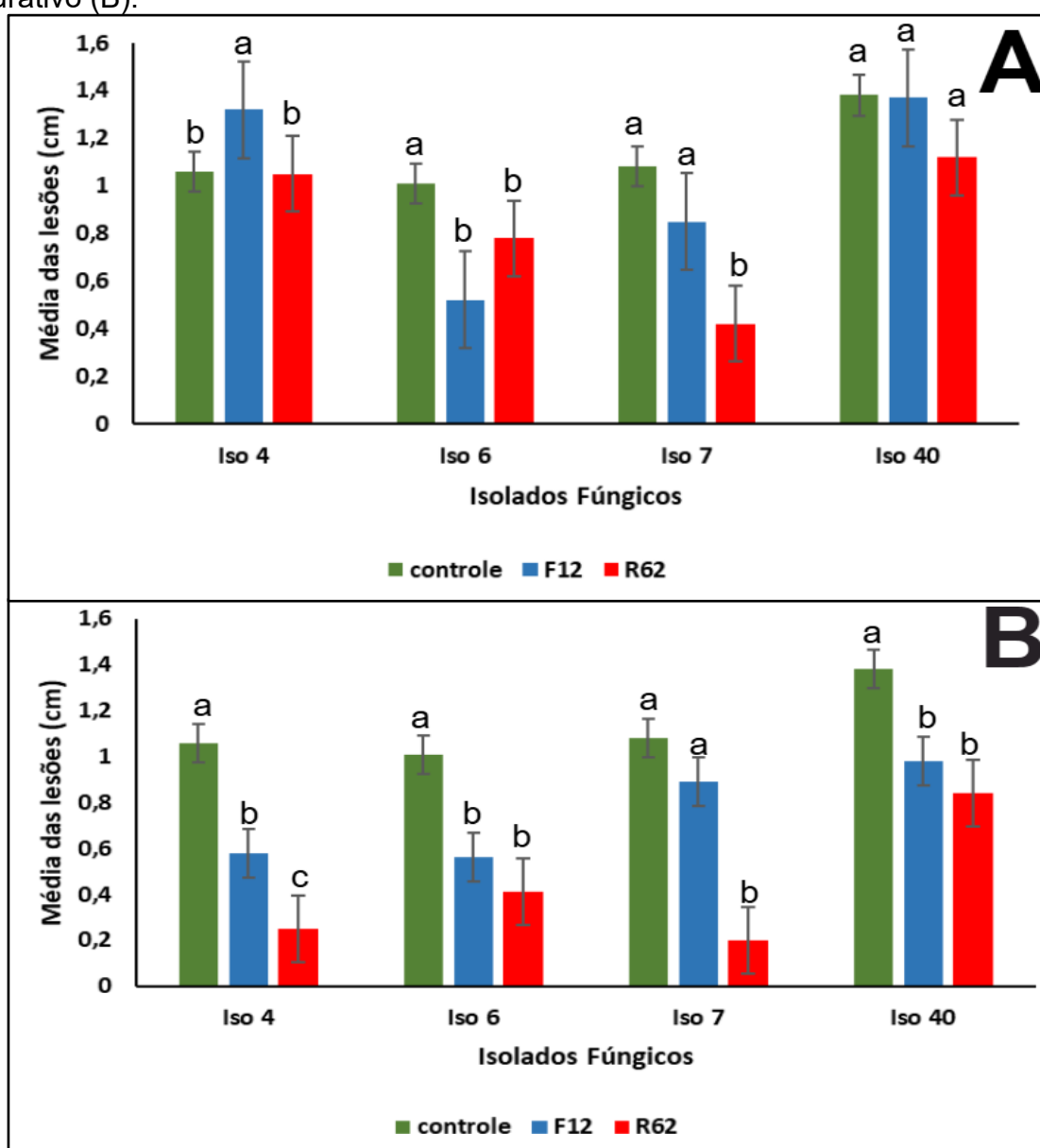
FV	GL	QM _{ISO4}	QM _{ISO6}	QM _{ISO7}	QM _{ISO40}
Tratamento	2	0,07 *	0,18*	0,33*	0,07
Resíduo	6	0,00	0,02	0,03	0,05
CV %		6,16	18,66	21,38	16,93

*Valor de p significativo ($p < 0,05$) a 5% de significância.

Para o isolado *Fusarium* sp. 6, tanto *T. asperellum* (F12) quanto *T. spirale* (R62) promoveram redução do tamanho das lesões foliares em comparação ao controle, sem diferenças estatísticas entre si. No entanto, para o isolado *Fusarium* sp. 7 observou-se diferença significativa entre os antagonistas, sendo *T. spirale*

(R62) o mais eficaz na redução das lesões. Em relação ao isolado *Fusarium* sp. 4, não foram detectadas diferenças significativas entre o controle e o tratamento com *T. spirale* (R62), enquanto o tratamento com *T. asperellum* (F12) resultou em lesões ligeiramente maiores. Comportamento semelhante foi observado para o isolado *Paecilomyces* sp. 40, embora as diferenças não tenham sido estatisticamente significativas (Figura 12A).

Figura 12. Potencial de biocontrole de *Trichoderma asperellum* (F12) e *Trichoderma spirale* (R62) contra manchas foliares causadas pelos fungos *Fusarium* sp. 4, *Fusarium* sp. 6, *Fusarium* sp. 7 e *Paecilomyces* sp. 40 em *Agave sisalana* cultivado em casa de vegetação. Tratamento preventivo (A); tratamento curativo (B).



No tratamento curativo, no qual os isolados de *Trichoderma* foram aplicados após à inoculação do fitopatógeno (isolados *Fusarium* sp. 4, *Fusarium* sp. 6, *Fusarium* sp. 7 e *Paecilomyces* sp. 40), foram obtidas diferenças significativas entre os tratamentos ($p < 0,05$) (Tabela 6). Para os isolados *Fusarium* sp. 6 e *Paecilomyces* sp. 40, ambos isolados de *Trichoderma* reduziram significativamente a severidade da doença, sem diferirem entre si. Para o isolado *Fusarium* sp. 4, *T. asperellum* (F12) e *T. spirale* (R62) foram estatisticamente superiores ao controle, com *T. spirale* (R62) demonstrando maior eficiência na redução das manchas foliares. Em contrapartida, para o isolado *Fusarium* sp. 7, *T. spirale* (R62) também apresentou o melhor desempenho, enquanto *T. asperellum* (F12) não diferiu do controle (Figura 12B).

Tabela 6. Análise de Variância das manchas foliares com tratamento curativo com *Trichoderma asperellum* e *T. spirale*.

FV	GL	QM _{ISO4}	QM _{ISO6}	QM _{ISO7}	QM _{ISO40}
Tratamento	2	0,56 *	0,29 *	0,64 *	0,23 *
Resíduo	6	0,01	0,01	0,01	0,01
CV %		12,09	12,91	16,01	6,69

*Valor de p significativo a 5% de significância

A principal doença que acomete a cultura do sisal é a podridão vermelha, causada por *Aspergillus welwitschiae*, que resulta em perdas significativas na produção (Duarte et al., 2019). Além dessa, outras doenças como manchas foliares, podridões e murchas vasculares afetam *Agave*, sendo atribuídas principalmente a fungos dos gêneros *Fusarium*, *Neoscytalidium* e *Alternaria* (Gautam, 2013; Vega-Ramos; Uvalle-Bueno; Gómez-Leyva, 2013; Xie et al., 2021; Wu et al., 2024).

Ramírez-Ramírez et al. (2017) identificaram isolados do complexo *Fusarium oxysporum* e *Fusarium solani* como agentes causadores de murchas e podridões em *Agave tequilana*. O presente estudo amplia a compreensão ao identificar isolados *Fusarium* sp. 4, *Fusarium* sp. 6 e *Fusarium* sp. 7 como causadores de manchas foliares em *A. sisalana*.

Outros gêneros de fungos, como *Alternaria*, têm sido frequentemente associadas a sintomas de manchas foliares, com relatos em *Agave americana*

(Gautam, 2013; Mirhosseini et al., 2015) e no Híbrido 400 folhas (Neves et al., 2025), indicando que este gênero também possui relevância fitopatogênica para a cultura do sisal. Entretanto, a identificação do gênero *Paecilomyces* (isolado 40) como agente de lesões foliares em *A. sisalana* demonstra um relevante registro de ocorrência, pois este gênero é mais conhecido pelo seu potencial como agente de biocontrole contra nematoides e fungos fitopatogênicos, devido à produção de enzimas hidrolíticas e metabólitos antifúngicos (Moreno-Gavira et al., 2020; Mitu et al., 2025). Entretanto, há relatos que indicam a capacidade de espécies de *Paecilomyces*, como por exemplo, *Paecilomyces variotii*, *P. puntoni* e *P. carneus*, em reduzir o desenvolvimento radicular de feijão-caupi, pepino, soja, sorgo, quiabo e amendoim (Andrew; George; Emmanuel, 2018).

O desafio para o manejo fitossanitário da cultura do sisal é agravado pela ausência de defensivos agrícolas químicos registrados para seu controle no Brasil (Agrofit, 2025). Este cenário, aliado ao incentivo crescente para o manejo sustentável, aponta para o uso promissor de agentes de biocontrole, especialmente do gênero *Trichoderma*, como estratégia viável. Estratégias de biocontrole tornam-se essenciais considerando o papel socioeconômico do sisal no semiárido baiano, no qual a cultura representa importante fonte de renda e matéria-prima para a indústria de fibras naturais. Lesões foliares e podridões afetam diretamente a qualidade da fibra, sua resistência e produtividade, o que impacta negativamente as comunidades produtoras (Gautam, 2013; Mirhosseini et al., 2015).

Os resultados obtidos em mudas de sisal, em condições de casa de vegetação, sugerem que o controle curativo com *Trichoderma* tende a ser mais eficiente na aplicação curativa do que na preventiva, provavelmente porque o antagonista pode agir diretamente sobre o micélio do patógeno nos tecidos da folha de sisal, competindo por espaço e nutrientes, produzindo metabólitos antifúngicos ou parasitando o patógeno (Tyśkiewicz et al., 2022). Este entendimento reforça a necessidade da realização de novos ensaios na planta para confirmar o efeito curativo e otimizar as estratégias de aplicação desses agentes biológicos na cultura do sisal. A combinação desses isolados de *Trichoderma* também deve ser avaliada.

5. CONSIDERAÇÕES FINAIS

As análises filogenéticas realizadas neste estudo revelaram a presença de fungos associados às manchas foliares do sisal pertencentes aos gêneros *Fusarium*, *Bisifusarium* e *Paecilomyces*. Os isolados de *Fusarium* e *Bisifusarium* apresentaram divergências genéticas em relação às espécies descritas na literatura, sugerindo a possível existência de espécies novas. Entretanto, torna-se necessária a realização de análises filogenéticas adicionais, incorporando outros marcadores genéticos e a construção de árvores concatenadas, bem como a aplicação de métodos complementares, como a inferência Bayesiana, a fim de aumentar a robustez e a confiabilidade das inferências obtidas. Os testes de patogenicidade confirmaram que os isolados *Fusarium* sp. 4, *Fusarium* sp 6, *Fusarium* sp 7 e *Paecilomyces* sp. 40 são fitopatogênicos, causando lesões foliares, ampliando o conhecimento sobre os agentes etiológicos da cultura. Destaca-se especialmente o *Paecilomyces* sp. (isolado 40), que representa o primeiro relato desse gênero como agente etiológico de manchas foliares em *Agave*, reforçando a importância da identificação precisa dos fitopatógenos para orientar estratégias de manejo.

Os ensaios *in vitro* e em casa de vegetação demonstraram que *Trichoderma asperellum* (F12) e *T. spirale* (R62) apresentam potencial de biocontrole, embora com eficácia variável entre os patógenos e maior desempenho observado no tratamento curativo. Esses resultados indicam que fungos desse gênero constituem uma alternativa promissora e sustentável para o manejo das manchas foliares do sisal, especialmente diante da ausência de defensivos agrícolas registrados para a cultura. Estudos adicionais em condições campo são necessários para validar e consolidar sua aplicação prática no sistema produtivo.

6. REREFÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AGROFIT - MINISTÉRIO DA AGRICULTURA, PECUÁRIA E ABASTECIMENTO. Coordenação-Geral de Agrotóxicos e Afins/DFIA/DAS. Disponível em: http://agrofit.agricultura.gov.br/agrofit_cons/principal_agrofit_cons. Acesso em: ago. 2025.

AL-HATMI, A. M.; MEIS, J. F.; DE HOOG, G. S. *Fusarium*: molecular diversity and intrinsic drug resistance. **PLoS Pathogens**, v. 12, n. 4, p. e1005464, 2016.

ALI, A., ÖLMEZ, F., TATAR, M.; TABBASUM, I.; AZEEM, H.; SARWAR, R.; ALI, F. Mycotoxin production by *Fusarium* species and a recent deep insight into management through biocontrol approaches. **Journal of Global Innovations in Agricultural Sciences**, v. 11, p. 455-480, 2023.

ALTSCHUL, S. F. Gapped BLAST and PSI-BLAST: a new generation of protein database search programs. **Nucleic Acids Research**, v. 25, n. 17, p. 3389-3402, 1997.

ANDRADE, R.; ORNELAS, J.; BRANDÃO, W. Situação atual do sisal na Bahia e suas novas possibilidades de utilização e aproveitamento. **Comunicação Seagri**, p. 14-19, 2012.

ANDREW, M. A.; GEORGE, O. T.; EMMANUEL, A. Comparative growth of three *Paecilomyces* species on natural media and the pathological effects of their cultural metabolites. 2018.

ANJUM, N. A.; SHAHID, A. A.; IFTIKHAR, S.; MUBEEN, S.I.M.; AHMAD, M. H.; JAMIL, Y, REHAN; M.K.N, AZIZ, A.; ABBAS, S.I.A.A. Evaluations of *Trichoderma* isolates for biological control of *Fusarium* wilt of chili. **Plant Cell Biotechnology and Molecular Biology**, v. 21, n. 59-60, p. 42, 2020.

ANTAS, P. R.; BRITO, M. M.; PEIXOTO, E.; PONTE, C. G.; BORBA, C. M. Neglected and emerging fungal infections: review of hyalohyphomycosis by *Paecilomyces lilacinus*. **Microbes and Infection**, v. 14, n. 1, p. 1–8, 2012.

AOKI, T.; TANAKA, F.; SUGA, H.; HYAKUMACHI, M.; SCANDIANI, M. M.; O'DONNELL, K. *Fusarium azukicola* sp. nov., an exotic azuki bean root-rot pathogen in Hokkaido, Japan. **Mycologia**, v. 104, n. 5, p. 1068-1084, 2012.

AOKI, T.; O'DONNELL, K.; SCANDIANI, M. M. Sudden death syndrome of soybean in South America is caused by four species of *Fusarium*. **Mycoscience**, v. 46, p. 162-183, 2005.

APG IV. An update of the Angiosperm Phylogeny Group classification for the orders and families of flowering plants. **Botanical Journal of the Linnean Society**, v. 181, n. 1, p. 1-20, 2016.

ARIE, T. *Fusarium* diseases of cultivated plants, control, diagnosis, and molecular and genetic studies. **Journal of Pesticide Science**, v. 44, n. 4, p. 275-281, 2019.

ATLAS DO DESENVOLVIMENTO HUMANO NO BRASIL. Disponível em: <http://www.atlasbrasil.org.br/>. Acesso em: novembro 2025.

AVILA, C. F.; MOREIRA, G. M., NICOLLI, C. P., GOMES, L. B., ABREU, L. M., PFENNING, L. H., HAIDUKOWSKI M.; MORRETI, A.; LOGRIECO, A.; DEL PONTE, E. M. *Fusarium incarnatum–equiseti* species complex associated with Brazilian rice. **International Journal of Food Microbiology**, v. 306, p. 108267, 2019.

AVILA-MIRANDA, M. E.; LÓPEZ-ZAZUETA, J. G.; ARIAS-CASTRO, C.; RODRIGUEZ-MENDIOLA, M. A.; GUZMAN-DE PENA, D. A.; VERA-NÚÑEZ, J. A.; PENA-CABRIALES, J. J. Vascular wilt caused by *Fusarium oxysporum* in *Agave*. **Journal of the Professional Association for Cactus Development**, v. 12, p. 166-180, 2010.

AZEVEDO, D. M. Q.; DA SILVA ROCHA, F.; FERNANDES, M. D. F. G.; COSTA, C. A.; MUNIZ, M. D. F. S.; BARROSO, P. D.; AMARAL, F.L; DO ROSÁRIO BARBOSA, D. M. C. Antagonistic effect of *Trichoderma* isolates and its metabolites against *Fusarium solani* and *F. oxysporum* in chickpea. **Brazilian journal of development**, 2020.

BAINIER, G. *Paecilomyces*, genre nouveau de Mucédinées. **Bulletin de la Société Mycologique de France**, v. 23, p. 26-27, 1907.

BALE, J. S., VAN LENTEREN, J. C., BIGLER, F. Biological control and sustainable food production. **Philosophical Transactions of the Royal Society B**, v. 363, p. 761-776, 2008.

BARBOSA, L. O.; CONCEIÇÃO, T. D. D.; NEVES, A. D. O.; ROCHA, W. Z.; DAMASCENO, B. S.; FONSECA, P. L. C.; RIBEIRO, P.R.; TOME, L.M.R; BORTOLINI, D.E.; MARTINS, F.M.; RAYA, F.T. NETO-GOES, A.; SOARES, A. C.F. Native and Non-Native Soil and Endophytic *Trichoderma* spp. from Semi-Arid Sisal Fields of Brazil Are Potential Biocontrol Agents for Sisal Bole Rot Disease. **Journal of Fungi**, v. 10, n. 12, p. 860, 2024.

BASSO, T. P.; GALLO, C. R.; BASSO, L. C. Atividade celulolítica de fungos isolados de bagaço de cana-de-açúcar e madeira em decomposição. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 45, p. 1282-1289, 2010.

BASU, G.; ROY, A. N.; SATAPATHY, K. K.; ABBAS, S. M. J.; MISHRA, L.; CHAKRABORTY, R. Potentiality for value-added technical use of Indian sisal. **Industrial Crops and Products**, v. 36, n. 1, p. 33-40, 2012.

BETTIOL, W. **Controle biológico de doenças em plantas**. Jaguariúna: Embrapa, 1991.

BIBI, A. MUBEEN, F.; RIZWAN, A.; ULLAH, I.; HAMMAD, M.; WAQAS, M. A. B.; IKRAM, A.; ABBAS, Z.;HALTERMAN,D.; SAEED, N. A. Morpho-molecular identification of *F. equiseti* and *F. oxysporum* of potato. **Journal of Fungi**, v. 10, n. 10, p. 701, 2024.

BOOTH, C. *The genus Fusarium*. Kew: Commonwealth Mycological Institute, 1971.

BROEREN, M. L. M.; DELLAERT, S. N.; COK, B.; PATEL, M. K.; WORRELL, E.; SHEN, L. Life cycle assessment of sisal fibre. **Journal of Cleaner Production**, v. 149, p. 818-827, 2017.

BROWN, A. H.; SMITH, G. The genus *Paecilomyces*. **Transactions of the British Mycological Society**, v. 40, p. 17-89, 1957.

CASTELLANI, A. A Maintenance and cultivation of the common pathogenic fungi of man in sterile distilled water: further research. **Journal of Tropical Medicine & Hygiene**, v. 70, p. 181-184, 1967.

CHAVERRI, P. BRANCO-ROCHA, F., JAKLITSCH, W., GAZIS, R., DEGENKOLB, T.; SAMUELS, G. J. Systematics of the *Trichoderma harzianum* species complex and the reidentification of commercial biocontrol strains. **Mycologia**, v. 107, p. 558-590, 2015.

CHÁVEZ-SÁNCHEZ, C. MANCILLA-MARGALLI, N. A., MONTERO-CORTÉS, M. I., GUTIÉRREZ-MICELI, F. A., BRICEÑO-FÉLIX, G. A., SIMPSON WILLIAMSON, J. K., & AVILA-MIRANDA, M. E. Asexually propagated *Agave tequilana* var. azul exhibits variation in genetic markers and defence responses to *Fusarium solani*. **AoB Plants**, v. 14, n. 3, p. plac027, 2022.

CHEN, C. C., KUMAR, H. G., KUMAR, S., TZEAN, S. S., & YEH, K. W. Molecular cloning, characterization, and expression of a chitinase from the entomopathogenic fungus *Paecilomyces javanicus*. **Current microbiology**, v. 55, n. 1, 2007.

CHEN, J. ZHOU, L., DIN, I. U., ARAFAT, Y., LI, Q., WANG, J., WU, T.; WU, L.; WU, H.; QIN, X.; POKHREL, G.R.; LIN, W. Antagonistic activity of *Trichoderma* spp. against *Fusarium oxysporum* in rhizosphere of *Radix pseudostellariae* triggers the expression of host defense genes and improves its growth under long-term monoculture system. **Frontiers in Microbiology**, v. 12, p. 579920, 2021.

COLEMAN, J. J. The *Fusarium solani* species complex: ubiquitous pathogens of agricultural importance. **Molecular Plant Pathology**, v. 17, n. 2, p. 146–158, 2016.

COOK, R. J.; BAKER, K. F. *The nature and practice of biological control of plant pathogens*. St. Paul: APS, 1983.

CROUS, P. W. LOMBARD, L., SANDOVAL-DENIS, M., SEIFERT, K. A., SCHROERS, H. J., CHAVERRI, P., GENÉ, J.; GUARRO, J.; HIROOKA, Y.; BENSHC, K....; THINES, M. *Fusarium*: more than a node or a foot-shaped basal cell. **Studies in Mycology**, v. 98, p. 100116, 2021.

CUBERO, J. ZARCO-TEJADA, P. J., CUESTA-MORRONGO, S., PALACIO-BIELSA, A., NAVAS-CORTÉS, J. A., SABUQUILLO, POBLETE, T.; LANDA, B.B.; GARITA-CAMBRONERO, J. New approaches to plant pathogen detection and disease diagnosis. **Phytopathology**, v. 114, n. 9, p. 1989-2006, 2024.

DA SILVA, J. S. A.; DA SILVA SANTOS, A. C.; DE SOUZA, C. A. F.; DA COSTA, D. P.; DE QUEIROZ BRITO, A. C.; MEDEIROS, E.V.; MACHADO, A.R.; SOUZA-

MOTTA, C. M. First reports of *Fusarium agrestense*, *F. gossypinum*, *F. grosmichelii* and *F. triseptatum* causing cassava root rot in Pernambuco, Brazil. **Crop Protection**, v. 187, p. 106947, 2025.

DAVIS, S. C.; KUZMICK, E. R.; NIECHAYEV, N.; HUNSAKER, D. J. Productivity and water use efficiency of *Agave americana* in the first field trial as bioenergy feedstock on arid lands. **GCB Bioenergy**, v. 9, n. 2, p. 314-325, 2017.

DEBACH, P. **Biological control by natural enemies**. London: Cambridge University, 1974.

DESJARDINS, A. E. **Fusarium mycotoxins: chemistry, genetics, and biology**. 2006.

DHANARAJAN, A. **Sustainable agriculture towards food security**. Singapore: Springer, 2017.

DUARTE, E. A. A. DAMASCENO, C. L., DE OLIVEIRA, T. A., BARBOSA, L. D. O., MARTINS, F. M., DE QUEIROZ SILVA, J. R.; LIMA, T.E.F.; SILVA, R.M.; KATO, R.B; BORTOLINI, D.E; AZEVEDO, V.; GÓES-NETO, A.; SOARES, A. C.F. PUTTING the mess in order: *Aspergillus welwitschiae* (and not *A. niger*) is the etiological agent of sisal bole rot disease in Brazil. **Frontiers in Microbiology**, v. 9, p. 1227, 2018.

FAO. FAO statistics division. 2023. Disponível em: <http://www.fao.org/faostat/en/>. Acesso em: 10 abr. 2025.

FONTES, E. M. G.; VALADARES-INGLIS, M. C. **Controle biológico de pragas da agricultura**. 2020.

FOURIE, G.; STEENKAMP, E. T.; PLOETZ, R. C.; GORDON, T. R.; VILJOEN, A. Current status of the taxonomic position of *Fusarium oxysporum* formae specialis *cubense* within the *Fusarium oxysporum* complex. **Infection, Genetics and Evolution**, v. 11, n. 3, p. 533-542, 2011.

GARCÍA, F. P.; MÉNDEZ, J. P.; MUÑOZ, E. J.; SANDOVAL, O. A. A.; LAGUNA, R. R. Taxonomic, physical and morphological characterization of four species of *agave* with potential for the production of cellulose fibers from the leaves. **South Florida Journal of Development**, v. 3, n. 1, p. 1277-1301, 2022.

GAUTAM, A. K. Natural occurrence of *Alternaria alternata* on *Agave americana*: a report from Himachal Pradesh, India. **J New Biol Rep**, v. 2, p. 36-39, 2013.

GLASS, N. L.; DONALDSON, G.C. Development of Primer Sets Designed for Use with the PCR To Amplify Conserved Genes from Filamentous *Ascomycetes*. **Applied and Environmental Microbiology**, v. 61, n.4, p. 1323–1330. 1995.

GONZÁLEZ, D. J. S. The *Agave* genus in the genomics era: evolution, biodiversity, and sustainable innovation. **Academia Molecular Biology and Genomics**, v. 2, n. 2, 2025.

GORDON, T. R. *Fusarium oxysporum* and the *Fusarium* wilt syndrome. **Annual review of phytopathology**, v. 55, n. 1, p. 23-39, 2017.

GROTH, M.; FILHO, R., SOARES, V.; BERNARDI, D. Pathogenicity of *Metarhizium anisopliae* isolates on *Nezara viridula* and *Dichelops melacanthus* in wheat crop. **Arquivos do Instituto Biológico**, v. 84, p. e0032016, 2017.

GUZMÁN-GUZMÁN, P.; ETESAMI, H.; SANTOYO, G. *Trichoderma*: a multifunctional agent in plant health and microbiome interactions. **BMC Microbiology**, v. 25, n. 1, p. 434, 2025.

HAN, S. L.; WANG, M. M.; MA, Z. Y.; RAZA, M.; ZHAO, P., LIANG, J. M., GAO, M.; LI, Y.J.; WANG, J.W.; HU, D.M.; CAI, L. *Fusarium* diversity associated with diseased cereals in China, with an updated phylogenomic assessment of the genus. **Studies in Mycology**, v. 104, n. 1, p. 87-148, 2023.

HARMAN, G. E. HOWELL, C. R.; VITERBO, A.; CHET, I.; LORITO, M. *Trichoderma* species—opportunistic, avirulent plant symbionts. **Nature Reviews Microbiology**, v. 2, p. 43–56, 2004.

HARMAN, G. E. **Overview of mechanisms and uses of *Trichoderma* spp.** **Phytopathology**, v. 96, n. 2, p. 190-194, 2006.

HERRERA B.L., I.; TOLEDO M., F. J.; MIOSO, R. Enzymes and bioproducts produced by the ascomycete fungus *Paecilomyces variotii*. **Journal of Applied Microbiology**, v. 119, n. 6, p. 1455-1466, 2015.

HOUBRAKEN, J.; SAMSON, R. A. Phylogeny of *Penicillium* and the segregation of *Trichocomaceae* into three families. **Studies in Mycology**, v. 70, p. 1-51, 2011.

IBGE. BDIA – Banco de Informações Ambientais: Pedologia – Mapa de Solos do Estado da Bahia. Disponível em: <https://bdiaweb.ibge.gov.br/#/consulta/>. Acesso em: 20 jun. 2025.

ISAKA, M.; PALASARN, S., LAPANUN, S.; SRIKLUNG, K. Paecilodepsipeptide A, an antimalarial and antitumor cyclohexadepsipeptide from the insect pathogenic fungus *Paecilomyces cinnamomeus* BCC 9616. **Journal of Natural Products**, v. 70, n. 4, p. 675-678, 2007.

JONG, E.V.Z.; KANDULA, J.; ROSTÁS, M.; KANDULA, D.; HAMPTON, J.; MENDOZA-MENDOZA, A. Fungistatic activity mediated by volatile organic compounds is isolate-dependent in *Trichoderma* sp.“atroviride B”. **Journal of Fungi**, v. 9, n. 2, p. 238, 2023.

KARAČIĆ, V.; MILJAKOVIĆ, D.; MARINKOVIĆ, J.; IGNJATOV, M.; MILOŠEVIĆ, D.; TAMINDŽIĆ, G.; IVANOVIĆ, M. *Bacillus* species: excellent biocontrol agents against tomato diseases. **Microorganisms**, v. 12, n. 3, p. 457, 2024.

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

KHAN, A. L.; HAMAYUN, M.; KANG, S. M.; KIM, Y. H.; JUNG, H. Y.; LEE, J. H.; LEE, I. J. Endophytic fungal association via gibberellins and indole acetic acid can improve plant growth under abiotic stress: an example of *Paecilomyces formosus* LHL10. **BMC microbiology**, v. 12, n. 1, p. 3, 2012.

KONG, W.I.; Ni, H.; Wang, W. Y.; Wu, X. Q. Antifungal effects of volatile organic compounds produced by *Trichoderma koningiopsis* T2 against *Verticillium dahliae*. **Frontiers in Microbiology**, v. 13, p. 1013468, 2022.

KORNERUP, A.; WANSCHER, J. H. **Methuen Handbook of Colour**. 3rd ed. London: Eyre Methuen, 1978. 252 p.

LESLIE, J. F.; SUMMERELL, B. A. **The Fusarium laboratory manual**. Ames: Blackwell Publishing, 2006.

LEYVA-MIR, S. G.; García-León, E.; Camacho-Tapia, M.; Villaseñor-Mir, H. E.; Leyva-Madrigal, K. Y.; Mora-Romero, G. A.; Tovar-Pedraza, J. M. Occurrence of the *Fusarium incarnatum–equiseti* species complex causing *Fusarium* head blight of wheat in Mexico. **Plant Disease**, v. 106, n. 10, p. 2755, 2022.

LI, E.; Wang, G.; Wu, W.; Xi, J.; Chen, H.; Huang, X.; TAN, S.; LIANG, Y.; Yi, K. Identification of *Clonostachys rogersoniana* as a causal agent of sisal leaf blight disease in South China. **Journal of Phytopathology**, v. 171, n. 10, p. 577-582, 2023.

LI, N.; Alfiky, A.; Wang WenZhao, W. W.; Islam, M.; Nourollahi, K.; Liu XingZhong, L. X.; Kang SeogChan, K. S. Volatile compound-mediated recognition and inhibition between *Trichoderma* biocontrol agents and *Fusarium oxysporum*. **Frontiers in Microbiology**, Lausanne, v. 9, 2614, 2018.

LI, X. Q.; XU, K.; LIU, X. M.; ZHANG, P. A systematic review on secondary metabolites of *Paecilomyces* species: chemical diversity and biological activity. **Planta Medica**, v. 86, n. 12, p. 805-821, 2020.

LINK, H. F. **Observationes in ordines plantarum naturales**. *Dissertatio*, v. 1, p. 1-33, 1809.

LIU, Y. J.; WHELEN, S.; HALL, B. D. Phylogenetic relationships among ascomycetes: evidence from RNA polymerase II subunit. **Molecular Biology and Evolution**, v. 16, n. 12, p. 1799-1808, 1999.

LOGRIECO, A.; MORETTI, A.; PERRONE, G.; MULÈ, G. Biodiversity of complexes of mycotoxigenic fungal species associated with *Fusarium* ear rot of maize and *Aspergillus* rot of grape. **International Journal of Food Microbiology**, v. 119, n. 1-2, p. 11-16, 2007.

LOMBARD, L.; SANDOVAL-DENIS, M.; LAMPRECHT, S. C.; CROUS, P. W. Epitypification of *Fusarium oxysporum* – clearing the taxonomic chaos. **Persoonia Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi**, v. 43, n. 1, p. 1-47, 2019.

LOMBARD, L.; VAN DER MERWE, N. A.; GROENEWALD, J. Z.; CROUS, P. W. Generic concepts in Nectriaceae. **Studies in Mycology**, v. 80, n. 1, p. 189-245, 2015.

LÓPEZ-BAUTISTA, V.; MORA-AGUILERA, G.; GUTIÉRREZ-ESPINOSA, M. A.; MENDOZA-RAMOS, C.; MARTÍNEZ-BUSTAMANTE, V. I.; CORIA-CONTRERAS, J. J.; ACEVEDO-SANCHEZ, G.; SANTANA-PEÑALOZA, B. Caracterización morfológica y molecular de *Fusarium* spp. asociados a la ocurrencia regional de marchitez y pudrición seca del cogollo en *Agave tequilana*. **Revista Mexicana de Fitopatología**, v. 38, n. 1, p. 79-106, 2020.

LUANGSA-ARD, J.; HOUBRAKEN, J.; VAN DOORN, T.; HONG, S. B.; BORMAN, A. M.; HYWEL-JONES, N. L.; SAMSON, R. A. *Purpureocillium*, a new genus for the medically important *Paecilomyces lilacinus*. **FEMS Microbiology Letters**, v. 321, n. 2, p. 141-149, 2011.

LUANGSA-ARD, J.; HYWEL-JONES, N. L.; SAMSON, R. A. The polyphyletic nature of *Paecilomyces* sensu lato based on 18S rDNA phylogeny. **Mycologia**, v. 96, p. 773-780, 2004.

LÜTTGE, U. Ecophysiology of Crassulacean Acid Metabolism (CAM). **Annals of Botany**, v. 93, p. 629-652, 2004.

MASCARIN, G. M.; LOPES, R. B.; DELALIBERA JR, Í.; FERNANDES, É. K. K., LUZ, C.; FARIA, M. Current status and perspectives of fungal entomopathogens used for microbial control of arthropod pests in Brazil. **Journal of Invertebrate Pathology**, v. 165, p. 46-53, 2019.

MATIĆ, S.; TABONE, G.; GUARNACCIA, V.; GULLINO, M. L.; GARIBALDI, A. Doenças emergentes em culturas de hortaliças folhosas causadas pelo complexo de espécies *Fusarium incarnatum–equiseti*. **Phytopathologia Mediterranea**, v. 59, n. 2, p. 2, 2020.

MCKINNON, A. C.; SAARI, S.; MORAN-DIEZ, M. E.; MEYLING, N. V.; RAAD, M.; GLARE, T. R. *Beauveria bassiana* como endófito: uma revisão crítica sobre a metodologia associada e o potencial de biocontrole. **BioControl**, v. 62, p. 1–17, 2017.

MEYER, M.; MAZARO, S. M.; SILVA, J. C. DA. **Trichoderma: Uso na Agricultura**. 1. ed. Brasília, DF: Embrapa, p. 538, 2019.

MICHIELSE, C. B.; REP, M. Atualização do perfil patogênico: *Fusarium oxysporum*. **Molecular Plant Pathology**, v. 10, n. 3, p. 311, 2009.

MIOSO, R.; TOLEDO MARANTE, F. J.; HERRERA BRAVO DE LAGUNA, I. A diversidade química do fungo ascomiceto *Paecilomyces variotii*. **Applied Biochemistry and Biotechnology**, v. 177, n. 4, p. 781–791, 2015.

MIRHOSSEINI, H. A.; BABAEIZAD, V.; HASHEMI, L.; BASAVAND, E.; HEIDARI-NEZHAD, A. M. First record of agave leaf spot caused by *Alternaria alternata* in

Iran. **Journal of Plant Pathology**, v. 97, n. 1, p. 209–220, 2015.

MITU, A. I.; AMINUZZAMAN, F.M.; SHAMMI, J.; FARIA, A.A. Application of *Paecilomyces lilacinus* to suppress the *Meloidogyne incognita* and promote the growth of some selected vegetables. **Discover Agriculture**, v. 3, n. 1, p. 149, 2025.

MODRZEWSKA, M.; BŁASZCZYK, L.; STĘPIEŃ, Ł.; URBANIAK, M.; WAŚKIEWICZ, A.; YOSHINARI, T.; BRYŁA, M. *Trichoderma* versus *Fusarium*: inhibition of pathogen growth and mycotoxin biosynthesis. **Molecules**, v. 27, n. 23, p. 8146, 2022.

MONJA-MIO, K. M.; HERRERA-ALAMILLO, M. A.; SÁNCHEZ-TEYER, L. F.; ROBERT, M. L. Breeding strategies to improve production of *Agave* (*Agave* spp.). **Advances in Plant Breeding Strategies: Industrial and Food Crops**, v. 6, p. 319–362, 2015.

MONTAÑO-BECERRA, V.; MANCILLA-MARGALLI, N. A.; CHÁVEZ-SÁNCHEZ, C.; AVILA-MIRANDA, M. E. Diversidad y taxonomía de *Fusarium solani* aislado de plantas marchitas de *Agave tequilana* var azul. **Revista Mexicana de Fitopatología**, v. 43, n. 1, 2025.

MORÁN, J. I.; ALVAREZ, V. A.; CYRAS, V. P.; VÁZQUEZ, A. Extraction of cellulose and preparation of nanocellulose from sisal fibers. **Cellulose**, v. 15, p. 149–159, 2008.

MORENO-GAVÍRA, A.; DIÁNEZ, F.; SÁNCHEZ-MONTESINOS, B.; SANTOS, M. Biocontrol effects of *Paecilomyces variotii* against fungal plant diseases. **Journal of Fungi**, v. 7, n. 6, p. 415, 2021.

MORENO-GAVÍRA, A.; HUERTAS, V.; DIÁNEZ, F.; SÁNCHEZ-MONTESINOS, B.; SANTOS, M. *Paecilomyces* and Its Importance in the Biological Control of Agricultural Pests and diseases. **Plants**, v. 9, n. 12, p. 1746, 2020.

MUKHERJEE, P. K.; HORWITZ, B. A.; SINGH, U. S.; MALA MUKHERJEE, M. M.; SCHMOLL, M. *Trichoderma* in agriculture, industry and medicine: an overview. **Biology and Applications**. Boston: CAB International, p. 1–9, 2013.

MUNAWAR, M.; KHAN, S. A.; JAVED, N.; HAQ, I. U.; GONDAL, A. S. Bio-management of tomato wilt complex caused by *Meloidogyne incognita* and *Fusarium oxysporum* f. sp. lycopersici. **Nematology**, v. 17, n. 4, p. 479-485, 2015.

NEVES, A. O.; CONCEIÇÃO, T. D. S.; OLIVEIRA NEVES, A. P.; SANTANA, D. S.; SOARES, A. C. F. *Trichoderma* no controle de *Alternaria* sp. de manchas foliares do agave híbrido 400 folhas. **Revista Foco**, v. 18, n. 7, p. e9135, 2025.

NGUYEN, H. C.; TRAN, T. V. A.; NGUYEN, Q. L.; NGUYEN, N. N.; NGUYEN, M. K.; NGUYEN, N. T. T.; NGUYEN, M.K; NGUYEN, N.T.T.; SU, C.G.; LIN, K. H. Newly isolated *Paecilomyces lilacinus* and *Paecilomyces javanicus* as novel biocontrol agents for *Plutella xylostella* and *Spodoptera litura*. 2017.

O'DONNELL, K.; KISTLER, H. C.; TACKE, B. K.; CASPER, H. H. Gene genealogies

reveal global phylogeographic structure and reproductive isolation among lineages of *Fusarium oxysporum*. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 95, p. 204–209, 1998.

O'DONNELL, K.; AL-HATMI, A. M. S.; AOKI, T.; BRANKOVICS, B.; CANO-LIRA, J. F.; COLEMAN, J. J.; DE HOOG, G.S.; ...; ZHANG, S. X. No to *Neocosmospora*: phylogenomic and practical reasons for continued inclusion of the *Fusarium solani* species complex in the genus *Fusarium*. **mSphere**, v. 5, n. 5, e00810-20, 2020.

O'DONNELL, K.; CIGELNIK, E. Two divergent intragenomic rDNA ITS2 types within a monophyletic lineage of the fungus *Fusarium* are nonorthologous. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, v. 7, n. 1, p. 103–116, 1997.

O'DONNELL, K.; KISTLER, H. C.; CIGELNIK, E.; PLOETZ, R.C. Multiple evolutionary origins of the fungus causing Panama disease of banana: concordant evidence from nuclear and mitochondrial gene genealogies. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 95, n. 5, p. 2044-2049, 1998.

O'DONNELL, K.; SUTTON, D. A.; RINALDI, M. G.; GUEIDAN, C.; CROUS, P. W.; GEISER, D. M. M. Novel multilocus sequence typing scheme reveals high genetic diversity of human pathogenic members of the *Fusarium incarnatum*–*F. equiseti* and *F. chlamydosporum* species complexes within the United States. **Journal of Clinical Microbiology**, v. 47, n. 12, p. 3851-3861, 2009.

PALOMO-BRIONES, R.; LÓPEZ-GUTIÉRREZ, I.; ISLAS-LUGO, F.; GALINDO-HERNÁNDEZ, K. L.; MUNGUÍA-AGUILAR, D.; RINCÓN-PÉREZ, J. A.; CORTÉS-CARMONA, M.A.; ALATRISTE-MONDRAGÓN, F.; RAZO-FLORES, E. *Agave* bagasse biorefinery: processing and perspectives. **Clean Technologies and Environmental Policy**, v. 20, p. 1423–1441, 2018.

PEREIRA, J. O.; AZEVEDO, J. L.; PETRINI, O. Endophytic fungi of *Stylosanthes*: a first report. **Mycologia**, v. 85, n. 3, p. 362-364, 1993.

PIATKOWSKI, J.; KRZYZEWSKA, A.; NAWROT, U. Antifungal activity of entomopathogenic species of the genus *Paecilomyces*. **Mikologia Lekarska**, v. 10, n. 2, p. 93-100, 2003.

PIETERSE, C. M.; VAN WEES, S. C.; HOFFLAND, E.; VAN PELT, J. A.; VAN LOON, L. C. Systemic resistance in *Arabidopsis* induced by biocontrol bacteria is independent of salicylic acid accumulation and pathogenesis-related gene expression. **The Plant Cell**, v. 8, n. 8, p. 1225-1237, 1996.

QUEVEDO, A. C.; MUNIZ, M. F. B.; SAVIAN, L. G.; SARZI, J. S.; SALDANHA, M. A. Ação antagonista in vitro de *Trichoderma* spp. sobre *Fusarium oxysporum*. **Ciência Florestal**, v. 32, p. 2288-2303, 2023.

R CORE TEAM. R: A language and environment for statistical computing. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2022. Disponível em: <https://www.r-project.org/>. Acesso em: 20 out. 2025.

RAMÍREZ-RAMÍREZ, M. J.J.; MANCILLA-MARGALLI, A.N.; LUCÍA, M. Á.; RAMÓN, T. T.; DORALINDA GUZMÁN-DE, P.; EDUARDO, A. M.M. Epidemiology of *Fusarium agave* wilt in *Agave tequilana* Weber var. azul. **Plant Protection Science**, v. 53, n. 3, p. 144–152, 2017.

RAYA, F. T.; DE CARVALHO, L. M.; JOSÉ, J.; DA CRUZ, L. P.; ALMEIDA, R. L.; DELEVATTI, H. A. D. A.; ...; PEREIRA, G. A. G. Rescuing the Brazilian *Agave* breeding program: morphophysiological and molecular characterization of a new germplasm. **Frontiers in Chemical Engineering**, v. 5, p. 1218668, 2023.

RAYA, F. T.; DE ABREU, L. G.F., MARONE, M.P., SALVADOR, M.A, BRESSIANI, J. A.; LABORDE, J. I.R.; PEREIRA, G. A.G. New feedstocks for bioethanol production: energy cane and agave. In: **Liquid biofuels: bioethanol**. Cham: Springer International Publishing, 2022. p. 431-455.

RAYNER, R. W. **A Mycological Colour Chart**. Kew: Commonwealth Mycological Institute, 1970. 34 p.

ROPARS, J.; CRUAUD, C.; LACOSTE, S.; DUPONT, J. A taxonomic and ecological overview of cheese fungi. **International journal of food microbiology**, v. 155, n. 3, p. 199-210, 2012.

RUANGWONG, O.; WONGLOM, P.; SUWANNARACH, N.; KUMLA, J.; THAOCHAN, N.; CHOMNUNTI, P., PITIJA, K.; SUNPAPAO, A. Volatile Organic Compound from *Trichoderma asperelloides* TSU1: antifungal activity, defense response and plant growth promotion. **Journal of Fungi, Basel**, v. 7, n. 3, e184, 2021.

SAHA, M.; SARKAR, S.; SARKAR, B.; SHARMA, B. K.; BHATTACHARJEE, S.; TRIBEDI, P. Microbial siderophores and their potential applications: a review. **Environmental Science and Pollution Research**, v. 23, n. 5, p. 3984-3999, 2016.

SÁNCHEZ, V; REBOLLEDO, O. *Trichoderma* species in soil cultivated with *Agave tequilana* in Los Altos South region, Jalisco and assessment of their antagonistic capacity against *Thielaviopsis paradoxa*. **Revista mexicana de micología**, v. 32, p. 11-18, 2010.

SAMSON, R. A. *Paecilomyces* and some allied Hyphomycetes. **Studies in Mycology**, v. 6, p. 1-119, 1974.

SANDOVAL-DENIS, M.; CROUS, P. W. Removing chaos from confusion: assigning names to common human and animal pathogens in *Neocosmospora*. **Persoonia**, v. 41, p. 109–129, 2018.

SANDOVAL-DENIS, M.; LOMBARD, L.; CROUS, P. W. Back to the roots: a reappraisal of *Neocosmospora*. **Persoonia**, v. 43, p. 90–185, 2019.

SANNA, M.; MARTINO, I.; GUARNACCIA, V.; MEZZALAMA, M. Diversity and pathogenicity of *Fusarium* species associated with stalk and crown rot in maize in

Northern Italy. **Plants**, v. 12, n. 22, p. 3857, 2023.

SANTOS, E. M. C.; SILVA, O. A. **Sisal na Bahia-Brasil**. Mercator, v. 16, p. e16029, 2017.

SARWAR, M. B.; AHMAD, Z.; RASHID, B.; HASSAN, S.; GREGERSEN, P. L.; LEYVA, M. D. L. O.; NAGY, I.; ASP, T.; HUSNAIN, T. De novo assembly of *Agave sisalana* transcriptome in response to drought stress provides insight into the tolerance mechanisms. **Scientific Reports**, v. 9, p. 396, 2019.

SCHROERS, H. J.; O'DONNELL, K.; LAMPRECHT, S. C.; KAMMEYER, P. L.; JOHNSON, S.; SUTTON, D. A.; RINALDI, M.G.; GEISER, D.M.; SUMMERBELL, R. C. Taxonomy and phylogeny of the *Fusarium dimerum* species group. **Mycologia**, v. 101, n. 1, p. 44-70, 2009.

SCHUSTER, A.; SCHMOLL, M. Biology and biotechnology of *Trichoderma*. **Applied Microbiology and Biotechnology**, v. 87, n. 3, p. 787-799, 2010.

SEVERO, R.; SHIBUTANI, L. J.S.; DA SILVA, G. F.; GUIMARAES, S. S.C; DE ALCÂNTARA NETO, F.; BESERRA JR, J. E. A., SOUZA, J. F.F.; DE MELO, M. P. *Fusarium* species causing root rot and wilt in tomato in Brazil. **Journal of Phytopathology**, v. 172, n. 1, p. e13261, 2024.

SHI, X. C.; ZHOU, Y. X., YANG, J. B.; MEI, D. Z., XU; L. Y.; WANG, S. Y.; LABORDA, P. Biocontrol mechanisms of *Paecilomyces* spp. for the management of fungal plant diseases: a review. **Pest Management Science**, 2025.

SHORT, D. P.; O'DONNELL, K.; THRANE, U.; NIELSEN, K. F.; ZHANG, N.; JUBA, J. H.; GEISER, D. M. Phylogenetic relationships among members of the *Fusarium solani* species complex in human infections and the descriptions of *F. keratoplasticum* sp. nov. and *F. petroliphilum* stat. nov. **Fungal Genetics and Biology**, v. 53, p. 59-70, 2013.

SILVA, O. R. R. F. COUTINHO, W. M., CARTAXO, W. V., SOFIATTI, V., DA SILVA FILHO, J. L., CARVALHO, O. S.; DA COSTA, L. B. **Cultivo do sisal no Nordeste Brasileiro**. 2008.

SILVA, O. R. R. F.; BELTRÃO, N. E. D. M. **O agronegócio do sisal no Brasil**. Brasília, DF: Embrapa, 1999.

SLAMA, H. B. CHERIF-SILINI, H., CHENARI BOUKET, A., QADER, M., SILINI, A., YAHIAOUI, B., ALENEZI, A.N.;LUPTAKOVA, L.;RATEB, M.F.; BELBAHRI, L. Screening for *Fusarium* antagonistic bacteria from contrasting niches designated the endophyte *Bacillus halotolerans* as plant warden against *Fusarium*. **Frontiers in Microbiology**, v. 9, p. 3236, 2019.

SOARES, A.C.F. SANTOS, J.S.; SOUSA, R.A. DE; BARBOSA, L. DE O.; DUARTE, E.A.A.; GÓES NETO, A. Sisal: podridão vermelha e o biocontrole. **Tópicos em microbiologia agrícola**. Cruz das Almas, BA: EDUFRB, 2020.

SOUZA, S. C.; CAVALCANTI, J. J. V., RAMOS, J. P. C., ALVES, I., DOS SANTOS, R. C.; DE LIMA, L. M. Genetic divergence in *Agave* accessions through ISSR markers and phenotypic traits. **African Journal of Agricultural Research**, v. 13, p. 526–533, 2018.

STEWART, J. R. Agave as a model CAM crop system for a warming and drying world. **Frontiers in Plant Science**, v. 6, p. 684, 2015.

SUÁREZ CONTRERAS, L. Y.; RANGEL RIAÑO, A. L. Isolation of microorganisms for biological control of *Moniliophthora roreri*. **Acta Agronómica**, v. 62, n. 4, p. 370-378, 2013.

SUINAGA, F. A.; SILVA, O. R. R. F. da; COUTINHO, W. M. **Cultivo do sisal no Nordeste brasileiro**. Campina Grande: Embrapa Algodão, 2006. 24 p. (Circular Técnica, 123).

SUMMERELL, B. A. Resolving *Fusarium*: current status of the genus. **Annual Review of Phytopathology**, v. 57, p. 323–339, 2019.

TANČIĆ-ŽIVANOV, S.; JEVTIĆ, R., LALOŠEVIĆ, M., ŽIVANOV, D., MEDIĆ-PAP, S.; ŽUPUNSKI, V. Efficacy of *Trichoderma* spp. against common fungal pathogens. **Field and Vegetable Crops Research**, v. 54, n. 3, p. 104-109, 2017.

TORABI, A.; BONJAR, G. H. S., ABDOLSHAHI, R., POURNAMDARI, M., SAADOUN, I.; AIT BARKA, E. Biological control of *Paecilomyces formosus*, the causal agent of dieback and canker diseases of pistachio by two strains of *Streptomyces misionensis*. **Biological Control**, v. 137, p. 104029, 2019.

TROIAN, R. F.; STEINDORFF, A. S., RAMADA, M. H. S., ARRUDA, W.; ULHOA, C. J. Mycoparasitism studies of *Trichoderma harzianum* against *Sclerotinia sclerotiorum*: evaluation of antagonism and expression of cell wall-degrading enzymes genes. **Biotechnology Letters**, v. 36, n. 10, p. 2095-2101, 2014.

TYŚKIEWICZ, R.; NOWAK, A.; OZIMEK, E.; JAROSZUK-ŚCISEŁ, J. *Trichoderma*: the current status of its application in agriculture for the biocontrol of fungal phytopathogens and stimulation of plant growth. **International Journal of Molecular Sciences**, v. 23, p. 128, 2022.

VEGA-RAMOS, K. L.; UVALLE-BUENO, J. X.; GÓMEZ-LEYVA, J. F. Molecular variability among isolates of *Fusarium oxysporum* associated with root rot disease of *Agave tequilana*. **Biochemical Genetics**, v. 51, n. 3, p. 243-255, 2013.

VINALE, F.; SIVASITHAMPARAM, K., GHISALBERTI, E. L., MARRA, R., WOO, S. L.; LORITO, M. *Trichoderma*–plant–pathogen interactions. **Soil Biology and Biochemistry**, v. 40, n. 1, p. 1-10, 2008.

VISAGIE, C.M.; YILMAZ, N.; ALLISON, J.D.; BARRETO, R.W.; BOEKHOUT, T.; BOERS, J.; DELGADO, M.A.; DEWING, C.; FITZA, K.N.E.; FURTADO, E.C.A.; GAYA, E.; HILL, R.; HOBDEN, A.; HU, D.M.; HÜLSEWIG, T.; KHONSANIT, A.; LUANGSA-ARD, J.J.; MTHEMBU, A.; PEREIRA, C.M.; PRICE, J.-L.; PRINGLE, A.;

QIKANI, N.; SANDOVAL-DENIS, M.; SCHUMACHER, R.K.; SEIFERT, K.A.; SLIPPERS, B.; TENNAKOON, D.S.; THANAKITPIPATTANA, D.; VAN VUUREN, N.I.; GROENEWALD, J.Z.; CROUS, P.W. New and interesting fungi. 7. **Fungal Systematics and Evolution**, v. 13, p. 441, 2024.

WANG, M.M.; CROUS, P.W.; SANDOVAL-DENIS, M.; HAN, S.L.; LIU, F.; LIANG, J.M.; DUAN, W.J.; CAI, L. *Fusarium* and allied genera from China: species diversity and distribution. *Persoonia – Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi*, v. 48, n. 1, p. 1-53, 2022.

WANG, M. M.; CHEN, Q.; DIAO, Y. Z.; DUAN, W. J.; CAI, L. *Fusarium incarnatum–equiseti* complex from China. *Persoonia – Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi*, v. 43, n. 1, p. 70-89, 2019.

WHITE, T. J.; Bruns, T.; Lee, S. J. W. T.; Taylor, J. Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. In: INNIS, M. A. et al. (Ed.). *PCR Protocols: a guide to methods and applications*. San Diego: Academic Press, 1990. p. 315-322.

WOLLENWEBER, H. W.; REINKING, O. A. *Die Fusarien: ihre Beschreibung, Schadwirkung und Bekämpfung*. Berlin: Paul Parey, 1935.

WU, J. F. Process for producing ethanol from plant biomass using the fungus *Paecilomyces* sp. USA Patent US6763585, 1985.

WU, W.; WANG, G.; LI, E.; TAN, S.; XU, G.; HUANG, X.; CHEN, H.; LIANG, Y.; LI, R.; QIN, J.; YI, K. Characterization and fungicide sensitivity of *Phaeosphaeriopsis obtusispora* that causes marginal leaf blight in *Agave* hybrid H.11648. **Journal of Fungi**, v. 10, n. 7, p. 486, 2024.

XIE, H.-H.; LONG, L. Y.; HUANG, S.; MAO, L. Y.; HUANG, Q. W.; WANG, L. P.; LI, J. X. First report of black spot caused by *Neoscytalidium dimidiatum* on sisal in Guangxi, China. **Plant Disease**, v. 105, n. 3, p. 701, 2021.

WANG, H.Y.; LI, X.; DONG, C. B.; ZHANG, Y. W.; CHEN, W. H.; LIANG, J. D.; HAN, Y. F. Two new species of *Sordariomycetes* (*Chaetomiaceae* and *Nectriaceae*) from China. **MycoKeys**, v. 102, p. 301, 2024.

YAO, X. et al. *Trichoderma* and its role in biological control of plant fungal and nematode disease. **Frontiers in Microbiology**, v. 14, p. 1160551, 2023.

YOU, J.; GUO, H.; ZHANG, K.; ZHAO, M.; RUAN, J.; CHEN, J. Biological control and plant growth promotion by volatile organic compounds of *Trichoderma* spp. **Frontiers in Plant Science, Lausanne**, v. 13, 897668, 2022.

YU, Y.; GUI, Y.; LI, Z.; JIANG, C.; GUO, J.; NIU, D. Induced systemic resistance for improving plant immunity by beneficial microbes. **Plants**, v. 11, n. 3, p. 386, 2022.

ZEMANKO, McELA; LEBEDA, A. *Fusarium* species, their taxonomy, variability and significance. **Plant Protection Science**, v. 37, p. 25-42, 2001.

ZHANG, K.; SANDOVAL-DENIS, M.; KANDEMIR, H.; YILMAZ, N.; GROENEWALD, J.Z.; ROETS, F.; YÁÑEZ-MORALES, M. DE J.; WINGFIELD, M.J.; CROUS, P.W. Taxonomic revision of *Bisifusarium* (Nectriaceae). **Persoonia – Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi**, 2024.

ZHANG, N.; WANG, Z.; SHAO, J.; XU, Z.; LIU, Y.; XUN, W.; MIAO, Y.; SHEN, Q.; ZHANG, R. Biocontrol mechanisms of *Bacillus*: improving the efficiency of green agriculture. **Microbial Biotechnology**, v. 16, n. 12, p. 2250-2263, 2023.