



UNIVERSIDADE FEDERAL DE ALAGOAS CAMPUS DE
ENGENHARIAS E CIÊNCIAS AGRÁRIAS
CURSO DE GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA



GILBERLAN COSTA SANTOS DA SILVA

**Reação de Genótipos de Palma Miúda (*Nopalea cochenillifera*) a mancha marrom causada por
Macrophomina nopalii.**

**RIO LARGO
ESTADO DE ALAGOAS
2025**

GILBERLAN COSTA SANTOS DA SILVA

**Reação de Genótipos de Palma Miúda (*Nopalea cochenillifera*) a mancha-marrom causada por
Macrophomina nopalii.**

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado ao
Campus de Engenharias e Ciências Agrárias como parte
dos requisitos para obtenção do título de Engenheiro
Agrônomo.

Orientação: Prof. Dr. Gaus Silvestre de Andrade Lima

RIO LARGO
ESTADO DE ALAGOAS
2025

Catálogo na Fonte

Universidade Federal de Alagoas

Biblioteca Campus de Engenharias e Ciências Agrárias

Bibliotecário Responsável: Erisson Rodrigues de Santana - CRB4 - 1512

S586r

Silva, Gilberlan Costa Santos da.

Reação de genótipos de palma miúda (*Nopalea Cochenillifera*) a mancha marrom causada por *Macrophomina Nopalii*. / Gilberlan Costa Santos da Silva. – 2025.

27 f.: il.

Orientador(a): Gaus Silvestre de Andrade Lima.

Trabalho de Conclusão de Curso (Bacharelado em Agronomia) – Graduação em Agronomia, Campus de Engenharias e Ciências Agrárias, Universidade Federal de Alagoas. Rio Largo, 2025.

Inclui bibliografia

1. Cactaceae. 2. Fungal disease. 3. Resistance. I. Título.

CDU: 633.2(813.5)


FOLHA DE APROVAÇÃO

GILBERLAN COSTA SANTOS DA SILVA


Reação de Genótipos de Palma Miúda (*Nopalea cochenillifera*) a mancha marrom causada por *Macrophomina nopalii*.

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado à Coordenação do Curso de Graduação em Agronomia, do Campus de Engenharia e Ciências Agrárias da Universidade Federal de Alagoas – CECA/UFAL e aprovado em 06 de maio de 2025.


Banca Examinadora:

Documento assinado digitalmente
 GAUS SILVESTRE DE ANDRADE LIMA
Data: 09/06/2025 13:50:36-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

1º Examinador
Gaus Silvestre de Andrade Lima (Orientador)

Documento assinado digitalmente
 KEVISON ROMULO DA SILVA FRANÇA
Data: 09/06/2025 15:48:59-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

2º Examinador
Kevison Romulo da Silva França

Documento assinado digitalmente
 ANTONIO DUARTE DO NASCIMENTO
Data: 09/06/2025 15:28:35-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

3º Examinador
Antonio Duarte do Nascimento

Ao Senhor Jesus, meu Senhor e Salvador, pois sem Ele não conseguiria (João 15.5c). A minha família, que foi e sempre será o apoio e refúgio em todos os momentos. E a todos que me auxiliaram nesse percurso rumo a conquista acadêmica e profissional.

DEDICO

AGRADECIMENTOS

A Deus por me abençoar, a ele seja dada toda honra e toda Glória;

Dr. Frederico Monteiro Feijó pela paciência e parceria nos trabalhos e por todos os ensinamentos;

A minha esposa e a meus pais por não me deixarem desistir;

Ao Prof. Dr. Gaus Silvestre de Andrade Lima pela paciência, orientação, pela atenção e por acreditar em mim;

A Universidade Federal de Alagoas, pela oportunidade de fazer o curso;

Ao Campus de Engenharias e Ciências Agrárias e todos os seus funcionários;

Ao Laboratório de Fitopatologia Molecular, que me ajudou a desenvolver conhecimento acadêmico e pelo prazer de ter trabalhado juntamente a todos que o compõe;

Aos meus amigos e colegas de graduação, que me ajudaram nessa jornada.

RESUMO GERAL

A palma-miúda (*Nopalea cochenillifera*) constitui uma das principais fontes de alimento para os rebanhos durante os períodos de estiagem na região Nordeste do Brasil. No estado de Alagoas, a cultura destaca-se como a segunda mais cultivada, sendo superada apenas pela cana-de-açúcar. Apesar de sua rusticidade a palma forrageira é suscetível a diversas doenças, entre as quais se sobressai a mancha marrom, considerada a mais importante da região. Muitos patógenos estão associados a esta doença, com destaque a espécie do gênero *Macrophomina*. Diante da escassez de estudos voltados à resistência de genótipos de palma miúda à mancha marrom, este trabalho teve o objetivo avaliar a reação de diferentes genótipos de palma miúda à mancha marrom causada por *Macrophomina. nopalii*. Nas análises, foram utilizados mudas de seis genótipos de palma miúda Clone 6, Clone 7, Clone13, Clone 21, Clone F-21 e Tamazunchale. As inoculações foram realizadas pela deposição discos de BDA contendo estruturas do patógeno. Nas testemunhas, apenas disco de BDA sem estruturas fúngicas foram utilizados. O experimento foi mantido em casa de vegetação por até dez dias e as avaliações realizadas pelo diâmetro das lesões em cada repetição. Entre os genótipos avaliados, o Clone F-21 apresentou o menor tamanho médio de lesões, indicando comportamento promissor quanto a resistência à mancha marrom causada por *M. nopalii*.

Keywords: Cactaceae, Fungal disease, Resistance.

ABSTRACT

The cactus prickly pear (*Nopalea cochenillifera*) is one of the main sources of food for cattle during dry periods in the Northeast region of Brazil. In the state of Alagoas, the crop stands out as the second most cultivated, surpassed only by sugarcane. Despite its hardiness, cactus pear is susceptible to several diseases, among which brown spot stands out, considered the most important in the region. Many pathogens are associated with this disease, especially species of the genus *Macrophomina*. Given the scarcity of studies focused on the resistance of cactus pear genotypes to brown spot, this study aimed to evaluate the reaction of different cactus pear genotypes to brown spot caused by *Macrophomina nopalii*. In the analyses, seedlings of six cactus genotypes, Clone 6, Clone 7, Clone13, Clone 21, Clone F-21 and Tamazunchale were used. Inoculations were performed by depositing PDA discs containing pathogen structures. In the controls, only PDA discs without fungal structures were used. The experiment was maintained in a greenhouse for up to ten days and evaluations were performed by the diameter of the lesions in each replicate. Among the genotypes evaluated, Clone F-21 presented the smallest average lesion size, indicating promising behavior regarding resistance to brown spot caused by *M. nopalii*.

Keywords: Cactaceae, Fungal disease, Resistance.

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO.....	14
2- REVISÃO DE LITERATURA.....	16
2.1- Palma forrageira	16
2.1.2- Descrição botânica, fisiologia e aspectos químicos.	17
2.1.3 - Mancha marrom	18
2.1.4 - Família Botryosphaeriaceae	18
2.1.5. Genero <i>Macrophomina</i>	19
2.1.6 - Resistência Genética.....	20
2.1.7. REFERÊNCIAS	21
3- MATERIAL E MÉTODOS.....	24
3.1- Obtenção do isolado	24
3.1.2 - Patogenicidade.....	25
3.1.3 - Avaliação da resistência in vivo de genótipos de palma miúda à mancha marrom causada por <i>M. nopalii</i>	25
4 - RESULTADOS.....	26
4.1. Avaliação da resistência in vivo de genótipos de palma miúda à mancha marrom causada por <i>M. nopalii</i>	26
5. DISCUSSÃO	28
6 - CONCLUSÃO	30
6 - REFERÊNCIAS	31

1. INTRODUÇÃO

O Brasil se destaca como um dos maiores produtores de palma forrageira do mundo, com uma área cultivada de aproximadamente 600 mil hectares e uma produção média anual de 3.5 milhões de toneladas. Esta produção está concentrada principalmente nas bacias leiteiras dos estados de Pernambuco, Alagoas, Ceará e Paraíba, onde as espécies *Opuntia ficus-indica* e *Nopalea cochenillifera* são as mais cultivadas (FERREIRA et al. 2012; LOPES et al. 2012; IBGE, 2017). No semiárido nordestino, a espécie *N. cochenillifera* é a mais utilizada, devido às suas excelentes características nutricionais, elevada palatabilidade e digestibilidade para bovinos, caprinos e suínos, além de alta produção de matéria seca e resistência à cochonilha do carmim (*Dactylopius opuntiae* Cockerell) (LOPEs et al. 2012).

Em condições de campo a palma forrageira atua como hospedeira de muitos microrganismos fitopatogênicos, sendo as de origem fúngicas, as mais relevantes, por provocarem podridões em cladódios e raízes e mancha nos cladódios. Dentre essas, destacam-se a mancha escamosa e, sobretudo, a mancha-marrom, considerada a doença de maior importância para a cultura da palma miúda no Nordeste brasileiro. A mancha marrom caracteriza-se pela presença de lesões de coloração marrom a negra nos cladódios, que frequentemente apresentam perfurações resultantes da queda do tecido necrosado. As lesões podem coalescer, formando áreas extensas de necrose, culminando a queda dos cladódios afetados (SWART, 2003; SANTOS et al., 2006; LIMA et al, 2011; BARBOSA et al., 2012; CONFORTO et al., 2016; FEIJÓ et al. 2019, INFANTE et al. 2021). Muitos patógenos têm sido associados a etiologia da mancha marrom e, entre eles, uma nova espécie do gênero *Macrophomina* foi recentemente descrita como agente causal da doença: *Macrophomina nopalii*, considerada altamente agressiva, de acordo com estudos anteriores (FEIJÓ, 2016).

Apesar da relevância da mancha-marrom para a cultura da palma-forrageira no Nordeste brasileiro, ainda são escassos os estudos que avaliam o comportamento de genótipos de palma miúda, dada a importância da mancha-marrom para o nordeste brasileiro, poucos estudos foram conduzidos com o intuito de verificar o comportamento de genótipos de palma miúda a doença, contudo, sendo baseados em outros patógenos (MENEZES, 2016; INFANTE, 2021).

Estudos apontam que o uso de variedades resistentes é uma das estratégias de manejo mais eficazes para muitos patógenos, devido ao seu baixo custo e à facilidade de aplicação (CAMARGO & BERGAMIN FILHO, 1995). Para *Macrophomina phaseolina*, inúmeros estudos apontam que o uso de cultivares resistentes é a estratégia mais eficaz e economicamente viável para o manejo das doenças causadas por esse patógeno em diferentes culturas hospedeiras, como feijão-caupi, soja,

sorgo e feijão-fava (LODHA; MAWAR, 2019; ARAÚJO et al., 2022; GARCÍA et al., 2019; REZNIKOV et 2019 CHATTANAVAR; VINAYAKA, 2020; PANDEY et al., 2021). No entanto, até o momento, não há registros de estudos específicos sobre resistência de genótipos de palma miúda à *M. nopalii*, especialmente por se tratar de uma espécie recentemente descrita dentro do gênero *Macrophomina*. Nesse contexto, o objetivo desse estudo foi de avaliar a reação de genótipos de palma miúda a mancha marrom causada pela espécie *Macrophomina nopalii*.

2- REVISÃO DE LITERATURA

2.1- Palma forrageira

A Palma forrageira pertence à Divisão Embryophyta, Sub-divisão Agiospermea, Classe Dicotyledoneae, sub-classe Archiclamideae, Ordem Opuntiales e família Cactácea. Atualmente foram descritas 2000 espécies distribuídas em 178 gêneros. Com cerca de 12 espécies os gêneros *Opuntia* e *Nopalea* são os mais cultivados (SANTOS et al., 2006). Os dois gêneros são os mais importantes devido a sua utilidade para o homem (VALDEZ e OSORIO,1997).

A cultura tem como centro de origem o México (*Opuntia ficus-indica* Mill e *Nopalea Cochenillifera* Salm Dyck), sendo considerada uma das culturas mais antigas da região, cultivada no país desde o período pré-espanico. Originalmente, encontrada apenas no continente americano, seu cultivo atualmente está presente em todo o mundo, desde o Canadá até a Argentina, do nível do mar aos 5100 metros de altitude no Peru. Em 1520, foi levada para a Espanha, em seguida para Portugal, de onde foi distribuída para África, Ásia e Oceania (BARRIOS; UMÑOZ-URÍAS, 2001; HOFFMAN, 2001).

No Brasil a sua chegada se deu no século XIX, no estado de Pernambuco, trazida pelos portugueses, com o intuito de utilizá-la com hospedeira para produção de cochonilha do carmim (*D. cocus*, Costa), capaz de produzir um corante de grande valor comercial (NUNES et al., 2011). Posteriormente, com o insucesso da produção, a palma passou a ser utilizada como planta ornamental e somente no século XX, despertou-se o interesse de utilizá-la como forrageira para alimentação animal. (SANTOS et al., 2006). Foi após a seca de 1932 que através de um programa governamental de difusão da cultura, a palma passou a ser disseminada pelo Nordeste (LIMA et al.,2001).

As regiões semiáridas representam em torno de 18% do território mundial e são áreas caracterizadas por irregularidades e baixas precipitações, unidos a elevados períodos de seca (SUDENE, 2017). São regiões que também englobam pequenos agricultores, no âmbito da agricultura familiar. Devido a essas características, a manutenção da alimentação dos rebanhos, mais especificamente a produção de forragens e grãos são comprometidas. Portanto, o uso de recursos alimentares alternativos, não convencionais, disponíveis e adaptados a essas áreas, pode ser a melhor opção para garantir a viabilidade dos rebanhos nessas regiões suscetíveis à seca e reduzir os custos na produção (URBANO et al., 2016).

A palma forrageira se tornou uma excelente opção de cultivo nessas regiões devido a sua fisiologia. A cultura apresenta como característica principal, a adaptação fisiológica, conhecida como

metabolismo fotossintético CAM (Metabolismo Ácido das Crassuláceas), isso faz com que a planta, fixe melhor CO₂ durante a noite, quando as taxas de evaporação são mais lentas, a partir da abertura dos estômatos, reduzindo a perda de água para o ambiente durante a fotossíntese. Além do metabolismo CAM, a palma apresenta em seu sistema radicular uma rede de raízes finas próximas da camada superficial do solo, que absorvem de maneira mais eficiente a água de chuvas, mesmo leves e orvalhos, favorecendo seu cultivo nessas regiões (CAVALCANTE et al., 2014). (SANTOS et al., 2010). Para fins forrageiro, existe a predominância de três espécies no Brasil, sendo eles: a palma Gigante, a Redonda e principalmente a palma Miúda (SEAGRI, 2018).

Atualmente existem no Brasil dois bancos de germoplasma, um localizado em Alagoas, no município de Santana do Ipanema, administrado pela EMATER - AL, possuindo cerca de 40 acessos, divididos entre os gêneros *Opuntia* e *Nopalea*. (SANTOS et al., 2006). O segundo é o banco de germoplasma da Empresa Pernambucana de Pesquisa Agropecuária (IPA), localizado na estação experimental de Arco Verde (PE), com aproximadamente 1.400 acessos de materiais variados sem 200 destes importados de diferentes locais como EUA, Argélia, África do Sul, México e Chile (SANTOS et al., 2006).

2.1.2- Descrição botânica, fisiologia e aspectos químicos.

Atualmente as espécies mais utilizadas no Nordeste brasileiro, para cultivo são *N. cochenillifera* com as cultivares miúda ou doce e *O. ficus-indica* com as cultivares Gigante, Graúda e Redonda (SOUZA et al., 2010). A cultivar Doce ou Miúda, tem cladódios pesando cerca de 350g e medindo 25cm de comprimento, com uma forma ligeiramente obovada com coloração verde intenso brilhante. O fruto é uma baga de coloração roxa. As flores possuem um aspeto avermelhado e sua corola permanece meio fechada durante o ciclo. É considerada mais exigente em água e quanto a qualidade do solo, apresentando maior produção de matéria seca quando comparada com a *O. ficus-indica* (SANTOS et al. 1990; SANTOS et al. 2001).

A *Opuntia ficus-indica* popularmente conhecida como Graúda ou Gigante, é uma planta de porte médio, caule pouco ramificado com aspecto ereto e crescimento vertical pouco frondoso para planta. Os cladódios têm forma oval elíptica ou sub ovalada e coloração verde fosco, podendo pesar entre 1kg e 1,8kg, medindo entre 40cm e 50cm de comprimento. As flores são hermafroditas, de coloração amarela cuja corola fica aberta na antese, o fruto é uma baga ovoide de coloração amarela tornando-se roxo quando maduro. É considerada uma cultivar bastante produtiva e resistente a restrição hídrica, no entanto é menos palatável aos animais e de baixo valor nutritivo. (SANTOS et al., 1990; SANTOS et al., 2001).

A palma forrageira apresenta quimicamente os seguintes aspectos caracteristicamente: alta concentração de fibras solúveis e água, baixas quantidades de proteínas, carboidratos solúveis e minerais. Em relação a sua composição química apresenta também as seguintes médias de digestibilidade: Nutrientes digestíveis totais (NDT) 65%, Cálcio (Ca) 2,88%, fósforo (P) 0,14 %, matéria seca (MS) 11%, proteína bruta (PB) 5%, fibra em detergente neutro (FDN) 28%, carboidratos solúveis (CHOS) 29% e digestibilidade in vitro da matéria seca (DIVMS) 74,4%, sendo classificada assim, como concentrado energético (SANTOS et al., 2006).

2.1.3 - Mancha marrom

A mancha marrom (Cladode Brown Spot – CBS) foi relatada pela primeira vez em 2001, em Pernambuco, no município de São Bento do Una, causando sérios problemas para a cultura, e desde então existem relatos de ocorrência desta doença, com incidência de 70 % na maioria das áreas de cultivo (LIMA et al., 2011; BARBOSA et al., 2007). Os sintomas da doença caracterizam-se por manchas de coloração marrom e preta nos cladódios, de formas circulares ou elípticas, medindo cerca 1,0-3,0cm de diâmetro. As lesões podem se estender de uma face a outra do cladódio, exibindo perfurações devido à queda do tecido infectado. As manchas podem coalescer, formando grandes áreas necrosadas e causando queda dos cladódios (SWART; SWART, 2003; SANTOS et al., 2006).

A mancha marrom tinha como principal agente etiológico da doença *Alternaria tenuissima* (Nees et T. Nees), mas estudos recentes relatam outros patógenos associados a mancha marrom como, *Colletotrichum* spp., *N. batangarum* (SWART; SWART, 2003; SANTOS et al., 2006; CONFORTO et al., 2016; OLIVEIRA et al., 2018). Estudos realizados por Feijó, (2016), relataram que além do gênero *Alternaria* os gêneros *Macrophomina*, *Colletotrichum*, *Diaporthe*, *Fusarium*, *Lasiodiplodia*, *Neofusicoccum* e *Neopestalotiopsis*, estão associados a mancha marrom nos estados de Alagoas e Pernambuco. Dentre os principais agentes etiológicos os do gênero *Macrophomina* se destacam pelo comportamento e agressividade da doença, causando perdas expressivas e comprometendo o seu potencial produtivo.

2.1.4 - Família Botryosphaeriaceae

Taxonomicamente, a família Botryosphaeriaceae, pertence ao Domínio Eukaryota; Reino Fungi; Filo Ascomycota; Classe Dothideomycetes e Ordem Botryosphaeriales (SCHOCH et al., 2006). Cerca de 17 gêneros foram descritos e 110 espécies identificadas com base em caracterização morfológica e filogenética. Os gêneros inseridos na família Botryosphaeriaceae, são, *Neofusicoccum*,

Neoscytalidium, *Lasiodipodia*, *Macrophomina*, *Pseudofusicoccum*, *Barriopsis*, *Botryosphaeria*, *Botryobambusa*, *Cophinforma*, *Diplodia*, *Dothiorella*, *Neodeightonia*, *Phaeobotryon*, *Sphaeropsis*, *Tiarosporella*, *Spencermartinsia*, *Endomelanconiopsis*. (PHILLIPS et al. 2013).

Diversos fungos pertencentes a essa família já foram detectados em todas as áreas geográficas do mundo, causando doenças em frutíferas e em muitas outras culturas nativas, exóticas e de importância econômica para países tropicais e subtropicais. Convivem de forma endofítica, podendo tornar-se patogênico ou não, com hábitos saprofíticos ou necrotróficos, associados, sobretudo as espécies vegetais lenhosas, como também em plantas herbáceas (PHILLIPS et al., 2013). No Brasil, os gêneros *Botryosphaeria*, *Lasiodiplodia*, *Neofusicoccum*, *Neoscytalidium*, *Macrophomina* e *Pseudofusicoccum* já foram filogeneticamente identificados e associados tanto a fruteiras tropicais quanto a outras plantas cultivadas.

Composta por um complexo de espécies crípticas, ou seja, fungos morfológicamente semelhantes, assim é constituído os gêneros pertencentes a família Botryosphaeriaceae. (BICKFORD et al., 2006). Por esse motivo, a caracterização molecular atualmente, é a opção mais confiável e eficaz na identificação de fungos pertencentes a essa família.

2.1.5. Genero *Macrophomina*

O gênero *Macrophomina* pertence ao filo Ascomycota, classe Dothideomycetes, ordem Botryosphaeriales e família Botryosphaeriaceae. Este gênero inclui fungos fitopatogênicos amplamente distribuídos em regiões tropicais e subtropicais, sendo responsáveis por causar doenças em diversas culturas de importância econômica, como algodão, soja, milho, feijão, girassol, entre outras (SUASSUNA et al., 2016). A espécie mais conhecida e estudada dentro deste gênero é *Macrophomina phaseolina* (Tassi) Goid., agente etiológico da podridão escamosa, uma doença de solo que afeta principalmente as partes subterrâneas e a base do caule das plantas hospedeiras (PEREIRA et al., 2019).

Macrophomina phaseolina possui ampla gama de hospedeiros, o que contribui para sua permanência no solo por meio da formação de estruturas de resistência, que podem sobreviver por vários anos na ausência de hospedeiros (MELO; PICCININ, 2020). Essas características conferem ao patógeno uma grande adaptabilidade a diferentes condições ambientais, especialmente sob estresse hídrico e altas temperaturas, fatores que favorecem a incidência da doença (FERREIRA et al., 2018). O controle da doença causada por esse gênero é complexo e envolve práticas de manejo integrado, incluindo a rotação de culturas com espécies não hospedeiras, uso de sementes saudáveis, tratamento de sementes e, em alguns casos, o uso de fungicidas (SANTOS et al., 2021).

Na palma forrageira, *Macrophomina phaseolina* (Tass.) causa a podridão de macrofomina, doença recorrente no México e já relatada no Brasil em *Opuntia* e *Nopalea* nos estados de Pernambuco e Alagoas, respectivamente. A doença se manifesta inicialmente através de manchas cloróticas na parte externa e verde escuras na parte interna dos cladódios. Com a evolução da doença a casca das manchas racha, devido a uma putrefação semi-aquosa, e se torna preta, o que é seguido de uma perfuração no local da mancha (GRANATA, 2001).

2.1.6 - Resistência Genética

O conhecimento da base genética da resistência permite o desenvolvimento de programas de melhoramento mais eficientes, integrando técnicas tradicionais com biotecnologia, como a seleção assistida por marcadores moleculares. Tais avanços favorecem a criação de cultivares mais adaptadas às condições edafoclimáticas do Nordeste, com maior produtividade e resistência a doenças (SILVA et al., 2019)

Se tratando de melhoramento genético de palma forrageira no Brasil, a Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE) e o Instituto Agrônomo de Pernambuco (IPA) e são os pioneiros nas pesquisas dessa planta, atuando na região Nordeste desde 1958 (SANTOS et al., 2006; SIMÕES et al., 2005), e no melhoramento genético desde o final da década de 1980 (SANTOS et al., 2005a). A cultivar gigante, foi lançada em 1998 e atualmente é uma das mais utilizadas.

O IPA é responsável por desenvolver um programa de melhoramento com o intuito de ampliar a base genética da palma forrageira, através de cruzamentos dirigidos e, pela introdução de materiais de diversos países, como México, EUA, África do Sul, Argélia, Chile entre outros (SANTOS et al., 2006). Além disso, possui um Banco Ativo de Germoplasma (BAG) com mais de 1000 acessos (SANTOS et al., 1999).

As etapas que compõem o programa de melhoramento de palma são: plantar o material assexuadamente; permitir o cruzamento por polinização livre ou executar hibridação controlada; aguardar a produção de sementes; colhê-las e realizar novamente o plantio. A plantação apresentará grande variação genética, o que possibilita seleções de novos materiais. O novo material selecionado será novamente propagado assexuadamente (SANTOS et al., 2005a). A forma mais comum para realizar a propagação da palma é por via assexual, facilitando a multiplicação e o manejo, porém, a homogeneidade das plantas obtidas, acabam favorecendo o surgimento de pragas e doenças, por esse motivo, o foco das pesquisas tem sido identificar materiais resistentes.

O principal foco do melhoramento genético é aumentar consideravelmente a produtividade da cultura e ampliar a área de adaptação com lançamentos de novos cultivares. Lira et al. (2006) estimam

que o acréscimo na produtividade pode ser superior a 300%, justificando, assim, as pesquisas em melhoramento de palma forrageira no Nordeste brasileiro.

2.1.7. REFERÊNCIAS

- ALVES, A. M. et al. Resistência de genótipos de palma forrageira à mancha marrom. **Revista Caatinga**, Mossoró, v. 30, n. 3, p. 687–694, 2017.
- ALVES, R. S. et al. Reação de clones de palma forrageira à mancha de *Phyllosticta*. **Revista Caatinga**, Mossoró, v. 30, n. 3, p. 676-683, 2017.
- BARBOSA, F. R., LIMA, G. S. A., & SANTOS, M. R. A. (2012). Doenças fúngicas em palma forrageira no semiárido brasileiro. **Revista Verde**.
- BARBOSA, J. G. et al. Caracterização de *Alternaria* spp. causadora da mancha marrom em cladódios de palma forrageira. **Revista Brasileira de Fitopatologia**, v. 29, n. 3, p. 276–283, 2007.
- BARRIOS, H. G.; MUÑOZ-URÍAS, A. El nopal y su aprovechamiento integral. México: Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias (INIFAP), 2001.
- BICKFORD, D. et al. Cryptic species as a window on diversity and conservation. **Trends in Ecology & Evolution**, v. 22, n. 3, p. 148–155, 2006.
- BROGLIO-MICHELETTI, S. M. F., et al. (2008). Plantas forrageiras: gramíneas e leguminosas. **Jaboticabal: FUNEP**.
- CAVALCANTE, M. A. B. et al. Palma forrageira: cultivo, uso atual e perspectivas futuras para o semiárido brasileiro. Fortaleza: **Embrapa Caprinos e Ovinos**, 2014.
- CAVALCANTE, M. et al. (2014). Banco de germoplasma de palma forrageira em Santana do Ipanema – AL. **Revista Científica de Produção Animal**.
- CONFORTO, C. P. et al. Patógenos associados à mancha marrom da palma forrageira no estado de Pernambuco. **Fitopatologia Brasileira**, v. 41, p. 20–28, 2016.
- CONFORTO, C., et al. (2016). Ocorrência e caracterização da mancha marrom da palma forrageira no semiárido nordestino. **Agrotec**.
- FEIJÓ, F. M. A. (2016). Identificação de fungos associados à mancha marrom em palma forrageira. **Dissertação (Mestrado)** – Universidade Federal Rural de Pernambuco.
- FEIJÓ, M. F. Diversidade de fungos associados à mancha marrom da palma forrageira no Nordeste do Brasil. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v. 11, n. 3, p. 391–398, 2016.
- FERREIRA, A. C. S. et al. Manejo de doenças radiculares causadas por *Macrophomina phaseolina*. **Revista de Agricultura Neotropical**, v. 5, n. 2, p. 35-41, 2018.
- FERREIRA, A. M. A. et al. Variedades de palma forrageira resistentes à mancha marrom no semiárido brasileiro. Embrapa Semiárido, **Boletim Técnico**, 2020.
- FERREIRA, J. D. A., et al. (2012). Produtividade de cultivares de palma forrageira em diferentes condições de manejo. **Revista Brasileira de Zootecnia**.
- FERREIRA, M. A. et al. Palma forrageira: cultivo, uso na alimentação animal e alternativas de conservação. Embrapa Semiárido, Petrolina, 2020. Disponível em:

<<https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/217127/1/Palma-Forageira.pdf>>. Acesso em: 17 abr. 2025.

FLORES-FLORES, J. L., et al. (2013). Pathogenicity of *Macrophomina phaseolina* in prickly pear cactus. *Plant Pathology Journal*.

Fundação Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (IBGE). Censo Agropecuário 2017.

Disponível em:

https://censoagro2017.ibge.gov.br/templates/censo_agro/resultadosagro/agricultura.html. Acesso: abril de 2018.

GRANATA, A. P. Podridão de *Macrophomina* na palma forrageira. **Revista de Fitopatologia**, v. 34, p. 125–129, 2001.

HOFFMANN, W. A. Ecologia da palma forrageira no semiárido nordestino. Fortaleza: **EMBRAPA Semiárido**, 2001.

IBGE – Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. (2017). Produção Agrícola Municipal: Palma Forrageira.

LIMA, G. F. C. et al. Palma forrageira: cultivo e utilização na alimentação animal. Recife: IPA, 2001.

LIMA, G. S. A., et al. (2011). Mancha marrom em palma forrageira miúda no semiárido. **Agropecuária Técnica**.

LIMA, L. A. et al. Ocorrência e características da mancha marrom da palma forrageira em Pernambuco. **Revista de Ciências Agrárias**, v. 34, n. 2, p. 120–125, 2011.

LIRA, M. A. et al. Melhoramento genético da palma forrageira: resultados e perspectivas para o semiárido brasileiro. Recife: IPA, 2006.

LOPES, E. B. et al. Cultivo da Palma Forrageira. In: LOPES, E. B. (Ed.) *Palma forrageira: Cultivo, uso atual e perspectivas de utilização no semiárido nordestino*. João Pessoa: **EMEPA/FAEPA**. 2012. p. 21 – 60.

LOPES, F. B., et al. (2010). Caracterização agrônômica de genótipos de palma forrageira no semiárido nordestino. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**.

LOPES, F. B., et al. (2012). Uso da palma forrageira na alimentação animal no Nordeste do Brasil. **Embrapa Semiárido**.

MELO, F. L.; PICCININ, E. Sobrevivência e controle de *Macrophomina phaseolina* em diferentes sistemas de cultivo. **Revista Brasileira de Fitopatologia**, v. 45, p. 123-130, 2020.

NUNES, J. A. R. et al. Palma forrageira: alternativas para o semiárido brasileiro. Petrolina: **EMBRAPA Semiárido**, 2011.

OLIVEIRA, M. F. et al. Novos patógenos associados à mancha marrom da palma forrageira em Alagoas e Pernambuco. **Fitopatologia Brasileira**, v. 43, p. 59–67, 2018.

PEREIRA, C. E. et al. Identificação e manejo da podridão escamosa causada por *Macrophomina phaseolina*. **Tropical Plant Pathology**, v. 44, p. 150-157, 2019.

- PHILLIPS, A. J. L. et al. The Botryosphaeriaceae: genera and species known from culture. **Studies in Mycology**, v. 76, p. 51–167, 2013.
- SANTOS, D. C. dos et al. Resistência genética de genótipos de palma forrageira a *Phyllosticta* sp. **Agropecuária Técnica**, Areia, v. 39, n. 2, p. 131-138, 2018.
- SANTOS, D. C. et al. Caracterização morfoagronômica de genótipos de palma forrageira no Nordeste brasileiro. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 35, n. 3, p. 821-829, 2006.
- SANTOS, D. C. et al. Manejo e utilização da palma forrageira (*Opuntia* e *Nopalea*) em Pernambuco. Recife: **IPA**, 2006. 48p. (IPA, Documento 30).
- SANTOS, D. C. et al. Utilização da palma forrageira na alimentação de ruminantes. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 39, p. 276–289, 2010.
- SANTOS, L. V. et al. Estratégias de manejo integrado para controle de *Macrophomina phaseolina*. **Summa Phytopathologica**, v. 47, n. 1, p. 22-28, 2021.
- SANTOS, M. A. et al. *Alternaria* spp. associadas à mancha marrom da palma forrageira em regiões tropicais. **Revista Brasileira de Fitopatologia**, v. 28, n. 2, p. 171–177, 2006.
- SANTOS, M. V. F. dos et al. Banco Ativo de Germoplasma de palma forrageira do IPA: caracterização de acessos. Recife: IPA, 1999.
- SANTOS, M. V. F. dos et al. Melhoramento genético da palma forrageira: seleção de genótipos promissores para o semiárido. In: Simpósio Nordeste de Produção de Caprinos e Ovinos. Sobral: **Embrapa Caprinos**, 2005a.
- SANTOS, M. V. F. dos et al. Produção e utilização da palma forrageira nos sistemas de produção animal. Recife: IPA, 2006.
- SANTOS, M. V. F. dos et al. Produção e utilização da palma forrageira nos sistemas de produção animal. Recife: IPA, 2006.
- SANTOS, M. V. F. dos et al. Resistência de cultivares de palma forrageira a patógenos no semiárido nordestino. **Revista Brasileira de Agroecologia**, v. 13, n. 1, p. 88–96, 2018.
- SANTOS, M. V. F. dos; LIRA, M. A. de; CUNHA, M. V. da. Cultivares de palma forrageira no semiárido brasileiro. In: **Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia, João Pessoa, PB**. Anais... João Pessoa: SBZ, 1990.
- SANTOS, M. V. F. dos; SOUTO, S. M.; LIRA, M. A. de; CUNHA, M. V. da. Composição química e digestibilidade in vitro de clones de palma forrageira cultivados em Serra Talhada-PE. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 29, n. 5, p. 1405-1413, 2001.
- SANTOS, M. V. F., et al. (2006). Produção e utilização da palma forrageira no Nordeste do Brasil. Recife: **Imprensa Universitária**.
- SCHOCH, C. L. et al. A multigene phylogeny of the Dothideomycetes using four nuclear loci. **Mycologia**, v. 98, n. 6, p. 1041–1052, 2006.
- SEAGRI – Secretaria da Agricultura do Estado da Bahia. Produção e utilização da palma forrageira. Salvador: **SEAGRI**, 2018.

- SILVA, J. A. et al. Seleção de genótipos de palma forrageira resistentes à mancha marrom. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, Campina Grande, v. 23, n. 1, p. 52-57, 2019.
- SILVA, T. G. F. da et al. Biotecnologia aplicada ao melhoramento da palma forrageira: perspectivas e desafios. **Revista Agropecuária Técnica**, v. 40, n. 2, p. 23–30, 2019.
- SIMÕES, D. S. et al. Evolução do melhoramento genético da palma forrageira no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 34, n. 6, p. 1801–1810, 2005.
- SOUZA, A. M. C., et al. (2010). Doenças de importância econômica em palma forrageira. **Embrapa Semiárido**.
- SOUZA, E. S. de et al. Utilização de palma forrageira em dietas para ruminantes no semiárido brasileiro. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, Salvador, v. 11, n. 2, p. 487-498, 2010.
- SUASSUNA, N. D. et al. Ocorrência e impacto de *Macrophomina phaseolina* em culturas do Brasil. **Embrapa Algodão**, Circular Técnica, n. 156, 2016.
- SUDENE – Superintendência do Desenvolvimento do Nordeste. Caracterização das regiões semiáridas do Brasil. Recife: SUDENE, 2017.
- SWART, A. A.; SWART, H. C. Caracterização da doença mancha marrom na palma forrageira. **Revista de Fitopatologia**, v. 31, n. 4, p. 239–243, 2003.
- SWART, W. J. (2003). Pathogenic fungi associated with cactus pear in South Africa. **South African Journal of Science**.
- URBANO, S. A. et al. Aproveitamento de recursos forrageiros alternativos na alimentação de ruminantes no semiárido. **Revista Verde de Agroecologia e Desenvolvimento Sustentável**, v. 11, n. 3, p. 1–6, 2016.
- VALDEZ, R.; OSORIO, F. El nopal: cultivo y uso. Guadalajara: Universidad de Guadalajara, 1997.
- VASCONCELOS, A. J. S., et al. (2009). Germoplasma de palma forrageira: conservação e avaliação no Semiárido Brasileiro. **Embrapa Semiárido**.
- WANDERLEY, W. L., et al. (2002). Palma forrageira na alimentação animal. **Revista de Agricultura**.

3- MATERIAL E MÉTODOS

3.1- Obtenção do isolado

A espécie *M. nopalii* foi adquirida da Coleção de Fungos Fitopatogênicos da Universidade Federal de Alagoas (COUFAL) do Laboratório de Fitopatologia Molecular do Centro de Engenharias e Ciências Agrárias (CECA). O isolado desta espécie foi obtido de cladódios com sintomas de mancha-marrom coletados em Delmiro Gouveia, Alagoas, Brasil. Sua identificação foi baseada em dados morfológicos e filogenéticos (FEIJÓ, 2016).

3.1.2 - Patogenicidade

A patogenicidade do isolado foi testada em cladódios sadios destacados da palma forrageira Miúda, para verificar se o fungo ainda estava viável, ou seja, se ainda era capaz de causar doença. Ferimentos foram realizados na superfície dos cladódios com o auxílio de uma agulha previamente esterilizada, em seguida depositou-se discos de BDA contendo estruturas do patógeno (FLORES E FLORES, et al., 2013). Na testemunha foi utilizada apenas discos de BDA. Posteriormente, cada cladódio foi acondicionado separadamente em sacos plásticos contendo um chumaço de algodão umedecido com ADE, e mantidos em incubadora tipo BOD a 25 ± 1 °C e fotoperíodo de 12 horas por até 10 dias.

3.1.3 - Avaliação da resistência in vivo de genótipos de palma miúda à mancha marrom causada por *M. nopalii*.

Cladódios de 06 genótipos de palma miúda (Clone 06, Tamazunchale, Clone 07, Clone F-21, Clone 21, Clone 13) foram obtidos da Coleção de Genótipos de Palma da Secretaria de Agricultura do Estado de Alagoas, situada no município de Santana do Ipanema, AL. Os genótipos foram plantados em vasos contendo solo estéril e mantidos em casa de vegetação no CECA/UFAL.

As inoculações foram realizadas aos 150 dias após o plantio, pelo método de deposição de estruturas do patógeno (discos de BDA com 5mm de diâmetro), na superfície dos cladódios sadios. A testemunha foi inoculada com disco de BDA sem estruturas do patógeno. Posteriormente, as plantas foram acondicionadas em sacos plásticos transparentes, para a obtenção da câmara úmida por 48h. As plantas foram mantidas na casa de vegetação por 10 dias para avaliação dos sintomas.

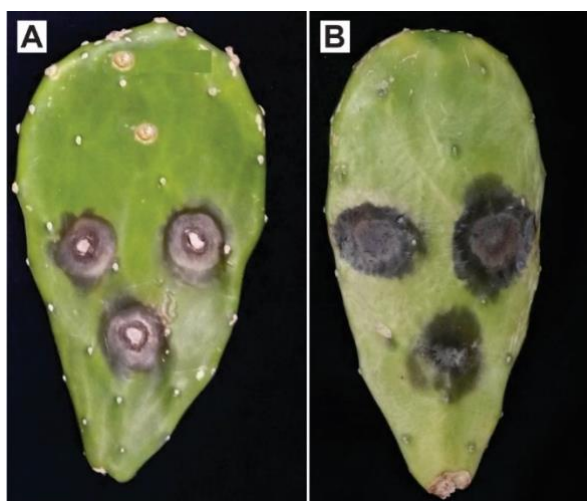
O experimento foi realizado em delineamento inteiramente casualizado, representado por seis genótipos, um isolados de *Macrophomina* e 4 repetições, sendo a unidade experimental constituída por uma planta com um a dois cladódios secundários. Foram realizados quatro ferimentos com o auxílio de uma agulha esterilizada por cladódios, sendo três ferimentos inoculados com o patógeno e um a testemunha. Dez dias após as inoculações, os diâmetros das lesões foram determinados com o auxílio de um paquímetro digital em dois sentidos perpendiculares, obtendo-se assim a severidade das lesões. Nas análises estatísticas, as médias de severidade das lesões foram submetidas à análise de variância e os valores obtidos comparados pelo teste de Scott - Knott ao nível de 5% de probabilidade utilizando o software ASSISTAT 7.7 beta.

4 - RESULTADOS

4.4. Teste de Patogenicidade

O isolado de *M. nopalii*, utilizado no presente estudo, causou lesões circulares e necróticas que se estenderam de uma a face a outra dos cladódios inoculados sete dias após as inoculações, demonstrando que não tinha perdido sua capacidade patogênica (Figura1).

Figura 1. Sintomas de mancha marrom causada *M. nopalii* após sete dias de incubação. A - Sintomas face adaxial do cladódio e B - Sintoma na face abaxial do cladódio.



4.1. Avaliação da resistência in vivo de genótipos de palma miúda à mancha marrom causada por *M. nopalii*.

Após o período de incubação, todos os genótipos utilizados desenvolveram lesões típicas de mancha marrom sete dias após as inoculações em casa de vegetação (Figura 2).

Figura 2. Sintomas de mancha marrom em genótipos de palma forrageira miúda causados por *M. nopalii*.



De acordo com os resultados da ANOVA, houve diferenças significativas ao nível de 5% de probabilidade pelo teste de Scott-Knott no experimento, demonstrando, nesse caso, que pelo menos um genótipo de palma miúda diferiu estatisticamente em sua resistência à *Macrophomina nopalii*, indicando variabilidade genética entre os genótipos testados no presente estudo. As testemunhas não expressaram sintomas da doença.

O genótipo Clone F-21 apresentou a menor tamanho médio de lesão (mm) quando comparados aos demais genótipos, diferindo estatisticamente dos Clone 06, Clone 07, Clone 21 e Tamazunchale, que por sua vez, não diferiram estatisticamente entre si, mas diferiram do genótipo Clone 13 que apresentou maior tamanho médio de lesão em relação a todos os genótipos testados. Assim, foram formados três grupos quanto a resposta a mancha marrom causada por *M. nopalii*. O grupo I com o genótipo Clone F-21 como resistente, o grupo II com genótipos Clone 06, Clone 07, Clone 21 e Tamazunchale considerados como moderadamente resistentes e o grupo III, como o genótipo Clone 13 como suscetível (Tabela 1). Na figura 3, é possível visualizar o comportamento dos genótipos testados em relação ao isolado de *M. nopalii*.

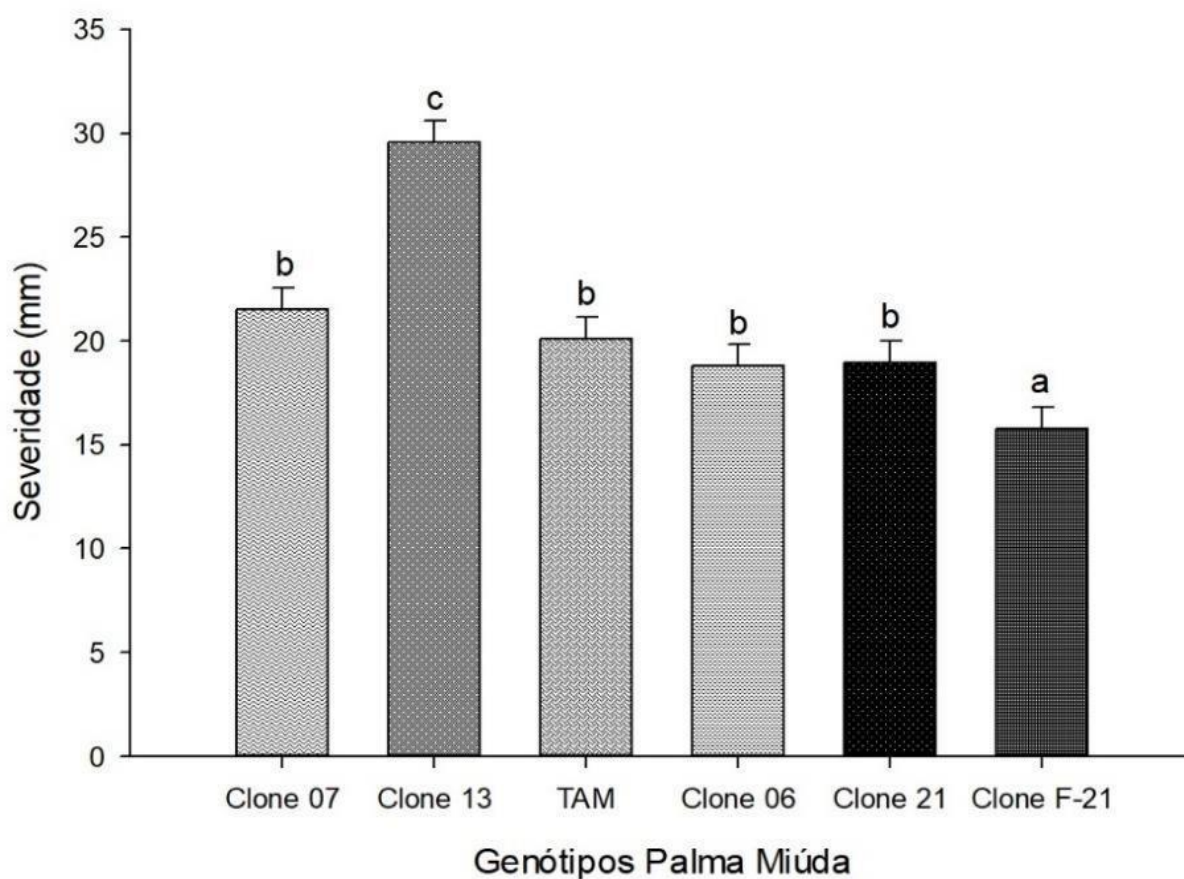
Tabela 2. Médias das avaliações (mm) do comportamento de sete genótipos de palma forrageira miúda sobre a severidade da mancha-marrom ocasionadas por *M. nopalli*.

Genótipos	Médias da severidade
CLONE F-21	15.76a
CLONE 06	18.80b*
CLONE 21	18.94b
CLONE 07	21.53b
TAMAZUNCHALE	20.13b
CLONE 13	29.58c

* Médias seguidas na mesma letra não diferem estatisticamente pelo teste de (Scott-Knott 1974) ao nível de probabilidade de 5%.

*

Figura 3. Comportamento de genótipos de palma miúda a um isolado de *Macrophomina* sp. inoculados com discos contendo estruturas do patógeno.



5. DISCUSSÃO

O presente estudo demonstrou a ocorrência de variabilidade genética entre genótipos de palma miúda (*N. cochenillifera*), resultando em níveis diferenciados de resistência dos genótipos a nova espécie do gênero *Macrophomina*, *M. nopalii*.

Até o presente momento, apenas dois estudos foram conduzidos voltados a avaliação da resistência em palma forrageira miúda a mancha marrom, tida como a principal doença da palma miúda no nordeste brasileiro (CONFORTO et al. 2016; OLIVEIRA et al. 2016; FEIJÓ et al. 2019; INFANTE et al. 2021). Oliveira 2016, avaliou a resistência de dez genótipos de palma miúda (Palma Alagoas, Miúda, Orelha de Onça, Palma Melancia, Tamazunchale, Clones 06, 07, 13, 21 e F-21), dos quais seis desses foram utilizados no presente estudo (Tamazunchale, Clones 06, 07, 13, 21 e F-21), em relação a mancha marrom causada por três espécies de *Colletotrichum*: *C. fruticola*, *C. siamense* (complexo gloeosporioides) e *C. karstii* (complexo boninese) e, no dois estudos, verificou-se níveis diferenciados de resistência aos genótipos testados, assim como verificado no presente estudo e corroborando com outros estudo em patossistemas diferente (NORONHA et al. 2012; SOBRINHO et al. 2023; TOMAZ et al. 2024)

Os resultados obtidos por Oliveira 2016, demonstraram que os genótipos: Miúda e os Clones 07, 13 e 21, apresentaram menor tamanho médio de lesão, comportando-se como promissores a mancha marrom causada por *Colletotrichum* spp., Infante 2019, testando os mesmos genótipos utilizados por Oliveira 2016, no entanto, a *Alternaria* spp. também verificou que os Clones 13 e 21 foram promissores independente da espécie de *Alternaria*. Estes resultados diferem dos resultados obtidos no presente estudo, em relação ao Clone 13, que foi considerado suscetível a *M. nopalii*, demonstrando que a variação da resistência genética vai depender do agente etiológico da doença em questão, assim como observado por outros autores (DHINGRA e SINCLAIR 1978; LODHA; MAWAR, 2019; ARAÚJO et al., 2022) e também vai depender da interação entre patógeno e hospedeiro que pode ser interferida pelo ambiente (DHINGRA e SINCLAIR 1978; MAYEK-PEREZ et al. 2001)

Outros estudos de resistência genética em palma forrageira são voltados a seleção de genótipos com resistência a insetos e genótipos que apresentam melhores respostas produtivas em diferentes condições de manejo (CAVALCANTE et al., 2014; SILVA et al., 2014). Até então o manejo da doença é feito apenas pela retirada e destruição dos cladódios infectados (Barbosa et al. 2012), contudo, não é uma prática eficiente para controlar a doença (SANTANA et al., 2019).

Por fim, o presente estudo demonstrou que o genótipo Clone F21, foi promissor a mancha marrom da palma forrageira miúda à espécie *M. nopalii*, no entanto, os resultados observados

sugerem que outros estudos sejam realizados na busca por genótipos mais promissores, testando também outros isolados de *M. nopalli*, uma vez que, isolados distintos de uma mesma espécie pode apresentar níveis de agressividade diferentes.

6 - CONCLUSÃO

O genótipo Clone F-21 apresentou a menor tamanho média de lesões, comportando-se como uma fonte promissora de resistência quantitativa a mancha marrom causada pela espécie *M. nopalii*.

6 - REFERÊNCIAS

DUBE, H. C.; BILGRAMI, K. S. *Pestalotia* or *Pestalotiopsis*? *Mycopathologia et Mycologia Applicata*, Deen Hang, v.29, p.33–54, 1965.

FLORES-FLORES, R. et al. Identification of fungal species associated with cladode spot of prickly pear and their sensitivity to chitosan. **Journal of phytopathology**, v. 161, n. 7-8, p. 544-552, 2013.

GUBA, E. F. *Monochaetia* and *Pestalotia* vs. *Truncatella*, *Pestalotiopsis* and *Pestalotia*. *Annals of Microbiology*, Milano, v. 7, p. 74–76, 1956.

GUBA, E. F. Monograph of *Pestalotia* and *Monochaetia*. Cambridge: Harvard University Press, 1961.

HOPKINS, K. E.; MCQUILKEN, M. P. Characteristics of *Pestalotiopsis* associated with hardy ornamental plants in the UK. **European Journal of Plant Pathology**, Dordrecht, v. 106, n. 1, p. 77-85, 2000.

ISMAIL, S. I; ZULPERI, D.; NORDDIN, S.; AHMAD-HAMDANI, S. First Report of *Neopestalotiopsis saprophytica* Causing Leaf Spot of Oil Palm (*Elaeis guineensis*) in Malaysia. **Plant Disease**, v.101, n.10, p. 1821, 2017.

JAYAWARDENA, R. S.; LIU, M.; MAHARACHCHIKUMBURA, S. S. N.; ZHANG, W.; XING, Q.; HYDE, K. D.; NILTHONG, S.; LI, X. H.; YAN, J. *Neopestalotiopsis vitis* sp. nov. causing grapevine leaf spot in China. *Phytotaxa*, v.258, n.1, p.063–074, 2016.

JEEWON, R.; LIEW, E. C. Y.; SIMPSON, J. A.; HODGKISS, I. J.; HYDE, K. D. Phylogenetic significance of morphological characters in the taxonomy of *Pestalotiopsis* species. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, Orlando, v.27, p372-383, 2003.

KRUSCHEWSKY, M. C.; LUZ, E. D. M. N.; BEZERRA, J. L. O GÊNERO *Pestalotiopsis* (ASCOMYCOTA, 'COELOMYCETES') NO BRASIL. *Agrotrópica*, v.26, n.2, p.89-98, 2014.

MAHARACHCHIKUMBURA, S. S. N.; GUO, L. D.; CHUKEATIROTE, E.; BAHKALI, A. H.; HYDE, K. D. *Pestalotiopsis*—morphology, phylogeny, biochemistry and diversity. **Fungal Diversity**, Hong Kong, v. 50, n. 1, p. 167-187, 2011.

MAHARACHCHIKUMBURA, S. S. N.; HYDE, K. D.; GROENEWALD, J. Z.; XU, J.; CROUS, P. W. *Pestalotiopsis* revisited. **Studies in Mycology**, Utrecht, v. 79, p. 121– 186, 2014.

MAHARACHCHIKUMBURA, S. S. N.; LARIGNON, P.; HYDE, K. D.; AL-SADI, A. M.; LIU, Z. Y. Characterization of *Neopestalotiopsis*, *Pestalotiopsis* and *Truncatella* species associated with grapevine trunk diseases in France. **Phytopathologia Mediterranea**, Firenze, v. 55, n. 3, p. 380-390, 2016.

MAHARACHCHIKUMBURA, S. S. N.; WU1, S. P.; HYDE, K. D.; AL-SADI, A. M.; LIU, Z. Y. First report of sweet potato leaf spot caused by *Neopestalotiopsis ellipsospora* in Guizhou province, China. **Journal of Plant Pathology**, v.98, n.3, p.677-697, 2016b.

NAG RAJ, T. R. Redisposals and redescriptions in the *Monchaetia Seiridium*, *PestalotiaPestalotiopsis* complexes. I. The correct name for the type species of *Pestalotiopsis*. **Mycotaxon**, Ithaca, v.22, p.43–51, 1985.

NIU, X.-Q.; ZHU, H.; YU, F.-Y.; TANG, Q.-H.; SONG, W.-W.; LIU, L.; QIN, W.-Q. First Report of *Pestalotiopsis menezesiana* Causing Leaf Blight of Coconut in Hainan, China. **Plant Disease**, v.99, n.4, p. 554, 2015.

ROSADO, A. W. C.; MACHADO, A. R.; PEREIRA, O. L. Postharvest Stem-End Rot on Immature Coconut Caused by *Pestalotiopsis adusta* in Brazil. **Plant Disease**, v.99, n.7, p.1036, 2015.

SOLARTE, F.; MUÑOZ, C. G.; MAHARACHCHIKUMBURA, S. S. N.; ÁLVAREZ, E. Diversity of *Neopestalotiopsis* and *Pestalotiopsis* spp., Causal Agents of Guava Scab in Colombia. **Plant Disease**. v.102, p.49-59, 2018.

STEYAERT, R. L. Contribution à l'étude monographique de *Pestalotia* de Not. Et *Monochaetia* Sacc. (*Truncatella* gen. nov. et *Pestalotiopsis* gen. nov.). Bulletin du Jardin botanique de l'Etat, /Bulletin van den Rijksplantentuin, Bruxelles, p. 285- 347, 1949.

SUTTON, B. C. The Coelomycetes e fungi imperfecti with acervuli and stromata. Slough: CABI Publishing, 1980.

WHITE, T. J.; BRUNS, T.; LEE, S.; TAYLOR, J. W. Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. In: INNIS, M.A.; GELFAND, D. H.; SNINSKY, J. J.; WHITE, T. J. (Ed.). PRC protocols: a guide to methods and applications. New York: Academy Press, 1990.

XU, J.; YANG, X.; LIN, Q. Chemistry and biology of *Pestalotiopsis*-derived natural products. **Fungal Diversity**, Hong Kong, v. 66, n. 1, p. 37-68, 2014.