



**UNIVERSIDADE FEDERAL DE PERNAMBUCO
CENTRO DE BIOCÊNCIAS
DEPARTAMENTO DE MICOLOGIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM BIOLOGIA DE FUNGOS**

JULIE ERICA DA ROCHA ALVES

**DIVERSIDADE DE FUNGOS ENTOMOPATOGÊNICOS DE ARTRÓPODES
EM SISTEMAS NATURAIS E EM AGROFLORESTAIS**

Recife, 2024

JULIE ERICA DA ROCHA ALVES

**DIVERSIDADE DE FUNGOS ENTOMOPATOGÊNICOS DE ARTRÓPODES
EM SISTEMAS NATURAIS E EM AGROFLORESTAIS**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-graduação em Biologia de Fungos da Universidade Federal de Pernambuco, como parte dos requisitos para obtenção do grau de Mestra em Biologia de Fungos.

Orientador (a): Prof.^a Dr.^a Patricia Vieira Tiago

Coorientador (a): Prof. Dr. Roger Fagner Ribeiro Melo

Recife, 2024

.Catalogação de Publicação na Fonte. UFPE - Biblioteca Central

Alves, Julie Erica da Rocha.

Diversidade de fungos entomopatogênicos de artrópodes em sistemas naturais e em agroflorestais / Julie Erica da Rocha Alves. - Recife, 2024.

92f.: il.

Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Pernambuco, Centro de Biociências, Programa de Pós-Graduação em Biologia de Fungos, 2024.

Orientação: Patricia Vieira Tiago.

Coorientação: Roger Fagner Ribeiro Melo.

1. Agroecossistema; 2. Biodiversidade; 3. Controle biológico; 4. Gibellula; 5. Ophiocordyceps; 6. Sucessão ecológica. I. Tiago, Patricia Vieira. II. Melo, Roger Fagner Ribeiro. III. Título.

UFPE-Biblioteca Central

JULIE ERICA DA ROCHA ALVES

**DIVERSIDADE DE FUNGOS ENTOMOPATOGÊNICOS DE ARTRÓPODES EM
SISTEMAS NATURAIS E EM AGROFLORESTAIS**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-graduação em Biologia de Fungos da Universidade Federal de Pernambuco, como parte dos requisitos para obtenção do grau de Mestra em Biologia de Fungos.

Aprovado em: 24/07/2024.

BANCA EXAMINADORA

Dr^a. Patricia Vieira Tiago (Orientadora)
Universidade Federal de Pernambuco - UFPE

Dr^a. Athaline Gonçalves Diniz (Examinador Interno)
Universidade Federal de Pernambuco - UFPE

Dr. João Paulo Machado de Araújo (Examinador Externo)
University of Copenhagen - UCPH

AGRADECIMENTOS

A realização desta tese foi um verdadeiro desafio, e muitas pessoas contribuíram para que este trabalho se tornasse realidade. A todas elas, meu sincero agradecimento.

Em primeiro lugar, agradeço profundamente aos agricultores Gercina, Alberto (Batata), Lenir, Jones, Maria e Ulisses, donos das terras onde realizei minhas coletas. Este trabalho é um pequeno retrato do esforço incansável e das muitas lutas que vocês enfrentaram e enfrentam diariamente. O amor de vocês pela terra trouxe essa rica biodiversidade.

À minha orientadora, Patrícia, um exemplo de profissional, humana, inteligente e espelho para todos os seus orientandos, meu agradecimento por ter me acolhido, confiado em mim e me ensinado tanto nesses dois anos.

Ao meu coorientador, Roger, por toda a orientação, apoio e confiança depositada em mim ao longo deste percurso.

À querida Ana, carinhosamente chamada de Aninha, que foi essencial tanto fora quanto dentro do laboratório e a quem tenho profunda admiração. Obrigado por toda a ajuda nas análises moleculares e em todas as etapas da pesquisa. Com você, evoluí e saí uma outra pessoa do mestrado.

Agradeço a todos do Laboratório de Fungos Fitopatogênicos e Biocontroladores pela companhia e apoio, e por serem uma segunda casa. Em especial, a Thiago, Marília e Roberta, que me ajudaram nas coletas e trouxeram boas risadas, e a Sheila, pela companhia na biologia molecular e pelas boas conversas. Minha grande admiração pelas pesquisadoras Amanda e Athaline, de quem também aprendi muito.

À minha mãe, Dina, e em memória ao meu pai, Delmario, meu eterno agradecimento pelo apoio incondicional e por terem me proporcionado o dom da vida.

À minha querida avó, celebro a alegria de sua vida e a gratidão por tudo que fez e faz por mim.

Aos meus irmãos, Jonas e Flávio, e à minha irmã, Jessica, que amo de coração e que são tudo para mim.

À minha tia Dal, por todo o suporte e presença constante em minha vida, que mesmo longe se faz presente todos os dias.

Ao meu namorado, Lucas, e à minha sogra, Ana, que se tornaram uma segunda família no meu coração.

Agradeço a Deus pela força e ânimo que me sustentaram durante toda esta jornada.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pelo auxílio financeiro oferecido para a realização deste trabalho.

À Universidade Federal de Pernambuco, ao Departamento de Micologia e ao Programa de Pós-Graduação em Biologia de Fungos por me proporcionarem essa experiência incrível de viver o mestrado e poder contribuir com a micologia.

A todos que, de alguma forma, torceram, contribuíram e me apoiaram para que fosse possível a conclusão desta etapa, meus sinceros agradecimentos.

“Os compositores fazem; decompositores desfazem. E a menos que os decompositores desfaçam, não há nada que os compositores possam fazer. Os fungos fazem mundos, mas eles também os desfazem.” (SHELDRAKE, 2020, p. 227).

RESUMO

Os Sistemas Agroflorestais (SAF's) surgem como alternativa aos interesses conflitantes entre as práticas agrícolas convencionais e a conservação ambiental. E assim como as florestas, a regulação de pragas dentro dos SAFs pode ser controlada por fungos entomopatogênicos. No entanto, os estudos de diversidade nesses sistemas são iniciais e ainda limitados. Este estudo teve como objetivo investigar a diversidade de fungos entomopatogênicos de três Sistemas Agroflorestais (SAF's), de um Sistema de Floresta Natural (Mata Atlântica) e de um monocultivo na Zona da Mata de Pernambuco. As coletas foram realizadas por busca ativa e os espécimes foram identificados com base em dados morfológicos e/ou moleculares. Para avaliar a diversidade de fungos de artrópodes das áreas estudadas foram usados os índices de riqueza de espécies (S), de diversidade de Shannon (H'), de Equitabilidade de Pielou (J) e de dominância de Berger-Parker (d). Foram encontrados 159 espécimes, dos quais 47 estavam em estado avançado de decomposição e não puderam ser identificados. Um total de 112 espécimes, com 12 espécies identificadas, distribuídos em seis gêneros: *Akanthomyces*, *Cordyceps*, *Gibellula*, *Lecanicillium*, *Metarhizium* e *Ophiocordyceps*. A diversidade de fungos foi significativa tanto nos SAFs quanto na Mata Atlântica, enquanto a monocultura não apresentou esses fungos. A Mata Atlântica apresentou a maior taxa de espécies (6) e o maior índice de Shannon-Wiener ($H' = 1,291$), indicando a maior diversidade. Entre os SAFs, o SAF 12 teve a maior diversidade de espécies (5) e um índice de Shannon-Wiener de 1,068, seguido pelo SAF 11 (4 espécies, $H' = 1,073$). O SAF 28 teve a menor diversidade (2 espécies) e o menor índice de Shannon-Wiener ($H' = 0,6792$). Em termos de uniformidade, o SAF 28 apresentou a maior equitabilidade (0,9799), enquanto o SAF 12 teve a menor (0,6636). Os resultados mostraram uma relação entre a diversidade de fungos entomopatogênicos e o estágio de sucessão ecológica, além das práticas de manejo. Os SAFs revelaram-se ricos em biodiversidade e apresentaram novas descobertas científicas, como *Gibellula* sp. nov., *Ophiocordyceps* sp. nov. e *Akanthomyces* sp. nov., demonstrando grande potencial para a preservação da biodiversidade de fungos entomopatogênicos.

Palavras-chave: Agroecossistema; Biodiversidade; Controle biológico; *Gibellula*; *Ophiocordyceps*; Sucessão ecológica.

ABSTRACT

Agroforestry Systems (AFS) emerge as an alternative to the conflicting interests between conventional agricultural practices and environmental conservation. Like forests, pest regulation within AFS can be controlled by entomopathogenic fungi. However, diversity studies in these systems are in their early stages and still limited. This study aimed to investigate the diversity of entomopathogenic fungi in three Agroforestry Systems (AFS), a Natural Forest System, and a monoculture in the Zona da Mata of Pernambuco. Collections were carried out through active searches, and specimens were identified based on morphological and/or molecular data. To assess the diversity of fungi from arthropods in the studied areas, species richness (S), Shannon diversity (H'), Pielou's evenness (J), and Berger-Parker dominance (d) indices were used. A total of 159 specimens were found, of which 47 were in an advanced state of decomposition and could not be identified. A total of 112 specimens, with 12 identified species, were distributed among six genera: *Akanthomyces*, *Cordyceps*, *Gibellula*, *Lecanicillium*, *Metarhizium*, and *Ophiocordyceps*. Fungal diversity was significant in both the AFS and the Atlantic Forest, while the monoculture did not present these fungi. The Atlantic Forest had the highest species rate (6) and the highest Shannon-Wiener index ($H' = 1.291$), indicating the greatest diversity. Among the AFS, AFS 12 had the highest species diversity (5) and a Shannon-Wiener index of 1.068, followed by AFS 11 (4 species, $H' = 1.073$). AFS 28 had the lowest diversity (2 species) and the lowest Shannon-Wiener index ($H' = 0.6792$). In terms of evenness, AFS 28 had the highest evenness (0.9799), while AFS 12 had the lowest (0.6636). The results showed a relationship between the diversity of entomopathogenic fungi and the stage of ecological succession, in addition to management practices. The AFS proved to be rich in biodiversity and presented new scientific discoveries, such as *Gibellula* sp. nov., *Ophiocordyceps* sp. nov., and *Akanthomyces* sp. nov., demonstrating great potential for the preservation of entomopathogenic fungi biodiversity.

Keywords: *Akanthomyces*; Biodiversity; Biological control; Ecological succession; *Gibellula*; *Ophiocordyceps*.

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

Figura 1 –	Níveis de organização do ecossistema aplicados a um agroecossistema.	21
Figura 2 –	Processo de infecção e manipulação de comportamento exemplificado pelo fungo <i>Ophiocordyceps unilateralis s.l.</i>	34
Figura 3 –	Distribuição e Composição das Áreas de Coleta. A. Município de Paudalho: Área de Coleta no Assentamento Chico Mendes III - Remanescentes de Mata Atlântica, Sistemas Agroflorestais e Monocultura de Mandioca. B. Município de Abreu e Lima: Área de Coleta no Sítio São João.	42
Figura 4 –	Diagrama de Venn mostrando as espécies de fungos exclusivas e compartilhadas entre os sistemas agroflorestais com diferentes tempos de implantação (SAF 11, SAF 12, SAF 28) e Mata Atlântica (MA).	52
Figura 5 –	Espécies de fungos exclusivas dos sistemas agroflorestais e Mata Atlântica (MA). (A-B) SAF 11. (C-E) SAF 12. (F) SAF 28. (G-J) Mata Atlântica (MA). (A) <i>Metarhizium blattodeae</i> ; (B) <i>Ophiocordyceps</i> sp. 1.; (C) <i>Cordyceps javanica</i> ; (D) <i>Ophiocordyceps</i> sp. 2; (E) <i>Ophiocordyceps</i> sp. 3; (F) <i>Ophiocordyceps</i> sp. 4 nov.; (G) <i>Ophiocordyceps</i> sp. 5; (H) <i>Ophiocordyceps</i> sp. 6; (I) <i>Akanthomyces</i> sp.; (J) <i>Lecanicillium</i> sp.	53
Figura 6 –	Árvore de máxima verossimilhança (ML) baseada em dados do gene TEF de <i>Metarhizium</i> . A8 é o isolado obtido neste estudo. <i>Pochonia chlamydosporia</i> CBS 10365 foi escolhido como grupo externo. Valores de suporte (> 70%) são indicados nos nós.	55
Figura 7 –	Árvore de máxima verossimilhança (ML) baseada em dados do gene ITS de <i>Cordyceps</i> . "B6 e B15" são os isolados obtidos neste	56

estudo. *Beauveria bassiana* ARSEF 1564 foi escolhido como grupo externo. Valores de suporte (> 70%) são indicados nos nós.

- Figura 8 – Aranha parasitada por *Gibellula* sp. exibindo um sinêmio crescendo no abdômen do hospedeiro. 59
- Figura 9 – Colocação de *Gibellula* sp. nov. dentro do gênero. As árvores filogenéticas foram baseadas em sequências concatenadas de SSU, LSU e TEF. Esta topologia em árvore resultou de uma Inferência Bayesiana. Os números nas ramificações indicam valores de probabilidades posteriores (BI >0,70). A espécie *Akanthomyces novoguineense* NHJ11923 foi usada como grupo externo. 60
- Figura 10 – *Ophiocordyceps lloydii*. (A) *Ophiocordyceps lloydii* estágio inicial; (B) *Ophiocordyceps lloydii* imaturo; (C) *Ophiocordyceps lloydii* exibindo o arranjo usual de morfologia sexual decorrente do pronoto dorsal e morfologia assexuada por trás do pecíolo; (D) Ascoma. 62
- Figura 11 – Árvore de máxima verossimilhança (ML) baseada em dados do gene SSU de *Ophiocordyceps*. "B8 e A33" são os isolados obtidos neste estudo. *Cordyceps militaris* OSC93623 foi escolhido como grupo externo. Valores de suporte (> 70%) são indicados nos nós. 63
- Figura 12 – Modelo de similaridade representativo das comunidades de fungos nos sistemas agroflorestais com diferentes tempos de implantação (SAF 11, SAF 12, SAF 28) e Mata Atlântica (MA). 66

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 –	Primers utilizados para amplificação de cada região genômica para identificação dos espécimes.	46
Tabela 2 –	Condições para reações em cadeia da polimerase utilizadas para amplificação de cada região genômica para identificar os espécimes.	47
Tabela 3 –	Frequência absoluta (FA), frequência relativa (FR%), classificação da frequência e distribuição das espécies de fungos nos sistemas agroflorestais com diferentes tempos de implantação (SAF 11, SAF 12, SAF 28) e Mata Atlântica (MA).	51
Tabela 4 –	Taxa de riqueza, Diversidade de Shannon-Wiener (H'), Equitabilidade de Pielou (J) e Dominância de Berger-Parker dos fungos identificados nos sistemas agroflorestais com diferentes tempos de implantação (SAF 11, SAF 12, SAF 28) e Mata Atlântica (MA).	64

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	14
1.1	OBJETIVOS	15
1.1.1	<i>Objetivo Geral</i>	15
1.1.2	<i>Objetivos Específicos</i>	15
2	REVISÃO DE LITERATURA	16
2.1	AGRICULTURA CONVENCIONAL E A DEGRADAÇÃO DE ECOSISTEMAS	16
2.2	CIÊNCIA AGROECOLÓGICA E A PERSPECTIVA DE DESENVOLVIMENTO	17
2.2.1	<i>Agroecossistemas</i>	19
2.3	SISTEMAS AGROFLORESTAIS (SAFs)	21
2.4	SUCESSÃO ECOLÓGICA EM ÁREAS DE TRANSIÇÃO AGROECOLÓGICA	23
2.5	CONTROLE BIOLÓGICO DE ARTRÓPODES	25
2.5.1	<i>Definição e caracterização</i>	25
2.5.2	<i>Os SAFs e o controle biológico natural</i>	27
2.6	GÊNEROS DE FUNGOS ENTOMOPATOGÊNICOS	29
2.6.1	<i>Cordyceps Fr., Sung, Sung, Hywel-Jones & Spatafora</i>	30
2.6.2	<i>Ophiocordyceps</i> Petch	32
2.6.3	<i>Metarhizium</i> Sorokin	34
2.6.4	<i>Gibellula</i> Cavara	36
2.6.5	<i>Lecanicillium</i> Gams & Zare	38

2.6.6	<i>Akanthomyces</i> Lebert	40
3	MATERIAL E MÉTODOS	41
3.1	ÁREAS DE ESTUDO	41
3.2	COLETA E TRIAGEM DE ARTRÓPODES PARASITADOS	44
3.3	IDENTIFICAÇÃO MORFOLÓGICA DOS FUNGOS	45
3.4	ISOLAMENTO DOS FUNGOS E MICROCULTIVO	45
3.5	IDENTIFICAÇÃO MOLECULAR DOS FUNGOS	46
3.5.1	<i>Extração do DNA genômico, amplificação e sequenciamento de fragmentos do DNA</i>	46
3.5.2	<i>Alinhamento das sequências e análise filogenética</i>	47
3.6	ANÁLISE DOS ÍNDICES ECOLÓGICOS	48
4	RESULTADOS E DISCUSSÃO	50
5	CONCLUSÕES	67
	REFERÊNCIAS	68

1. INTRODUÇÃO

Os ecossistemas naturais são unidades autorreguladas, que seguem uma trajetória linear de desenvolvimento em direção a uma particular diversidade biológica e um estado de estabilidade denominado clímax (REDFORD et al., 1997). Quando os ganhos e as perdas são equilibrados, os sistemas ecológicos permanecem imutáveis, gerando um estado de equilíbrio dinâmico. Há exemplo, a ocorrência do controle biológico que possibilita um equilíbrio que minimiza o impacto de grandes surtos de doenças e ataque de artrópodes nocivos por meio de seus inimigos naturais (RICKLEFS, 2003).

Em contrapartida, esses sistemas naturais têm sofrido com os efeitos provocados pelos seres humanos no manejo dos ecossistemas para a produção agrícola. A intensificação de áreas de monocultivos tem causado múltiplos efeitos na biodiversidade, perturbando funções ecológicas cruciais. Como resultado, se tem ambientes mais homogêneos e simplificados devido ao desgaste e ao empobrecimento nutricional causados pela produção contínua de uma mesma planta, e uma intensificação no uso de agrotóxicos para combater os insetos, considerados nesse sistema como “pragas de cultura” que surgem em razão da uniformização das culturas (GONÇALVES, 2020; ALTIERI et al., 2007).

Os Sistemas Agroflorestais (SAF's) surgem como alternativa aos interesses conflitantes entre as práticas agrícolas convencionais e a conservação ambiental. Os SAFs se apresentam como uma alternativa viável para minimizar a perda de áreas degradadas, visto que segue a biodiversidade e a dinâmica dos processos naturais como princípios básicos nas práticas de manejo (LÔBO et al., 2021). Nesse tipo de sistema busca-se uma semelhança com o que acontece em ambientes de florestas naturais, a partir da estruturação em que é composta. Espécies lenhosas perenes (arbustos e/ou árvores) são combinadas de forma intencional e planejada a cultivos agrícolas (espécies herbáceas) e/ou animais, em uma mesma área, obtendo-se benefícios das interações ecológicas e econômicas, ou seja, o oposto da monocultura (SOUZA & CASTILHO, 2022; SENAR, 2017).

Assim como as florestas naturais, a regulação de pragas dentro dos SAFs pode ser controlada por fungos entomopatogênicos (NEVES et al., 2021) que têm se destacado, como um dos principais agentes de controle biológico, sendo os artrópodes seu grande grupo alvo, esses organismos utilizam o corpo do seu

hospedeiro para se desenvolver e manter o ciclo reprodutivo sempre constante (DEVOTTO et al., 2000).

Há registros da ocorrência de fungos dos gêneros *Metarhizium* e *Trichoderma* em amostras de solo de SAF's que podem estar atuando como potenciais controladores naturais (ALVES et al., 2021). Os estudos de controle biológico desenvolvidos nesses sistemas são iniciais, e não há relatos sobre a riqueza, abundância e diversidade dessas espécies de fungos entomopatogênicos em artrópodes.

O estudo do controle biológico natural de fungos entomopatogênicos em Sistemas Agroflorestais comparada a uma área de Mata Atlântica e outra de monocultivo, permitirá compreender se as práticas de biodiversidade desenvolvidas nos SAF's, podem ser importantes para potencializar o equilíbrio populacional de espécies, assim como a floresta natural, e ser um sistema importante para a obtenção de novas espécies e isolados com potencial uso no controle de artrópodes.

1.1 OBJETIVOS

1.1.1 Objetivo Geral

Investigar a diversidade de fungos entomopatogênicos de três Sistemas Agroflorestais (SAF's), de um Sistema de Floresta Natural e de um monocultivo na Zona da Mata de Pernambuco.

1.1.2 Objetivos Específicos

- 1- Contribuir com os avanços nos estudos de diversidade envolvendo fungos entomopatogênicos em áreas de SAF's, fazendo uma correlação com os ambientes de florestas naturais e monocultivos;
- 2- Identificar as espécies de fungos associados a artrópodes (insetos e aracnídeos);
- 3- Apresentar a posição filogenética das espécies de fungos encontradas;
- 4- Relatar a ocorrência de novas espécies e de novos registros de fungos entomopatogênicos;
- 5- Determinar e comparar a riqueza, a abundância e a diversidade de fungos entomopatogênicos em SAFs, em florestas naturais e em monocultura;

6- Determinar a similaridade de fungos entomopatogênicos encontrados nos três sistemas, a fim de apontar semelhanças e diferenças nas interações encontradas em cada área.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1 AGRICULTURA CONVENCIONAL E A DEGRADAÇÃO DE ECOSSISTEMAS

A agricultura convencional surgiu a partir de várias revoluções agrícolas contemporâneas, que impulsionaram globalmente, ao longo dos anos, um novo modelo de desenvolvimento agrícola. Baseado na adoção de pacotes tecnológicos heterogêneos, em prol de uma aceleração na exploração de recursos naturais. Essas inovações impulsionaram a produção agrícola em larga escala, mas também levantaram preocupações sobre os impactos socioambientais e a sustentabilidade do modelo (PALUDO & COSTABEBER, 2012).

O cultivo de uma única espécie vegetal, como observado em sistemas de monocultura, exemplifica uma baixa diversidade agrícola (ALTIERI & NICHOLLS, 2010). Conforme destacado pelos autores Altieri & Nicholls (2010), aproximadamente 91% dos 1,5 bilhões de hectares de terras cultivadas globalmente são destinados a culturas anuais, como trigo, arroz, milho, algodão e soja. Esse padrão de monocultura tem implicações significativas na paisagem agrícola e na saúde dos ecossistemas. Estudos indicam que cerca de 24% da superfície terrestre foi transformada em sistemas de cultivo, evidenciando a extensão do impacto humano na paisagem terrestre (CERRI et al., 2007).

Um dos principais desafios decorrentes da uniformização desses sistemas é o aumento da vulnerabilidade das culturas a pragas e doenças, as quais podem causar devastação quando afetam uma colheita homogênea, especialmente em extensas áreas cultivadas (AGUIAR-MENESES & SILVA, 2011). Esses fatores contribuem para uma considerável dependência da agricultura convencional em relação a insumos externos, tais como fertilizantes químicos e agrotóxicos (ADL et al., 2011; STEFFEN et al., 2011). O uso inadequado desses insumos pode acarretar em contaminação ambiental, resistência de pragas e emissões de gases de efeito estufa (TSCHARNTKE et al., 2012). Dados de 2020 do Instituto Brasileiro do Meio

Ambiente e dos Recursos Naturais Renováveis (IBAMA) estimam que, para proteger essas culturas, o Brasil consumiu aproximadamente 823 mil toneladas de agrotóxicos. Esses avanços fortalecem as indústrias de agroquímicos, tornando a agricultura brasileira altamente dependente desses insumos (PORTO & SOARES, 2012; CARNEIRO et al., 2012).

Quando consideramos os ecossistemas naturais, a monocultura tem exercido um papel significativo na redução da diversidade biológica em diferentes biomas (PALUDO & COSTABEBER, 2012). As áreas degradadas são frutos de um manejo equivocados, principalmente com a prática de desmatamento de áreas naturais para a implementação de monoculturas, a mecanização intensiva do solo e o uso de agroquímicos (GLIESSMAN, 2005). Além disso, a simplificação dos sistemas naturais contribui para um desequilíbrio ecológico crescente, levando à interrupção das cadeias alimentares e a perda de interações (CAPORAL, 2009; HUNT & WALL, 2002).

2.2 CIÊNCIA AGROECOLÓGICA E A PERSPECTIVA DE DESENVOLVIMENTO

Na ótica do Desenvolvimento Rural Sustentável, há uma clara demanda por uma abordagem agrícola que leve em conta tanto as necessidades socioeconômicas quanto as ambientais. Nesse sentido, a adoção da ciência agroecológica vem emergindo para facilitar a transição de sistemas agrícolas convencionais (monoculturas dependentes de insumos agroquímicos) para sistemas mais diversificados e autossuficientes (ALTIERI & NICHOLLS, 2007; CAPORAL & COSTABEBER, 2004). A construção do desenvolvimento rural sustentável requer a promoção de modelos de progresso que visem atender às demandas das gerações atuais, sem comprometer a capacidade das futuras gerações (FREITAS et al., 2006).

Caporal & Costabeber argumentam (p.17, 2000)

“Constitui-se num esforço de intervenção planejada para o estabelecimento de estratégias de desenvolvimento rural sustentável, com ênfase na participação popular, na agricultura familiar e nos princípios da Agroecologia como orientação para a promoção de estilos de agricultura socioambiental e economicamente sustentáveis. Na realidade, se trata de um enfoque de intervenção rural oposto ao difusionismo reducionista homogeneizador que, desde meados do século XX, auxiliou a implantação do modelo de agricultura de tipo Revolução Verde”.

A agroecologia deriva de duas ciências: a ecologia e a agronomia, que ao longo do tempo, estiveram separadas em muitos momentos, com a agricultura cedida ao domínio da agronomia. Somente por volta dos anos 60 e 70, houve um maior interesse em aplicar a ecologia à agricultura, processo que ocorreu de forma gradual, a partir da intensificação da pesquisa de ecologia de populações e de comunidades, a influência crescente de abordagens em nível de sistemas e o aumento da consciência ambiental (GLIESSMAN, 2000; SILVA, 2013). Gliessman (2005), define a agroecologia como a ciência que aplica conceitos e princípios ecológicos no desenho e manejo de agroecossistemas sustentáveis, sendo capaz de desenvolver uma agricultura ambientalmente consciente, altamente produtiva e economicamente viável.

Concebida com um enfoque interdisciplinar, essa ciência parte do princípio de que é necessário entender o funcionamento dos ecossistemas naturais e revalorizar os conhecimentos e capacidades dos agricultores locais para desenhar sistemas agrícolas mais sustentáveis (PALUDO & COSTABEBER, 2012). As relações ecológicas, destacadas como essenciais na Agroecologia, delineiam uma abordagem distinta em relação aos métodos tradicionais da agronomia. A Agroecologia, enquanto ciência, fundamenta-se na compreensão das interações ecológicas, utilizando-as como base para desenvolver processos agrícolas alternativos (PENTEADO, 2016). Esses princípios ecológicos promovem a valorização dos processos naturais e das interações biológicas, buscando otimizar sinergias que favoreçam a agrobiodiversidade (MOREIRA & CARMO, 2004; BEECHER et al., 2002).

Como aponta Gliessman (1998), essa abordagem visa subsidiar processos-chave, tais como o acúmulo de matéria orgânica, a fertilidade do solo, os mecanismos de regulação biótica de pragas e a produtividade das colheitas. Dessa forma, a Agroecologia integra a ciência ecológica às práticas agrícolas, buscando uma harmonia entre a produção de alimentos e a preservação dos ecossistemas, alinhando-se assim às necessidades de sustentabilidade e resiliência ambiental (MOREIRA & CARMO, 2004; CAPORAL et al., 2011).

A agricultura sustentável a partir da ótica da agroecologia, pode ser compreendida como uma unidade de análise holística, que de maneira integrada, seria capaz de atender pelo menos os seguintes critérios: a) reduziria a dependência de insumos comerciais; b) teria efeitos negativos mínimos ao ambiente e não se

utilizaria de substâncias tóxicas ou nocivas; c) trabalharia na recomposição da fertilidade, preveniria a erosão e manteria a saúde ecológica do solo; d) manteria a capacidade produtiva a longo prazo; e) valorizaria e preservaria a diversidade cultural e biológica; f) dependeria de recursos de dentro do agroecossistema, incluindo comunidades próximas. Esses princípios refletem uma abordagem integrativa que busca equilibrar as necessidades humanas com a conservação dos recursos naturais, contribuindo para sistemas agrícolas mais resilientes e sustentáveis (GLIESSMAN, 1990; GLIESSMAN 2000; CAPORAL & COSTABEBER, 2004; ASSENHEIMER et al., 2009; SILVA, 2013).

2.2.1 Agroecossistemas

O conceito de agroecossistema oferece uma estrutura analítica abrangente, na qual os sistemas de produção de alimentos são considerados em sua totalidade. Englobando todos os organismos, independentemente de seu valor agrícola, e enfocando as interações nos níveis de população, comunidade e ecossistema, com ênfase na sustentabilidade como principal objetivo (GLIESSMAN, 2000; GLIESSMAN, 2005).

O equilíbrio entre as espécies vegetais, os solos, os nutrientes, a luz solar e os organismos é fundamental para a promoção da agroecologia sustentável dentro dos agroecossistemas. A interação harmoniosa entre esses elementos resulta em efeitos benéficos, tais como: a) estabelecimento de uma cobertura vegetal contínua para a proteção do solo; b) garantia de uma produção de alimentos constante; c) fechamento dos ciclos de nutrientes e otimização do uso dos recursos locais; d) contribuição para a conservação do solo e dos recursos hídricos; e) intensificação do controle biológico de pragas, por meio do fornecimento de habitat para os inimigos naturais (ALTIERI et al., 2015; SILVA et al., 2019).

Os agroecossistemas são descritos em termos de sua estrutura e função em comparação com ecossistemas naturais. Um ecossistema é conceituado como um sistema funcional composto por relações complementares entre organismos vivos e seu ambiente, delineado por fronteiras delimitadas arbitrariamente que, ao longo do espaço e do tempo, aparentam manter um equilíbrio dinâmico, embora estável. Os componentes estruturais fundamentais dos ecossistemas incluem os fatores bióticos, representados pelos organismos vivos que interagem no ambiente, e os

fatores abióticos, constituídos pelos componentes químicos e físicos não vivos do ambiente, tais como solo, luz e temperatura (GASTÓ et al., 2009; SICARD, 2009; ALTIERI, 2009).

Ecosistemas são sistemas complexos compostos por uma variedade de componentes interdependentes, organizados hierarquicamente em níveis. No nível mais básico, encontram-se os organismos individuais, que são os constituintes fundamentais dos ecossistemas. Cada organismo responde de forma única aos fatores ambientais e possui uma tolerância específica ao estresse ambiental, o que influencia sua distribuição e comportamento. Em seguida, as populações, grupos de indivíduos da mesma espécie. Esse princípio da ecologia tem sido estudado pelos agrônomos no contexto da produtividade agrícola, visando otimizar o rendimento em sistemas de monocultivo. As populações de diferentes espécies coexistem para formar comunidades, em que as interações entre os organismos influenciam a distribuição e a abundância das espécies (GLIESSMAN, 2000; RICKLEFS, 2003; ODUM, 2004; BEGON et al., 2006; LUZ, 2018).

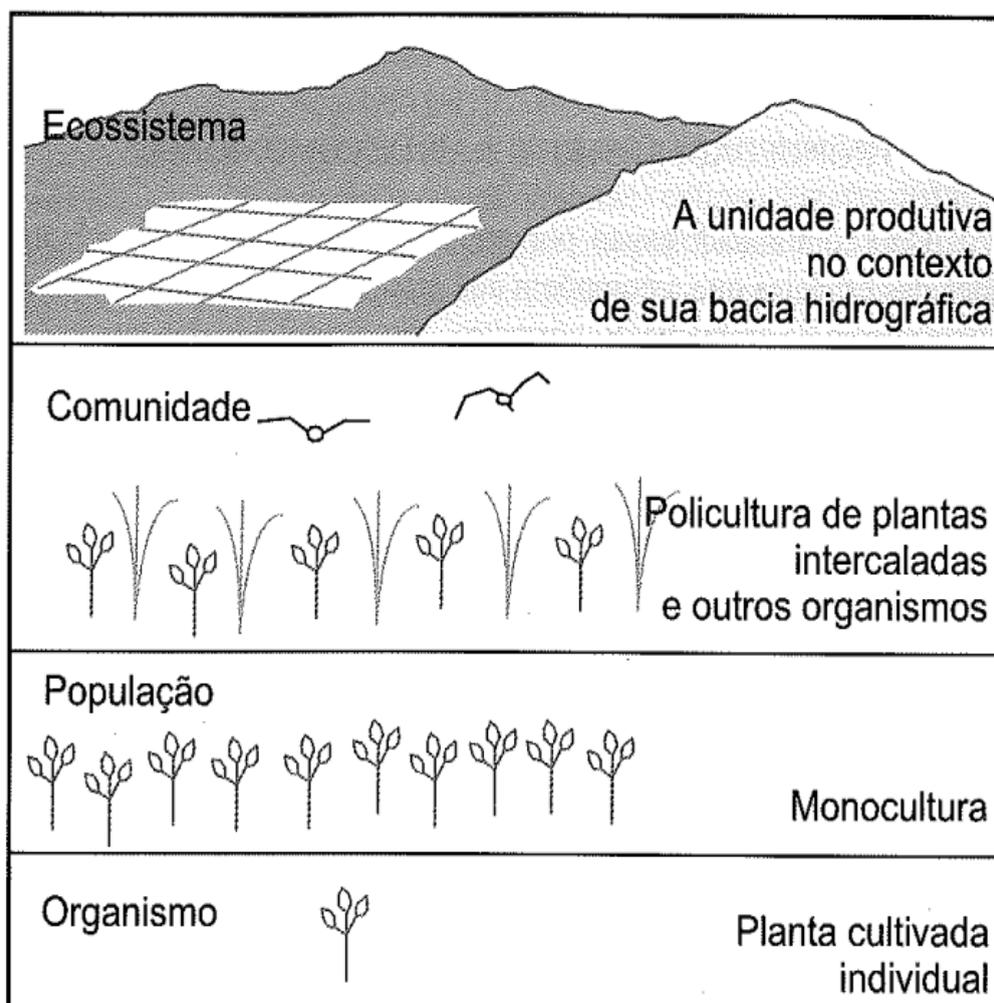
O nível mais amplo, o ecossistema, inclui todos os fatores abióticos e comunidades presentes, com uma rede complexa de interações (GLIESSMAN, 2000; RICKLEFS, 2003; ODUM, 2004; BEGON et al., 2006; LUZ, 2018). Os artrópodes têm um papel fundamental como bioindicadores de qualidade ambiental, sendo amplamente estudados em diversos contextos ecológicos. Em fragmentos florestais e áreas de transição agroecológica, esses organismos são essenciais na dinâmica dos ecossistemas, refletindo e respondendo de maneira sensível às mudanças ambientais (DIDHAM et al., 1996; ARAÚJO et al., 2012). A riqueza e diversidade dos artrópodes nestes ambientes indicam a complexidade das interações ecológicas e a saúde do ecossistema.

As aranhas, por exemplo, são excelentes indicadores da conservação ambiental, pois são sensíveis à perda de heterogeneidade e às variações na disponibilidade de recursos. A distribuição espacial desses predadores é fortemente influenciada por fatores bióticos, como a disponibilidade de presas e competidores, além da vegetação característica de cada habitat (CARDOSO et al., 2004; SOUZA e MODENA, 2004). Outro grupo de artrópodes de grande importância são as formigas (Hymenoptera: Formicidae), que desempenham papéis cruciais na degradação da matéria orgânica, reciclagem de nutrientes e regeneração florestal, sendo indicativas

da saúde e funcionamento dos ecossistemas (WILSON et al., 2005; QUEIROZ et al. 2006).

Os quatro níveis, descritos acima, podem ser aplicados ao agroecossistema, conforme ilustrado na figura (Figura 1) (GLIESSMAN, 2000):

Figura 1. Níveis de organização do ecossistema aplicados a um agroecossistema.



Fonte: Gliessman (2000, p. 63).

Dentro do contexto do agroecossistema, este princípio implica que a unidade agrícola transcende a mera soma de seus cultivos individuais. A diversidade é uma medida fundamental para a complexidade dos agroecossistemas, pois uma variedade ampla de organismos e interações intensificadas contribui para a formação de comunidades mais complexas. Essa complexidade favorece a coexistência e interações benéficas entre as espécies, promovendo assim a

sustentabilidade do ecossistema. Os sistemas diversificados geram cadeias tróficas complexas, com múltiplas conexões e caminhos para o fluxo de energia e matéria, resultando em comunidades mais estáveis (WATT, 1973; CONWAY, 1987; CANUTO et al., 2017).

2.3 SISTEMAS AGROFLORESTAIS (SAFs)

Os sistemas agroflorestais (SAFs) são caracterizados como sistemas de produção, que combinam o cultivo de espécies florestais, como árvores frutíferas e/ou madeiras, com cultivos agrícolas e, em certos casos, também incluem animais, todos dentro da mesma área e em uma sequência temporal específica (PALUDO & COSTABEBER, 2012).

Outra definição para esse modelo agrícola é de King & Chandler (1978), que define os SAFs como sistemas sustentáveis que integram cultivos agrícolas com árvores frutíferas nativas ou exóticas, além de espécies florestais de valor econômico ou ecológico. Esses sistemas utilizam a mesma área de terra e adotam técnicas de manejo compatíveis com as práticas culturais locais.

De acordo com Nair (1993, p. 449):

“Os sistemas agroflorestais podem ser definidos como alternativas de se usar a terra com a combinação de espécies florestais com culturas agrícolas, atividades pecuárias ou ambas dentro de um sistema dinâmico baseado no manejo de recursos naturais, que por meio da integração nas propriedades rurais de árvores, cultivos agrícolas e animais, diversifica e contribui para a sustentabilidade da produção, promovendo o aumento significativo dos benefícios ambientais, econômicos e sociais para as propriedades rurais.”

De acordo com Silva (2013), é perceptível uma diversidade significativa nas definições atribuídas a esse sistema. No entanto, todas essas interpretações compartilham a concepção dos sistemas agroflorestais como uma associação de árvores, animais e/ou cultivos agrícolas com distintos objetivos, visando estabelecer um ambiente saudável e equilibrado que concilie a produção com a qualidade de vida.

Os SAFs são considerados modelos de produção que mais se assemelham ecologicamente à floresta natural, o que possibilita uma grande variedade de

serviços ecossistêmicos, incluindo ciclagem de nutrientes, conservação da água e do solo, e aumento da biodiversidade. Adotando os princípios da agroecologia, buscando integrar o agroecossistema aos processos naturais, constituindo uma valiosa ferramenta para a agricultura familiar e a preservação dos recursos naturais (BANDY et al., 1994; VASCONCELOS & BELTRÃO, 2018; SILVA et al., 2019).

Os sistemas agroflorestais são considerados completos por sua abrangência ao cultivarem uma variedade de produtos em um único local, como frutas, vegetais, leguminosas, hortaliças, ervas medicinais, madeiras, resinas, óleos, borrachas, entre outros. Apresentam inúmeras funcionalidades, sendo que a disposição e a escolha das espécies a serem implantadas nos agroecossistemas podem ser determinantes para o alcance dos objetivos e dos níveis de produção e de produtividade esperados. Nesse contexto, com o intuito de simplificar o manejo e a administração dos SAFs, realiza-se a caracterização desses sistemas, o que possibilita uma melhor compreensão de suas particularidades e necessidades (SILVA, 2013; SOUZA & CASTILHO, 2022).

A caracterização dos SAFs é realizada conforme os aspectos funcionais e estruturais, as quais podem ser subdivididas em três categorias fundamentais: (1) Sistemas silviagrícolas, combinação de uma ou mais espécies florestais com culturas agrícolas anuais ou perenes; (2) Sistemas silvipastoris, combinação de pastagens e animais com uma ou mais espécies arbóreas; (3) Sistemas agrossilvipastoris, combinação de árvores ou arbustos com cultivos agrícolas e animais (PALUDO & COSTABEBER, 2012; SILVA, 2013).

Os sistemas agroflorestais (SAFs) são considerados ferramentas cruciais na contraposição à hegemonia dos sistemas de produção agrícola. Além de promover a produção de alimentos mais saudáveis, os SAFs são ambientalmente sustentáveis ao manter e implantar áreas florestais, causando pouca e/ou nenhuma degradação ao meio ambiente. Além disso, proporcionam uma conexão entre o homem e a natureza por meio do trabalho manual contínuo, tornando-se assim um sistema social e economicamente viável (RIBASKI et al., 2001; MACEDO, 2010; SILVA, 2013; CANUTO et al., 2017).

2.4 SUCESSÃO ECOLÓGICA EM ÁREAS DE TRANSIÇÃO AGROECOLÓGICA

A sucessão ecológica é um processo espontâneo e natural que ocorre quando um novo ambiente é exposto. Nesse contexto, diversas espécies começam a se estabelecer e se desenvolver, substituindo-se mutuamente. Inicialmente, a taxa de substituição é alta, diminuindo gradativamente até se estabilizar em um nível baixo (MATTHES & MARTINS, 1996; MIRANDA, 2009). Odum (1969) descreve a sucessão como um processo ordenado, razoavelmente direcionado e, desse modo, previsível. Ele destacou que a sucessão é resultado das modificações do ambiente físico pela comunidade, culminando em um ecossistema estabilizado (clímax) com propriedades homeostáticas.

Caswell (1976) descreve a linha interacionista, sugerindo que cada espécie que se estabelece em uma comunidade torna o "espaço de nicho" mais diverso, tanto de maneira adversa quanto propícia, para futuros ocupantes. À medida que a comunidade se diversifica, as interações interespecíficas se tornam mais complexas, gerando uma nova diversidade de nichos e aumentando o número de espécies. Esta realimentação positiva resulta em uma crescente autodeterminação do funcionamento da comunidade, isolando-a cada vez mais dos impactos ambientais, permitindo que as espécies encontrem condições toleráveis para sobreviver.

Horn (1975) aponta que não existe um limite técnico para o número de espécies que podem coabitar o ambiente inicial da sucessão. Em comunidades controladas pela dominância, há um aumento inicial na riqueza de espécies durante a sucessão ecológica. No entanto, à medida que a sucessão avança e atinge estágios mais maduros, ocorre uma redução no número de espécies devido à competição. Espécies competitivamente superiores emergem, eliminando as menos competitivas por exclusão competitiva. Durante o processo inicial de sucessão, as espécies oportunistas ou pioneiras predominam. Com o tempo, espécies com menor capacidade de dispersão dominam os estágios intermediários, coexistindo com as pioneiras. Eventualmente, as espécies climáticas, mais eficientes competidoras, eliminam os vizinhos, marcando os estágios finais da sucessão ecológica (PERONI & HERNÁNDEZ, 2011).

O estudo da biodiversidade é essencialmente comparativo, em que os pesquisadores analisam a diversidade, as diferenças na estrutura das comunidades (espécies dominantes versus raras) e os processos ecológicos, como a sucessão ecológica. As comunidades biológicas não são representadas pelo mesmo número de indivíduos de todas as espécies (riqueza), existindo uma dominância de algumas

espécies sobre outras. Uma espécie é considerada dominante quando seu número de indivíduos supera o das outras espécies, enquanto as espécies raras têm poucos indivíduos registrados nas amostras obtidas. Para medir a biodiversidade de uma área de maneira mais precisa, é necessário combinar a riqueza de espécies com a abundância relativa das espécies que constituem a comunidade (PEET, 1974; SARMA & HYDE, 2001; PERONI & HERNÁNDEZ, 2011; LEGENDRE & LEGENDRE, 2012; KREBS, 2014; WILSEY et al., 2005).

Entretanto, a diversidade não aumenta indefinidamente. Um fator limitante importante é a variabilidade ambiental, que perturba a estrutura de nicho da comunidade até que algumas porções não possam sustentar a população de espécies que requerem períodos mais longos para completar seus ciclos de vida. As interações biológicas são cruciais na regulação da diversidade, sendo a estrutura da comunidade e a diversidade influenciadas por essas interações. Quanto maior a contribuição das dinâmicas de interação biótica na regulação da comunidade em resposta às variações abióticas, maior será a diversidade prevista (CASWELL, 1976; ALVES, 2009).

Embora a riqueza de espécies em uma floresta antiga possa ser alcançada em poucas décadas após o abandono de uma área, a recomposição similar a uma floresta antiga é um processo mais longo, principalmente devido ao tempo necessário para a substituição das espécies de copa (FINEGAN, 1996; GUARIGUATA & OSTERTAG, 2001). Estudos empíricos mostram que a riqueza de espécies lenhosas aumenta rapidamente nos primeiros anos da sucessão, alcançando níveis comparáveis às florestas primárias em poucas décadas. Além da riqueza de espécies, a composição relativa das formas de vida em florestas em sucessão pode influenciar o funcionamento do ecossistema, com espécies dominantes determinando características ecossistêmicas como produtividade e estabilidade (GRIME, 1997; VAN ANDEL et al., 1993).

A compreensão da sucessão ecológica é fundamental, pois é central na teoria ecológica e pode ser aplicada tanto na conservação e exploração sustentável dos recursos naturais quanto na recuperação de áreas degradadas e de transição agroecológica (MACIEL et al., 2011).

2.5 CONTROLE BIOLÓGICO DE ARTRÓPODES

2.5.1 Definição e caracterização

O controle biológico é compreendido como um campo de estudos fundamentado no fenômeno natural em que diversas espécies vivem e se alimentam de outras, regulando as populações dentro de um ecossistema (FILHO & MACEDO, 2011). Essa prática se revela como um dos aspectos cruciais na proteção das culturas agrícolas e florestais. Harry Scott Smith, em 1919, foi pioneiro ao utilizar a expressão "Controle Biológico" para descrever o uso de inimigos naturais no combate aos artrópodes-praga (WILSON & HUFFAKER, 1976). Esses inimigos naturais, que compreendem uma ampla gama de organismos, atuam como agentes de mortalidade biótica, regulando o número de plantas e animais em diferentes estágios de vida. O Controle Biológico, portanto, é um fenômeno essencial na manutenção do equilíbrio natural entre as diversas espécies e seus ambientes, sendo um elemento primordial no controle das populações sem intervenção humana, garantindo a estabilidade dos ecossistemas (VAN DEN BOSCH et al., 1982; PARRA et al., 2002; FILHO & MACEDO, 2011; CRUZ & VALICENTE, 2015).

Conforme abordado por Van Den Bosch et al. (1982), o controle biológico é um fenômeno dinâmico influenciado por fatores como clima, disponibilidade de alimentos e competição, além de aspectos dependentes e independentes da densidade populacional de um artrópode-praga. Este mecanismo implica que o aumento da densidade populacional de um artrópode-praga resulta em maior disponibilidade de alimento para seus inimigos naturais, levando a uma diminuição na densidade da praga e na disponibilidade de alimento para os inimigos naturais, permitindo que a população da praga se recupere. Esses fatores, juntamente com a taxa de mortalidade, são cruciais para o sucesso do Controle Biológico, pois interferem diretamente na regulação das populações de artrópodes-praga (HUFFAKER & MESSENGER, 1976).

O controle biológico pode ser dividido em três tipos distintos, sendo eles: (1) controle biológico clássico, que envolve a importação e colonização de parasitóides ou predadores de uma região para outra com o objetivo de controlar pragas exóticas ou nativas; (2) controle biológico aplicado, que consiste em liberações massais de parasitóides ou predadores, após sua produção em laboratório, visando uma rápida redução da população da praga para seu nível de equilíbrio. Esse tipo de controle biológico é altamente aceito pelos produtores, pois oferece uma ação rápida,

semelhante aos inseticidas convencionais; (3) controle biológico natural ou conservativo, refere-se à regulação da densidade populacional de organismos ao longo do tempo, dentro de limites definidos por fatores ambientais. Essa regulação ocorre naturalmente por meio da interação dos organismos com o meio ambiente. Para mantê-lo eficaz, é crucial conservar e, se possível, aumentar a população dos inimigos naturais, como parasitóides e predadores, realizando uma manipulação ambiental favorável (PARRA et al., 2002).

Os agentes de Controle Biológico compreendem predadores, parasitóides e patógenos, sendo os dois primeiros conhecidos como entomófagos e o último como entomopatógenos. Os entomopatógenos, microrganismos que incluem fungos, bactérias, vírus, protozoários e nematóides, são estudados no ramo do Controle Microbiano (FONTES et al., 2020). Este, segundo Dequech (2000), se dedica à utilização desses agentes no controle de artrópodes.

Os fungos entomopatogênicos são microrganismos filogeneticamente diversos, capazes de atacar artrópodes, usando-os como hospedeiros para desenvolver parte do seu ciclo de vida. Estes fungos destacam-se como os pioneiros no controle de artrópodes considerados pragas, dada sua capacidade não apenas de afetar insetos fitófagos e aquáticos, mas também de desencadear epizootias de forma natural. É importante salientar que a grande maioria das enfermidades que afetam insetos e aracnídeos tem sua origem nesses agentes patogênicos, constituindo aproximadamente 80% dos casos identificados (DEVOTTO et al., 2000; DEQUECH, 2000; ALMEIDA & BATISTA-FILHO, 2006).

Esses fungos enfrentam diversos desafios para manter populações viáveis e infectar artrópodes de forma eficaz. O ciclo de infecção se inicia com a adesão dos conídios à cutícula do inseto, seguida pela germinação quando as condições ambientais são favoráveis, como umidade, temperatura e exigências nutricionais, permitindo a produção de estruturas de penetração, como tubos germinativos e apressórios. A penetração é facilitada por dois mecanismos: um físico e outro químico. O primeiro envolve a pressão exercida pelo haustório do fungo, que distorce a primeira camada cuticular e rompe áreas esclerosadas e membranosas da cutícula. Já o mecanismo químico ocorre pela ação enzimática, que degrada o tecido na área de penetração, permitindo a entrada do fungo (MONZON, 2001). Após a penetração, o fungo se nutre da hemolinfa do hospedeiro, produzindo toxinas que causam sua morte. Posteriormente, o fungo se desenvolve sobre o cadáver,

produzindo micélio e esporos que são dispersos no ambiente, infectando novos artrópodes por diversos meios, como o vento, outros animais e a água (COLE & HOCH, 1991; ALVES, 1998; HESKETH et al., 2010; VEGA et al., 2012; FONTES & VALADARES-INGLIS, 2020).

2.5.2 Os SAFs e o controle biológico natural

Os sistemas de monocultura apresentam desafios para o controle biológico eficiente de pragas, devido à falta de recursos adequados para os inimigos naturais e às práticas de cultivo perturbadoras frequentemente adotadas. Em contraste, os sistemas agrícolas mais diversificados oferecem recursos específicos para os inimigos naturais, provenientes da diversidade vegetal, e são menos afetados pelo uso de pesticidas, especialmente em áreas com recursos limitados. Esses sistemas possibilitam uma manipulação mais favorável, permitindo a introdução ou incremento da diversidade para criar habitats que promovam a abundância e eficácia dos inimigos naturais. Isso pode ser alcançado fornecendo hospedeiros alternativos para as pragas, oferecendo alimento como pólen e néctar para parasitóides e predadores, e providenciando abrigos para diversas fases do ciclo de vida dos inimigos naturais (ALTIERI & NICHOLLS, 2010).

A adoção de Sistemas Agroflorestais (SAFs) para o controle biológico representa uma estratégia crescente e significativa nos agroecossistemas. Esta prática visa aumentar a diversidade do agroecossistema, para reduzir recursos disponíveis para pragas e promover a riqueza e eficácia dos inimigos naturais (LOPES et al., 2019; FONTES & VALADARES-INGLIS, 2020). A implantação de SAFs com foco no controle biológico natural por fungos entomopatogênicos é uma estratégia eficaz para reduzir a dependência de insumos externos, como os agrotóxicos, e potenciais desequilíbrios fisiológicos e ambientais. Além disso, o uso excessivo de adubos sintéticos pode desequilibrar a nutrição das plantas, tornando-as suscetíveis a pragas e doenças. Os agrotóxicos são uma das principais causas de redução da biodiversidade, eliminando organismos benéficos para a cultura principal. Estudos demonstram os benefícios da incorporação da biodiversidade natural como alternativa aos agrotóxicos, evidenciando que agroecossistemas simplificados estão sujeitos à proliferação de pragas

especializadas, prejudicando a produção agrícola (ALTIERI & NICHOLLS, 2010; PRADO & CASTRO, 2017; GONÇALVES, 2020; TOGNI, 2021).

Segundo Nicholls (2010), nesses ambientes, há maior disponibilidade de alimentos, variedade de abrigo e suplementos como néctar e pólen, o que estimula a reprodução e permanência dos inimigos naturais, favorecendo sua ação predatória e parasitária. A biodiversidade desempenha um papel fundamental ao estimular interações ecológicas que potencializam a fertilidade e produtividade dos ecossistemas, além de regular naturalmente populações de insetos, dentre outros benefícios. Os Sistemas Agroflorestais se destacam nesse contexto, proporcionando um ambiente que combina características de ecossistemas naturais e sistemas de cultivo, sendo refúgios importantes para a conservação ambiental.

A diversidade, abundância e atividade de fungos patógenos nos agroecossistemas são influenciadas por diversos fatores ambientais, como as condições microclimáticas, disponibilidade de alimentos e recursos de habitat. Estes fatores variam de acordo com a disposição espaço-temporal das culturas e a intensidade da gestão agrícola, afetando a heterogeneidade do ambiente. A diversidade de plantas e os níveis de insumos agrícolas exercem um papel significativo na dinâmica e diversidade desses inimigos naturais. Tais atributos, relacionados à biodiversidade, são passíveis de manejo, como associações e rotações de culturas, presença de ervas daninhas e diversidade genética. A escolha criteriosa das espécies vegetais em Sistemas Agroflorestais é fundamental para atrair inimigos naturais sem beneficiar os herbívoros das culturas principais, garantindo assim um controle biológico eficiente. A concentração de plantas de uma única espécie em grandes áreas, como nos cultivos intensivos, pode reduzir a exposição dos herbívoros a fatores adversos, mas também limita a colonização pelos inimigos naturais devido à escassez de recursos alternativos. Portanto, a diversificação vegetal nos SAFs é crucial para criar um ambiente propício ao controle biológico (ALTIERI & NICHOLLS, 2010; SILVEIRA, 2016; SOUZA & CASTILHO, 2022).

2.6 GÊNEROS DE FUNGOS ENTOMOPATOGÊNICOS

Estima-se que existam cerca de 2 a 5 milhões de espécies de fungos no mundo (LI et al., 2021). Dentre esse vasto número, aproximadamente 750 a 1000

são fungos entomopatogênicos, distribuídos em mais de 100 gêneros, o que torna esses fungos o maior grupo de agentes patogênicos para insetos (ST LEGER & WANG, 2010; MORA et al., 2017). Apesar do crescente conhecimento, as associações entre fungos e artrópodes ainda carecem de estudos aprofundados, representando uma área pouco explorada da biodiversidade fúngica, abrigando provavelmente um grande número de espécies não documentadas (ARAÚJO et al., 2018).

O grupo mais abundante de fungos entomopatogênicos pertence à ordem Hypocreales (filo: Ascomycota) (LI et al., 2021), sendo que as espécies mais estudadas se enquadram nas seguintes famílias: Cordycipitaceae, Clavicipitaceae e Ophiocordycipitaceae (MORA et al., 2017).

A ordem Hypocreales abrange importantes gêneros de fungos entomopatogênicos, como *Cordyceps*, *Hypocrella*, *Ophiocordyceps*, *Moelleriella*, *Samuelsia* e *Torrubiella*, além de várias espécies anamórficas associadas, como *Hirsutella*, *Metarhizium*, *Hymenostilbe* e *Akanthomyces* (ROBERTS & HUMBER, 1981). Anteriormente, essas espécies anamórficas, eram reconhecidas dentro do filo Deuteromycota, mas com o avanço das técnicas moleculares, algumas foram associadas aos estágios assexuados de Ascomycota (LIU et al., 2001; KENDRICK et al., 2017). Portanto, os ciclos de vida dos fungos geralmente incluem dois estados: anamorfo (reprodução assexuada) e teleomorfo (reprodução sexual), sendo os anamorfos frequentemente úteis para fornecer informações taxonômicas (KENDRICK et al., 2017).

Nos fungos entomopatogênicos ascomicetos, a formação de esporos segue diferentes processos. Em alguns casos, os conídios (esporos assexuados) podem ser formados diretamente em cadáveres de insetos, como em algumas espécies de *Metarhizium*, ou em sinêmios, estruturas resultantes da fusão de grupos de conidióforos individuais, encontrados em *Gibellula* e *Akanthomyces* (MORA et al., 2017). Para grupos de fungos que possuem estado sexual, seus esporos podem se formar em estruturas denominadas peritécios, que são uma camada subglobosa ou em ascomas ostiolados em forma de frasco que contém muitos ascos (KOBAYASI & SHIMIZU, 1978; EVANS et al., 2011; ARAÚJO & HUGHES, 2016). Entre os Hypocreales, muitos dos estados assexuados e sexuais ocorrem separadamente no tempo (LUANGSA-ARD et al., 2009).

2.6.1 *Cordyceps Fr.*, Sung, Sung, Hywel-Jones & Spatafora

No sistema taxonômico do século XX, o gênero *Cordyceps Fr.* (1818) sensu lato (s.l.), pertencia à família Clavicipitaceae, entretanto nos últimos anos com os avanços dos dados moleculares essa classificação sofreu alterações. Análises filogenéticas indicaram que nem *Cordyceps s.l.* nem Clavicipitaceae são monofiléticos. A antiga Clavicipitaceae foi dividida em três famílias monofiléticas na ordem Hypocreales: Clavicipitaceae, Cordycipitaceae e Ophiocordycipitaceae (SUNG et al., 2007; EVANS et al., 2011; KEPLER et al., 2013; WANG et al., 2016; WANG et al., 2020).

Atualmente, Cordycipitaceae contém *Cordyceps militaris* (L.) Fr., a espécie tipo, e inclui a maior parte das antigas espécies de *Cordyceps*, caracterizadas por possuírem estromas carnudos, pálidos ou de pigmentação brilhante. No entanto, algumas espécies são caracterizadas por possuírem estipes reduzidas ou conspícuos estromas subiculados surgindo do cadáver hospedeiro. Essa família é o grupo mais complexo de Hypocreales com suas características morfológicas variadas e hospedeiros diversificados (SUNG et al., 2007; MORA et al., 2017).

As espécies de *Cordyceps* têm distribuição cosmopolita, incluindo todas as regiões terrestres exceto a Antártica, sendo proeminente em florestas úmidas temperadas e tropicais (KOBAYASI, 1982; SAMSON et al., 1988). Este gênero é normalmente encontrado na natureza em uma grande variedade de hospedeiros, como Arachnida, Coleoptera, Hemiptera, Hymenoptera, Isoptera e Lepidoptera (OPEYEMI et al., 2018). Algumas espécies deste gênero são: *C. militaris*, *C. javanica* Friederichs & Bally, *C. fumosorosea* Zare & Gams, *C. bifusispora* O.E. Erikss, entre outras (SUNG et al., 2007; WANG et al., 2020). Numerosas espécies de *Cordyceps* estão associadas a gêneros descritos originalmente para morfos assexuados, como *Beauveria*, *Isaria* e *Lecanicillium*. Um exemplo seria o *Cordyceps javanica* (Bally) Kepler, B. Shrestha & Spatafora, anteriormente considerado *Isaria javanica* (Bally) Samson & Hywel-Jones (KEPLER et al., 2017).

Cordyceps javanica vem sendo bastante testada no controle de diversos insetos-praga (LOPES et al., 2011). Diversas linhagens desta espécie foram patenteadas (WRIGHT et al., 2003) e empregadas no controle biológico de pragas como os cupins subterrâneos *Coptotermes formosanus* Shiraki (Isoptera:

Rhinotermitidae). Foi registrado pela primeira vez na Argentina, infectando *Trialeurodes vaporariorum* Westwood (Hemiptera: Aleyrodidae), uma praga agrícola comum (SCORSETTI et al., 2008). No Brasil, Specht et al. (2009) relataram a primeira ocorrência de *C. javanica* parasitando a lagarta *Lonomia obliqua* Walker (Lepidoptera: Saturniidae). Esses registros destacam a ampla gama de hospedeiros e a potencialidade de *C. javanica* como agente de controle biológico de pragas em diferentes contextos geográficos (WU et al., 2020).

Shrestha et al. (2019) fizeram uma revisão extensa sobre a distribuição de espécies araneopatogênicas no mundo. No gênero *Cordyceps*, são atualmente descritas oito espécies de fungos patogênicos para aranhas, distribuídas principalmente na América do Sul e no Leste Asiático. Entre essas, *Cordyceps caloceroides* Berk. & M.A. Curtis foi a primeira espécie conhecida a parasitar aranhas, descrita inicialmente por Berkeley em 1869. Outras espécies notáveis incluem *Cordyceps wittii* Henn., que foi sinonimizada com *C. caloceroides*, além de *Cordyceps grenadensis* Mains, *C. cantorai* Mains, *C. ignota* Marchion, *C. arachnogenae* Kobayasi, *C. ogurasanensis* Kobayasi & Shimizu, *C. pseudonelumboides* Kobayasi & Shimizu e a recentemente descrita *Cordyceps nidus* T. Sanjuan, Chir.-Salom. & S. Restrepo.

2.6.2 *Ophiocordyceps* Petch

De acordo com Araújo et al. (2020) entre os fungos que atacam insetos, nenhum grupo evoluiu de forma tão sofisticada para explorar as colônias de formigas quanto o gênero *Ophiocordyceps*. Na última década, estudos realizados em florestas tropicais e temperadas têm elucidado gradualmente a diversidade, sistemática, ecologia e evolução desse gênero (ANDERSEN et al., 2009; EVANS et al., 2011; ARAÚJO et al., 2018, 2020; ARAÚJO & HUGHES, 2019).

Quase todas as espécies de fungos de formigas na ordem Hypocreales pertencem ao gênero *Ophiocordyceps* (ARAÚJO et al., 2020), este gênero foi proposto por Petch (1931), e é o tipo para a família Ophiocordycipitaceae, e podem ser caracterizados morfológicamente devido aos seus estromas frequentemente escuros e ascósporos maduros (MORA et al., 2017). Segundo Evans et al. (2011), a delimitação de espécies no gênero baseia-se em espécimes frescos, em que a

morfologia dos ascósporos e o processo de germinação são estudados em profundidade.

Possuem mais de 260 espécies descritas, sendo principalmente parasitas de insetos, com aproximadamente 10 ordens colonizadas, sendo elas Odonata, Dermaptera, Phasmatodea, Orthoptera, Blattaria, Isoptera, Hemiptera, Coleoptera, Megaloptera, Mantodea, Lepidoptera, Neuroptera, Diptera e Hymenoptera (CROUS et al., 2004). Segundo Sung et al. (2008), o gênero *Ophiocordyceps* originou-se há cerca de 100 milhões de anos, sendo considerado o mais antigo fóssil conhecido de um inseto parasitado por um fungo entomopatogênico.

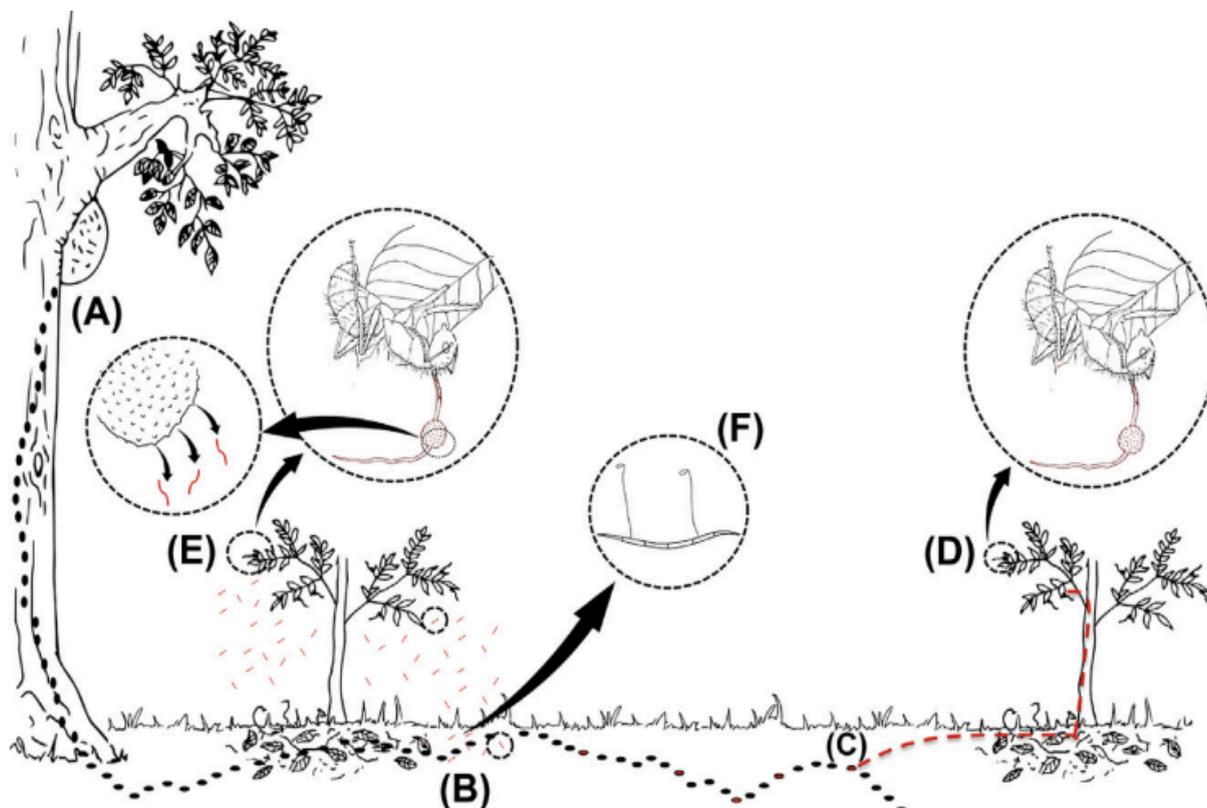
Há várias formas assexuadas relacionadas a *Ophiocordyceps*, como *Sorospora*, *Stilbella*, *Syngliocladium* e *Paraisaria*, *Hirsutella*, *Hymenostilbe* (QUANDT et al., 2014), os dois últimos são os mais comuns e representativos (SAMSON et al., 1981; EVANS et al., 2010; ARAÚJO et al., 2018).

As pesquisas sobre *Ophiocordyceps* em associação com formigas são notáveis dentro do gênero, especialmente devido ao fenômeno das "formigas zumbis," onde ocorre a manipulação comportamental dos hospedeiros. Este fenômeno é predominantemente observado no complexo de fungos *Ophiocordyceps unilateralis* s.l., onde as alterações comportamentais são notáveis em comparação com indivíduos saudáveis (HUGHES et al., 2011; ARAÚJO et al., 2018).

Araújo e Hughes (2016) descrevem que o processo de infecção ocorre quando as formigas deixam o ninho para forragear no solo da floresta. Os ascósporos, que foram previamente lançados no solo, entram em contato com a superfície da formiga (Figura 2 A e B). O fungo se desenvolve internamente, consumindo os músculos enquanto a formiga continua suas atividades normais (EVANS, 1989; HUGHES et al., 2011). Após uma a duas semanas, o fungo atinge o sistema nervoso central da formiga, causando movimentos trêmulos e erráticos. As formigas escalam arbustos até atingir uma posição elevada, morrendo ao fixar suas mandíbulas na parte inferior ou na borda de uma folha, em galhos ou em outras partes de plantas (ANDERSEN et al., 2009). O fungo posiciona a formiga em um local preciso, que é ideal para o seu desenvolvimento e a dispersão posterior dos esporos (Figura 2 C e D). Em seguida, o fungo produz o ascoma, liberando esporos no ambiente dentro de uma a duas semanas (Figura E). De 24 a 72 horas após serem lançados, os esporos germinarão e formarão um esporo secundário (Figura 2 F) (ARAÚJO & HUGHES, 2016). Esses esporos podem infectar novas formigas,

reiniciando o ciclo (ANDERSEN et al., 2009), demonstrando uma interação sofisticada entre patógeno e hospedeiro (EVANS et al., 2018).

Figura 2. Processo de infecção e manipulação de comportamento exemplificado pelo fungo *Ophiocordyceps unilateralis* s.l.



Fonte: Araújo e Hughes (2016, p. 27).

2.6.3 *Metarhizium* Sorokin

Metarhizium Sorokin é um gênero de fungos entomopatogênicos pertencente à família Clavicipitaceae, ordem Hypocreales (MESQUITA et al., 2023). Tradicionalmente considerados fungos entomopatogênicos assexuados de esporos verdes, o gênero *Metarhizium* apresenta uma notável diversidade, abrangendo uma linhagem significativa de pelo menos 30 espécies distintas, como *M. anisopliae*, *M. robertsii*, *M. brunneum*, *M. globosum*, *M. acridum*, *M. majus*, *M. flavoviride*, *M. frigidum*, *M. rileyi*, *M. lepidiotae* e *M. blattodeae*. Cada uma com diferentes espectros de hospedeiros de insetos (KEPLER et al., 2014; BRUNNER-MENDOZA et al., 2019; ST. LAGER & WANG, 2020).

Em 2000, pesquisadores australianos propuseram uma revisão significativa do gênero *Metarhizium*, utilizando o sequenciamento da região ITS e Random Amplification of Polymorphic DNA (RAPD) para explorar a diversidade intraespecífica dentro de *M. anisopliae* (Metchn.) Sorokin e *M. flavoviride* W. Gams & Rozsypal, posteriormente reconhecidos como complexos de espécies (DRIVER et al., 2000; REHNER & KEPLER, 2017). A análise ITS identificou clados representando diversas variedades dentro de cada espécie, embora muitos desses relacionamentos fossem mal suportados. Análises multigênicas posteriores no complexo *M. anisopliae* identificaram várias espécies crípticas, elevando as variedades de Driver et al. (2000) ao status de espécies e resultando na descrição de novas espécies (BISCHOFF et al., 2009). Embora o complexo *M. flavoviride* tenha sido menos estudado, Bischoff et al. (2006) distinguiram *M. frigidum* como uma espécie distinta.

Outras abordagens moleculares, como Amplified Fragment Length Polymorphism (AFLP), sequenciamento de genoma total e sequenciamento de regiões específicas do genoma, avançaram as propostas filogenéticas, oferecendo meios mais sensíveis e robustos para identificar linhagens de *Metarhizium*. Esses estudos demonstraram que *Metarhizium* é um complexo de espécies, cuja identificação não é possível apenas por caracteres morfológicos, mas também depende de técnicas de sequenciamento genético e construção de árvores filogenéticas (MEYLING & EILENBERG, 2007; KEPLER et al., 2014; REHNER & KEPLER, 2017).

Os fungos deste gênero desempenham diversas funções, atuando como endófitos, sapróbios e patógenos de insetos, podendo variar de acordo com as necessidades imediatas e à disponibilidade de nutrientes (STONE & BIDOCHKA, 2020). Análises filogenéticas desenvolvidas por Sheng et al. (2022), demonstraram que *Metarhizium* e *Pochonia chlamydosporia* formam um clado monofilético, que evoluiu a partir dos simbiontes de raízes de plantas *Claviceps* e *Epichloë* aproximadamente 300 milhões de anos atrás. Este clado divergiu com capacidades patogênicas contra nematóides e insetos há cerca de 180 milhões de anos (SHENG et al., 2022).

Pesquisas recentes têm explorado a dualidade funcional dos fungos entomopatogênicos, que atuam tanto como patógenos de insetos quanto como endófitos de plantas (WANG et al., 2016). Vega (2018) destaca o papel crucial do gênero *Metarhizium* na regulação das populações de insetos no solo e sua influência

direta na saúde, crescimento e produtividade das plantas. Dada essa capacidade multifuncional, as espécies de *Metarhizium* são consideradas de grande importância econômica e ecológica (ST. LAGER & WANG, 2020).

No que se refere à variedade de hospedeiros de insetos que infectam, as espécies de *Metarhizium* são classificadas em generalistas e especialistas. Generalistas, como *Metarhizium anisopliae*, têm uma ampla gama de hospedeiros, incluindo insetos das ordens Lepidoptera, Coleoptera, Hemiptera e Orthoptera (BALACHANDER et al., 2009). Em contraste, especialistas ocorrem em uma gama limitada ou específica de hospedeiros, como *Metarhizium blattodeae* que foi encontrado parasitando uma barata silvestre (ordem Blattodea) (MONTALVA et al., 2016), sendo este registro descrito pela primeira vez no estado de Goiás, Brasil. Relatos de infecções naturais fatais em baratas, sejam sinantrópicas ou selvagens, causadas por fungos patogênicos são extremamente raros. A literatura existente, como os estudos de Roth e Willis (1960), sugere que apenas um número muito limitado de indivíduos de baratas é negativamente afetado por esses fungos. Essa classificação reflete a adaptabilidade e a especificidade das diferentes espécies dentro do gênero *Metarhizium* (GAO et al., 2011; ST. LAGER & WANG, 2020).

As espécies de *Metarhizium* são amplamente utilizadas no controle de pragas agrícolas, como gafanhotos e cupins. Diferentemente de muitos pesticidas químicos e agentes de biocontrole bacterianos e virais, os fungos entomopatogênicos, incluindo *Metarhizium*, podem invadir diretamente a cutícula dos insetos, sem a necessidade de serem ingeridos (SAVITA, 2019). A diversidade de hospedeiros dentro do gênero permite a escolha de espécies específicas como agentes de biocontrole adaptados ao alvo desejado. Espécies com faixas estreitas de hospedeiros, como *M. acridum*, que infecta exclusivamente insetos da ordem Orthoptera, são consideradas mais seguras por minimizarem os efeitos fora do alvo no ecossistema. *M. acridum* foi comercialmente formulado para o controle de gafanhotos (AW & HUE, 2017; BRUNNER-MENDOZA et al., 2019).

As espécies generalistas, como *M. anisopliae*, são usadas para um controle mais amplo de diversas pragas. No Brasil, *M. anisopliae* tem sido eficaz no controle da cigarrinha da cana-de-açúcar, destacando-se como um dos programas de controle biológico mais bem-sucedidos globalmente (IWANICKI et al., 2019). *M. anisopliae* é o fungo entomopatogênico mais comercializado no Brasil, com suas

formulações tratando cerca de 20.000 km² anualmente (PARRA, 2014; IWANICKI et al., 2019; MASCARIN et al., 2019).

2.6.4 *Gibellula* Cavara

O gênero *Gibellula*, pertencente à família Cordycipitaceae (Hypocreales, Ascomycota), foi estabelecido por Cavara em 1894, com base na espécie-tipo *Gibellula pulchra*, originalmente descrita como *Corethrospis pulchra* (KUEPHADUNGPAN et al., 2020; CHEN et al., 2022). Conhecidos como fungos aranha-patogênicos, ou araneopatogênicos, esses fungos infectam exclusivamente aranhas e até o momento não foram observados em outros artrópodes. As espécies do gênero *Gibellula* são alguns dos patógenos de aranhas mais comuns globalmente, sendo encontradas em regiões que variam de temperadas a subtropicais e tropicais (EVANS, 2013; SHRESTHA et al., 2019; CHEN et al., 2022).

Até o momento, foram identificadas 12 famílias de aranhas como hospedeiras de *Gibellula*, conforme relatado em diversos estudos (BISHOP, 1990; EVANS, 2013; HUGHES et al., 2016; SAVIC et al., 2016; KUEPHADUNGPAN et al., 2020). Essas aranhas pertencem a famílias como *Agelenidae*, *Anyphaenidae*, *Araneidae*, entre outras (KUEPHADUNGPAN et al., 2022). No entanto, a identificação precisa do hospedeiro apresenta desafios significativos devido à natureza dos fungos parasitas, que muitas vezes cobrem completamente o corpo do hospedeiro, destruindo características morfológicas essenciais para sua identificação taxonômica (MENDES- PEREIRA et al., 2023).

As espécies desse gênero formam estruturas compactas e eretas chamadas sinêmios que emergem do abdômen e das pernas das aranhas hospedeiras, e abrigam conidióforos semelhantes aos de *Aspergillus*, com vesículas terminais contendo métulas, fiálides e conídios (SAMSON & EVANS, 1992; KEPLER et al., 2017; SHRESTHA et al., 2019). Geralmente, não produzem estruturas sexuais, mas algumas espécies, como *G. dimorpha* Tzean, *G. leiopus* Mains, *G. arachnophila* (Ditmar) Vuill., e *G. pulchra* Cavara, podem apresentar estruturas sexuais embutidas no subículo (uma rede de hifas entrelaçadas e é geralmente formado diretamente sobre o substrato) (MENDES- PEREIRA et al., 2023).

Estudos têm mostrado que *Gibellula* é monofilética (CHEN et al., 2016; KEPLER et al., 2017; KUEPHADUNGPAN et al., 2019, 2022), no entanto, algumas

espécies foram descritas anteriormente como anamorfos do gênero *Torrubiella*, baseando-se principalmente em dados morfológicos e moleculares escassos (CHEN et al., 2022). Conforme o Código Internacional de Nomenclatura para Algas, Fungos e Plantas, recomenda-se a unificação dos nomes de teleomorfos e anamorfos em um único nome representativo, seguindo o princípio 1F1N (um fungo, um nome) (MENDES-PEREIRA et al., 2023). Investigações filogenéticas e comparações morfológicas justificaram a adoção do nome *Gibellula* para formas sexuais e assexuais (KEPLER et al., 2017). Assim, todas as espécies anteriormente incluídas nos gêneros *Gibellula* e *Granulomanus*, bem como o teleomorfo *Torrubiella*, são agora reconhecidas sob o nome *Gibellula*. Para identificar fungos com formas sexuais, é fortemente recomendada a análise filogenética molecular (KUEPHADUNGPHAN et al., 2020).

A falta de acesso a holótipos específicos, a escassez de sequências de DNA e culturas vivas têm gerado complicações taxonômicas para *Gibellula*, resultando em dificuldades na identificação precisa das espécies. A taxonomia deste gênero se baseia predominantemente em características morfológicas, com poucas espécies tendo dados multiloci para estudos filogenéticos (KUEPHADUNGPHAN et al., 2022). A variação natural nos fenótipos dos espécimes e a sinonimização de várias espécies, como *G. pulchra* e *G. leiopus*, têm contribuído para conflitos taxonômicos dentro do grupo (MENDES-PEREIRA et al., 2023).

Segundo Mendes-Pereira et al. (2023), das 50 espécies legítimas de *Gibellula* revisadas, 26 não exibem conflitos taxonômicos e são aceitas como válidas neste gênero. O estudo destaca que *Gibellula arachnophila* f. *leiopus*, *G. araneae* e *G. perexigua* foram identificados como sinônimos de *G. leiopus* em várias revisões. Adicionalmente, *Gibellula pulchra* é considerada sinônimo de diversas outras espécies, incluindo *G. arachnophila*, *G. arachnophila* f. *macropus*, *G. araneorum*, *G. aspergilliformis*, *G. globosa*, *G. globosostipitata*, *G. haygarthii*, *G. phialobasia*, *G. suffulta* e *G. tropicalis*.

2.6.5 *Lecanicillium* Gams & Zare

O gênero *Lecanicillium* Gams e Zare foi estabelecido a partir de uma revisão taxonômica abrangente, fundamentada em técnicas de sequenciamento de DNA e análises multilocus, que redistribuiu o antigo *Verticillium* sect. *Prostrata* em quatro

novos gêneros. *Lecanicillium* foi criado para agrupar patógenos de insetos que produzem conidióforos verticilados e aculados (ZARE & GAMS, 2001). Posteriormente, Sung et al. (2007) classificaram este gênero na família Cordycipitaceae, corroborando as descobertas de Zare e Gams (2001) de que *Lecanicillium* é parafilético. A morfologia das fiálides e conídios nesses gêneros é complexa e difícil de distinguir em grupos taxonômicos similares (SUNG et al., 2007; ZARE & GAMS, 2008; SUKARNO et al., 2009).

Lecanicillium é amplamente reconhecido como um patógeno de insetos, além de infectar artrópodes, nematóides, plantas e outros fungos (GOETTEL et al., 2008; SUKARNO et al., 2009; SU et al., 2019). O gênero possui grande potencial como agente de controle biológico contra diversas pragas agrícolas e doenças de plantas (GOETTEL et al., 2008). Faria e Wraight (2007) relatam que existem mais de 15 preparações comerciais baseadas em espécies de *Lecanicillium*.

Inicialmente, o gênero foi tipificado por *Lecanicillium lecanii*, uma espécie amplamente conhecida (GOETTEL et al., 2008), com *Cordyceps confragosa* sendo sua forma sexuada (SUNG et al., 2007). Contudo, a revisão taxonômica realizada por Kepler et al. (2017) reavaliou as afinidades dentro da família Cordycipitaceae, propondo a manutenção de nove gêneros, incluindo *Akanthomyces* Lebert, *Beauveria* Vuill., e *Cordyceps* Fr., além de introduzir dois novos gêneros: *Blackwellomyces* e *Hevansia*. No processo, oito nomes genéricos foram rejeitados, incluindo *Lecanicillium*, resultando em um conflito taxonômico significativo.

Conforme as diretrizes do Artigo 59 do Código Internacional de Nomenclatura para Algas, Fungos e Plantas (MCNEILL et al., 2012), a espécie-tipo de *Lecanicillium* foi movida para o gênero *Akanthomyces*, levando formalmente à transferência de cinco das 35 espécies originalmente descritas para *Akanthomyces*. As espécies de *Lecanicillium* que foram transferidas para *Akanthomyces* por Kepler et al. (2017) foram todas incluídas em *Lecanicillium* clado 1. Contudo, a atribuição correta das espécies restantes do gênero *Lecanicillium* permanece sem resolução, destacando a necessidade de revisões taxonômicas adicionais (NICOLETTI & BECCHIMANZI, 2020; ZHOU et al., 2022).

Essa mudança levantou questões sobre a adequação dessa transferência para todas as espécies de *Lecanicillium*. Além disso, há a possibilidade de que novos gêneros precisem ser estabelecidos para acomodar espécies de *Lecanicillium* que não se encaixam perfeitamente nas características de *Akanthomyces* (ZHOU et

al., 2022). Essa abordagem foi exemplificada pela criação do gênero *Gamszarea* por Zhang et al. (2020), que transferiu cinco espécies de *Lecanicillium* para este novo gênero com base em análises filogenéticas.

Zhou et al. (2022) afirmaram que é necessário continuar a investigação taxonômica para determinar a melhor forma de classificar essas espécies. Isso pode incluir a criação de novos gêneros ou a revisão detalhada das relações filogenéticas dentro do grupo, garantindo que a nomenclatura reflita com precisão as relações evolutivas e morfológicas das espécies envolvidas.

2.6.6 *Akanthomyces* Lebert

O gênero *Akanthomyces*, estabelecido por Lebert em 1858 com a espécie-tipo *Akanthomyces aculeatus*, encontrada em uma mariposa na Europa, é um dos mais antigos da família Cordycipitaceae (Ascomycota, Hypocreales). Diferente de *Gibellula*, que se restringe a aranhas, *Akanthomyces* parasita tanto aranhas quanto diversas ordens de insetos, incluindo Hemiptera (*Akanthomyces lecanii*), Coleoptera (*Akanthomyces neocoleopterorum*), Lepidoptera (*Akanthomyces pistillariiformis*) e Orthoptera (*Akanthomyces fragilis*) (HODGE et al., 2003; MONGKOLSAMRIT et al., 2018; CHEN et al., 2020).

Morfológicamente, este gênero é caracterizado por crescimento sinnematal cilíndrico, de coloração esbranquiçada a creme, coberto por fiáides que produzem conídios catenulados unicelulares (LEBERT, 1858; MAINS, 1950; SAMSON & EVANS, 1974; HSIEH et al., 1997). Inicialmente considerado sinônimo de *Lecanicillium* devido à semelhança morfológica, análises filogenéticas revelaram que muitas espécies de *Lecanicillium* não formam um clado monofilético, distribuindo-se por toda Cordycipitaceae (GAMS & ZARE, 2001; WANG et al., 2020).

Desde sua descrição inicial, várias espécies de *Akanthomyces* foram documentadas, abrangendo um total de 34 espécies atualmente reconhecidas (KEPLER et al., 2017; MONGKOLSAMRIT et al., 2018; CHEN et al., 2020). Destas, apenas três espécies ocorrem naturalmente no Brasil, *A. dipterigenus*, *A. muscarius* e *A. lecanii* (LOPES et al., 2023). As espécies deste gênero desempenham papel crucial no controle biológico de pragas em agroecossistemas e têm relevância ecológica devido ao seu estilo de vida endofítico e relações simbióticas com plantas (AINI et al., 2020; NICOLETTI & BECCHIMANZI, 2020). Estudos filogenéticos

recentes levaram à transferência de algumas espécies para o novo gênero *Hevansia* e à incorporação de outras do gênero *Lecanicillium* para *Akanthomyces*, incluindo a espécie-tipo *Lecanicillium lecanii*, demonstrando a complexidade e diversidade dentro deste grupo taxonômico (KEPLER et al., 2017; WANG et al., 2023).

Torrubiella é considerado o teleomorfo de *Akanthomyces*, caracterizado pela formação de peritécios superficiais em um subículo de hifas soltas ou em um estroma pouco desenvolvido e sem estipe (BOUDIER, 1885). Estudos recentes de sequenciamento de DNA, conforme detalhado por Kepler et al. (2017), confirmaram essa relação. Como *Akanthomyces* foi descrito anteriormente a *Torrubiella*, uma revisão taxonômica propôs *Akanthomyces* como o nome para este gênero (KEPLER et al., 2017).

Reconhecido por seu potencial no controle biológico de insetos em culturas, especialmente em estufas, *Akanthomyces* ainda não é amplamente utilizado comercialmente no Brasil, onde mais de 150 produtos comerciais baseados em fungos entomopatogênicos estão registrados, mas nenhum contém cepas deste gênero como ingredientes ativos (AGROFIT, 2023; LOPES et al., 2023). Apesar de várias cepas de *Akanthomyces* terem sido coletadas e mantidas em coleções de culturas no país, há pouca informação disponível sobre sua diversidade genética e potencial aplicação agrícola (LOPES et al., 2023).

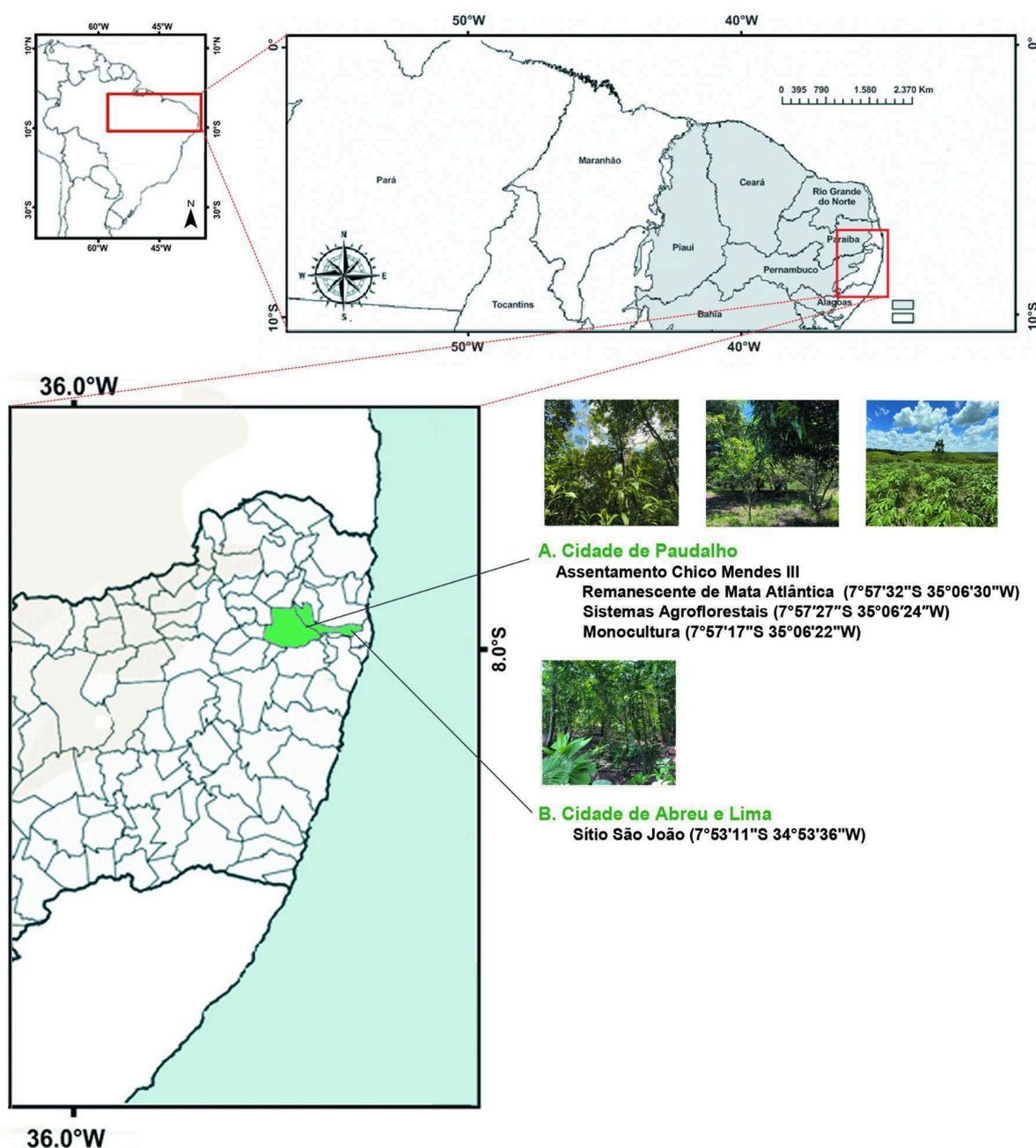
3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1 ÁREAS DE ESTUDO

Foram selecionados três tipos de sistemas com composições distintas para realização da pesquisa: Sistema Agroflorestal, Sistema de Monocultura de Mandioca e Mata Atlântica. As amostras foram coletadas em uma propriedade do Sítio São João (7°53'11"S 34°53'36"W) de 1 hectare (SAF com 28 anos de implantação) em Abreu e Lima (PE). No Assentamento Chico Mendes III, as coletas ocorreram em duas propriedades de SAF's (7°57'27"S 35°06'24"W) com cerca de 3 hectares cada uma (uma com 11 e a outra com 12 anos de implantação), uma área com cultivo de macaxeira (*Manihot esculenta* Crantz) (7°57'17"S 35°06'22"W) e uma área remanescente de Mata Atlântica (7°57'32"S 35°06'30"W), localizadas em Paudalho (PE) (Figura 3).

O clima das áreas estudadas é considerado tropical quente e úmido, do tipo 'As', conforme classificação de Köppen. Caracterizado por altas temperaturas, com médias mensais superiores a 18 °C e uma média anual de 25 °C, apresentando baixas amplitudes térmicas. Além disso, a umidade relativa do ar é alta e as precipitações médias anuais variam entre 1.500 mm e 2.000 mm (VAZ, 2011).

Figura 3. Distribuição e Composição das Áreas de Coleta. A. Município de Paudalho: Área de Coleta no Assentamento Chico Mendes III - Remanescentes de Mata Atlântica, Sistemas Agroflorestais e Monocultura de Mandioca. B. Município de Abreu e Lima: Área de Coleta no Sítio São João.



O assentamento Chico Mendes III compreende uma área de aproximadamente 430 ha entre os municípios de São Lourenço da Mata e Paudalho, Pernambuco, Brasil. Cinquenta e cinco famílias vivem neste assentamento desde 2008, que está em transição agroecológica desde 2009. A área era anteriormente ocupada por uma monocultura de cana-de-açúcar, mas agora consiste em policulturas agrícolas, incluindo consórcio de plantas (COP) e sistemas agroflorestais (SAFs). A maioria dos agricultores deste assentamento maneja seus agroecossistemas de forma sustentável, sem pesticidas e fertilizantes sintéticos, e incorpora matéria orgânica ao solo por meio de resíduos vegetais.

O sítio São João, originalmente pertencente ao grupo Lundgren (Companhia Têxtil), tem aproximadamente 80 anos de existência e foi obtido por meio de reforma agrária e tem uma área de 1 hectare. Inicialmente o sítio era composto por bananal improdutivo, pés de coco, jaqueiras e abacateiros com baixa produção e cultivos tradicionais como macaxeira e feijão. O sítio passou por transformações significativas a partir de 1993 após receber orientações do pesquisador suíço Ernest Gotsch e assistência do Centro de Desenvolvimento Agroecológico Sabiá, com a implantação de um sistema agroflorestal (COSTA, 2015; COSTA et al., 2016;).

Os SAFs estudados exibem uma vasta diversidade de plantas, abrangendo espécies frutíferas, como abacate (*Persea americana Mill*), banana (*Musa spp.*), coco (*Cocos nucifera L.*), caju (*Anacardium occidentale L.*), café (*Coffea arabica L.*), cacau (*Theobroma cacao L.*), acerola (*Malpighia spp.*), açaí (*Euterpe oleracea Mart.*), limão (*Citrus limon L. Burm.*), manga (*Mangifera indica L.*), sapoti (*Achras sapota L.*), jaca (*Artocarpus heterophyllus Lam.*), e florestais, como pau d'arco (*Tabebuia heptaphylla Vell.*), pau brasil (*Paubrasilia echinata Lam. Gagnon, H.C.Lima & G.P.Lewis*) e juazeiro (*Ziziphus joazeiro Mart.*). Os agricultores realizam o manejo dos SAFs 11 e 12 de forma sustentável, sem uso de agrotóxicos e fertilizantes sintéticos e incorporando matéria orgânica ao solo por meio de resíduos vegetais das podas. O SAF 28 possui o mesmo tipo de manejo, com exceção das podas que não vem sendo realizadas nos últimos anos. Este SAF está em um estágio mais avançado de desenvolvimento, apresentando plantas com copas muito altas, principalmente as espécies florestais, não sendo possível realizar a busca dos artrópodes parasitados em suas folhas.

O sistema de monocultivo segue o método convencional, onde apenas a macaxeira (*Manihot esculenta* Crantz) é cultivada, disposta em fileiras simples com cerca de 1 metro de espaçamento entre elas. Devido ao tamanho reduzido da área, a preparação do solo para o plantio é feita manualmente, utilizando enxada.

A fisionomia vegetal da Mata corresponde a um fragmento de Floresta Ombrófila Densa Atlântica, que se caracteriza por mata perenifólia (sempre verde), com dossel de até 15 m e árvores emergentes de até 40 m de altura, além de densa vegetação arbustiva, composta por samambaias arborescentes, bromélias e palmeiras (BRANDÃO et al., 2009).

3.2 COLETA E TRIAGEM DE ARTRÓPODES PARASITADOS

Foram realizadas três coletas nas áreas estudadas, em fevereiro, maio e julho de 2023. As coletas ocorreram em dias consecutivos, sendo o primeiro dia no sítio São João, o segundo dia nas duas áreas de Sistema Agroflorestal (SAF) no assentamento Chico Mendes III e o terceiro dia na monocultura e na mata.

As coletas foram conduzidas por meio de busca ativa minuciosa, que consiste na inspeção visual de artrópodes parasitados por fungos. A busca pelos artrópodes parasitados ocorreu nas plantas, com especial atenção à parte inferior das folhas de arbustos, árvores, lianas e plantas herbáceas. As coletas ocorreram durante o período diurno por uma hora em cada local e com esforço amostral de duas pessoas. Enquanto um permanecia ao longo do eixo da trilha, o outro se deslocava pelas laterais, afastando-se cerca de 5 metros para o interior da mata. Essa abordagem permitiu uma cobertura mais abrangente da área.

Todos os fungos entomopatogênicos e seus hospedeiros encontrados foram inseridos em microtubos de dois mililitros ou em copos plásticos juntamente com a folha em que estavam aderidos a fim de aumentar a eficiência da preservação dos espécimes, etiquetados e posteriormente levados ao Laboratório de Fungos Fitopatogênicos e Biocontroladores e ao Laboratório de Taxonomia e Ecologia de Ascomycota, localizados no Departamento de Micologia no Centro de Biociências (CB) da UFPE.

Os artrópodes parasitados foram examinados e fotografados sob lupa (LEICA EZ4), dentro do prazo máximo de 48 horas após a coleta. Essa medida é essencial, pois o fungo pode sofrer alterações após ser removido do ambiente natural e as

fotografias garantem a preservação das características morfológicas do fungo. Logo após, os espécimes armazenados em potes de plástico foram complementados com algodão e sílica gel em laboratório.

3.3 IDENTIFICAÇÃO MORFOLÓGICA DOS FUNGOS

Foram observados caracteres macromorfológicos dos espécimes, como: localização do hospedeiro (por exemplo, folha, tronco, musgo, base de tronco, solo); ascoma (coloração, local, presença/ausência e caracterização de morfos assexuados) e presença/ausência de micoparasitas.

Para a caracterização micromorfológica, foi feito corte à mão livre com bisturi do ascoma, estruturas assexuadas como sinêmio e/ou outras partes das estruturas fúngicas, usando uma lupa (LEICA EZ4). As amostras foram montadas em ácido láctico 60% e/ou em azul de Aman, entre lâmina e lamínula, seladas com três camadas de esmalte incolor. Além disso, foram feitas lâminas com PVLG para compor um laminário dos espécimes coletados. As lâminas foram observadas e fotografadas sob microscópio de luz usando um Leica DM2500, e feitas suas descrições morfológicas, biométricas e preparo da ilustração. Com base nestas análises, auxílio de literatura especializada e comparações com descrições de espécies conhecidas, a maioria dos fungos foi identificada em nível de gênero.

A identificação de espécimes do gênero *Ophiocordyceps*, também foi realizada com auxílio do especialista Dr. João Paulo Machado de Araújo, da University of Copenhagen (UCPH).

3.4 ISOLAMENTO DOS FUNGOS E MICROCULTIVO

Para os fungos em que foi possível obter o crescimento em meio de cultura, os conídios foram transferidos para Batata Dextrose Ágar (BDA) com cloranfenicol (0,05%) por meio da técnica de estriamento, e incubados a 25°C com fotoperíodo de 12 horas. Uma vez obtida a cultura pura, o fungo foi cultivado em meio BDA sem antibiótico.

A análise dos caracteres morfológicos de valor taxonômico foi conduzida utilizando a técnica de microcultivo. Os isolados foram repicados em três pontos equidistantes de placas de Petri contendo meios de cultura sólidos adequados para

sua identificação, de acordo com a descrição de material tipo, incluindo SDY/4, Batata Dextrose Ágar (BDA), sobre os quais foram adicionadas lamínulas esterilizadas, seguindo-se de incubação em estufa BOD na temperatura adequada para seu crescimento (RIDDELL, 1950). Para a avaliação das microestruturas fúngicas, as lamínulas foram retiradas do meio e transferidas para lâminas contendo uma gota de corante Azul de Aman, em seguida observadas ao microscópio óptico.

3.5 IDENTIFICAÇÃO MOLECULAR DOS FUNGOS

3.5.1. Extração do DNA genômico, amplificação e sequenciamento de fragmentos do DNA

Para os fungos que foi possível obter biomassa, a extração do DNA foi a partir do crescimento em meio BDA, mantidas a 25 °C por sete dias. Nas demais amostras, os artrópodes parasitados foram moídos mecanicamente com auxílio de um pistilo de eppendorf, adicionadas de 500 µL de CTAB. O DNA total foi extraído de acordo com o protocolo de extração DNA Wizard Genomic DNA Purification Kit, seguindo as instruções do fabricante. Avaliamos a concentração final de DNA e a qualidade dos DNA extraídos por espectrofotometria em NanoDrop®.

De acordo com os gêneros identificados na avaliação morfológica, foram selecionadas, para as reações de amplificação, as regiões mais indicadas para cada gênero. Dados de sequências de DNA foram obtidos de fragmentos de amplificação de quatro *loci*: pequena subunidade nuclear DNA ribossômico (SSU), DNA ribossômico nuclear de subunidade grande (LSU), fator de alongamento de translação 1- α (TEF), os espaços internos transcritos (ITS). Os primers utilizados para amplificação de cada região estão descritos na Tabela 1.

Tabela 1. Primers utilizados para amplificação de cada região genômica para identificação dos espécimes

Região genômica	Tamanho estimado (pb)	Primers (sequência 5' → 3')	Referências
SSU	1000-1500	NS1 (GTAGTCATATGCTTGTCTC) NS6 (GCATCACAGACCTTGTTATTGCCTC)	White et al. 1990
LSU	800-900	LR0R (ACCCGCTGAACTTAAGC) LR5 (TCCTGAGGGAACTTCG)	Vilgalys & Sun 1994

TEF	700-950	2218R (ATGACACCRACRGCRACRGTYTG) 983F (GCYCCYGGHCAYCGTGAYTTYAT)	Castlebury et al. 2004
ITS	800-900	ITS1 (TCCGTAGGTGAACCTGCGG) ITS4 (TCCTCCGCTTATTGATATGC)	White et al. 1990

Fonte: A autora (2024).

As reações de PCR foram realizadas utilizando tampão 1×, 0,3 mM de dNTP, 0,3 µM de cada primer, 0,03 U / µL Xtra Platus Taq DNA polymerase (Sinapse Inc). Com volume final de 15 µL para cada reação, contendo 1,5 µL de Tampão, 0,45 µL de dNTP, 0,9 µL de cada primer direto e reverso (1,8 mM), 1 µL de DNA, 0,09 Xtra Platus Taq DNA Polymerase (Sinapse Inc) e 10,16 µL de água estéril livre de nuclease. Condições para as PCRs para cada região estão descritas na Tabela 2. Após amplificação, os produtos de PCR foram purificados usando Exosap illustrative enzyme ExoProStar™ 1-Step (GE Healthcare Life Sciences) e sequenciados na Plataforma Multiusuária de Sequenciamento e Expressão Gênica – UFPE.

Tabela 2. Condições para reações em cadeia da polimerase utilizadas para amplificação de cada região genômica para identificar os espécimes

Região genômica	Desnaturação	Anelamento 1	Anelamento 2	Extensão final	Referências
SSU	94 °C por 2 min	4 × (94 °C por 30 s, 55°C por 30 s, 72 °C por 2 min)	35 × (94 °C por 30 s, 50.5 °C por 1 min, 72 °C por 2 min)	72 °C por 3 min	Araújo et al. 2018
LSU	95 °C por 2 min	4 × (95 °C por 30 s, 53°C por 30 s, 72 °C por 1 min)	35 × (95 °C por 30 s, 50.5 °C por 30 s, 72 °C por 1 min)	72 °C por 10 min	Adaptado de Araújo et al. 2018
TEF	95 °C por 2 min	10 × (94 °C por 30 s, 64 °C por 30 s, 72 °C por 1 min)	35 × (94 °C por 30 s, 64 °C por 30 s, 72 °C por 1 min)	72 °C por 5 min	Araújo et al. 2018 Mendes-Pereira et al. 2022
ITS	95 °C por 2 min	35 × (95 °C por 1 min, 55 °C por 1 min, 72 °C por 1 min)	-	72 °C por 5 min	Shimazu & Takatsuka, 2010

Fonte: A autora (2024).

3.5.2. Alinhamento das sequências e análise filogenética

Os cromatogramas das sequências foram editados com o programa Sequencher 4.7 (Gene Codes Corp., Ann Arbor, Michigan) e exportados como arquivos FASTA. As sequências geradas foram alinhadas com outras recuperadas do Banco de Dados Genbank, utilizando a ferramenta de alinhamento Muscle (EDGAR, 2004) implementada no MEGA v. 7 (KUMAR et al., 2016). As reconstruções filogenéticas foram conduzidas utilizando análise de máxima verossimilhança (ML) no portal CIPRES Science Gateway (MILLER et al., 2012), empregando o software RAxML-HPC2 on XSEDE (v. 8.2.10) (STAMATAKIS, 2014) com 1000 repetições de bootstrap. Para filogenias baseadas em inferência bayesiana (BI), foi empregado o programa MrBayes v. 3.2.6 (HUELSENBECK & RONQUIST, 2001; RONQUIST & HUELSENBECK, 2003), executado com 10000000 de gerações. Os modelos de substituição nucleotídica mais adequados foram selecionados pelo MrModeltest 2.3 (NYLANDER, 2004), utilizando o critério de informação Akaike (AIC). As árvores filogenéticas foram visualizadas e plotadas com o software FigTree v1.4.3 (RAMBAUT, 2016).

3.6 ANÁLISE DOS ÍNDICES ECOLÓGICOS

Para avaliar a diversidade de fungos de artrópodes, presentes nas áreas estudadas, foram usados os seguintes índices ecológicos:

Riqueza de Espécies:

A riqueza de espécie consiste no número total de espécies (S) de fungos em cada sistema estudado.

Diversidade de Shannon-Wiener (H'):

O índice Shannon-Wiener (H') (SHANNON & WEAVER, 1949) foi calculado utilizando a seguinte fórmula:

$$H' = - \sum_{i=1}^S p_i \ln(p_i)$$

onde:

S é o número total de espécies.

p_i é a proporção de indivíduos da espécie i em relação ao total de indivíduos no sistema.

\ln é o logaritmo natural.

Equitabilidade de Pielou (J'):

A equitabilidade de Pielou (J) foi calculada utilizando a seguinte fórmula:

$$J = \frac{H'}{H_{\max}'}$$

Onde:

H' máx' é a diversidade máxima possível que pode ser observada se todas as espécies de fungos apresentarem igual abundância.

H' = log S, onde: S = número total de espécies de fungos amostradas (PIELOU, 1977).

Este índice varia de 0 a 1, em que valores próximos a 1 indicam uma distribuição equitativa das espécies e valores próximos a 0 indicam que algumas espécies dominam a comunidade.

Dominância de Berger-Parker (d):

A Dominância de Berger-Parker foi calculado utilizando a seguinte fórmula:

$$d = \frac{N_{\max}}{N_T}$$

Onde:

N_{max} é o número de indivíduos da espécie mais abundante.

N_T é o número total de indivíduos no sistema

Os índices de H', J', d foram calculados por meio do software Past (HAMMER et al., 2001).

Similaridade de Sørensen:

O índice de Similaridade de Sørensen foi calculado utilizando a seguinte fórmula:

$$C_s = \frac{2C}{A+B}$$

Onde:

C é o número de espécies comuns às duas comunidades (áreas A e B).

A é o número total de espécies na comunidade A.

B é o número total de espécies na comunidade B.

A similaridade de Sorensen (DICE) e construção de dendrograma pelo método de agrupamento Unweighted Pair Group Method with Arithmetical Average (UPGMA) foi realizado utilizando o software Primer v6 (CLARKE e GORLEY 2006).

Outras medidas básicas utilizadas para auxiliar na análise dos dados ecológicos foram estabelecidas a partir de dados populacionais (frequência absoluta, frequência relativa).

Frequência absoluta:

A frequência absoluta (f_i) foi estimada segundo a equação:

$$f_i = Ni$$

Onde:

N_i = número de indivíduos da espécie i .

Frequência relativa:

A frequência relativa de cada espécie foi calculada aplicando-se a fórmula:

$$fri = (f_i/N) \times 100$$

Onde:

f_i = frequência absoluta da espécie i

N = número total de indivíduos de todas as espécies na amostra.

De acordo com esta fórmula, as abundâncias relativas das espécies foram classificadas como: $< 6,5\%$ = raras, $\geq 6,5\% < 17,5\%$ = ocasionais, $\geq 17,5\% < 36,5\%$ = comuns, $\geq 36,5\%$ = abundantes. O diagrama de Venn foi construído usando o InteractiVenn (<http://www.interactivenn.net/>) (HERBELE et al., 2015).

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Foram encontrados 159 espécimes, dos quais 47 estavam em estado avançado de decomposição e não puderam ser identificados. É importante destacar esses dados para demonstrar a eficiência do método de coleta e relatar a ocorrência das espécies nas áreas estudadas. A partir disso, obteve-se um total de 112 espécimes, com 12 espécies identificadas, distribuídas em seis gêneros distintos: *Akanthomyces*, *Cordyceps*, *Gibellula*, *Lecanicillium*, *Metarhizium* e *Ophiocordyceps*. Nos três Sistemas Agroflorestais e na Mata foram encontrados artrópodes parasitados e mortos pelos fungos entomopatogênicos, exceto o Sistema de monocultura, que não relatou nenhuma ocorrência (Tabela 3). Inimigos naturais não se desenvolvem bem em monoculturas, pois são sistemas excessivamente simplificados e muitos dos recursos essenciais para a sua sobrevivência e

reprodução estão ausentes como locais de refúgio, alternativas para a alimentação e presença de hospedeiros e presas (NICHOLLS & ALTIERE, 2007).

Quando se utiliza apenas a contagem do número de espécies como uma medida de diversidade, há uma equalização entre espécies raras e comuns (KREBS, 2014). O cálculo da frequência de ocorrência de espécies é crucial para determinar quais fungos são mais prevalentes em uma área específica ou substrato. Esse método não apenas revela a abundância relativa das espécies, mas também ajuda a identificar aquelas que desempenham papéis ecológicos significativos em suas comunidades (SARMA & HYDE, 2001).

Segundo a classificação da frequência absoluta e relativa dentre as quatro espécies que ocorreram no SAF11, duas tiveram sua ocorrência registrada como raras, uma abundante e uma comum. No SAF12 ocorreram cinco espécies, destas, três foram consideradas raras, uma abundante e uma ocasional. No SAF 28 foram observadas duas espécies, sendo estas abundantes. Por último, a mata (MA) apresentou seis espécies, destas, quatro foram consideradas raras, uma abundante e uma comum (Tabela 3).

O SAF 28 destacou-se por apresentar a maior frequência absoluta total de 36 espécimes de fungos, superando tanto os outros SAFs (22 e 23) quanto a mata (31).

Tabela 3. Frequência absoluta (FA), frequência relativa (FR%), classificação da frequência e distribuição das espécies de fungos nos sistemas agroflorestais com diferentes tempos de implantação (SAF 11, SAF 12, SAF 28) e Mata Atlântica (MA).

	SAF 11			SAF 12			SAF 28			MA			TOTAL
	FA	FR%	CLASS										
<i>Akanthomyces</i> sp. nov.	0	0	-	0	0	-	0	0	-	1	3,2	R	1
<i>Cordyceps javanica</i>	0	0	-	2	8,7	R	0	0	-	0	0	-	2
<i>Gibellula</i> sp. nov.	8	36,5	C	15	65,2	A	15	41,7	A	10	32,2	C	48
<i>Lecanicillium</i> sp.	0	0	-	0	0	-	0	0	-	1	3,2	R	1
<i>Metarhizium blattodeae</i>	1	4,5	R	0	0	-	0	0	-	0	0	-	1
<i>Ophiocordyceps lloydii</i>	11	50	A	1	4,3	R	0	0	-	15	48,4	A	27
<i>Ophiocordyceps</i> sp. 1	2	9	R	0	0	-	0	0	-	0	0	-	2
<i>Ophiocordyceps</i> sp. 2	0	0	-	1	4,3	R	0	0	-	0	0	-	1
<i>Ophiocordyceps</i> sp. 3	0	0	-	4	17,4	O	0	0	-	0	0	-	4
<i>Ophiocordyceps</i> sp. 4 nov.	0	0	-	0	0	-	21	58,3	A	0	0	-	21
<i>Ophiocordyceps</i> sp. 5	0	0	-	0	0	-	0	0	-	2	6,5	R	2
<i>Ophiocordyceps</i> sp. 6	0	0	-	0	0	-	0	0	-	2	6,5	R	2
TOTAL	22			23			36			31			112

Fonte: A autora (2024).

Siglas: A:Abundantes, C:Comuns; O:Ocasionais; R: Raras

A frequência de ocorrência fornece uma visão detalhada sobre a estrutura da comunidade, permitindo a identificação de padrões de dominância e rarefação (LEGENDRE & LEGENDRE, 2012). Portanto, a avaliação da frequência de ocorrência de fungos não só identifica as espécies mais comuns e ecologicamente influentes, mas também oferece insights valiosos sobre a distribuição e a dinâmica das espécies raras. Isso é essencial para a conservação e manejo dos ecossistemas, proporcionando uma base sólida para estratégias de preservação da biodiversidade.

A Figura 4 exibe um diagrama de Venn que ilustra a distribuição das espécies de fungos coletadas nos três sistemas agroflorestais (SAF 11, SAF 12, SAF 28) e na mata (MA). Este diagrama permite visualizar as sobreposições e exclusividades das espécies de fungos entre as diferentes áreas de estudo.

Figura 4. Diagrama de Venn mostrando as espécies de fungos exclusivas e compartilhadas entre os sistemas agroflorestais com diferentes tempos de implantação (SAF 11, SAF 12, SAF 28) e Mata Atlântica (MA).



Fonte: A autora (2024).

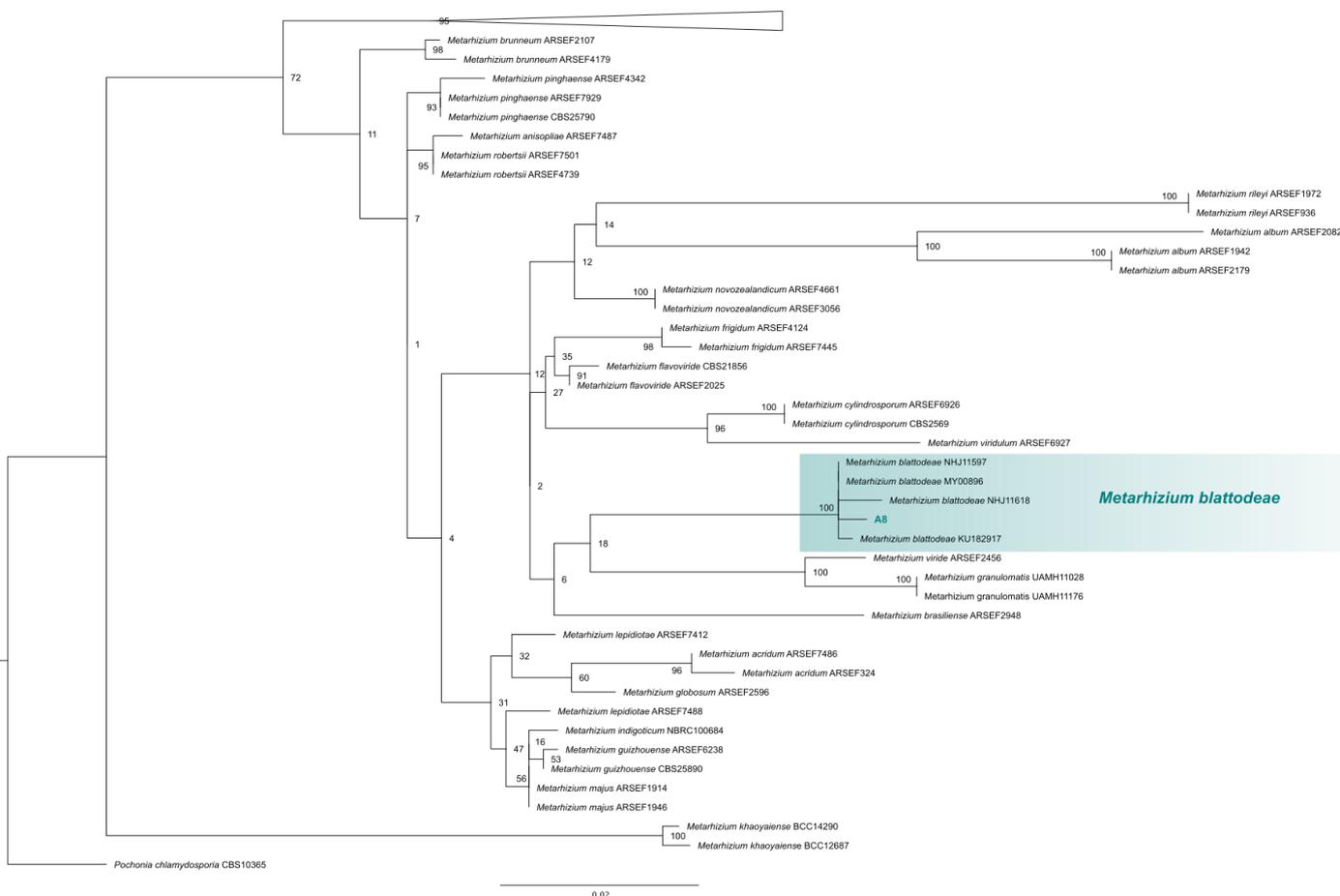
Metarhizium blattodeae ocorreu apenas no SAF 11, com uma frequência relativa de 4,5%, sendo considerada rara. A superfície do cadáver estava coberta por uma grande quantidade de conídios verdes claros, formando massas no corpo do hospedeiro, característico do gênero *Metarhizium* (Figura 5A). O isolado A8 foi imediatamente e inequivocamente reconhecido por sua aparência geral, forma conidial e agregação de cadeias conidiais em colunas, identificando-o como uma

espécie de *Metarhizium* (ST. LAGER & WANG, 2020). Os caracteres morfológicos não são mais considerados adequados para a identificação de espécies dentro deste grupo extremamente grande e taxonomicamente complexo de fungos (MEYLING & EILENBERG, 2007).

Logo, sequências parciais da região *TEF* foram obtidas e sequenciadas usando os *primers* 983F/2218R. Reconstruções filogenéticas foram realizadas com base no método de verossimilhança. A análise filogenética posicionou o isolado “A8” dentro do clado de *M. blattodeae* com 100% de suporte de *bootstrap* (Figura 6). O espécime da barata foi identificado morfológicamente como pertencente à família Ectobiidae (Blattodea), similar a espécie que foi descrita em Goiás por Montalva et al. (2016). Roth & Willis (1960) reforçam que é extremamente raro de se encontrar infecções naturais fatais em baratas causadas por fungos patogênicos. Este é o primeiro relato de *M. blattodeae* ocorrendo em SAFs, também o primeiro relato para o nordeste e a terceira ocorrência no mundo.

Metarhizium é o fungo entomopatogênico mais comercializado no Brasil (PARRA, 2014; IWANICKI et al., 2019; MASCARIN et al., 2019), o potencial uso da espécie no biocontrole aplicado é promissor. Para consolidar sua aplicação prática, futuros testes de patogenicidade são essenciais.

Figura 6. Árvore de máxima verossimilhança (ML) baseada em dados do gene TEF de *Metarhizium*. A8 é o isolado obtido neste estudo. *Pochonia chlamydosporia* CBS 10365 foi escolhido como grupo externo. Valores de suporte (> 70%) são indicados nos nós.



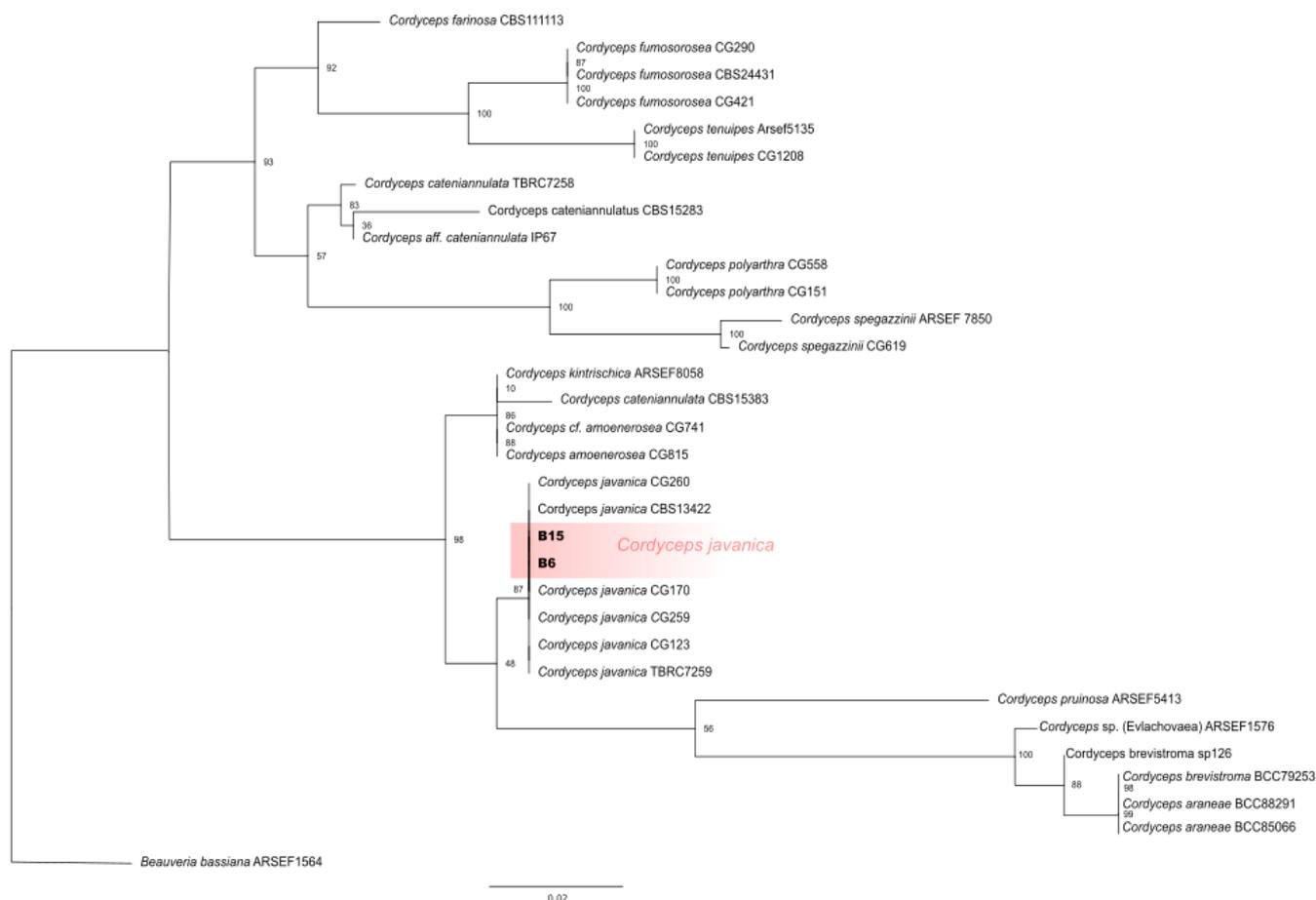
Fonte: A autora (2024).

No SAF 12 foi relatado a ocorrência de *C. javanica* (Figura 5C) com uma frequência relativa de 8,7%, sendo considerada rara. A partir da identificação morfológica foram observadas estruturas como conidióforos, fiálides e conídios de *Isaria* (morfo assexuado). Sequências parciais da região ITS foram obtidas e sequenciadas usando os *primers* ITS1/ITS4. Reconstruções filogenéticas foram realizadas com base no método de verossimilhança. A análise filogenética posicionou os isolados "B6 e B15" dentro do clado de *C. javanica* com 87% de suporte de *bootstrap* (Figura 7).

É reconhecido o potencial das espécies de *Cordyceps* em parasitarem um grande grupo de hospedeiros, incluindo aranhas (Araneae) e insetos das ordens Coleoptera, Diptera e Hemiptera (OPEYEMI et al., 2018). Em sua revisão sobre a distribuição de espécies do gênero *Cordyceps* parasitando aranhas no mundo,

Shrestha et al. (2019) relatam a ocorrência de apenas oito espécies. *C. javanica* se destaca neste estudo por sugerir uma possível nova ocorrência dessa espécie em aranhas.

Figura 7. Árvore de máxima verossimilhança (ML) baseada em dados do gene ITS de *Cordyceps*. "B6 e B15" são os isolados obtidos neste estudo. *Beauveria bassiana* ARSEF 1564 foi escolhido como grupo externo. Valores de suporte (> 70%) são indicados nos nós.



Fonte: A autora (2024).

Ophiocordyceps sp. 4 nov. (Figura 5F) revelou uma concentração significativa no SAF 28, com uma frequência relativa de 58,3%. Esta espécie foi observada em moscas e identificada por meio de descrições morfológicas e análises moleculares iniciais de sequências da região genômica TEF usando os *primers* 983F/2218R, pertencendo à *dipterigena* complex (Hymenostilbe clade). A partir das análises

moleculares, foi considerada uma provável nova espécie e será descrita posteriormente.

Júnior et al. (2019) relata que as plantas frutíferas podem atrair dípteras, que utilizam frutos, flores, folhas e substâncias açucaradas como fontes de energia. O aumento das dípteras nessa área pode ser um fator para explicar o aparecimento das ordens Araneae, que exercem o nicho de predadores. Essa interação pode explicar a co-ocorrência de *Gibellula* e *Ophiocordyceps* no SAF 28, onde a dinâmica predador-presa é intensificada e controlada por fungos entomopatogênicos, refletindo um ecossistema com interações bióticas complexas e bem definidas.

Akanthomyces sp. nov. (Figura 5J) foi encontrada na mata, com uma frequência relativa de 3,2%. A identificação dessa espécie foi realizada por meio de descrições morfológicas e análises moleculares iniciais de sequências da região genômica TEF, utilizando os primers 983F/2218R, pertencendo ao complexo tuberculatus. Com base nas análises moleculares, essa espécie foi considerada uma provável nova descoberta, a ser descrita posteriormente. Atualmente, existem 34 espécies reconhecidas de *Akanthomyces* (KEPLER et al., 2017; MONGKOLSAMRIT et al., 2018; CHEN et al., 2020). Lopes et al. (2023), em uma revisão recente do gênero, descrevem que apenas três espécies ocorrem naturalmente no Brasil: *A. dipterigenus*, *A. muscarius* e *A. lecanii*, um número relativamente pequeno em comparação ao total de espécies. Este estudo destaca-se por apresentar uma potencial nova espécie e contribuir para o aumento da diversidade conhecida do gênero *Akanthomyces* no Brasil.

Outros gêneros de fungos que ocorreram com baixa frequência foram classificados como ocasionais ou raros. As espécies foram inicialmente separadas com base em dados morfológicos, e as identificações moleculares estão sendo realizadas. As espécies relatadas aqui são: *Ophiocordyceps* sp. 1 (2), *Ophiocordyceps* sp. 2 (1), *Ophiocordyceps* sp. 3 (4), *Ophiocordyceps* sp. 5 (2), e *Ophiocordyceps* sp. 6 (2) e *Lecanicillium* sp. (1) (Figura 5 B, D, E, G, H, I).

Notavelmente, a espécie *Gibellula* sp. nov. (Figura 8) destacou-se de maneira significativa, com uma frequência absoluta total de 48 espécimes, representando a maior quantidade entre todas as espécies investigadas, sendo a única espécie a estar presente em todos os sistemas. No SAF 12 e SAF 28, essa espécie apresentou frequências relativas de 65,2% e 41,7%, respectivamente, sendo classificada como 'A' (abundante), sugerindo que essas áreas possuem condições

ambientais altamente favoráveis para o desenvolvimento de *Gibellula* sp. nov. Em contraste, no SAF 11 e na mata, a mesma espécie foi classificada como 'C' (comum), com uma frequência relativa de 36,5% e 32,2%, indicando uma presença significativa, mas não predominante.

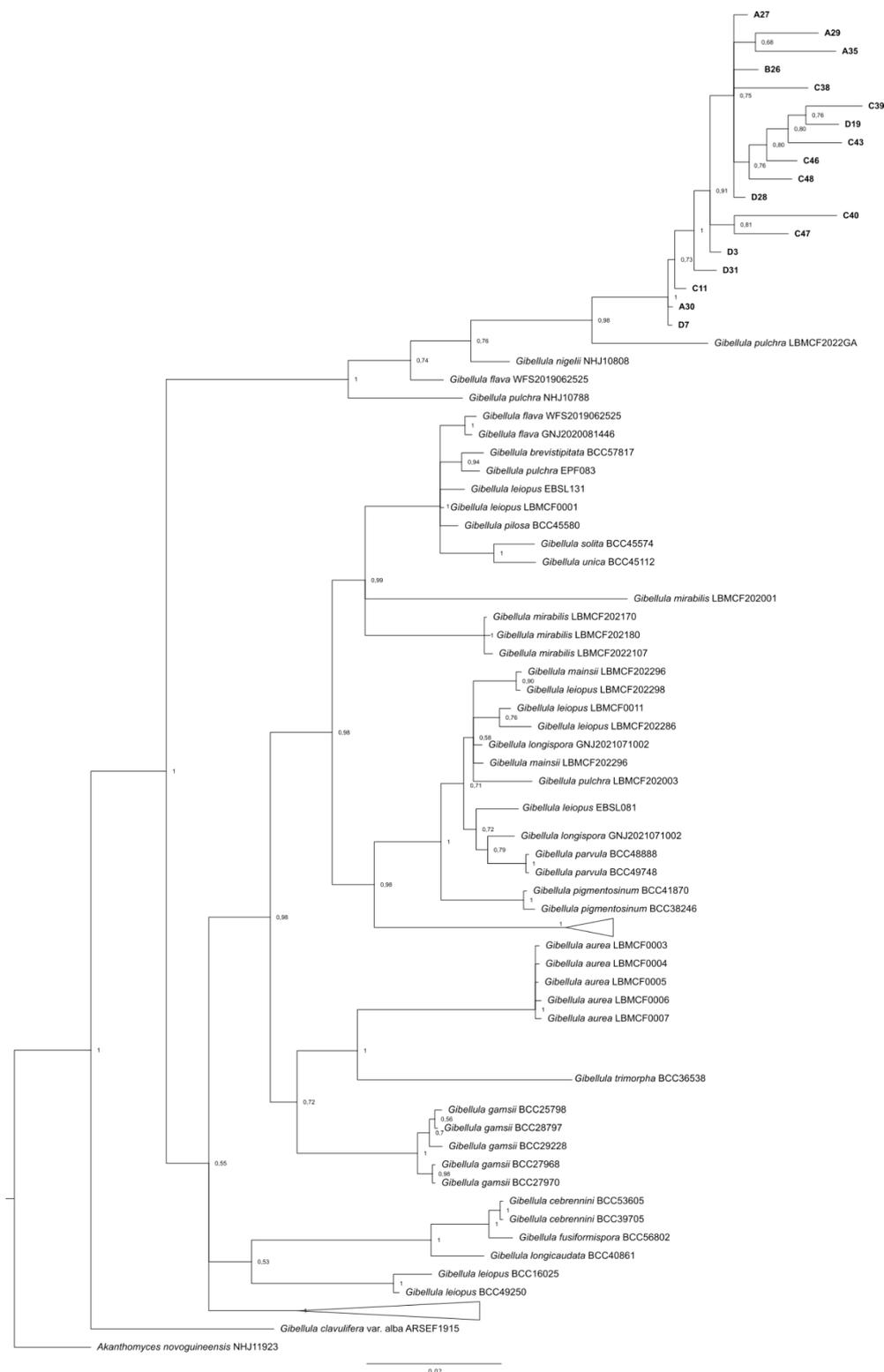
Os isolados de *Gibellula* sp. nov. apresentaram caracteres morfológicos e moleculares distintos das outras espécies que tinham descrição taxonômica válida e foram consideradas como possível nova espécie. Foi feita a descrição morfológica e construção de árvores filogenéticas a partir da obtenção de sequências das regiões genômicas SSU (n=14), LSU (n=14), TEF (n=18) dos espécimes usando DNA extraído diretamente de 18 amostras recém-coletadas (A27, A29, A30, A35, B26, C11, C38, C39, C40, C43, C46, C47, C48, D3, D7, D19, D28, D31). O alinhamento concatenado tinha 1871 bases de comprimento, com 560 bases de SSU, 708 bases de LSU e 603 bases de TEF. *Akanthomyces novoguineense* NHJ11923 foi usado como grupo externo. As árvores filogenéticas geradas por BI da recém espécie proposta *Gibellula* sp. nov. exibiu uma probabilidade posterior de 1. Além disso, todas as amostras, descritas neste trabalho, formaram um clado irmão com *Gibellula pulchra* (LBMCF2022GA) (Figura 9).

Figura 8. Aranha parasitada por *Gibellula* sp. exibindo um sinêmio crescendo no abdômen do hospedeiro.



Fonte: A autora (2024).

Figura 9. Colocação de *Gibellula* sp. nov. dentro do gênero em negrito. As árvores filogenéticas foram baseadas em sequências concatenadas de SSU, LSU e TEF. Esta topologia em árvore resultou de uma Inferência Bayesiana. Os números nas ramificações indicam valores de probabilidades posteriores (BI >0,70). A espécie *Akanthomyces novoguineense* NHJ11923 foi usada como grupo externo.



Fonte: A autora (2024).

Gibellula (Cordycipitaceae, Hypocreales, Ascomycota) é estritamente adaptada para infectar aranhas (EVANS, 2013; KEPLER et al., 2017), corroborando as observações feitas neste estudo. A presença de *Gibellula* em áreas específicas sugere uma correlação entre a diversidade de aranhas e a saúde do ecossistema. De acordo com Cardoso et al. (2004), as aranhas são bioindicadores valiosos do grau de conservação ambiental, devido à sua sensibilidade à perda de heterogeneidade, o que implica em perda de habitat para reprodução, abrigo e forrageamento. Souza & Modena (2004) destacam que a distribuição espacial das aranhas é fortemente afetada por fatores bióticos, como a disponibilidade de presas, abundância de competidores, predadores e parasitas, além da vegetação característica de cada habitat. A alta taxa de parasitismo por *Gibellula* pode indicar que o fluxo de energia está sendo eficientemente transferido nessas áreas, refletindo um ecossistema equilibrado e rico em interações tróficas.

Este relato pode representar o primeiro registro de *Gibellula* sp. nov. em áreas de sistemas agroflorestais. A presença significativa de *Gibellula* sp. nov. nos SAFs estudados sugere que esses sistemas não apenas suportam uma alta diversidade de aranhas, mas também oferecem condições favoráveis para o desenvolvimento de interações ecológicas complexas. Os SAFs, ao integrarem o agroecossistema aos processos naturais, constituem uma valiosa ferramenta para a preservação dos recursos naturais (VASCONCELOS & BELTRÃO, 2018).

A espécie *O. lloydii* também mostrou uma alta frequência, particularmente em MA, onde a frequência absoluta foi de 15% e a relativa foi de 48,4%, classificando-se como abundante. No SAF 11, essa espécie foi igualmente notável, com uma frequência relativa de 50% e uma classificação também abundante. No entanto, no SAF 12, *O. lloydii* apresentou uma baixa frequência relativa (4,3%), sendo classificada como 'R' (rara), o que indica uma distribuição mais restrita nessa área (Tabela 3). Todos os hospedeiros parasitados por essa espécie pertencem ao grupo Formicidae representados pela ordem Hymenoptera. A identificação dessa espécie foi realizada por meio de descrições morfológicas, os diversos espécimes coletados apresentavam estágios de infecções diferentes, observados na figura 10. Além de análises moleculares das sequências da região genômica SSU, utilizando os primers NS1/NS6. Reconstruções filogenéticas foram realizadas com base no

método de verossimilhança. A análise filogenética posicionou os isolados “B8 e A33” dentro do clado de *O. lloydii* com 100% de suporte de *bootstrap* (Figura 11).

Figura 10. *Ophiocordyceps lloydii*. (A) *Ophiocordyceps lloydii* estágio inicial; (B) *Ophiocordyceps lloydii* imaturo; (C) *Ophiocordyceps lloydii* exibindo o arranjo usual de morfologia sexual decorrente do pronoto dorsal e morfologia assexuada por trás do pecíolo; (D) Ascoma.

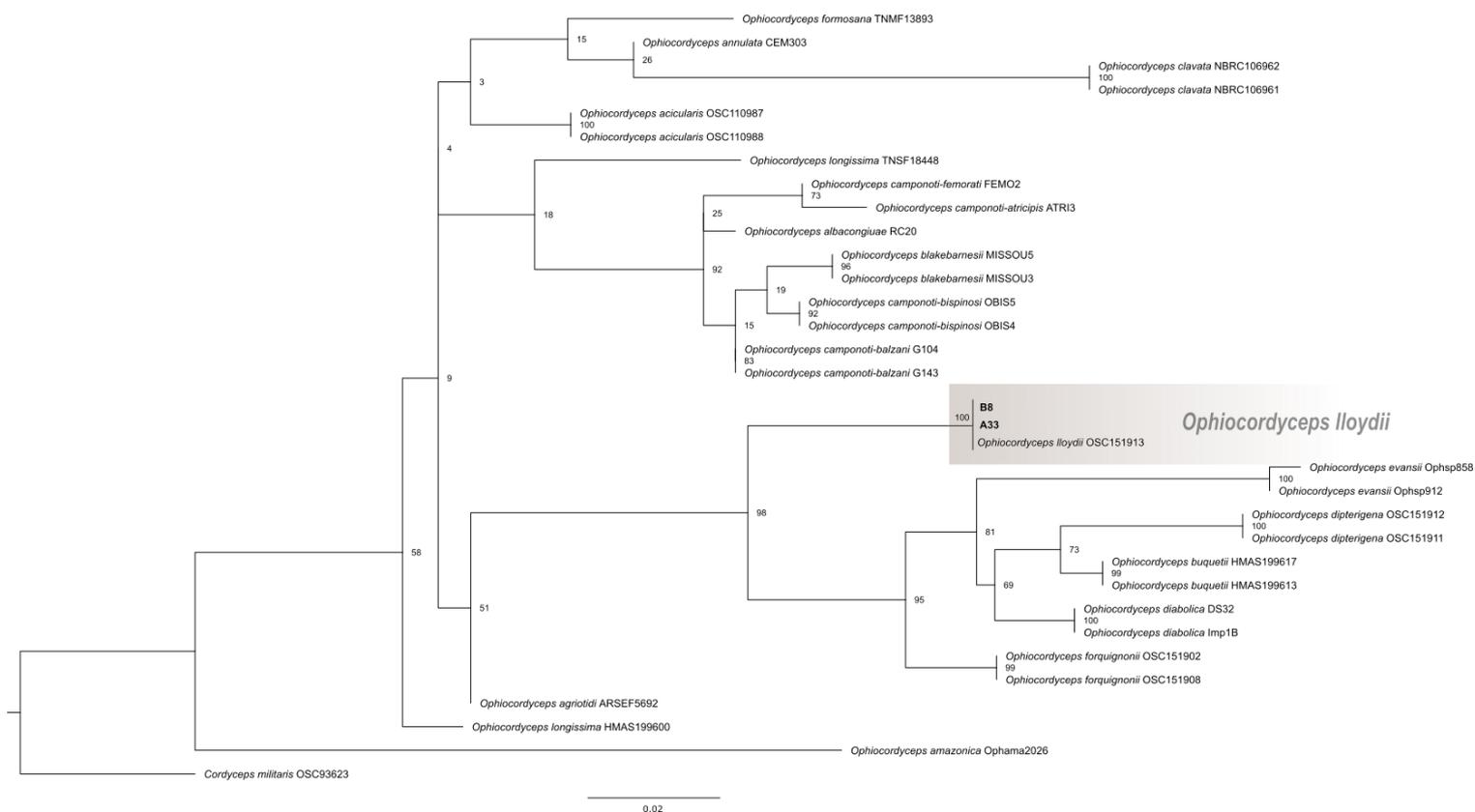


Fonte: A autora (2024).

Queiroz et al. (2006) destaca que as formigas desempenham um papel crucial em agroecossistemas, contribuindo significativamente para a biodiversidade e vários processos ecológicos. Em agroecossistemas diversificados com menor uso de pesticidas e inseridos em paisagens ricas em elementos florestais, as formigas são mais propensas a ser conservadas, promovendo a saúde do ecossistema (LEWINSON et al., 2005). Além de atuarem como agentes de controle biológico de pragas, as formigas são fundamentais para a decomposição da matéria orgânica e reciclagem de nutrientes, influenciando positivamente os processos de regeneração florestal (WILSON et al., 2005). No entanto, suas interações podem ser indesejáveis em certos contextos, como no caso das formigas cortadeiras ou espécies que ameaçam a saúde humana (DELLALUCIA, 2003). Para manter o equilíbrio

populacional dessas formigas, o controle biológico por fungos entomopatogênicos têm se mostrado eficaz, contribuindo para um manejo sustentável dos agroecossistemas (SCHMIDT et al., 2020).

Figura 11. Árvore de máxima verossimilhança (ML) baseada em dados do gene SSU de *Ophiocordyceps*. "B8 e A33" são os isolados obtidos neste estudo. *Cordyceps militaris* OSC93623 foi escolhido como grupo externo. Valores de suporte (> 70%) são indicados nos nós.



Fonte: A autora (2024).

A forma mais direta e comum de se medir diversidade é usar a riqueza de espécies (S), que consiste simplesmente no número de espécies que temos numa determinada comunidade ou área de interesse (PEET, 1974, WILSEY et al., 2005). A mata apresentou a maior taxa de espécies (6), confirmando a maior biodiversidade esperada em ecossistemas naturais em comparação com áreas manejadas. Entre os SAFs, o SAF 12 mostrou uma maior diversidade de espécies (5), seguido pelo SAF 11 (4) e SAF 28 (2) (Tabela 4).

Tabela 4. Taxa de riqueza, Diversidade de Shannon-Wiener (H'), Equitabilidade de Pielou (J) e Dominância de Berger-Parker dos fungos identificados nos sistemas agroflorestais com diferentes tempos de implantação (SAF 11, SAF 12, SAF 28) e Mata Atlântica (MA).

Índices ecológicos	SAF 11	SAF 12	SAF 28	MA
Taxa_S	4	5	2	6
Shannon-Wiener (H')	1,073	1,068	0,6792	1,291
Equitabilidade de Pielou (J)	0,7739	0,6636	0,9799	0,7208
Berger-Parker (d)	0,9705	1,276	0,2791	1,456

Fonte: A autora (2024).

O índice de Shannon-Wiener (H') reforça a observação de que a mata possui a maior diversidade (1,291). Entre os SAFs, SAF 11 e SAF 12 apresentam índices similares (1,073 e 1,068, respectivamente), indicando uma diversidade considerável. O SAF 28, com um H' de 0,6792, demonstra uma menor diversidade, consistente com a baixa taxa de espécies observadas (Tabela 4). Essa variação nos índices de diversidade pode estar diretamente relacionada às interações biológicas que ocorrem em cada estágio de sucessão.

Durante as fases iniciais e intermediárias da sucessão, conforme apontado por Horn (1974), não há um limite técnico para o número de espécies que podem coexistir. Durante o processo inicial de sucessão, as espécies oportunistas ou pioneiras predominam e as interações biológicas são mais intensas e variadas. Com o tempo, espécies com menor capacidade de dispersão dominam os estágios intermediários, coexistindo com as pioneiras.

À medida que a sucessão avança e o ecossistema se aproxima do clímax, as interações entre os organismos se tornam mais específicas. As teorias de nicho clássicas sugerem que, nos estágios finais de sucessão, pode ocorrer a exclusão competitiva, resultando em uma perda de espécies (PERONI & HERNÁNDEZ, 2011). As espécies que dominam um ecossistema clímax são geralmente as competidoras mais eficientes, sendo mais adaptadas às condições específicas deste ambiente e, portanto, as interações bióticas são mais especializadas e menos intensas em termos de diversidade de participantes (MATTHES & MARTINS, 1996; MIRANDA, 2009; ODUM, 1969). Os dados obtidos por meio do índice de Shannon-Wiener podem corroborar a hipótese de que a diversidade de interações é

maior em áreas em processo de sucessão, enquanto em áreas que atingiram o clímax essas interações são mais específicas e especializadas.

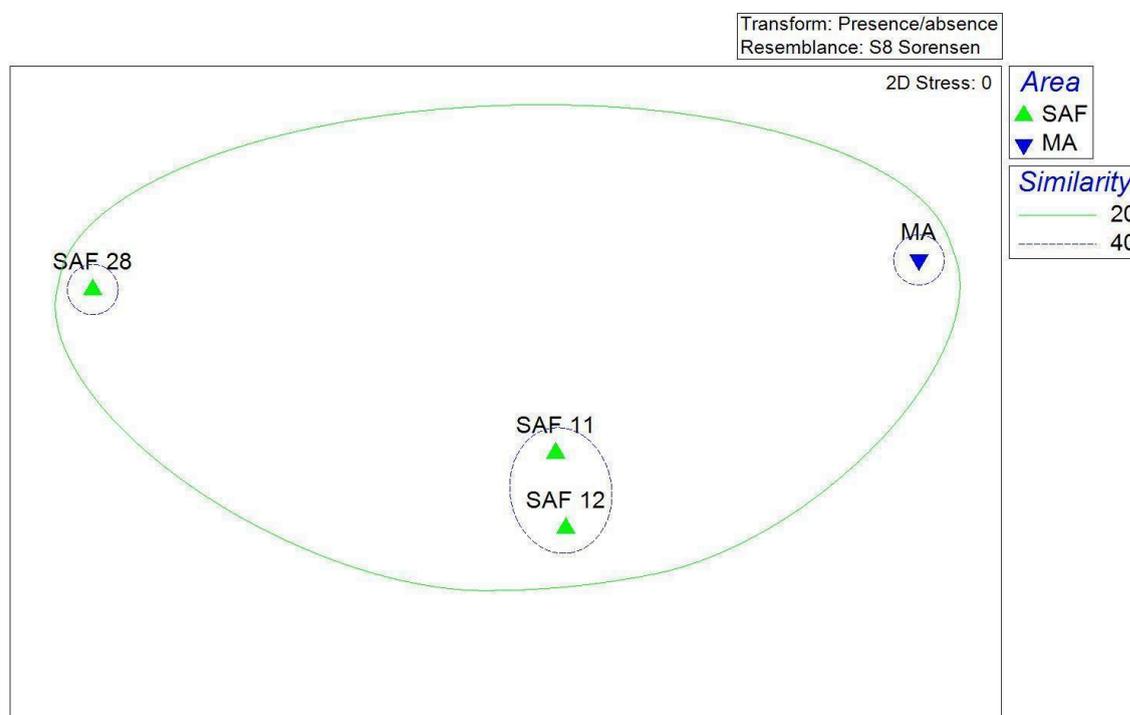
Caso todas espécies tenham a mesma representatividade ou importância, a equabilidade será máxima. Em relação a uniformidade na distribuição das espécies, o SAF 28 apresentou a maior equabilidade (0,9799), sugerindo uma distribuição mais uniforme das poucas espécies presentes. Isso pode indicar que, apesar do baixo número de espécies, nenhuma domina amplamente a comunidade. Em contraste, o SAF 12 teve a menor equabilidade (0,6636), sugerindo uma maior dominância de algumas espécies. A mata e o SAF 11 apresentam valores intermediários, refletindo uma distribuição relativamente uniforme das espécies presentes (Tabela 4).

As comunidades biológicas são compostas por diferentes números de indivíduos para cada espécie, resultando em variações na dominância. Uma espécie é considerada dominante quando o número de seus indivíduos é significativamente maior em comparação com outras espécies (PERONI & HERNÁNDEZ, 2011). O índice de Berger-Parker (d) reflete a dominância de espécies. A mata apresentou o maior índice de dominância (1,456), sugerindo que, apesar da alta diversidade, algumas espécies dominam o ecossistema. O SAF 12 também apresentou um alto índice (1,276), indicando dominância significativa. O SAF 11 apresentou um índice menor (0,9705), sugerindo uma comunidade mais equilibrada. O SAF 28 teve o menor índice de dominância (0,2791), o que é coerente com sua alta equabilidade, apesar da baixa diversidade (Tabela 4).

Utilizando a similaridade de Sørensen (Figura 12), o gráfico revela a proximidade ou distância ecológica entre as áreas com base na presença e ausência de espécies de fungos. Os SAF 11 e SAF 12 estão agrupados próximos um do outro, indicando uma alta similaridade nas suas comunidades de fungos. Esta similaridade pode ser devido às semelhanças nas práticas de manejo, tempo de implantação e a proximidade geográfica das duas áreas, facilitando a dispersão de espécies fúngicas entre elas. Por outro lado, a mata (MA) e o SAF28 destacam-se no gráfico, indicando uma composição de fungos diferente entre elas. Embora MA compartilhe algumas espécies com os SAFs, sua biodiversidade é única, provavelmente devido à sua condição mais natural e menos perturbada. Isso reflete a maior complexidade e maturidade do ecossistema da mata em comparação com os SAFs.

O SAF 28 está posicionado afastado tanto dos outros sistemas agroflorestais quanto da mata, sugerindo que sua composição de espécies fúngicas é distinta. Essa diferenciação pode ser atribuída ao maior tempo de implantação do SAF28, maior distância entre as áreas e à falta de manejo, como podas, que não vem sendo realizada nos últimos anos. Muitas árvores do SAF28 têm copa muito alta e conseqüentemente pouca entrada de luz no sistema. Medeiros et al. (2018) destaca em seus estudos que ambientes mais abertos, como áreas de pousio e zonas de transição entre vegetação nativa e áreas de plantio, possuem uma fauna de inimigos naturais mais semelhante entre si do que áreas vegetacionais fechadas, como matas e florestas. Esses ambientes abertos são importantes para a manutenção e o manejo de inimigos naturais em sistemas agroflorestais, pois funcionam como fontes que "drenam" esses insetos para áreas cultivadas. Essa dinâmica contribui para aumentar a diversidade regional de espécies, que podem se estabelecer como colonizadores nas culturas agrícolas, auxiliando no controle biológico de pragas.

Figura 12. Modelo de similaridade representativo das comunidades de fungos nos sistemas agroflorestais com diferentes tempos de implantação (SAF 11, SAF 12, SAF 28) e Mata Atlântica (MA).



Fonte: A autora (2024).

Os resultados indicam que a mata natural possui a maior diversidade de fungos, conforme esperado devido à complexidade e estabilidade do ecossistema (WATT, 1973; CONWAY, 1987; CANUTO et al., 2017). Os SAFs, especialmente o SAF 11 e o SAF 12, mostraram uma diversidade considerável, comparável à da mata, demonstrando seu potencial como sistemas agroecológicos sustentáveis. A manutenção adequada e a diversificação de plantas nos SAFs parecem ser fatores chave para sustentar uma alta diversidade de fungos.

Apesar da teoria da sucessão ecológica prever uma menor diversidade em ambientes com maior tempo de sucessão, essa baixa diversidade no SAF 28 pode ter sido intensificada por outros fatores, resultando em uma diversidade ainda menor do que a esperada. A falta de manejo deste sistema pode ter contribuído para a baixa diversidade e a dominância reduzida de espécies, mas tem que se estudar mais áreas com características semelhantes.

Os resultados deste estudo enfatizam a necessidade de práticas de manejo sustentável dos agroecossistemas que promovam a biodiversidade, como a rotação de culturas, a diversidade de plantas (policultivos) dentro e no entorno do agroecossistema, incorporação de matéria orgânica no solo e com os cultivos sendo manejados organicamente ou com um mínimo de agentes agroquímicos sintéticos (ALTIERI & NICHOLLS, 2010). Implementar essas práticas pode ajudar a mitigar os impactos negativos e promover um ambiente mais equilibrado e diversificado, essencial para a resiliência e sustentabilidade dos ecossistemas em diferentes estágios de sucessão.

5. CONCLUSÕES

- Neste estudo, as fases intermediárias da sucessão ecológica, como os SAF 11 e SAF 12, mostraram-se comparáveis à Mata Atlântica em termos de diversidade.
- Não foram encontrados fungos entomopatogênicos na área de monocultivo, indicando que a falta de diversidade vegetal pode impactar negativamente a ocorrência desses fungos.

- As espécies que dominam o ecossistema clímax no SAF 28 são as mais adaptadas às condições específicas do ambiente, resultando em interações bióticas menos diversas e mais especializadas. A baixa diversidade pode ter sido ainda mais acentuada por fatores como falta de manejo.
- A diversidade de fungos em SAFs favorece interações ecológicas complexas e proporciona um controle mais eficaz e sustentável de artrópodes, promovendo um equilíbrio ecológico.
- *Gibellula* e *Ophiocordyceps* são os gêneros mais frequentes nas áreas analisadas.
- *Cordyceps javanica* foi reportado pela primeira vez em aranhas.
- Três possíveis espécies novas para a ciência foram identificadas, das quais duas são encontradas em SAFs, demonstrando a importância da prospecção de fungos nesses ambientes.
- A presença de espécies raras e novas, como *Metarhizium blattodeae* e *Gibellula sp. nov.*, indica que os SAFs são ricos em potencial para a descoberta de novos fungos entomopatogênicos.
- Os artrópodes (insetos e aracnídeos) mais frequentemente encontrados pertenciam às ordens Araneae, Hymenoptera e Diptera.
- Este estudo destaca a necessidade de continuar a investigação sobre a diversidade de fungos entomopatogênicos em Sistemas Agroflorestais e avaliar as potenciais aplicações no controle biológico.

REFERÊNCIAS

ADL, S.; IRON, D.; KOLOKOLNIKOV, T. A threshold area ratio of organic to conventional agriculture causes recurrent pathogen outbreaks in organic agriculture.

Science of the Total Environment, Amsterdam, v. 409, p. 2192–2197, 2011.

AGROFIT- Sistema de agrotóxicos fitossanitários- **Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento**, 2024.
<http://agrofit.agricultura.gov.br/agrofit_cons/principal_agrofit_cons> (Acesso 23 Mai 2024).

AGUIAR-MENESES, E. L. SILVA, A. C. Plantas atrativas para inimigos naturais e sua contribuição no controle biológico de pragas agrícolas. **Embrapa Agrobiologia**, Seropédica, v. 283, p. 60, 2011.

AINI, A. N.; MONGKOLSAMRIT, S.; WIJANARKA, W.; THANAKITPIPATTANA, D.; LUANGSA-ARD, J. J.; BUDIHARJO, A. Diversity of *Akanthomyces* on moths (Lepidoptera) in Thailand. **MycKeys**, Tailândia, v. 71, p. 1–22, 2020.

ALMEIDA, J. E. M.; BATISTA FILHO, A. Microrganismos no controle de pragas. In: PINTO, A. S.; NAVA, D. E.; ROSSI, M. M.; MALERBO-SOUZA, D. T. (Eds.). Controle biológico de pragas na prática. **Prol Editora**, Piracicaba, p. 35-44, 2006.

ALTIERI, M. A. Agroecologia: a dinâmica produtiva da agricultura sustentável. **UFRGS Editora**, Porto Alegre, 5.ed., 2009.

ALTIERI, M. A.; NICHOLLS, C. I. Conversión agroecológica de sistemas convencionales de producción: teoría, estrategias y evaluación. **Revista Ecosistemas**, v. 16, n. 1, p. 3-12, 2007.

ALTIERI, M. A.; NICHOLLS, C. Diseños agroecológicos para incrementar la biodiversidad de entomofauna benéfica en agroecosistemas. **SOCLA**, Medellín, p. 3-80, 2010.

ALTIERI, M. A.; NICHOLLS, C., HENAO, A. & LANA, M. A. Agroecology and the design of climate change-resilient farming systems. **Agronomy for Sustainable Development**, v. 35, p. 869-890, 2015.

ALVES, S. B. Controle microbiano de insetos. **Fundação de Estudos Agrários Luiz de Queiroz (FEALQ)**, Piracicaba, p. 1163, 1998.

ALVES, K. T. Uma reinterpretação neutra das teorias da sucessão ecológica à luz da teoria dos sistemas complexos. Monografia de conclusão do curso de ciências biológicas, **Universidade Federal de Santa Catarina**, Florianópolis, p. 6-129, 02 de julho de 2009.

ALVES, A.L.; SANTOS, A. C. S.; MATTOS, J. L. S.; COSTA, P. M. O.; MOTTA, C. M. S., MELO, R. F. R.; TIAGO, P. V. Diversity of filamentous fungi communities in the soils of agroecological crop polycultures and the Atlantic Rain Forest. **Archives of Agronomy and Soil Science**, p. 1-13, 2021.

ALVES, A.L.; SANTOS, A. C. S.; MELO, R. F. R.; TIAGO, P. V. Black mildew fungi in polycultures from agroecological transition areas. **Anais da Academia Pernambucana de Ciência Agrônômica**, Pernambuco, v.19, n. 2, p. 1-12, 2023.

ANDERSEN, S. B.; GERRITSMA, S.; YUSAH, K. M.; MAYNTZ, D.; HYWEL- JONES, N. L.; BILLEN, J.; BOOMSMA, J. J.; HUGHES, D. P. The life of a dead ant: the expression of an adaptive extended phenotype. **American Naturalist**, Groningen, v. 174, p. 424–433, 2009.

ARAÚJO, W. S.; Do Espírito-Santo FILHO, K. Edge effect benefits galling insects in the Brazilian Amazon. **Biodiversity and Conservation**, v. 21, n. 11, p. 2991-2997, 2012.

ARAÚJO, J. P. M.; EVANS, H. C.; GEISER, D. M.; MACKAY, W. P.; HUGHES, D.P. Unravelling the diversity behind the *Ophiocordyceps unilateralis* (*Ophiocordycipitaceae*) complex: three new species of zombie-ant fungi from the Brazilian Amazon. **Phytotaxa**, v. 220, n.3, p. 224–238, 2015.

ARAÚJO, J. P. M.; HUGHES, D.P. Diversity of Entomopathogenic Fungi: Which Groups Conquered the Insect Body?. **Elsevier Inc.** v. 94, p. 1-39, 2016.

ARAÚJO, J. P. M.; EVANS, H. C.; KEPLER, R.; HUGHES, D.P. Zombie-ant fungi across continents: 15 new species and new combinations within *Ophiocordyceps*. I. Myrmecophilous hirsutelloid species. **Studies in Mycology**, v. 90, p.119–160, 2018.

ARAÚJO, J. P. M.; HUGHES, D.P. Zombie-ant fungi emerged from non-manipulating, beetle-infecting ancestors. **Current Biology**, v. 29, p. 3735–3738, 2019.

ARAÚJO, J. P. M.; EVANS, H. C.; FERNANDES, I.O.; ISHLER, M. J.; HUGHES, D.P. Zombie-ant fungi cross continents: II. Myrmecophilous hymenostilboid species and a novel zombie lineage. **MYCOLOGIA**, p. 1-33, 2020.

ASSENHEIMER, A.; CAMPOS, A.T.; GONÇALVES JÚNIOR, A.C. Análise energética de sistemas de produção de soja convencional e orgânica. **Ambiência**, v.5, p.443-455, 2009.

AW, K. M. S.; Hue SM (2017) Mode of infection of *Metarhizium* spp. fungus and their potential as biological control agents. **Journal Fungi**, v. 3, p. 1-20, 2017.

BALACHANDER, M.; REMADEVI, O. K.; SASIDHARAN, T. O.; SAPNA BAI, N. Infectivity of *Metarhizium anisopliae* (Deuteromycotina: Hyphomycetes) isolates to the arboreal termite *Odontotermes* sp. (Isoptera: Termitidae). **International Journal of Tropical Insect Science**, v. 29, p. 202–207, 2009.

BANDY, D.; GARRITY, D. P.; SÁNCHEZ, P. El problema mundial de la agricultura de tala y quema. **Agroforestería en las Américas**, v.1, p. 14-20, 1994.

BEECHER, N.A.; JOHNSON, R.J.; BRANDLE, J.R.; CASE, R.M.; YOUNG, L.J. Agroecology of birds in organic and nonorganic farmland. **Conservation Biology**, Boston, v.15, n.6, p.1620- 1631, 2002.

BEGON, M.; TOWNSEND, C.R.; HARPER, J.L. Ecology: from individuals to ecosystems. **Blackwell Publishing**, Oxford, p. 864, 2006.

BISHOP, L. Entomophagous fungi as mortality agents of ballooning spiderlings. **Journal of Arachnology**, v. 18, p. 237–238, 1990.

BISCHOFF, J. F.; REHNER, S. A.; HUMBER, R. A. *Metarhizium frigidum* sp. nov.: a cryptic species of *M. anisopliae* and a member of the *M. flavoviride* complex. **Mycologia**, v. 98, p. 737–745, 2006.

BISCHOFF, J. F.; REHNER, S. A.; HUMBER, R. A. A multilocus phylogeny of the *Metarhizium anisopliae* lineage. **Mycologia**, v. 101, p. 512–530, 2009.

BOSCH, R.; MENSAGEIRO, P. S.; GUTIERREZ, A. P. An introduction to biological control. **Biological control**, New York, p. 247, 1973.

BOUDIER, E. Note sur un nouveau genre et quelques nouvelles especes des *Pyrenomycetes*. **Mycology**, v. 7, p. 224–227, 1885.

BRUNNER-MENDOZA, C.; REYES-MONTES, M.R.; MOONJELY, S.; BIDOCHKA, M. J.; TORIELLO, C. A review on the genus *Metarhizium* as an entomopathogenic microbial biocontrol agent with emphasis on its use and utility in Mexico. **Biocontrol Science and Technology**, v. 29, p. 83–102, 2019.

CANUTO, J. C.; URCHEI, M. A.; CAMARGO, R. C. R. Conhecimento como base para a construção de Sistemas Agrícolas Biodiversos. In. CANUTO, J. C. (Org.). *Sistemas Agroflorestais: experiências e reflexões*. **Embrapa**, Brasília, DF, p. 216, 2017.

CAPORAL, F. R. Agroecología en el marco de la Soberanía Alimentaria. **Simposio de Agroecología para la Soberanía Alimentaria**. 24 de septiembre de 2009. Centro de Convenciones, Salta – Argentina. Palestra. 2009. Disponível em: www.inta.gov.ar/extension/prohuerta/.../SALTASeptiembre-2009-01.pdf, acesso em: 27 de abril de 2024.

CAPORAL, F. R.; COSTABEBER, J. A. Agroecologia e desenvolvimento rural sustentável: perspectivas para uma nova extensão rural. **Revista Agroecologia e**

Desenvolvimento Rural Sustentável, Porto Alegre, v.1, n.1, p.16-37, 2000.

CAPORAL, F. R.; COSTABEBER, J. A.; PAULUS, G. Agroecologia: matriz disciplinar ou novo paradigma para o desenvolvimento rural sustentável. In: CAPORAL, F. R.; AZEVEDO, E. O. (org.). *Princípios e perspectivas da agroecologia*. Curitiba: Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Paraná, p. 45-80, 2011.

CAPORAL, F. R.; COSTABEBER, J. A. Agroecologia e Extensão Rural: contribuições para a promoção do desenvolvimento rural sustentável. **Porto Alegre (RS)**, p. 1- 177, 2004.

CARDOSO, P., SILVA, I., DE OLIVEIRA, N. G. & SERRANO, A. R. M. Indicator taxa of spider (Araneae) diversity and their efficiency in conservation. **Biological Conservation**, v. 120, n. 4, p. 517-524, 2004.

CARNEIRO, F. F.; PIGNATTI, W.; RIGOTTO, R. M.; AUGUSTO, L. G. S.; RIZOLLO, A.; MULLER, N. M.; ALEXANDRE, V. P.; FRIEDRICH, K.; MELLO, M. S. C. Dossiê ABRASCO – Um alerta sobre os impactos dos agrotóxicos na saúde - 1ª Parte. **ABRASCO**, Rio de Janeiro, 2012.

CASWELL, Hal. Community Structure: a neutral model analysis. **Ecological Monographs**, v. 46, n. 3, p. 327-354, 1976.

CERRI, C. E. P.; SPAROVEK, G.; BERNOUX, M.; EASTERLING, W. E.; MELILLO, J. M.; CERRI, C. C. Tropical agriculture and global warming: impacts and mitigation options. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v.64, n.1, p.83-99, 2007.

CHEN, W. H.; HAN, Y. F.; LIANG, Z. Q.; ZOU, X. Morphological traits, DELTA system, and molecular analysis for *Gibellula clavispora* sp. nov. from China. **Mycotaxon**, v. 131, p. 111–121, 2016.

CHEN, W. H.; HAN, Y. F.; LIANG, J. D.; LIANG, Z. Q. *Akanthomyces neocoleopterorum*, a new verticillium-like species. **Phytotaxa**, v. 432, p. 119–124, 2020.

CHEN, M.; WANG, T.; LIN, Y.; HUANG, B. Morphological and molecular analyses reveal two new species of *Gibellula* (Cordycipitaceae, Hypocreales) from China. **MycoKeys**, v. 90, p. 53–69, 2022.

COLE, G.T.; HOCH, H.C. The Fungal Spore and Disease Initiation in Plants and Animals. **Mycologia**, v. 84, p. 1-547, 1991.

CONWAY, G. R. The properties of agroecosystems. **Agricultural Systems**, v. 24, p. 95-117, 1987.

COSTA, P. M. O. Dinâmica de serapilheira e diversidade de fungos em solo de sistema agroflorestal. Dissertação (Doutorado em Biologia de Fungos)- Programa de Pós-Graduação em Biologia de Fungos. **Universidade Federal de Pernambuco, Recife**, 2015.

COSTA, P. M. O.; ARAÚJO, M. A. G.; SOUZA-MOTA, C. M.; MALOSSO, E. Dynamics of leaf litter and soil respiration in a complex multistrata agroforestry system, Pernambuco, Brazil. **Environment, Development and Sustainability**, v. 19, p. 1189–1203, 2016.

COSTA, P. M. O.; ARAÚJO, M. A. G.; SANTOS, P. J. P.; SOUZA-MOTA, C. M.; MALOSSO, E. Richness and abundance of filamentous fungi in complex agroforestry multistrata system soil. **Revista Brasileira de Agroecologia**, v. 12, p. 232-241, 2017.

CROUS, P. W.; GAMS, W.; STALPERS, J. A.; ROBERT, V.; STEGHUISE, G. MycoBank: an online initiative to launch mycology into the 21st century. **Studies in Mycology**, v. 50, p. 12–22, 2004.

CRUZ, I.; VALICENTE, F. H. Controle Biológico. In: FILHO, I. A. P.; RODRIGUES, J. A. S. O produtor pergunta, a Embrapa responde. **Embrapa**, Brasília- DF, 2015.

DE BEKKER, C.; MERROW, M.; HUGHES, D. P. From behavior to mechanisms: An

integrative approach to the manipulation by a parasitic fungus (*Ophiocordyceps unilateralis* s.l.) of its host ants (*Camponotus* spp.). **Integrative and Comparative Biology**, v. 54, n. 2, p. 166–176, 2014.

DEQUECH, S. T. B. Controle microbiano. In: GUEDES, J. C.; COSTA, I. D.; CASTIGLIONI, E. (Eds.). Bases e técnicas do manejo de insetos. **Pallotti, Santa Maria: UFSM/CCR/DFS**, p.71-84, 2000.

DEVOTTO, L. M.; GERDING, A.; FRANCE, A. Hongos entomopatógenos: una alternativa para la obtención de biopesticidas. **Bioleche**, v. 23, p. 30-33, 2000.

DIDHAM, R. K.; GHAZOUL, J.; STORK, N. E.; DAVIS, A. J. Insects in fragmented forests: a functional approach. **Trends in Ecology & Evolution**, v. 11, n. 6, p. 255-260, 1996.

DRIVER, F.; MILNER, R. J.; TRUEMAN, J. W. H. A taxonomic revision of *Metarhizium* based on a phylogenetic analysis of rDNA its anamorph, *Metarhizium anisopliae* var. *majus*. **Journal of Invertebrate Pathology**, v. 78, p. 178–182, 2000.

EVANS, H. C.; SAMSON, R. A. Cordyceps species and their anamorphs pathogenic on ants (Formicidae) in tropical forest ecosystems II. The *Camponotus* (Formicinae) complex. **Transactions of the British Mycological Society**, v. 82, n. 1, p. 127–150, 1984.

EVANS, H. C. Coevolution of entomogenous fungi and their insect hosts. In: K. A. Pirozynski & D. L. Hawksworth (eds.) Coevolution of fungi with plants and animals. **Academic Press Limited**, San Diego, p. 149–172, 1988.

EVANS, H.C. Mycopathogens of insects of epigeal and aerial habitats. *Insect-Fungus Interactions*. **Academic Press**, London, p. 205–238, 1989.

EVANS, H. C. Entomopathogenic fungi associated with ants (Formicidae): a review. In: Misra JK, Horn BW, eds. *Trichomycetes and other fungal groups*. **Science Publishers**, New Hampshire, p. 119–144, 2001.

EVANS, H. C. GRODEN, E; BISCHOFF, J. F. New fungal pathogens of the red ant, *Myrmica rubra*, from the UK and implications for ant invasions in the USA. **Fungal Biology**, v. 114, p. 451–466, 2010.

EVANS, H. C.; ELLIOT, S, L.; HUGHES, D. P. Hidden diversity behind the zombie-ant fungus *Ophiocordyceps unilateralis*: four new species described from carpenter ants in Minas Gerais, Brazil. **PLoS ONE**, v. 6, n. 3, p. 1-9, 2011.

EVANS, H. C.; ELLIOT, S, L.; HUGHES, D. P. *Ophiocordyceps unilateralis*: a keystone species for unraveling ecosystem functioning and biodiversity of fungi? **Communicative & Integrative Biology**, v. 4, p. 598–602, 2011.

EVANS, H. C. Fungal Pathogens of Spiders. In: W. Nentwig (ed.) Spider Ecophysiology. **Springer Berlin Heidelberg**, Berlin, p. 107–121, 2013.

EVANS, H. C.; ARAÚJO, J. P.M.; HALFELD, V.R.; HUGHES, D. P. Epitypification and re-description of the zombie-ant fungus, *Ophiocordyceps unilateralis* (Ophiocordycipitaceae). **Fungal Systematics & Evolution**, v. 1, p. 13–22, 2018.

FARIA, M. R.; WRAIGHT, S. P. Mycoinsecticides and Mycoacaricides: A comprehensive list with worldwide coverage and international classification of formulation types. **Biological Control**, v. 43, p. 237–256, 2007.

FARIAS, A. L. N.; MATTOS, J. L. S.; TIAGO, P. V. Diálogo entre os saberes popular e acadêmico no processo de transição agroecológica no Assentamento Chico Mendes III – PE. EXTRAMUROS - **Revista de Extensão da UNIVASF**, Juazeiro, v.5, n.2, p.64-79, 2017.

FILHO, E. B.; MACEDO, L. P. M. Fundamentos de controle biológico de insetos-praga, **IFRN Editora**, Natal, p. 108, 2010.

FINEGAN, B. Pattern and process in neotropical secondary rain forests: the first 100 years of succession. **Trends in Ecology and Evolution**, v. 11, p. 119–124, 1996.

FONTES, E. M. G.; PIRES, C. S. S.; SUJI, E. R. Estratégias de uso e histórico de biocontrole. **Embrapa**. Brasília, p. 21-44, 2020.

FONTES, E. M. G.; VALADARES-INGLIS, M. C. Controle biológico de pragas da agricultura. **Embrapa**, Brasília, p. 510, 2020.

FREITAS, D. M., GASPARETO, G.; TRENTIM, N. et al. Agroecologia e desenvolvimento rural sustentável na perspectiva dos movimentos sociais do campo. **Universidade Estadual do Rio Grande do Sul - Ronda Alta**, 2006.

GAMARRA-ROJAS, G.; MATTOS, J. L. S. Fácies de mudança em assentamento de reforma agrária de Pernambuco. In: CONGRESSO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ECONOMIA, ADMINISTRAÇÃO E SOCIOLOGIA RURAL, 51, 2013, Belém. Anais... Belém, PA: SOBER, 2013. 11p. Disponível em: <https://sober.org.br/anais/> Acesso em: 02 de Abril de 2024.

GAMARRA-ROJAS, G.; MATTOS, J. L. S.; GAMARRA-ROJAS, C. F. L.; LIMA, P. V. P. S.; CAPORAL, F. R. Análise de sustentabilidade em assentamento de reforma agrária: o caso de Chico Mendes III, Pernambuco, Brasil. **Extensão Rural, DEAER – CCR – UFSM**, Santa Maria, v. 26, n.3, p. 21- 41, 2019.

GAO, Q.; JIN, K.; YING, S. H.; ZHANG, Y.; XIAO, G.; SHANG, Y., et al. Genome sequencing and comparative transcriptomics of the model entomopathogenic fungi *Metarhizium anisopliae* and *M. acridum*. **PloS Genetic**, v. 7, n. 1, p. 1-18, 2011.

GASTÓ, J.; VERA, L.; VIALI, L.; MONTALBA, R. Agricultura Sustentável: Unificando Conceitos. **Ciência e Investigação Agrária**. v. 36, p. 5-26, 2009.

GLIESSMAN, S. R. Agroecology: researching the ecological basis for sustainable agriculture. **CRC Press** , New York, p. 357, 1990.

GLIESSMAN, S. R. Agroecology: ecological processes in sustainable agriculture. **Ann Arbor Press**, Chelsea, 1998.

GLIESSMAN, S. R. Agroecologia: processos ecológicos em agricultura sustentável. **Editora da Universidade – UFRGS**, Porto Alegre, 2000.

GLIESSMAN, S. R. Agroecologia: processos ecológicos em agricultura sustentável. **Editora da Universidade – UFRGS**, Porto Alegre, 3. ed., 2005.

GOETTEL, M. S.; KOIKE, M.; KIM, J. J.; AIUCHI, D.; SHINYA, R.; BRODEUR, J. Potential of *Lecanicillium* spp. for management of insects, nematodes and plant diseases. **Journal of Invertebrate Pathology**, v. 98, p. 256–261, 2008.

GONÇALVES, P. A. S. A importância da diversidade vegetal no manejo ecológico de insetos em agroecossistemas: uma revisão. **Scientific Electronic Archives**, v. 13, n. 6, 2020.

GRIME, J. P. Biodiversity and ecosystem function: The debate deepens. **Science**, v. 277, p. 1260–1261, 1997.

GUARIGUATA, M.; OSTERTAG, R. Neotropical Secondary Forest Succession: change in structural and functional characteristics. **Forest Ecology and Management**, v. 148, n. 1/3, p. 185-206, 2001.

HESKETH, H.; ROY, H. E.; EILENBERG, J.; PELL, J. K.; HAILS, R.S. Challenges in modelling complexity of fungal entomopathogens in semi-natural populations of insects. **BioControl**, v. 55, p. 55-73, 2010.

HODGE, K.T. Clavicipitaceous anamorphs. In: White Jr JF, Bacon CW, Hywel-Jones NL, Spatafora JW (Eds) Clavicipitalean Fungi. **CRC Press**, Boca Raton, p. 82–129, 2003.

HORN, H. S. Forest succession. **Scientific American**, v. 232, p. 90–98, 1975.

HUFFAKER, C.B.; MESSENGER, P.S. Theory and practice of biological control. **Academic Press**, New York, p. 788, 1976.

HUGHES, D. P.; WAPPLER, T.; LABANDEIRA, C. Ancient death-grip leaf scars reveal ant-fungal parasitism. **Biology Letters**, v. 7, p.67–70, 2011.

HUGHES, D. P.; ARAÚJO, J.; LORETO, R.; QUEVILLON, L.; DE BEKKER, C.; EVANS, H. C. From So Simple a Beginning: The Evolution of Behavioral Manipulation by Fungi. In: Lovett B, St. Leger RJ (Eds) Genetics and molecular biology of entomopathogenic fungi (Advances in genetics). **Academic Press**, Cambridge, v. 94, p. 1–33, 2016.

HUNT, H. W.; WALL, D. H. Modelling the effects of loss of soil biodiversity on ecosystem function. **Global Change Biology**, v.8, p.33-50, 2002.

HSIEH, L.S.; TZEAN, S.S.; WU, W.J. The genus *Akanthomyces* on spiders from Taiwan. **Mycologia**, v. 89, p. 319–324, 1997.

IWASAKI, H.; TOKIWA, T.; SHIINA, M, et al. *Metarhizium aciculare* sp. nov. for *euvesperins* A and B producing *Metarhizium* strains. **Mycoscience**, v. 60, p. 313–318, 2019.

JUNIOR, A. B. P.; DA SILVA, G. J. M.; FRANTZ, H. F. L. et al. Diversidade de fauna edáfica em um fragmento florestal no município de Chapada dos Guimarães – MT. **Connectionline**, n.21, p. 82-94, 2019.

KENDRICK, B. The Fifth Kingdom. **Hackett Publishing**, 4° Ed., p. 512, 2017.

KEPLER, R. M.; BAN, S.; NAKAGIRI, A.; BISCHOFF, J. F.; HYWEL-JONES, N. L.; OWENSBY, C.A.; SPATAFORA, J. W. The phylogenetic placement of hypocrealean insect pathogens in the genus *Polycephalomycetes*: an application of one fungus one name. **Fungal Biology**, v. 117, p. 611–622, 2013.

KEPLER, R. M.; HUMBER, R. A.; BISCHOFF, J. F.; REHNER, S. A. Clarification of generic and species boundaries for *Metarhizium* and related fungi through multigene phylogenetics. **Mycologia**, v. 106, p. 811–829, 2014.

KEPLER, R. M.; LUANGSA-ARD, J. J.; HYWEL-JONES, N. L.; QUANDT, C. A.; SUNG, G. H.; REHNER, S. A.; AIME, M. C.; HENKEL, T. W.; SANJUAN, T.; ZARE, R.; CHEN, M.; LI, Z.; ROSSMAN, A. Y.; SPATAFORA, J. W.; SHRESTHA, B. A phylogenetically-based nomenclature for Cordycipitaceae (Hypocreales). **IMA Fungus**, v. 8, p. 335–353, 2017.

KING, K. F.; CHANDLER, N. T. The wasted lands: The program of work of the International Council for Research in Agroforestry (ICRAF). **International Council for Research in Agroforestry**, Kenya, p. 1-39, 1978.

KOBAYASI, Y. Keys to the taxa of the genera *Cordyceps* and *Torrubiella*. **Transactions of the Mycological Society of Japan**, v. 23, p. 329–364, 1982.

KOBAYASI, Y.; SHIMIZU, D. *Cordyceps* species from Japan. **Bulletin of National Science Museum Tokyo**, v. 4, p. 43-63, 1978.

KREBS, C. J. Ecology: The Experimental Analysis of Distribution and Abundance. **Pearson Education Limited**, p. 695, 2014.

KUEPHADUNGPAN, W.; MACABEO, A. P. G.; LUANGSA-ARD, J.J.; TASANATHAI, K.; THANAKITPIPATTANA, D.; PHONGPAICHIT, S.; YUYAMA, K.; STADLER, M. Studies on the biologically active secondary metabolites of the new spider parasitic fungus *Gibellula gamsii*. **Mycological Progress**, v. 18, 135–146, 2019.

KUEPHADUNGPAN, W.; TASANATHAI, K.; PETCHARAD, B.; KHONSANIT, A.; STADLER, M.; LUANGSA-ARD, J.J. Phylogeny- and morphology-based recognition of new species in the spider-parasitic genus *Gibellula* (Hypocreales, Cordycipitaceae) from Thailand. **MycoKeys**, v. 72, p.17–42, 2020.

KUEPHADUNGPAN, W.; PETCHARAD, B.; TASANATHAI, K.; THANAKITPIPATTANA, D.; KOBMOO, N.; KHONSANIT, A.; SAMSON, R. A., LUANGSA-ARD, J.J. Multi-locus phylogeny unmasks hidden species within the

specialised spider-parasitic fungus, *Gibellula* (Hypocreales, Cordycipitaceae) in Thailand. **Studies in Mycology**, v. 101, p. 245–286, 2022.

LEBERT, H. Über einige neue oder unvollkommen gekannte Krankheiten der Insekten, welche durch Entwicklung niederer Pflanzen im lebenden Körper entstehen. **Zeitschrift für wissenschaftliche Zoologie**, v.9, p. 439–453, 1858.

LEGENDRE, P.; L, LEGENDRE. Developments in Environmental Modelling. **Numerical Ecology**, v. 24, p. 1-990, 2012.

LI, Y.; STEENWYK, J. L.; CHANG, Y.; WANG, Y.; JAMES, T.Y.; STAJICH, J.E., SPATAFORA, J.W.; GROENEWALD, M.; DUNN, C.W.; HITTINGER, C.T.; SHEN, X.-X.; ROKAS, A. A genome-scale phylogeny of the Kingdom Fungi. **Current Biology**, v. 31, p. 1–13, 2021.

LIU, Z. Y.; YAO, Y. J.; LIANG, Z. Q.; LIU, A. Y.; PEGLER, D. N.; CHASE, M. W. Molecular evidence for the anamorpheteleomorph connection in *Cordyceps sinensis*. **Mycological Research**, v. 105, p. 827-832, 2001.

LÔBO, R. L. de L.; SIQUEIRA, T. M. de V.; MARTINS, E. S.; DE LIMA, A. S. T.; DA CUNHA, A. C. M. C. M. Sistemas agroflorestais na recuperação de áreas degradadas. **Brazilian Journal of Development**, v. 7, n. 4, p. 38127–38142, 2021.

LOPES, R. S.; SVEDESE, V. M.; PORTELA, A. P. A. S.; ALBUQUERQUE, A.C.; LUNA-ALVES, E. A. Virulência e aspectos biológicos de *Isaria javanica* (FRIEDER & BALLY) Samson & Hywell-Jones sobre *Coptotermes gestroi* (WASMANN) (ISOPTERA: RHINOTERMITIDAE). **Arquivos do Instituto Biológico**, São Paulo, v. 78, n. 4, p. 565-572, 2011.

LOPES, P. R.; ARAÚJO, K. C. S.; RANGEL, I. M. L. Sanidade vegetal na perspectiva da transição agroecológica. **Revista Fitos**, Rio de Janeiro. v. 13, n. 2, p. 178-194, 2019.

LOPES, R. B.; SOUZA, T. A. D.; MASCARIN, G. M.; SOUZA, D. A.; BETTIOL, W.; SOUZA, H. R.; FARIA, M. *Akanthomyces* diversity in Brazil and their pathogenicity to plant-sucking insects. **Journal of Invertebrate Pathology**, v. 200, p. 1-8, 2023.

LORETO, R. G; ARAÚJO, J. P. M; KEPLER, R. M; FLEMING, K.R; MOREAU, C.S; HUGHES, D. P. Evidence for convergent evolution of host parasitic manipulation in response to environmental conditions. **Evolution**, v. 72, p. 2144–2155, 2018.

LUANGSA-ARD, J. J.; BERKAEW, P.; RIDKAEW, R.; HYWEL-JONES, N. L.; ISAKA, M. A beauvericin hot spot in the genus *Isaria*. **Mycological Research**, v. 13, p. 1389-1395, 2009.

LUZ, P. M. Ecologia, evolução e diversidade. **Atena Editora**, Ponta Grossa, p. 291, 2018.

MACEDO, R. Eucalipto em sistemas agroflorestais. **Ufla - Universidade Federal De Lavras**, 2ª Ed., 2010.

MACIEL, L.; IANTAS, J. Inventário da fauna de formigas (Himenoptera: Formicidae) em ambiente de sucessão ecológica florística no município de União da Vitória, Paraná. **Biodiversidade Pampeana**, v. 9, n. 1, p. 38-43 2011.

MAINS, E. B. Entomogenous species of *Akanthomyces*, *Hymenostilbe*, and *Insecticola* in North America. **Mycologia**, v. 42, p. 566–589, 1950.

MATTHES, L. A. F.; MARTINS, F. R. Conceitos em Sucessão Ecológica. *Revista Brasileira de Horticultura Ornamental*, Campinas, v.2, n.2, p. 19-32, 1996.

MATTOS, J. L. S.; GUZMÁN-CASADO, G.I.; CAPORAL, F.R.; SILVA, L.M.S.; SANTOS FILHO, D.A.; SILVA, J.F.; FONSECA, F.D. A transição agroecológica no assentamento Chico Mendes-PE: uma avaliação de agroecossistemas sustentáveis. In: **JORNADA DE ESTUDOS EM ASSENTAMENTOS RURAIS**, Campinas: Unicamp, p. 1-16, 2017.

MATTOS, J. L. S.; LIMA, J. R. T.; SILVA, J. N.; SOUZA, G. S. C.; FONSECA, F. D. Transição agroecológica no Assentamento Chico Mendes III - PE. in: REDIN, E. Agroecologia em Foco. Belo Horizonte. **Poisson**, 2020.

MASCARIN, G. M.; LOPES, R. B.; DELALIBERA, Í.; FERNANDES, E. 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.

MCNEILL, J.; BARRIE, F. F.; BUCK, W. R.; DEMOULIN, V.; GREUTER, W.; HAWKWORTH, D. L., et al. International Code of Nomenclature for Algae, Fungi, and Plants (*Melbourne Code*). [Regnum Vegetabile No. 154.] **Koeltz Scientific Books**, Königstein, v. 159, 2012.

MCLAUGHLIN, G.; DEARDEN, P. K. Invasive Insects: Management Methods Explored. **Journal of Insect Science**, v. 19, n. 5, p. 1-9, 2019.

MESQUITA, E.; HU, S.; LIMA, T. B.; GOLO, P. S.; BIDOCHKA, M. J. Utilization of *Metarhizium* as an insect biocontrol agent and a plant bioinoculant with special reference to Brazil. **Frontiers in fungal biology**, v. 4, p. 1-10, 2023.

MENDES-PEREIRA, T.; DE ARAÚJO, J. P. M.; CARVALHO, M. F.; OLIVEIRA, F. E.; ALVES, J. E. R.; SOBCZAK, J. F.; GÓES-NETO, A. *Gibellula aurea* sp. nov. (Ascomycota, Cordycipitaceae): A New Golden Spider-Devouring Fungus from a Brazilian Atlantic Rainforest. **Phytotaxa**, v. 573, p. 85–102, 2022.

MENDES-PEREIRA, T.; DE ARAÚJO, J. P. M.; KLOSS, T. G.; COSTA-REZENDE, D. H.; DE CARVALHO, D. S.; GÓES-NETO, A. Disentangling the Taxonomy, Systematics, and Life History of the Spider-Parasitic Fungus *Gibellula* (Cordycipitaceae, Hypocreales). **Journal Fungi**, v. 9, p. 1-18, 2023.

MEYLING, N. V.; EILENBERG, J. Ecology of the entomopathogenic fungi *Beauveria bassiana* and *Metarhizium anisopliae* in temperate agroecosystems: Potential for conservation biological control. **Biological Control**, v. 43, p. 145–155, 2007.

MIRANDA, J. C. Sucessão Ecológica: conceitos, modelos e perspectivas. **Revista Saúde e Biologia**, v.4, n.1, p. 31-37, 2009.

MONGKOLSAMRIT, S.; NOISRIPOOM, W.; THANAKITPIPATTANA, D.; WUTHIKUN, T.; SPATAFORA, J. W.; LUANGSA-ARD, J. J. Disentangling cryptic species with Isaria-like morphs in Cordycipitaceae. **Mycologia**, v. 110, p. 230–257, 2018.

MONTALVA, C.; COLLIER, K.; ROCHA, L. F. N.; INGLIS, P.W.; LOPES, R. B.; LUZ, C.; HUMBER, R. A. A natural fungal infection of a sylvatic cockroach with *Metarhizium blattodeae* sp. nov., a member of the *M. flavoviride* species complex. **Fungal Biology**, v. 120, p. 655–665, 2016.

MONZÓN, A. Producción, uso y control de calidad de hongos entomopatógenos en Nicaragua. Avances en el fomento de productos fitosanitarios no-sintéticos. **Manejo Integrado de Plagas**, v. 63, p. 95-103, 2001.

MORA, M. A. E.; CASTILHO, A. M. C.; FRAGA, M. E. Classification and infection mechanism of entomopathogenic fungi. **Agricultural microbiology**, v. 84, p. 1-10, 2017.

MOREIRA, R. M.; CARMO, M. S. Agroecologia na construção do desenvolvimento rural sustentável. **Agricultura São Paulo**, São Paulo, v.51, n.2, p.37- 56, 2004.

NAIR, P. K. R. An introduction to Agroforestry. **Kluwer Academic Publishers with ICRAF**, p. 496, 1993.

NEVES, P. M. O. J.; SANTORO, P. H.; SILVA, R. Z. Utilização de *Beauveria bassiana* (BALS) VUILL no manejo integrado da broca do café *Hypothenemus hampei* (Ferrari) (Coleoptera: Scolitidae), in: VENZON, M.; NEVES, W. S.; PAULA JÚNIOR, T. J.; PALLINI, A. (Eds.) Controle alternativo de pragas e doenças: opção ou necessidade?. **EPAMIG**, Belo Horizonte, p. 152, 2021.

NICOLETTI, R.; BECCHIMANZI, A. Endophytism of *Lecanicillium* and

Akanthomyces. **Agriculture**, v. 10, p. 205, 2020.

NICHOLLS, C. I. Contribuciones agroecológicas para renovar las fundaciones del manejo de plagas. **Agroecología**, v. 5, p. 7-22, 2010.

ODUM, E.P. The strategy of ecosystem development. **Science**, Washington, v.164, p. 262-270, 1969.

ODUM, E. P. Fundamentos de Ecologia. **Fundação Calouste Gulbenkian**, São Paulo, 2004.

OPEYEMI, J. O.; JIAN, T.; ADESOLA, T.; FLORENCE, A.; OMOLARA, O.; ZHEN, O. The genus *Cordyceps*: An extensive review of its traditional uses, phytochemistry and pharmacology. **Fitoterapia**, p. 293–316, 2018.

PALUDO, R.; COSTABEBER, J. A. Sistemas agroflorestais como estratégia de desenvolvimento rural em diferentes biomas brasileiros. **Revista Brasileira de Agroecologia**, v. 7, p. 63-76, 2012.

PARRA, J. R. P. P.; BOTELHO, P. S. M.; CORRÊA-FERREIRA, B. S.; BENTO, J. M. S. Controle biológico no Brasil: parasitóides e predadores. **Manole**, São Paulo, p.609, 2002.

PARRA, J. R. P. P. Biological control in Brazil: an overview. **Scientia Agricola**, v.71, n.5, p.345-355, 2014.

PEET, R.K. The measurement of species diversity. **Annual Review Ecology Systematics**, v. 5, p. 285-307, 1974.

PENTEADO, S. R. Agricultura alternativa. **Via Orgânica**, São Paulo, 2016.

PERONI, N.; HERNÁNDEZ, M. I. M. Ecologia de populações e comunidades. **Licenciatura em Ciências Biológicas na Modalidade a Distância do Centro de Ciências Biológicas da UFSC**, Florianópolis, p.123, 2011.

PETCH, T. Notes on entomogenous fungi. **Transactions of the British Mycological Society**, v. 16, p. 55–75, 1931.

PORTO, M.F.; SOARES, W.L. Modelo de desenvolvimento, agrotóxicos e saúde: um panorama da realidade agrícola brasileira e propostas para uma agenda de pesquisa inovadora. **Revista Brasileira de Saúde Ocupacional**, São Paulo, v.37, n.125, p.17-31, 2012.

PRADO, E. P.; CASTRO, M. T. Diversidade de insetos em áreas de produção orgânica de hortaliças próximas a um sistema agroflorestal no Distrito Federal. **Biodiversidade**, v. 16, n. 2, p. 76-85, 2017.

QUANDT, C. A.; KEPLER, R. M.; GAMS, W. et al. Phylogenetic-based nomenclatural proposals for Ophiocordycipitaceae (Hypocreales) with new combinations in Tolypocladium. **IMA Fungus**, v. 5, p. 121–134, 2014.

QUEIROZ, J. M.; ALMEIDA, F.S.; PEREIRA, M. P. S. Conservação da biodiversidade e o papel das formigas (Hymenoptera: Formicidae) em agroecossistemas. **Floresta e Ambiente**, Rio de Janeiro, v. 13, n. 02, p. 37-45, 2006.

REDDFORD, K. H.; PICKETT, S. T.; OSTFELD, R. S.; SHACHAK, M.; LIKENS, G. E. The Ecological Basis of Conservation: Heterogeneity, Ecosystems, and Biodiversity. **Ecology**, p. 1-466, 1997.

RICKLEFS, R. E. A Economia da Natureza. **Editora Guanabara Koogan**, 5ª ed, Rio de Janeiro, 2003.

RIBASKI, J.; MONTOYA, L. J.; RODIGHER, H. R. Sistemas agroflorestais: aspectos ambientais e socioeconômicos. **Informe Agropecuário**, v. 22, p. 61-67, 2001.

ROBERTS, D. W.; HUMBER, R. A. Entomogenous fungi. **Biology of Conidial Fungi**, v. 2, p. 201-236, 1981.

ROTH, L. M.; WILLIS, E. R. The biotic associations of cockroaches. **Smithsonian Miscellaneous Publications**, v. 141, 1-470, 1960.

SAMSON, R. A.; EVANS, H. C.; VAN DE KLASHORST, G. Notes on entomogenous fungi from Ghana. V. The genera *Stilbella* and *Polycephalomyces*. **Proceedings of the Koninklijke Nederlandse Akademie van Wetenschappen**, v. 84, p. 289–301, 1981.

SAMSON, R. A.; EVANS, H. C.; LATGÉ, J. P. Atlas of entomopathogenic fungi. **Springer-Verlag GmbH & Co. KG**, 1988.

SAMSON, R. A.; EVANS, H. C. Notes on entomogenous fungi from Ghana II. The genus *Akanthomyces*. **Acta Botanica Neerlandica**, v. 23, p. 28–35, 1974.

SAMSON, R. A.; EVANS, H. C. New Species of *Gibellula* on Spiders (Araneida) from South America. **Mycologia**, v. 84, p. 300–314, 1992.

SARMA, V.V.; HYDE, K.D.; VITTAL, B.P.R. Frequency of occurrence of mangrove fungi from the east coast of India. **Hydrobiologia**, v. 455, p. 41–53, 2001.

SAVIC', D.; GRBIC', G.; BOSKOVIC', E.; HANGGI, A. First records of fungi pathogenic on spiders for the Republic of Serbia. **Arachnologische Mitteilungen/Arachnology Letters** v. 52, p.31–34, 2016.

SAVITA, A. S. Fungi as biological control agents. In: Giri B, Prasad R, Wu QS, Varma A (eds) Biofertilizers for sustainable agriculture and environment. **Springer**, v.55, p. 395-411, 2019.

SCORSETTI, A. C.; HUMBER, R.A.; DE GREGÓRIO, C.; LASTRA, C. C. L. New records of entomopathogenic fungi infecting *Bemisia tabaci* and *Trialeurodes vaporariorum* pests of horticultural crops in Argentina. **BioControl**, v.53, n.5, p.787-796, 2008.

SENAR – Serviço Nacional de Aprendizagem Rural. Sistemas Agroflorestais (SAFs): conceitos e práticas para implantação no bioma amazônico/ **Serviço Nacional de Aprendizagem Rural (SENAR)**.— 1. ed. Brasília: SENAR, 2017.

SHENG, H.; MCNAMARA, P. J.; ST. LEGER, R. J. *Metarhizium*: an opportunistic middleman for multitrophic lifestyles. **Current opinion in microbiology**, v. 69, p. 1-6, 2022.

SHERESTHA, B.; KUBÁTOVÁ, A.; TANAKA, E.; OH, J.; YOON, D.-H.; SUNG, J.-M.; SUNG, G. H. HYWEL-JONES, N. L.; SUNG, J. M.; LUANGSA-ARD, J. J.; SHRESTHA, B.; SPATAFORA, J. W. Phylogenetic classification of *Cordyceps* and the clavicipitaceous fungi. **Studies in Mycology**, v. 57, p. 5–59, 2019.

SUNG, G. H. Spider-pathogenic fungi within Hypocreales (Ascomycota): their current nomenclature, diversity, and distribution. **Mycological Progress**, v. 18, p. 983–1003, 2019.

SICARD, T. E. L. Agroecología: desafíos de una ciencia ambiental en construcción. **Agroecología**, Murcia, v.4, p. 7-17, 2009.

SILVA, H. W. A extensão rural agroecológica sob o desenvolvimento sustentável. **Revista Brasileira de Agropecuária Sustentável**, Viçosa, v. 3, n. 1, p. 25-29, 2013.

SILVA, E. B; SOUSA, E. D. V; GATO, A. P. C. Sistemas agroflorestais como alternativa agroecológica: Revisão. **Pubvet**, v. 13, n. 02, p. 1-6, 2019.

SILVEIRA, E. R. R.; PELISSARI, A.; MORAES, A.; JAMHOUR, J. Diversidade e papel funcional da macrofauna do solo na Integração Lavoura- Pecuária. **Revista Técnico-Científica do CREA-PR**, n. 4, p. 1-16, 2016.

SOUSA, J. E.; SILVA, A. F. Agricultura agroflorestal ou agrofloresta. **Centro Sabiá**, Recife, v. 6, p. 5- 28, 2016.

SOUZA, F. P.; CASTILHO, T. P. R. Uso de Sistemas Agroflorestais para o controle biológico natural em propriedades rurais. **Scientific Electronic Archives**, v. 15, p. 71-75, 2022.

SOUZA, A. L. T.; MODENA, E. S. Distribution of spiders in different types of inflorescences in the Brazilian pantanal. **Journal of Arachnology**. v. 32, p. 345-348, 2004.

SPECHT, A.; AZEVEDO, J. L.; LUNA-ALVES LIMA, E. A.; BOLDO, J.T.; MARTINS, M.K.; LORINI, L.M.; BARRROS, N.M. Ocorrência do fungo entomopatogênico *Isaria javanica* (Frieder & Bally) Samson & HywellJones (Fungi, Sordariomycetes) em lagartas de *Lonomia obliqua* Walker (Lepidoptera, Saturniidae, Hemileucinae). **Revista Brasileira de Entomologia**, v.53, n.3, p.493-494, 2009.

ST. LEGER, R. J.; WANG, C. Genetic engineering of fungal biocontrol agents to achieve efficacy against insect pests. **Applied of Microbiology and Biotechnology**, v. 85, p. 901-907, 2010.

ST. LEGER, R. J.; WANG, C. Metarhizium: jack of all trades, master of many. **Open Biology**, v. 10, p. 1-26, 2020.

STEFFEN, G. P. K.; STEFFEN, R. B.; ANTONIOLLI, Z. I. Contaminação do solo e da água pelo uso de agrotóxicos. **Tecno Lógica**, Santa Cruz do Sul, v.15, n.1, p.15-21, 2011.

STONE, L. B. L.; BIDOCHKA, M. J. The multifunctional lifestyles of *Metarhizium*: evolution and applications. **Applied microbiology and biotechnology**, v. 104, p. 9935–9945, 2020.

SU, L.; ZHU, H.; GUO, Y.; DU, X.; GUO, J.; ZHANG, L. et al. *Lecanicillium coprophilum* (Cordycipitaceae, Hypocreales), a new species of fungus from the feces of *Marmota monax* in China. **Phytotaxa**, v. 387, p. 55–62, 2019.

SUKARNO, N.; KURIHARA, Y.; PARK, J. Y.; INABA, S.; ANDO, K.; HARAYAMA, S.; et al. *Lecanicillium* and *Verticillium* species from Indonesia and Japan including three new species. **Mycoscience**, v. 50, p. 369–379, 2009.

SUNG, G. H; HYWEL-JONES, N. L; SUNG, J. M; LUANGSA-ARD, J. J; SHRESTHA, B; SPATAFORA, J. W. Phylogenetic classification of *Cordyceps* and the *clavicipitaceous* fungi. **Stud Mycol**, v. 57, p. 1–6, 2007.

SUNG, G. H; POINAR, G. O; SPATAFORA, J. W. The oldest fossil evidence of animal parasitism by fungi supports a Cretaceous diversification of fungal-arthropod symbioses. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, v. 49, p. 495–502, 2008.

TOGNI, P. H. B.; VENZON, M.; LAGÔA, A. C. G.; SILVA, A. C.; ASSUNÇÃO, R. M.; RODRIGUES, C. A. Interações entre escalas espaciais no controle biológico conservativo: da paisagem ao cultivo. In. VENZON, M.; NEVES, W. S.; PAULA JÚNIOR, T. J.; PALLINI, A. (Eds.) Controle alternativo de pragas e doenças: opção ou necessidade?. **EPAMIG**, Belo Horizonte, p. 152, 2021.

TSCHARNTKE, T.; TYLIANAKIS, J.; RAND, T.; DIDHAM, R., FAHRIG, L.; BATARY, P., et al. Landscape moderation of biodiversity patterns and processes: Eight hypotheses. **Biological Reviews**, v. 87, p. 661–685, 2012.

VAN ANDEL, Jelte; BAKKER, Jan. P.; GROOTJANS A. P. Mechanisms of Vegetation Succession: a review of concepts and perspectives. **Acta botanica neerlandica**, v. 42, n. 4, p. 413-433, 1993.

VAN DEN BOSCH, R.; MESSENGER, P.S.; GUTIERREZ, A.P. An Introduction to biological control. **Plenum Press**, New York, v. 36, p. 247, 1982.

VASCONCELLOS, R. C.; BELTRÃO, N. E. S. Avaliação de prestação de serviços ecossistêmicos em sistemas agroflorestais através de indicadores ambientais. **Interações**, Campo Grande, v. 19, n. 1, p. 209-220, 2018.

VEGA, F. E.; MEYLING, N.; LUANGSA-ARD, J.; BLACKWELL, M. Fungal Entomopathogens. **Insect Pathology**, p.171-220, 2012.

VEGA, F. E. The use of fungal entomopathogens as endophytes in biological control: a review. **Mycologia**, v.110, p. 4–30, 2018.

WANG, J. B.; ST. LEGER, R. J.; WANG, C. Advances in Genomics of Entomopathogenic Fungi. **Advances in Genetics**, v. 94, p. 67- 105, 2016.

WANG, Y. B. et al. Multigene phylogeny of the family Cordycipitaceae (Hypocreales): New taxa and the new systematic position of the Chinese cordycipitoid fungus *Paecilomyces hepiali*. **Fungal Diversity**, v. 103, p. 1–46, 2020.

WANG, Y. H.; WANG, W. J.; WANG, K.; DONG, C. H.; HAO, J. R.; KIRK, P. M.; YAO, Y. J. *Akanthomyces zaquensis* (Cordycipitaceae, Hypocreales), a new species isolated from both the stroma and the sclerotium of *Ophiocordyceps sinensis* in Qinghai, China. **Phytotaxa**, v. 579, n. 3, p. 198–208, 2023.

WATT, R. E. F. Principles of environmental science. **McGraw Hill**, New York, p. 1-319 1973.

WILSEY, B.J., CHALCRAFT, D.R., BOWLES, C.M. & WILLIG, M.R. Relationships among indices suggest that richness is an incomplete surrogate for grassland biodiversity. **Ecology**, v. 86, n. 5, p. 1178-1184, 2005.

WILSON, F.; HUFFAKER, C. B. The physiology scope and importance of biological control. In: HUFFAKER, C.B.; MESSENGER, P.S. (Eds.). Theory and practice of biological control. **Academic Press**, New York, v. 788. p. 3-14, 1976.

WILSON, E. O.; HÖLLDOBLER, B. The rise of the ants: A phylogenetic and ecological explanation. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 102, n. 21, p. 7411, 2005.

WRIGHT, M. S.; CONNICK, W. J.; JACKSON, M. A. Use of *Paecilomyces* spp. as pathogenic agents against subterranean termites. **United States Patent**, Washington, p. 1-8, 2003.

WU, S.; TOEWS, M. D.; OLIVEIRA- HOFMAN, C.; BEHLE, R. W.; SIMMONS, A. M.; SHAPIRO-LLAN, D. I. Environmental Tolerance of Entomopathogenic Fungi: A New

Strain of *Cordyceps javanica* Isolated from a Whitefly Epizootic Versus Commercial Fungal Strains. **Insects**, v. 11, p. 1-15, 2020.

ZARE, R.; GAMS, W. The genera *Lecanicillium* and *Simplicillium* gen. nov. **Nova Hedwigia**, v. 73, p. 1–50, 2001.

ZARE, R.; GAMS, W. A revision of the *Verticillium fungicola* species complex and its affinity with the genus *Lecanicillium*. **Mycological Research**, v. 112, n. 7, p. 811–824, 2008.

ZHANG, Z. F.; ZHOU, S. Y.; EURWILAICHITR, L.; INGSRISWANG, S.; RAZA, M.; CHEN, Q.; et al. Culturable mycobiota from Karst caves in China II, with descriptions of 33 new species. **Fungal Diversity**, v. 106, p. 29–136, 2020.

ZHOU, Y. M.; ZHI, J. R.; QU, J. J.; ZOU, X. Estimated Divergence Times of *Lecanicillium* in the Family Cordycipitaceae Provide Insights Into the Attribution of *Lecanicillium*. **Frontiers in Microbiology**. v. 13, p. 2-9, 2022.