

UNIVERSIDADE FEDERAL DE VIÇOSA

BÁRBARA LEONE CLEMENTE

**Descrição de uma nova espécie de *Akanthomyces* (*Hypocreales*),
associada a grilos na Mata Atlântica Brasileira**

VIÇOSA – MINAS GERAIS

2026

BÁRBARA LEONE CLEMENTE

**Descrição de uma nova espécie de *Akanthomyces* (*Hypocreales*),
associada a grilos na Mata Atlântica Brasileira**

Monografia apresentada ao Curso de Ciências
Biológicas da Universidade Federal de Viçosa
como requisito para obtenção do título de bacha-
rel em Ciências Biológicas.

Orientador: Simon Luke Elliot

VIÇOSA – MINAS GERAIS

2026

BÁRBARA LEONE CLEMENTE

**Descrição de uma nova espécie de *Akanthomyces (Hypocreales)*,
associada a grilos na Mata Atlântica Brasileira**

Monografia apresentada ao Curso de Ciências
Biológicas da Universidade Federal de Viçosa
como requisito para obtenção do título de bacha-
rel em Ciências Biológicas.

Orientador: Simon Luke Elliot

APROVADA: 26 de junho de 2026.

Assentimento:

Documento assinado digitalmente
 **BARBARA LEONE CLEMENTE**
Data: 09/07/2026 10:20:59-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Bárbara Leone Clemente

Autora

Documento assinado digitalmente
 **SIMON LUKE ELLIOT**
Data: 09/07/2026 13:07:26-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Dr. Simon Luke Elliot

Orientador

AGRADECIMENTOS

Aos meus pais, Marlúcia e Luiz Carlos, por serem pais maravilhosos, com todo afeto, cuidado e apoio incondicional. Agradeço por acreditarem em mim, e tornarem essa conquista possível.

Ao meu irmão, Marcus Vinicius que se faz presente, mesmo com toda distância, com incentivo e carinho em todos os momentos.

Aos meus amigos do Laboratório de Interações Inseto-Microrganismo (LIIM), especialmente Thairine, Pablo e Nathan pela amizade e apoio constante. A convivência com vocês foi fundamental para meu crescimento pessoal e profissional, tornando esta jornada leve e enriquecedora.

Ao meu grande amigo Samuel, agradeço pelos ensinamentos compartilhados dentro e fora da bancada, pela generosidade em transmitir seu conhecimento e pela amizade construída ao longo desses anos como um grande parceiro, compartilhando momentos lindos e tornando essa trajetória mais leve.

Ao Prof. Dr. Simon Luke Elliot, pela oportunidade de estágio, pela confiança depositada em meu trabalho e pelos valiosos ensinamentos que contribuíram significativamente para minha formação acadêmica e científica.

Ao Prof. Dr. Thiago Gechel Kloss, por registrar a imagem da nova espécie, e ao Dr. Lucas Denadai de Campos pela identificação do hospedeiro.

A Prof. Irene Maria Cardoso e o Sr. Nhãmanrúri Schuteh Kaiá Felismar Manoel pela contribuição no processo de escolha e tradução, do Pury, do nome da nova espécie.

Ao meu companheiro Rodrigo, pela parceria e amizade. Obrigada pela escuta atenta, pelo acolhimento nos momentos difíceis e por todo o amor compartilhado.

Por fim a Universidade Federal de Viçosa pelo aprendizado, por ter me proporcionado as mais ricas experiências, pelas lindas amizades que me permitiu vivenciar e momentos que marcaram profundamente esta etapa da minha vida.

A Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais - FAPEMIG pelo financiamento de bolsa de Iniciação Científica.

O presente trabalho foi realizado com apoio do CNPq/INCT - Bioinsumos Inovadores #406803/2022-6.

RESUMO

Os fungos entomopatogênicos cumprem importantes funções ecológicas na regulação de populações de artrópodes, sendo um componente relevante da biodiversidade fúngica. O gênero *Akanthomyces* (Hypocreales: Cordycipitaceae) reúne espécies associadas principalmente a Lepidoptera e Araneae, mas sua diversidade em regiões tropicais ainda é pouco conhecida. Este estudo caracterizou morfológica e filogeneticamente uma nova espécie de *Akanthomyces* associada a grilos do gênero *Neometrypus* (Orthoptera: Gryllidae), coletados em fragmentos de Mata Atlântica em Viçosa, Minas Gerais. A partir de 54 espécimes infectados, foram obtidos dados morfológicos e moleculares: sinêmios brancos, emergindo principalmente das articulações do hospedeiro, com ápices agudos a obtusos; fiálides hialinas e cilíndricas, afilando-se em pescoço estreito; e conídios unicelulares, fusiformes, hialinos, gutulados e catenulados. A análise filogenética por Máxima Verossimilhança, com sequências concatenadas dos loci *LSU*, *TEF* e *RPBI*, recuperou os espécimes em um clado monofilético com suporte máximo (bootstrap 100%), irmão de *A. phariformis* (97%), porém geneticamente distinto. Com base nessas evidências morfológicas, ecológicas e filogenéticas, propõe-se uma nova espécie, primeiro registro com suporte molecular do gênero associado à ordem Orthoptera. O trabalho amplia o conhecimento sobre a diversidade neotropical de *Akanthomyces* e contribui para a compreensão dos fungos entomopatogênicos da Mata Atlântica brasileira.

Palavras-chave: Fungos entomopatogênicos; *Akanthomyces*; Taxonomia; Orthoptera; Mata Atlântica.

ABSTRACT

Entomopathogenic fungi perform important ecological functions in regulating arthropod populations, representing a relevant component of fungal biodiversity. The genus *Akanthomyces* (*Hypocreales: Cordycipitaceae*) comprises species mainly associated with Lepidoptera and Araneae, but its diversity in tropical regions remains poorly known. This study characterized, morphologically and phylogenetically, a new *Akanthomyces* species associated with crickets of the genus *Neometrypus* (Orthoptera: Gryllidae), collected in Atlantic Forest fragments in Viçosa, Minas Gerais. From 54 infected specimens, morphological and molecular data were obtained: white synnemata, emerging mainly from the host's joints, with acute to obtuse apices; hyaline, cylindrical phialides tapering into a narrow neck; and unicellular, fusiform, hyaline, guttulate, and catenulate conidia. Phylogenetic analysis by Maximum Likelihood, using concatenated sequences of the *LSU*, *TEF*, and *RPB1* loci, recovered the specimens in a monophyletic clade with maximum support (100% bootstrap), sister to *A. phariformis* (97%), yet genetically distinct. Based on this combination of morphological, ecological, and phylogenetic evidence, a new species of *Akanthomyces* is proposed, representing the first molecularly supported record of the genus associated with the order Orthoptera. This work expands knowledge of *Akanthomyces* diversity in the Neotropical region and contributes to the understanding of entomopathogenic fungi in the Brazilian Atlantic Forest.

Keywords: Entomopathogenic fungi; *Akanthomyces*; Taxonomy; Orthoptera; Atlantic Forest.

SUMÁRIO

RESUMO.....	4
ABSTRACT.....	5
1. INTRODUÇÃO	7
2. MATERIAL E MÉTODOS	9
2.1 Coleta	9
2.2 Caracterização morfológica	12
2.3 Extração de DNA, amplificação e sequenciamento	13
2.4 Análises filogenéticas	14
3. RESULTADOS	17
3.1 Taxonomia	17
3.2 Análises filogenéticas	22
4. DISCUSSÃO	24
CONSIDERAÇÕES FINAIS	26
6. REFERÊNCIAS	27

1. INTRODUÇÃO

O Reino *Fungi* constitui um dos maiores grupos de microrganismos eucariotos nos ecossistemas terrestres (Mueller e Schmit, 2007), atuando como um componente vital para a manutenção da saúde ambiental, a ciclagem de nutrientes e a decomposição de matéria orgânica complexa (Tedersoo et al. 2014). Embora sejam fundamentais para esses bioprocessos, estima-se que apenas uma fração mínima da diversidade fúngica global seja conhecida. Atualmente, existem cerca de 155.000 espécies descritas de um total estimado entre 2,2 e 3,8 milhões (Hawksworth e Lücking, 2017), com projeções menos conservadoras sugerindo a existência de até 13,2 milhões de táxons (Wu et al. 2019; Lofgren e Stajich, 2021). As regiões tropicais são reconhecidas como hotspots dessa biodiversidade, abrigando uma vasta gama de interações interespecíficas que ainda permanecem insuficientemente catalogadas (Aime e Brearley, 2012; Hawksworth e Rossman, 1997).

Dentre essas interações, destacam-se os fungos entomopatogênicos, que atuam como reguladores naturais de populações de artrópodes e possuem grande potencial como agentes de controle biológico (Lacey et al. 2001). Grande parte das espécies conhecidas como patógenos de insetos pertence à ordem *Hypocreales* (*Ascomycota*), distribuindo-se predominantemente entre as famílias *Clavicipitaceae*, *Cordycipitaceae* e *Ophiocordycipitaceae* (Sung et al. 2008). Inserido na família *Cordycipitaceae*, o gênero *Akanthomyces* Lebert (1858) (*Hypocreales*: *Cordycipitaceae*) é um dos mais antigos e complexos do grupo. Estabelecido com a espécie-tipo *Akanthomyces aculeatus*, encontrada em uma mariposa adulta na França, o gênero é caracterizado morfológicamente por produzir sinêmios cilíndricos cobertos por uma camada de fialídes que geram conídios unicelulares, frequentemente catenulados (Mains, 1950).

Recentemente, *Akanthomyces* passou por uma importante reclassificação taxonômica. Devido à semelhança morfológica entre seus representantes, o gênero foi tratado como sinônimo de *Lecanicillium*. Entretanto, análises filogenéticas demonstraram que as espécies atribuídas a *Lecanicillium* não constituem um grupo monofilético dentro de *Cordycipitaceae*, estando distribuídas em diferentes clados (Wang et al. 2020). Com base nesses resultados, Kepler et al. (2017) redefiniram os limites taxonômicos da família e propuseram a incorporação de algumas espécies anteriormente classificadas em *Lecanicillium* ao gênero *Akanthomyces*, seguindo o princípio de prioridade nomenclatural. Além disso, o gênero *Torrubiella* Boud (1885) compreendia espécimes de *Akanthomyces* em seu estágio sexual, caracterizado pela produção de peritécios superficiais em uma camada frouxa de hifas, ou um estroma reduzido, não estipitado (Mains, 1949). Posteriormente, análises filogenéticas baseadas em sequenciamento de DNA

demonstraram que diversas espécies de *Torrubiella* pertencem ao mesmo clado de *Akanthomyces*, dessa forma, essas espécies também foram incluídas em *Akanthomyces* (Kepler et al. 2017).

As espécies de *Akanthomyces* apresentam ampla diversidade ecológica, que se manifesta tanto na variedade de ambientes colonizados, florestas tropicais e agroecossistemas, quanto na pluralidade de estratégias tróficas adotadas pelo gênero, abrangendo desde especialistas com alta especificidade de hospedeiro até generalistas capazes de infectar diferentes grupos (Wang et al. 2024). O gênero possui 40 espécies, sendo predominantemente entomopatogênico, incluindo aranhas e representantes de pelo menos oito ordens de insetos, contudo, a maior parte dos registros está concentrada em Lepidoptera, associado a mariposas, e Araneae (Wang et al. 2024). Essa diversidade torna o gênero um importante modelo para estudos sobre interações fungo-hospedeiro, evolução da especificidade e adaptação a hospedeiros (Hu et al. 2014).

No Brasil, a ocorrência de espécies de *Akanthomyces* tem sido confirmada e documentada, destacando-se táxons como *A. dipterigenus*, *A. muscarius* e *A. lecanii*. *Akanthomyces dipterigenus* é frequentemente isolado de pulgões (Aphididae) em diversas regiões, enquanto *A. lecanii* possui registros infectando a cochonilha-verde-do-café (*Coccus viridi*). Já *A. muscarius* tem sido encontrado em agroecossistemas associado a pragas de citros e café, apresentando também um estilo de vida micoparasítico contra a ferrugem-do-cafeeiro (*Hemileia vastatrix*) (Lopes et al. 2023). Apesar desses registros, a diversidade do gênero no Brasil ainda é considerada pouco explorada em comparação com outros fungos da ordem *Hypocreales*. Recentemente, a maior parte das espécies descritas tem tido origem no continente asiático (Aini et al. 2020; Chen et al. 2023; Wang et al. 2024; Khonsanit et al. 2024).

A Mata Atlântica é um dos principais hotspots de biodiversidade do mundo, caracterizada por elevada riqueza de espécies e altos níveis de endemismo. Entretanto, a intensa fragmentação e degradação de seus remanescentes têm causado perdas significativas de biodiversidade e biomassa (de Lima et al, 2020). Além da perda de espécies, o desmatamento compromete processos ecológicos essenciais e o funcionamento dos ecossistemas, o que inclui a perda da micobiota e dos serviços ecossistêmicos essenciais por ela prestados, como os fungos entomopatogênicos, que atuam como reguladores naturais de populações de insetos, reforçando a importância de estudos voltados ao conhecimento e à conservação da biodiversidade desse bioma (Faria et al. 2023).

Os insetos representam um dos grupos mais ricos em espécies entre os eucariotos, correspondendo a grande parte da biodiversidade animal conhecida, com mais de 900.000 espécies

descritas (Stork, 2018; Grimaldi e Engel, 2005). Essa elevada diversidade está associada a uma ampla gama de interações ecológicas com fungos, incluindo relações patogênicas que desempenham papel importante na regulação das populações de artrópodes (Araújo e Hughes, 2014).

Entre as potenciais interações na vegetação de sub-bosque, encontram-se hospedeiros com hábitos de vida particulares, como os grilos do gênero *Neometrypus* Desutter 1988 (Orthoptera: Gryllidae). Este táxon compreende grilos neotropicais de tamanho médio que habitam a vegetação arbustiva das florestas sul-americanas, especialmente na Mata Atlântica e Amazônia. Devido à incapacidade de produzir ou ouvir sons aéreos, pela ausência de tímpanos e aparelho estridulatório, o comportamento sexual ocorre diretamente sobre a superfície das folhas, onde a comunicação se dá essencialmente por vibrações no substrato vegetal, pistas químicas e interação com o macho (Campos e Souza-Dias, 2021).

Diante desse cenário, estudos taxonômicos são fundamentais para ampliar o conhecimento sobre a diversidade fúngica associada à Mata Atlântica. Assim, o presente trabalho tem como objetivo realizar uma descrição integrativa, considerando caracteres morfológicos, ecológicos e moleculares de *Akanthomyces* sp. nov. infectando grilos do gênero *Neometrypus*, sendo o primeiro registro de *Akanthomyces* neste grupo em fragmentos de Mata Atlântica no município de Viçosa, Minas Gerais, Brasil.

2. MATERIAL E MÉTODOS

Neste estudo, foram associados dados morfológicos, moleculares e ecológicos para a realização da descrição da nova espécie. As metodologias foram baseadas em estudos prévios com outras espécies de *Akanthomyces* e outros fungos entomopatogênicos (Aini et al. 2020; Chen et al. 2023; Wang et al. 2024; Khonsanit et al. 2024).

2.1 Coleta

As coletas foram realizadas em dois remanescentes florestais localizados no município de Viçosa, Minas Gerais, Brasil: a Mata da Biologia e a Estação de Pesquisa, Treinamento e Educação Ambiental Mata do Paraíso, ambas pertencentes à Universidade Federal de Viçosa (UFV).

A Mata da Biologia compreende aproximadamente 75 ha de vegetação florestal (Golfari, 1975). As coletas foram realizadas ao longo da trilha principal da área, localizada nas proximidades das coordenadas (20°45'25" S, 42°51'38" W).

A Estação de Pesquisa, Treinamento e Educação Ambiental Mata do Paraíso possui cerca de 194 ha (Ribon, 2005). Nessa área, as prospecções foram conduzidas ao longo da Trilha dos Gigantes localizada nas proximidades das coordenadas (20°48'07" S, 42°51'37" W).

Ambas as áreas são constituídas por fragmentos de Floresta Estacional Semidecidual Montana inseridos no domínio da Mata Atlântica, apresentando mosaicos de vegetação secundária em diferentes estágios sucessionais, desde áreas em regeneração inicial até trechos mais conservados (Oliveira-Filho e Fontes, 2000). Esses ambientes caracterizam-se por elevada umidade relativa, dossel relativamente fechado e acúmulo de serapilheira, condições frequentemente associadas à ocorrência e persistência de fungos entomopatogênicos.

As buscas pelos grilos parasitados pelo fungo foram conduzidas por meio de busca ativa, em um exame cuidadoso da vegetação, do nível do chão até cerca de 2 m de altura. Folhas com a presença de grilos infectados pelo fungo eram destacadas e transferidas para tubos Falcon estéreis de 50ml, e levadas ao LIIM- Laboratório de Interações Inseto-Microrganismo, Universidade Federal de Viçosa, para análises morfológicas e moleculares. Os espécimes foram desidratados em tubos Falcon estéreis contendo papel filtro e gel de sílica para evitar contaminação por outros microrganismos.

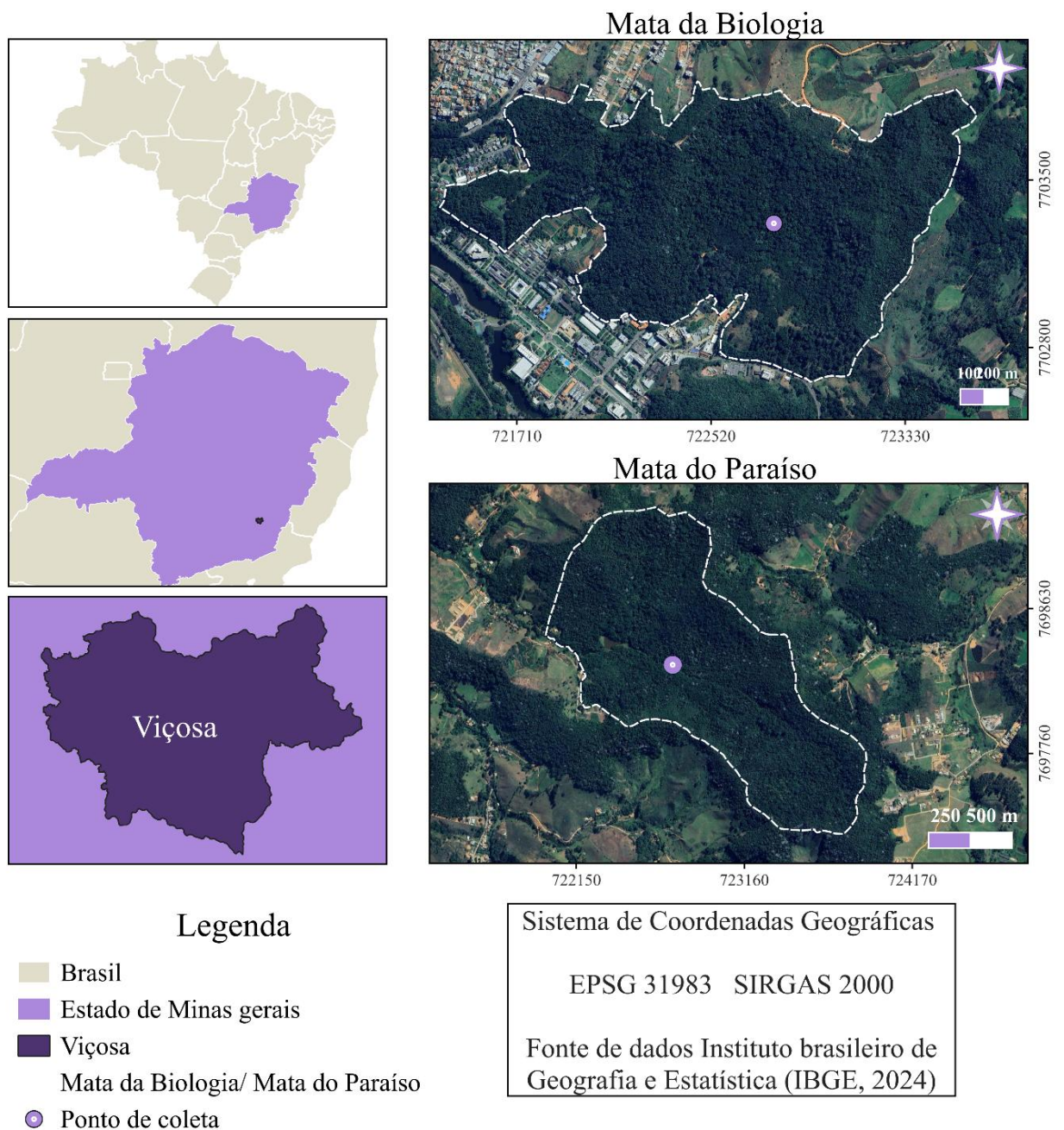


Fig 1. Mapa com a localização das áreas de coleta do estudo, Mata da Biologia e Mata do Paraíso, no município de Viçosa, estado de Minas Gerais, Brasil.

Fonte: Próprio autor



Fig 2. A. Local de amostragem, na Mata da Biologia B. Local de amostragem, na Mata do Paraíso.

Fonte: Próprio autor

2.2 Caracterização morfológica

Características como a posição do hospedeiro e a fixação ao substrato da planta, formato, cor e tamanho das estruturas foram consideradas para a caracterização macromorfológica.

Os grilos parasitados coletados foram examinados sob estereomicroscópio. Os sinêmios foram retirados e montados entre lâmina e lamínula, com lacto-glicerol (20 mL de ácido láctico em 40 mL de glicerol e 20 mL de água destilada), seladas com esmalte incolor, e observadas sob microscópio de luz Nikon Eclipse E200™ com uma câmera digital acoplada (Moticam 3+™ com 3,0 megapixels), onde foram realizadas fotografias para descrição, as mensurações morfológicas foram obtidas utilizando o software ImageJ v. 1.54 (Rasband, 1997–2025). Foram mensuradas aleatoriamente sinêmios, fiálides e conídios para determinação dos intervalos mínimo, médio e máximo das dimensões observadas.

Para o isolamento em meio de cultura, foi realizada uma esterilização com 3 etapas, 1 minuto em álcool 70%, 1 minuto em hipoclorito 3% e 1 minuto em água autoclavada. Posteriormente partes do grilo foram cortadas com auxílio de um estilete esterilizado, foram dispostas em placas com meio BDA (batata dextrose ágar) e mantidos em incubadora do tipo BOD. O crescimento foi avaliado com 14 dias.

Caracteres micromorfológicos dos sinêmios também foram examinados utilizando o Microscópio Eletrônico de Varredura Field Emission Gun marca Jeol modelo IT700 HRLA, complementando as observações realizadas em microscopia óptica.

Todas as fotografias macro dos grilos infectados foram registradas pelo Professor Dr. Thiago Gechel Kloss.

2.3 Extração de DNA, amplificação e sequenciamento

Para identificação molecular, o DNA foi extraído de sinêmios que foram coletados do hospedeiro e macerados em microtubos. A extração de DNA foi realizada utilizando o Kit de purificação Wizard™ Genomic DNA Purification Kit (Promega™, Madison, USA), seguindo as recomendações do fabricante. As concentrações finais da extração de DNA foram determinadas por meio do Espectrofotômetro NanoDrop™ (Thermo Scientific™, Waltham, USA).

Foram amplificadas 3 regiões genômicas, utilizando a reação da cadeia de polimerase (PCR), 1) *nuclear ribosomal large subunit (LSU)*, 2) *translation elongation factor 1- α (TEF)*, 3) *RNA polymerase II largest subunit (RPBI)*. Os primers utilizados para cada região foram: (*LSU*) LR0R (5'-AC CCGCTGAAC-TTAAGC-3') e LR5 (5'-TCCTGAGGGAACTTCG-3') (Vilgalys e Hester 1990), (*TEF*) 983F (5'-GCYCCYGGHCAYCGTGAYTTYAT-3') e 2218R (5'-ATGACACCRACRGCRACRGTYTG-3') (Rehner e Buckley, 2005), (*RPBI*) *RPBI*-Ac: (5'-GARTGYCCDGGDCAYTTYGG-3') e *RPBI*-Cr (5'-CCNGCDATNTCRT-TRTCCATRTA-3') (Murata et al. 2014).

Cada reação de amplificação por PCR de 25 μ L conteve 12,5 μ L de KAPA Taq ReadyMix (KAPA Biosystems™), 1 μ L de cada primer (forward e reverse, a 10 pmol/ μ L), 5 μ L de DNA e 5,5 μ L de água livre de DNase/RNase (ZymoBIOMICS™). As reações de amplificação foram conduzidas em um termociclador Eppendorf™ sob as seguintes condições: para *LSU*, 2 min a 95 °C, 4 ciclos de desnaturação a 94 °C por 30 s, anelamento a 55 °C por 30 s e extensão a 72 °C por 2 min, seguidos por 35 ciclos de desnaturação a 94 °C por 30 s, anelamento a 50,5 °C por 1 min, extensão a 72 °C por 2 min e uma extensão final de 5 min a 72 °C. Para *TEF*, 2 min a 94 °C, 10 ciclos de desnaturação a 94 °C por 30 s, anelamento a 64 °C por 1 min e extensão a 72 °C por 1 min, seguidos por 35 ciclos de desnaturação a 94 °C por 30 s, anelamento a 54 °C por 1 min, extensão a 72 °C por 1 min e extensão final de 3 min a 72 °C. Para *RPBI*, 2 min a 95 °C, 10 ciclos de desnaturação a 95 °C por 30 s, anelamento a 66 °C por 1 min e extensão a 72 °C por 1 min, seguidos de 35 ciclos de desnaturação a 95 °C por 30 s, anelamento a 56,6 °C por 1 min, extensão a 72 °C por 1 min e extensão final de 3 min a 72 °C. Após

a amplificação, os produtos de PCR foram purificados e sequenciados pela MacroGen™ (Seul, Coreia do Sul).

2.4 Análises filogenéticas

Para confirmar que os espécimes estudados pertencem ao gênero *Akanthomyces*, os contigs obtidos foram comparados com sequências de espécies relacionadas depositadas no banco de dados de nucleotídeos do NCBI (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) utilizando o BLASTn no software Geneious Prime™ 2025.0.3 (Kearse et al. 2012).

Em seguida, o isolado foi incluído em uma matriz contendo 60 OTUs (Operational Taxonomic Unit) representativas de *Akanthomyces*. O conjunto de dados final foi composto por 52 sequências de *LSU*, 59 de *TEF*, 46 de *RPB1* (Tabela 1).

As sequências obtidas foram editadas, excluindo lacunas, removendo alinhamentos ambíguos com os genes individuais alinhados no Geneious Prime 2025.0.3. O comprimento final do alinhamento foi de 2.758 pb: 928 pb para *LSU*, 1.051 pb para *TEF* e 779 pb para *RPB1*.

A árvore filogenética concatenada para todos os três genes (*LSU*, *TEF* e *RPB1*) foi reconstruída realizando a análise de Máxima Verossimilhança usando o IQ-Tree 2.2.2.7, com base no modelo mais adequado para cada região gerando 1.000 replicações bootstrap (Nguyen et al. 2015; Chernomor et al. 2016, Kalyaanamoorthy et al. 2017, Hoang et al. 2018, Minh et al. 2020) no servidor web CIPRES. As espécies *Samsoniella aurantia* (TBRC 7271) e *Samsoniella inthanonensis* (TBRC 7915) foram utilizadas como grupo externo. A árvore filogenética de máxima verossimilhança resultante foi visualizada no FigTree 1.4.4 (Rambaut, 2017) e editada no CANVA. Affinity Designer 2.5.3 (2025). Disponível em: <https://www.affinity.studio/>.

Tabela 1. Lista de espécies e número de acessos de sequências do GenBank utilizadas neste estudo.

Espécies	Voucher	Hospedeiro/Substrato	LSU	TEF	RPB1	Referências
<i>Akanthomyces aculeatus</i>	HUA 186145		MF416520	MF416465		Kepler et al. (2017)
<i>Akanthomyces aculeatus</i>	TS772	Lepidoptera; Sphingidae	KC519370	KC519366		Sanjuan et al. (2014)
<i>Akanthomyces araneicola</i>	GY29011	Araneae; aranha		MK955950	MK955944	Chen et al. (2019)
<i>Akanthomyces araneogenus</i>	GZUIF DX2	Araneae; aranha		MH978187	MH978182	Chen et al. (2018)
<i>Akanthomyces araneogenus</i>	YFCC 1811934	Araneae; aranha	OQ509505	OQ506281	OQ511530	Wang et al. (2024)
<i>Akanthomyces araneogenus</i>	YFCC 2206935	Araneae; aranha	OQ509506	OQ506282	OQ511531	Wang et al. (2024)
<i>Akanthomyces araneosus</i>	KY11341	Araneae; aranha	ON502832	ON525443		Chen et al. (2022)
<i>Akanthomyces attenuatus</i>	CBS 170.76	Lepidoptera	OP752153	OP762607	OP762611	Manfrino et al. (2022)
<i>Akanthomyces bashanensis</i>	CQ05621	Araneae; aranha	OQ300420	OQ325024		Chen et al. (2023)
<i>Akanthomyces beibeiensis</i>	CQ05921	Araneae; aranha	OQ300424	OQ325028		Chen et al. (2023)
<i>Akanthomyces coccidioperitheciatus</i>	NHJ 6709	Araneae; aranha	EU369042	EU369025	EU369067	Kepler et al. (2012)
<i>Akanthomyces dipterigenus</i>	CBS 126.27	Hemiptera; <i>Icerya purchasi</i>	KM283797	KM283820	KR064300	Kepler et al. (2017)
<i>Akanthomyces dipterigenus</i>	YFCC 2107933	Solo	OQ509507	OQ506283	OQ511532	Wang et al. (2024)
<i>Akanthomyces kanyawimiae</i>	TBRC 7242	Araneae; aranha	MF140718	MF140838	MF140784	Mongkolsamrit et al. (2018)
<i>Akanthomyces kanyawimiae</i>	TBRC 7243		MF140717	MF140837	MF140783	Mongkolsamrit et al. (2018)
<i>Akanthomyces kunmingensis</i>	YFCC 1708939	Araneae; aranha	OQ509508	OQ506284	OQ511533	Wang et al. (2024)
<i>Akanthomyces kunmingensis</i>	YFCC 1808940	Araneae; aranha	OQ509509	OQ506285	OQ511534	Wang et al. (2024)
<i>Akanthomyces laosensis</i>	YFCC 1910941	Lepidoptera; Noctuidae	OQ509510	OQ506286	OQ511535	Wang et al. (2024)
<i>Akanthomyces laosensis</i>	YFCC 1910942	Lepidoptera; Noctuidae	OQ509511	OQ506287	OQ511536	Wang et al. (2024)
<i>Akanthomyces lecanii</i>	CBS 101247	Hemiptera; <i>Coccus viridis</i>	AF339555	DQ522359	DQ522407	Kepler et al. (2012)
<i>Akanthomyces lepidopterorum</i>	GZAC SD05151	Lepidoptera (pupa)				Chen et al. (2020)
<i>Akanthomyces muscarius</i>	CBS 455.70B		MH871560			Kepler et al. (2017)
<i>Akanthomyces neoaraneogenus</i>	GZU1031Lea	Araneae; aranha		KX845697	KX845699	Chen et al. (2017)
<i>Akanthomyces neocoleopterorum</i>	GY11241	Coleoptera		MN097813	MN097816	Chen et al. (2020)
<i>Akanthomyces neocoleopterorum</i>	GY11242	Coleoptera		MN097815	MN097817	Chen et al. (2020)
<i>Akanthomyces noctuidarum</i>	BCC 36265	Lepidoptera; Noctuidae	MT356084	MT477978	MT477994	Aini et al. (2020)
<i>Akanthomyces noctuidarum</i>	BCC 47498	Lepidoptera; Noctuidae	MT356086	MT477980	MT477996	Aini et al. (2020)
<i>Akanthomyces noctuidarum</i>	BCC 28571	Lepidoptera; Noctuidae	MT356087	MT477981	MT478009	Aini et al. (2020)
<i>Akanthomyces pissodis</i>	CBS 118231	Coleoptera; <i>Pissodes strobi</i>	KM283799	KM283822	KM283842	Chen et al. (2020)

<i>Akanthomyces pseudonoctuidarum</i>	YFCC 1808943	Lepidoptera; Noctuidae	OQ509512	OQ506288	OQ511537	Wang et al. (2024)
<i>Akanthomyces pseudonoctuidarum</i>	YFCC 1808944	Lepidoptera; Noctuidae	OQ509513	OQ506289	OQ511538	Wang et al. (2024)
<i>Akanthomyces pyralidarum</i>	BCC 28816	Lepidoptera; Pyralidae	MT356091	MT477982	MT478000	Aini et al. (2020)
<i>Akanthomyces pyralidarum</i>	BCC 32191	Lepidoptera; Pyralidae	MT356092	MT477983	MT478001	Aini et al. (2020)
<i>Akanthomyces sabanensis</i>	ANDES-F 1023	Hemiptera; <i>Pulvinaria</i> sp.		KC633267	KC875222	Kepler et al. (2017)
<i>Akanthomyces sabanensis</i>	ANDES-F 1024	Hemiptera; <i>Pulvinaria</i> sp.	KC875225	KC633266		Kepler et al. (2017)
<i>Akanthomyces subaraneicola</i>	YFCC 2107937	Araneae; aranha	OQ509514	OQ506290	OQ511539	Wang et al. (2024)
<i>Akanthomyces subaraneicola</i>	YFCC 2107938	Araneae; aranha	OQ509515	OQ506291	OQ511540	Wang et al. (2024)
<i>Akanthomyces sulphureus</i>	TBRC 7248	Araneae; aranha	MF140722	MF140843	MF140787	Mongkolsamrit et al. (2018)
<i>Akanthomyces sulphureus</i>	TBRC 7249	Araneae; aranha	MF140721	MF140842	MF140786	Mongkolsamrit et al. (2018)
<i>Akanthomyces sulphureus</i>	YFCC 1710936	Araneae; aranha	OQ509516	OQ506292	OQ511541	Wang et al. (2024)
<i>Akanthomyces thailandicus</i>	TBRC 7245	Araneae; aranha		MF140839		Mongkolsamrit et al. (2018)
<i>Akanthomyces tiankengensis</i>	KY11571	Araneae; aranha	ON502825	ON525447		Chen et al. (2022)
<i>Akanthomyces tiankengensis</i>	KY11572	Araneae; aranha	ON502827	ON525449		Chen et al. (2022)
<i>Akanthomyces tortricidarum</i>	BCC 72638	Lepidoptera; Tortricidae	MT356088	MT478004	MT477997	Aini et al. (2020)
<i>Akanthomyces tortricidarum</i>	BCC 41868	Lepidoptera; Tortricidae	MT356089	MT477985	MT477998	Aini et al. (2020)
<i>Akanthomyces tuberculatus</i>	HUA 186131	Lepidoptera (mariposa adulta)	MF416521	MF416466		Kepler et al. (2017)
<i>Akanthomyces uredinophilus</i>	KUN 101466	Inseto	MG948307	MG948315	MG948311	Park et al. (2016)
<i>Akanthomyces uredinophilus</i>	KUN 101469	Inseto	MG948308	MG948316	MG948312	Park et al. (2016)
<i>Akanthomyces walte rgamsii</i>	TBRC 7251	Araneae; aranha	MF140713	MF140833	MF140781	Mongkolsamrit et al. (2018)
<i>Akanthomyces walte rgamsii</i>	TBRC 7252	Araneae; aranha	MF140714	MF140834	MF140782	Mongkolsamrit et al. (2018)
<i>Akanthomyces walte rgamsii</i>	YFCC 883	Araneae; aranha	OQ509517	OQ506293	OQ511542	Wang et al. (2024)
<i>Akanthomyces zaquensis</i>	HMAS 246915	Fungo; <i>Ophiocordyceps sinensis</i>	MT789697	MT797812	MT797810	Wang et al. (2023)
<i>Akanthomyces zaquensis</i>	HMAS 246917	Fungo; <i>Ophiocordyceps sinensis</i>	MT789696	MT797811	MT797809	Wang et al. (2023)
<i>Akanthomyces buriramensis</i>	BCC 45158	Lepidoptera	ON008556	ON013546	ON013561	Khonsanit et al. (2024)
<i>Akanthomyces buriramensis</i>	BCC 45166	Lepidoptera	ON008544	ON013547	ON013562	Khonsanit et al. (2024)
<i>Akanthomyces fusiformis</i>	BCC40756	Lepidoptera	ON008549	ON013552	ON013567	Khonsanit et al. (2024)
<i>Akanthomyces niveus</i>	BCC 40747	Lepidoptera	ON008550	ON013553	ON013568	Khonsanit et al. (2024)
<i>Akanthomyces niveus</i>	BCC 79887	Lepidoptera	ON008551	ON013554		Khonsanit et al. (2024)
<i>Akanthomyces phariformis</i>	BCC 45148	Lepidoptera; Erebiidae	ON008556	ON013559		Khonsanit et al. (2024)
<i>Akanthomyces phariformis</i>	BCC 76537	Lepidoptera; Erebiidae	ON008557	ON013560		Khonsanit et al. (2024)

3. RESULTADOS

3.1 Taxonomia

Considerando as características morfológicas e a análise filogenética dos espécimes, propõe-se uma nova espécie no gênero *Akanthomyces*:

***Akanthomyces* sp. nov.** B.L. Clemente, S.J. Lima-Santos, T. Mendes-Pereira, N.L.S. Lima.

Holótipo: BRASIL. Minas Gerais: Município de Viçosa, Universidade Federal de Viçosa, fragmento florestal Mata da Biologia (20°45'22" S, 42°51'39" W), em vegetação de sub-bosque, infectando grilos do gênero *Neometrypus* sp. (Orthoptera: Gryllidae), 22 de abril de 2025, col. B.L. Clemente (VIC 49873).

No total, 54 grilos infectados por *Akanthomyces* sp. nov. foram coletados, e todos os espécimes foram analisados para descrição do fungo.

Descrição. Micélio superficial, marrom-claro, recobrimdo completamente o hospedeiro e aderindo-o ao substrato. Os *sinêmios* emergem principalmente das articulações dos hospedeiros, apresentando ápices agudos ou obtusos, de coloração branca, compostos por hifas densamente agregadas, revestidos por uma camada semelhante a himênio formada por fiálides, medindo (0,84–) 2,82 (–4,94) × (0,07–) 0,27 (–0,45) mm (n=10), [(min.–) comprimento médio (–max.) × (min.–) largura média (–max.)]. As *fiálides* são hialinas, cilíndricas, afinando-se gradualmente em direção a um “pescoço” estreito (8.15–) 11.08 (–15.29) × (2.43–) 3.31 (–4.38) μm (n=50). *Conídios* unicelulares, fusiformes, hialinos, gutulados, ornamentados e frequentemente catenulados (3.50–) 5.85 (–7.10) × (1.68–) 2.19 (–2.59) μm (n=50).

Características da cultura: Em meio Batata Dextrose Ágar (BDA), as colônias exibem crescimento lento, atingindo 31–34 mm de diâmetro após 14 dias de incubação. O micélio apresenta aspecto cotonoso com coloração branca a creme, e o verso da colônia manifesta tonalidade creme. Conídios ou quaisquer outras estruturas reprodutivas não foram observadas in vitro.

Hospedeiro: Grilos do gênero *Neometrypus* sp. (Orthoptera: Gryllidae).

Distribuição e Ecologia: Fragmentos remanescentes de Floresta Estacional Semidecidual Montana no domínio da Mata Atlântica (Mata da Biologia e Mata do Paraíso), no município de Viçosa, Minas Gerais, Brasil. Os 54 espécimes foram coletados em estrato arbustivo (até 2 m de altura do solo), em sub-bosque, fixados exclusivamente na face adaxial das folhas das plantas.

Nota: *Akanthomyces* sp. nov. foi registrado e coletado manifestando-se estritamente em sua fase assexuada. *Akanthomyces* sp. nov. distingue-se de sua espécie irmã *A. phariformis* morfológicamente, registrada em sua fase assexuada, ao contrário de *A. phariformis*, que foi descrita em

sua fase sexual. Quanto ao hospedeiro, *Akanthomyces* sp. nov. parasita grilos do gênero *Neometrypus* (Orthoptera), ao passo que *A. phariformis* infecta adultos de mariposas (Lepidoptera). Geograficamente, as duas espécies apresentam distribuições distintas: *Akanthomyces* sp. nov. foi descrita no Brasil, enquanto *A. phariformis* é registrada na Tailândia.

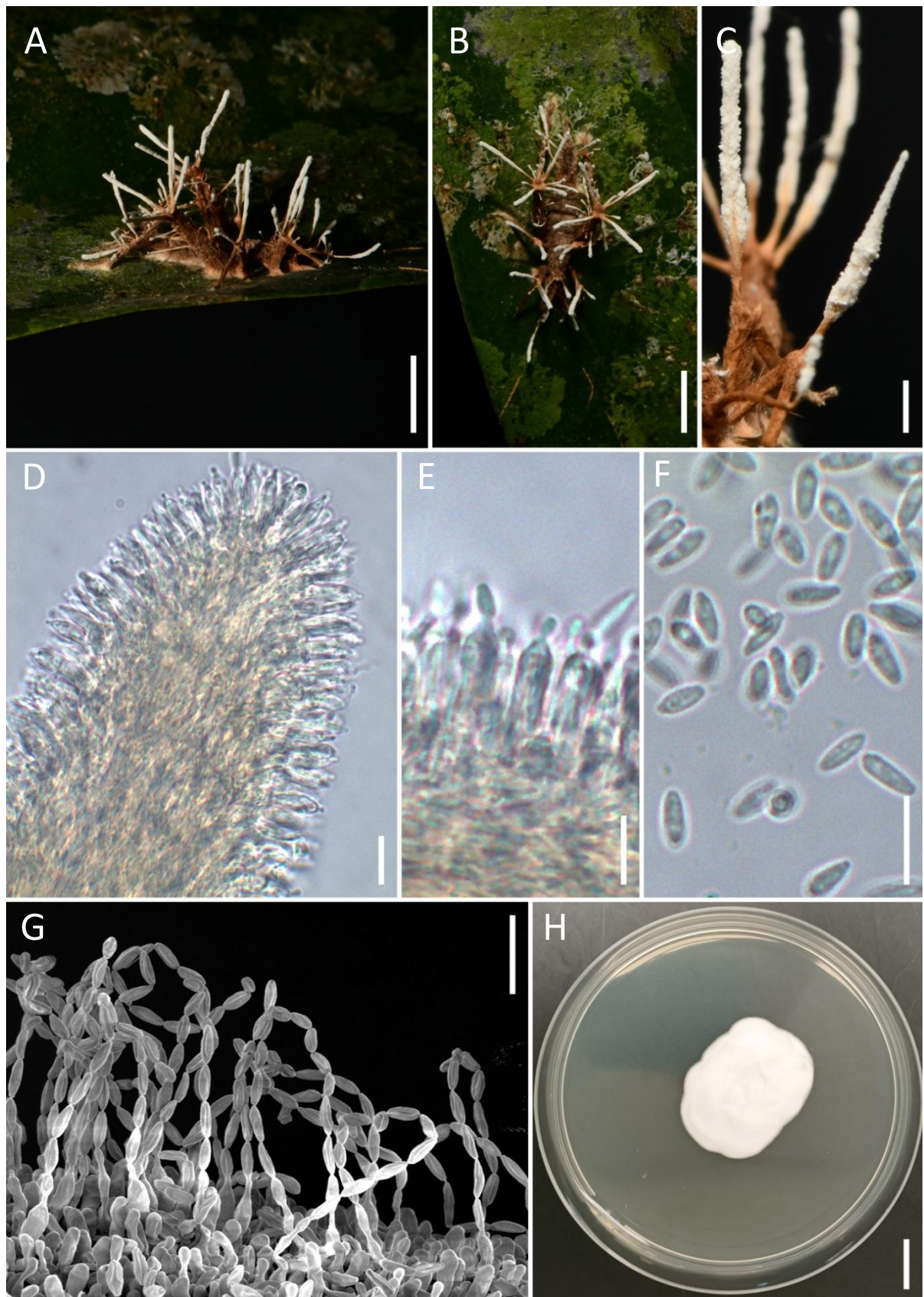


Fig 3. A-B. *Akanthomyces* sp. nov. C. Sinêmios emergindo das articulações do hospedeiro D- Sinêmio E- Fiálides F- Conídios G- Conídios em cadeia H- Isolado em meio de cultura BDA. Barras de escala: A-B= 5mm C= 1mm D-E-F-G= 10µm H= 10mm.

Fonte: A-C: Thiago Gechel Kloss, D-H: Próprio autor.

Tabela 2. Comparação de caracteres morfológicos entre as espécies de *Akanthomyces*.

Espécie	Peritécios (µm)	Ascos (µm)	Part-esporos (µm)	Sinemas (mm)	Conidióforos (µm)	Fialides (µm)	Conídios (µm)	Referências
<i>Akanthomyces</i> sp. nov.	-	-	-	Emergindo principalmente das articulações do inseto, simples, cilíndricos, ápices agudos ou obtusos, brancos (0,84–) 2,82 (–4,94)	Com fiálide única	As fiálides são hialinas, cilíndricas, afilando-se em direção a um “pescoço” estreito (8.15–) 11.08 (–15.29)	Conídios unicelulares, fusiformes, hialinos, gutulados, ornamentados, catenulados.	Este estudo
<i>Akanthomyces aculeatus</i>	-	-	-	Surgindo de várias partes do inseto, cilíndricos, estreitando-se para cima, 1–8 × 0,1–0,5, amarelados	-	Subcilíndricas ou estreitamente elipsoidais, 6–16 × 2,5–4, estreitando-se acima para um ápice agudo, terminadas por um curto esterigma de até 4 de comprimento	Amplamente elipsoidais ou obovóides, frequentemente agudos na extremidade inferior, 3–6 × 2–3	Mains (1950)
<i>Akanthomyces buriramensis</i>	-	-	-	Dispersos, emergindo do corpo da mariposa, brancos, amarelos a alaranjados, até 10 mm de comprimento.	Ampuliforme, piriformes, lageniforme	Ampuliforme, piriformes, lageniforme	Elipsóide, fusiforme, obovóide, 3-5 x 1-2	
<i>Akanthomyces fusiformis</i>	-	-	-	-	-	Alongadas, ampuliformes 4-27 x 1-3	Fusiforme estreito 4-13 x 1-2	Khonsanit (2024)
<i>Akanthomyces laosensis</i>	-	-	-	Surgindo na cabeça e no meio do corpo do hospedeiro, brancos, até 15,6 de comprimento, 0,6–1,3 de largura, plumosos a clavados com extremidade aguda ou romba	Monofialídicos, produzidos ao longo dos sinemas ou solitários nas hifas em cultura	Cilíndricas, 11,5–30,0 × 2,0–4,2	Cilíndricos ou ovais longos, 4,1–9,8 × 2,3–4,2	Wang et al. (2024)
<i>Akanthomyces niveus</i>	Torrubielloide, superficial, ovoide, 400-530 x 180-200	273-568 x 4-5	5-22 x 0.5-1	-	-	-	-	

<i>Akanthomyces noctuidarum</i>	Ovoides, (530–)623–993(–1000) × (290–)308–413(–425)	(170–)196–423(–550) × (2–)2,7–3,8(–4)	(6–)7–10,7(–13) × 1	Surgindo do corpo da mariposa e das nervuras das asas, brancos a creme, eretos, cilíndricos a clavados, (650–)668–1191(–1500) × (50–)53.4–102(–120) µm	Monofialídicos ou polifialídicos	Cilíndricas com extremidade papilada, hialinas, (5–)6,8–9(–10) × (1,8–)2–2,4(–3)	Cilíndricos com extremidade arredondada, (3–)3,5–4,5(–6) × 1	Aini et al. (2020)
<i>Akanthomyces phariformis</i>	Superficial, ovoide, 530–1000x 290–425	400–470 x 5	3–11 x 0,5–1	-	-	-	-	-
<i>Akanthomyces pseudonoctuidarum</i>	-	-	-	Surgindo do corpo da mariposa, creme a amarelo-claro, eretos, cilíndricos a clavados, 0,8–2 × 0,12–0,35	Cilíndricos, solitários, 6,5–13,8 × 1,8–3,6	Cilíndricas com extremidade papilada, 6,8–26,0 × 2,1–3,6	Elipsoidais a ovais longos, 2,6–6,4 × 1,5–2,2	Wang et al. (2024)
<i>Akanthomyces pyralidarum</i>	Ovoides a obpiriformes, (290–)342–580(–650) × (150–)186–291(–340)	(170–)222–329(–360) × (2–)2,5–3,3(–4)	(5–)5,9–9,4(–12) × 1	Sinemas não observados	Não observados	Não observadas	Não observados	Aini et al. (2020)
<i>Akanthomyces tortricidarum</i>	-	-	-	Sinêmios longos surgindo na cabeça e no meio do corpo até 5 de comprimento, 0,12–0,15 de largura, cilíndricos a clavados; sinemas curtos surgindo no corpo da mariposa, asas e pernas, (197–)200–267(–300) × (15–)17,7–31,6(40–)µm, brancos a creme	Monofialídicos ou polifialídicos	Sinemas longos: (5–)6–8(–10) × (1,8–)2–2,7(–3), sinemas curtos: (5–)6,2–8,3(–10) × (1,8–)2–2,5(–3), cilíndricas a elipsoidais com extremidade papilada	Fusoides, sinemas longos: (1–)2,5–3(–3,2) × (0,8–)1–1,4(–2), sinemas curtos: (1–)1,8–2,7(–3) × 1–2	Aini et al. (2020)
<i>Akanthomyces tuberculatus</i>	Ovoides ou conoides, 420–900 × 180–370	300–600 × 4–5	2–6 × 0,5–1	Surgindo de todas as partes das mariposas, clavados, 0,4–1,0 de comprimento, o estipe com 0,025–0,05 de espessura	-	Subcilíndricas, 6–10 × 2–3, estreitando-se acima para um ápice agudo terminado por um curto esterigma de 2–3 de comprimento	Fusoides a subcilíndricos, estreitando-se nas extremidades, 2,5–5 × 1–1,5	Mains (1950)

3.2 Análises filogenéticas

A análise filogenética, conduzida a partir do método de Máxima Verossimilhança (ML) utilizando sequências concatenadas dos loci *LSU*, *TEF* e *RPBI*, confirmou o posicionamento taxonômico de *Akanthomyces* sp. nov. como uma linhagem distinta dentro do gênero. A árvore resultante demonstrou a formação de um clado monofilético robusto para *Akanthomyces* sp. nov., com valor máximo de bootstrap (BS = 100%). A espécie descrita apresenta-se como grupo irmão de *A. phariformis* (BS = 97%), mantendo-se, contudo, como uma linhagem independente e geneticamente distinta.

Ambas as espécies integram um clado mais amplo composto por táxons associadas predominantemente a Lepidoptera com (BS = 100%), incluindo *A. phariformis*, *A. pyralidarum*, *A. fusiformis*, *A. laosensis*, *A. niveus*, *A. tortricidarum*, *A. buriramensis*, *A. pseudonoctuidarum*, *A. noctuidarum*, *A. aculeatus* e *A. tuberculatus* sugerindo proximidade evolutiva. A segregação consistente de *Akanthomyces* sp. nov. em um clado exclusivo, associada ao elevado suporte estatístico dos nós relevantes, evidencia sua singularidade filogenética em relação aos congêneres mais próximos e sustenta seu reconhecimento como uma nova espécie.

Um segundo agrupamento compreendeu espécies associadas principalmente a Araneae, incluindo *A. bashanensis*, *A. tiakengensis*, *A. beibeiensis*, *A. araneogenus*, *A. neoaraneogenus*, *A. coccidioperitheciatus*, *A. kanyawimiae*, *A. araneicola*, *A. subaraneicola*, *A. walteergamsii*, *A. kunmingensis* e *A. sulphureus*. Embora esse conjunto de espécies tenha sido recuperado em um mesmo grande clado (BS = 87%), as relações internas apresentaram níveis variáveis de suporte estatístico, indicando uma diversidade considerável entre as linhagens associadas a hospedeiros aracnídeos.

Além desses agrupamentos, foram recuperadas espécies associadas a diferentes ordens de insetos, incluindo Coleoptera (*A. neocoleopterorum*), Hemiptera (*A. attenuatus*, *A. pissodis*, *A. lecanii*, *A. uredinophilus* e *A. dipterigenus*). Essas espécies ocuparam posições mais basais ou isoladas na topologia, evidenciando a ampla diversidade ecológica e de hospedeiros observada no gênero *Akanthomyces*.

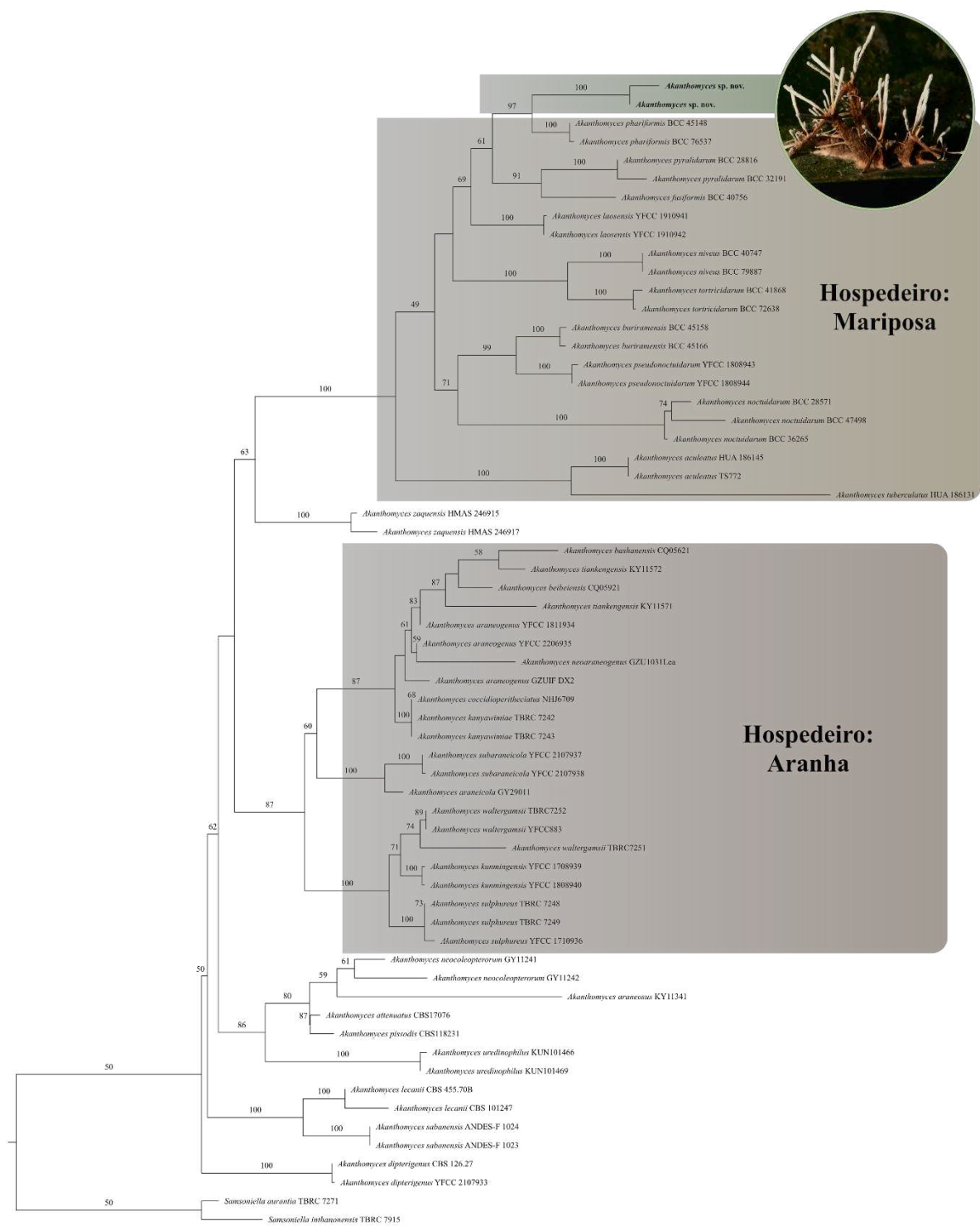


Fig 4. Árvore de máxima verossimilhança de *Akanthomyces* obtida com um conjunto de dados concatenados de LSU, TEF e RPB1. Os números nos nós representam valores de bootstrap > 50%. *Akanthomyces* sp. nov. está indicado em negrito e destacado em verde.

Fonte: Próprio autor

4. DISCUSSÃO

O gênero *Akanthomyces* é amplamente reconhecido por sua atividade entomopatogênica, apresentando uma distribuição de hospedeiros concentrada principalmente nas ordens Lepidoptera (Insecta) e Araneae (Arachnida) (Wang et al. 2024). A descrição de *Akanthomyces* sp. nov. parasitando grilos do gênero *Neometrypus* (Orthoptera: Gryllidae) representa, portanto, uma importante novidade ecológica e uma expansão no espectro de hospedeiros conhecidos para o grupo. Enquanto a maioria das espécies descritas recentemente na Ásia foca em patógenos de mariposas e aranhas, o registro de um ortóptero como hospedeiro preferencial suporta a plasticidade ecológica conhecida do gênero. Embora existam registros prévios na literatura de espécies de *Akanthomyces* associadas a Orthoptera, tais relatos carecem de confirmação molecular, de modo que *Akanthomyces* sp. nov., constitui a primeira espécie do gênero com respaldo filogenético para essa ordem de hospedeiros.

Essa interação íntima pode ser explicada pelas particularidades biológicas do hospedeiro. Os grilos do gênero *Neometrypus* habitam a vegetação arbustiva do sub-bosque das florestas neotropicais e, devido à ausência de aparelho estridulatório e tímpanos, realizam sua comunicação sexual e interações sociais diretamente sobre a superfície das folhas por meio de vibrações no substrato e pistas químicas (Campos e Souza-Dias, 2021). Esse hábito de vida conspicuo na vegetação arbustiva coincide exatamente com o microhabitat onde os espécimes de *Akanthomyces* sp. nov. foram coletados, na superfície das folhas na vegetação arbustiva de sub-bosque. A amostragem de 54 grilos infectados indica uma prevalência da infecção, potencialmente facilitada pelos comportamentos de agregação e acasalamento de *Neometrypus* no próprio substrato foliar.

A associação exclusiva de *Akanthomyces* sp. nov. com grilos do gênero *Neometrypus* sugere um elevado grau de especificidade ecológica, característica frequentemente observada em fungos entomopatogênicos de *Hypocreales*. Estudos recentes demonstram que a especialização em determinados grupos de hospedeiros representa um importante mecanismo evolutivo na diversificação de *Cordycipitaceae*, contribuindo para processos de adaptação, isolamento ecológico e especiação (Araújo e Hughes, 2014; Wang et al. 2024). Embora experimentos de infecção cruzada sejam necessários para confirmar a amplitude de hospedeiros de *Akanthomyces* sp. nov., a ausência de registros em outros artrópodes, associada ao padrão consistente de ocorrência em *Neometrypus*, sugere uma possível relação especializada. Tal hipótese é reforçada pela recuperação de todos os espécimes infectados em um microhabitat semelhante, caracterizado pela vegetação arbustiva do sub-bosque, indicando que fatores comportamentais

e ecológicos do hospedeiro podem desempenhar papel importante na manutenção do ciclo de vida do fungo.

Outro aspecto relevante refere-se ao padrão de posicionamento dos hospedeiros infectados. Todos os espécimes foram encontrados fixados à face adaxial das folhas, sugerindo a existência de um comportamento consistente associado ao desenvolvimento do fungo. Em diversos grupos de fungos entomopatogênicos, especialmente em espécies de *Ophiocordyceps* e alguns representantes de *Cordycipitaceae*, alterações comportamentais do hospedeiro podem favorecer condições microclimáticas adequadas para crescimento, esporulação e dispersão (Araújo et al., 2014). Embora não existam evidências experimentais que permitam inferir manipulação comportamental em *Akanthomyces* sp. nov., o padrão recorrente observado nos espécimes coletados sugere que a localização do hospedeiro no momento da morte possa representar uma estratégia ecologicamente favorável para a reprodução e dispersão do fungo.

A análise filogenética multilocus (*LSU*, *TEF* e *RPB1*) posicionou *Akanthomyces* sp. nov. em um clado monofilético altamente robusto (BS = 100%) como grupo irmão de *A. phariformis*, com forte suporte estatístico (BS = 97%). Embora seja um patógeno exclusivo de ortópteros do gênero *Neometrypus*, a nova espécie encontra-se inserida em um clado composto por parasitas de lepidópteros. A posição filogenética de *Akanthomyces* sp. nov. revela um aspecto relevante sob a perspectiva evolutiva. Esse padrão sugere que a diversificação dentro desse grupo pode não ter ocorrido exclusivamente por coevolução estrita com um único grupo de hospedeiros, mas também pode ter sido propiciada por eventos de mudança de hospedeiro (host jumping). Transições ecológicas dessa natureza entre ordens de insetos são bem documentadas na evolução de fungos entomopatogênicos em *Hypocreales* (Spatafora et al. 2007). A capacidade de colonizar diferentes linhagens de insetos pode favorecer a exploração de novos nichos ecológicos e promover processos de especiação.

Além da evidência molecular, *Akanthomyces* sp. nov., sustenta sua separação taxonômica por meio de divergências biológicas, ecológicas e geográficas muito claras. Enquanto *A. phariformis* foi descrito na Tailândia associado a lepidópteros, manifestando-se apenas na fase sexual e fixado na face abaxial das folhas, *Akanthomyces* sp. nov., foi descoberto no Brasil parasitando ortópteros, apresentando-se estritamente na forma assexuada e estabelecido na face adaxial do substrato vegetal (Khonsanit et al. 2024). Esse conjunto de distinções ecológicas e biogeográficas consolida a independência evolutiva do táxon e valida sua descrição como uma nova espécie.

Em meio de cultura BDA, o isolado exibiu crescimento lento (31-34 mm em 14 dias) com micélio cottonoso branco e reverso creme, mas não produziu conídios ou estruturas repro-

dutivas in vitro. A ausência de esporulação em meios artificiais padrão é uma característica recorrente em espécies especializadas de *Akanthomyces*, reforçando a possível dependência de estímulos fisiológicos do hospedeiro natural para completar o seu ciclo reprodutivo assexuado.

Historicamente, os registros do gênero *Akanthomyces* no Brasil limitavam-se a táxons generalistas ou de ampla distribuição global, tais como *A. lecanii* (parasitando cochonilhas), *A. muscarius* (associado a agroecossistemas e micoparasitismo) e *A. dipterigenus* (parasitando pulgões). Enquanto a literatura recente demonstra novas descrições de espécies de *Akanthomyces* concentradas no continente asiático, a descoberta de *Akanthomyces* sp. nov. evidencia que a Região Neotropical abriga uma biodiversidade oculta de fungos da ordem *Hypocreales* altamente especializados.

A identificação desta nova espécie ocorreu em fragmentos remanescentes de Mata Atlântica no município de Viçosa, Minas Gerais (Mata da Biologia e Mata do Paraíso). A Mata Atlântica é um hotspot global de biodiversidade que sofre com uma severa fragmentação histórica, resultando em reduções drásticas na riqueza de espécies e na biomassa de suas florestas. O desmatamento e a degradação desses fragmentos florestais põem em risco não apenas os macro-organismos, mas também destroem interações ecológicas complexas e especializadas, como a que ocorre entre *Akanthomyces* sp. nov. e os grilos *Neometrypus*. Estudos de taxonomia integrativa, como o presente trabalho, tornam-se ferramentas urgentes para catalogar e preservar o patrimônio genético e ecológico antes que processos de coextinção eliminem essas linhagens únicas da nossa herança evolutiva.

5. CONSIDERAÇÕES FINAIS

Este estudo descreveu e caracterizou *Akanthomyces* sp. nov. por meio de taxonomia integrativa, reunindo evidências morfológicas, moleculares e ecológicas que sustentam sua independência evolutiva. A análise filogenética posicionou a nova espécie como irmã de *A. phariformis*, configurando o primeiro registro do gênero associado a ortópteros, com respaldo filogenético. A amostragem de 54 grilos na Mata Atlântica evidencia uma interação altamente especializada e persistente sob fragmentação florestal, ressaltando o papel desses entomopatógenos em serviços ecossistêmicos vitais, como a regulação natural de populações de insetos. Lacunas sobre seu ciclo de vida e especificidade abrem caminhos para investigações futuras. Diante da crescente perda de habitats, este trabalho reforça a urgência da taxonomia para catalogar interações crípticas antes que a coextinção as elimine.

6. REFERÊNCIAS

- AIME, M. C; BREARLEY, F. Q. Tropical fungal diversity: closing the gap between species estimates and species discovery. *Biodiversity and Conservation*, v. 21, n. 9, p. 2177-2180, 2012. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10531-012-0338-7>
- AINI, A. N. et al. Diversity of *Akanthomyces* on moths (Lepidoptera) in Thailand. *MycoKeys*, v. 71, p. 1, 2020. DOI: <https://doi.org/10.3897/mycokeys.71.55126>
- ARAÚJO, J. P. M; HUGHES, D. P. Diversity of entomopathogenic fungi: which groups conquered the insect body?. *Advances in Genetics*, v. 94, p. 1-39, 2016. DOI: <https://doi.org/10.1016/bs.adgen.2016.01.001>
- CAMPOS, L. D. de; SOUZA-DIAS, P. G. B. Hidden in the bushes: uncovering the diversity of the genus *Neometrypus* Desutter, 1988 (Orthoptera: Gryllidae: Paroecanthini: Tafaliscina) in Neotropical forests. *Zootaxa*, v. 5060, n. 4, p. 451-488, 2021. DOI: <https://doi.org/10.11646/zootaxa.5060.4.1>
- CHEN, W.-H. et al. *Akanthomyces araneogenum*, a new *Isaria*-like araneogenous species. *Phytotaxa*, v. 379, n. 1, p. 66–72, 2018. DOI: <https://doi.org/10.11646/phytotaxa.379.1.6>
- CHEN, W.-H. et al. *Akanthomyces araneicola*, a new araneogenous species from Southwest China. *Phytotaxa*, v. 409, n. 4, p. 227–232, 2019. DOI: <https://doi.org/10.11646/phytotaxa.409.4.5>
- CHEN, W.-H. et al. *Akanthomyces lepidopterorum*, a new *Lecanicillium*-like species. *Phytotaxa*, v. 459, n. 2, p. 117–123, 2020. DOI: <https://doi.org/10.11646/phytotaxa.459.2.3>
- CHEN, W.-H. et al. *Akanthomyces neocoleopterorum*, a new *Verticillium*-like species. *Phytotaxa*, v. 432, n. 2, p. 119–124, 2020. DOI: <https://doi.org/10.11646/phytotaxa.432.2.2>
- CHEN, W.-H. et al. Species diversity of *Cordyceps*-like fungi in the Tiankeng karst region of China. *Microbiology Spectrum*, v. 10, n. 5, p. 0-22, 2022. DOI: <https://doi.org/10.1128/spectrum.01975-22>
- CHEN, W.-H. et al. Study on species diversity of *Akanthomyces* (*Cordycipitaceae*, *Hypocreales*) in the Jinyun Mountains, Chongqing, China. *MycoKeys*, v. 98, p. 299, 2023. DOI: <https://doi.org/10.3897/mycokeys.98.106415>
- CHERNOMOR, O.; VON HAESELER, A.; MINH, B. Q. Terrace aware data structure for phylogenomic inference from supermatrices. *Systematic Biology*, v. 65, n. 6, p. 997-1008, 2016. DOI: <https://doi.org/10.1093/sysbio/syw037>
- CHIRIVÍ-SALOMÓN, J. S.; DANIES, G.; RESTREPO, S. et al. *Lecanicillium sabanense* sp. nov. (*Cordycipitaceae*), a new fungal entomopathogen of coccids. *Phytotaxa*, v. 234, n. 1, p. 63-74, 2015. DOI: <https://doi.org/10.11646/phytotaxa.234.1.4>

- DE LIMA, R. A. F. et al. The erosion of biodiversity and biomass in the Atlantic Forest biodiversity hotspot. *Nature Communications*, v. 11, n. 1, p. 6347, 2020. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41467-020-20217-w>
- FARIA, D. et al. The breakdown of ecosystem functionality driven by deforestation in a global biodiversity hotspot. *Biological Conservation*, v. 283, p. 110126, 2023. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2023.110126>
- GOLFARI, L. Zoneamento ecológico do Estado de Minas Gerais para reflorestamento. Belo Horizonte: PRODEPEF/PNUD/FAO/IBDF/BRA-45, 1975.
- GRIMALDI, D.; ENGEL, M. S. *Evolution of the Insects*. Cambridge University Press, 2005.
- HAWKSWORTH, D. L.; LÜCKING, R. Fungal Diversity Revisited: 2.2 to 3.8 Million Species. *Microbiology Spectrum*, v. 5, n. 4, p. 10.1128, 2017. DOI: <https://doi.org/10.1128/microbiolspec.funk-0052-2016>
- HAWKSWORTH, D. L.; ROSSMAN, A. Y. Where are all the undescribed fungi? *Phytopathology*, v. 87, n. 9, p. 888-891, 1997. DOI: <https://doi.org/10.1094/PHYTO.1997.87.9.888>
- HOANG, D. T. et al. UFBoot2: Improving the ultrafast bootstrap approximation. *Molecular Biology and Evolution*, v. 35, n. 2, p. 518-522, 2018. DOI: <https://doi.org/10.1093/molbev/msx281>
- HU, X. et al. Trajectory and genomic determinants of fungal-pathogen speciation and host adaptation. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA*, v. 111, n. 47, p. 16796-16801, 2014. DOI: <https://doi.org/10.1073/pnas.1412662111>
- KALYAANAMOORTHY, S. et al. ModelFinder: fast model selection for accurate phylogenetic estimates. *Nature Methods*, v. 14, n. 6, p. 587-589, 2017. DOI: <https://doi.org/10.1038/nmeth.4285>
- KEARSE, M. et al. Geneious basic: an integrated and extendable desktop software platform for the organization and analysis of sequence data. *Bioinformatics*, v. 28, n. 12, p. 1647-1649, 2012. DOI: <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bts199>
- KEPLER, R. M. et al. New teleomorph combinations in the entomopathogenic genus *Metacordyceps*. *Mycologia*, v. 104, n. 1, p. 182-197, 2012. DOI: <https://doi.org/10.3852/11-070>
- KEPLER, R. M. et al. A phylogenetically based nomenclature for *Cordycipitaceae* (*Hypocreales*). *IMA Fungus*, v. 8, n. 2, p. 335-353, 2017. DOI: <https://doi.org/10.5598/imafungus.2017.08.02.08>
- KHONSANIT, A. et al. A phylogenetic assessment of *Akanthomyces* sensu lato in *Cordycipitaceae* (*Hypocreales*, *Sordariomycetes*): introduction of new genera, and the resurrection of *Lecanicillium*. *Fungal Systematics and Evolution*, v. 14, n. 1, p. 271-306, 2024. DOI: <https://doi.org/10.3114/fuse.2024.14.17>
- LACEY, L. A. et al. Insect pathogens as biological control agents: Do they have a future? *Biological Control*, v. 21, n. 3, p. 230-248, 2001. DOI: <https://doi.org/10.1006/bcon.2001.0938>

LEBERT, H. Ueber die gegenwärtig herrschende krankheit des insekts der seide, die degenerative ernährungsstörung mit pilzbildung: *Dystrophia mycetica*. In commission bei G. Bethge, 1858.

LOFGREN, L. A.; STAJICH, J. E. Fungal biodiversity and conservation mycology in light of new technology, big data, and changing attitudes. *Current Biology*, v. 31, n. 19, p. 1312-1325, 2021. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.cub.2021.06.083>

LOPES, R. B. et al. *Akanthomyces* diversity in Brazil and their pathogenicity to plant-sucking insects. *Journal of Invertebrate Pathology*, v. 200, p. 107955, 2023. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.jip.2023.107955>

MAINS, E. B. Entomogenous Species of *Akanthomyces*, *Hymenostilbe* and *Insecticola* in North America. *Mycologia*, v. 41, n. 3, p. 303-310, 1950. DOI: <https://doi.org/10.1080/00275514.1950.12017861>

MAINS, E. B. New Species of *Torrubiella*, *Hirsutella* and *Gibellula*. *Mycologia*, v. 42, n. 4, p. 566-589, 1949. DOI: <https://doi.org/10.1080/00275514.1949.12017774>

MANFRINO, R. et al. First Description of *Akanthomyces uredinophilus* comb. nov. from hemipteran insects in America. *Diversity*, v. 14, n. 12, p. 1118, 2022. DOI: <https://doi.org/10.3390/d14121118>

MINH, B. Q. et al. IQ-TREE 2: New models and efficient methods for phylogenetic inference in the genomic era. *Molecular Biology and Evolution*, v. 37, n. 5, p. 1530-1534, 2020. DOI: <https://doi.org/10.1093/molbev/msaa015>

MONGKOLSAMRIT, S. et al. Disentangling cryptic species with *Isaria*-like morphs in *Cordycipitaceae*. *Mycologia*, v. 110, n. 1, p. 230-257, 2018. DOI: <https://doi.org/10.1080/00275514.2018.1446651>

MUELLER, G. M.; SCHMIT, J. P. Fungal biodiversity: what do we know? What can we predict? *Biodiversity and Conservation*, v. 16, n. 1, p. 1-5, 2007. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10531-006-9117-7>

MURATA, N. et al. Various species of *Pyricularia* constitute a robust clade distinct from *Magnaporthe salvinii* and its relatives in *Magnaporthaceae*. *Journal of General Plant Pathology*, v. 80, n. 1, p. 66-72, 2014. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10327-013-0477-z>

NGUYEN, L. T. et al. IQ-TREE: a fast and effective stochastic algorithm for estimating maximum-likelihood phylogenies. *Molecular Biology and Evolution*, v. 32, n. 1, p. 268-274, 2015. DOI: <https://doi.org/10.1093/molbev/msu300>

OLIVEIRA-FILHO, A. T.; FONTES, M. A. L. Patterns of floristic differentiation among Atlantic Forests in Southeastern Brazil and the influence of climate. *Biotropica*, v. 32, n. 4b, p. 793-810, 2000. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1744-7429.2000.tb00619.x>

- PARK, M. J.; HONG, S. B.; SHIN, H. D. *Lecanicillium uredinophilum* sp. nov. associated with rust fungi from Korea. *Mycotaxon*, v. 130, n. 4, p. 997-1005, 2015. DOI: <https://doi.org/10.5248/130.997>
- RAMBAUT, A. FigTree: tree figure drawing tool version 1.4.4., 2017. Disponível em: <http://tree.bio.ed.ac.uk/software/figtree/>.
- REHNER, S. A.; BUCKLEY, E. A *Beauveria* phylogeny inferred from nuclear *ITS* and *EF1- α* sequences: evidence for cryptic diversification and links to *Cordyceps* teleomorphs. *Mycologia*, v. 97, n. 1, p. 84-98, 2005. DOI: <https://doi.org/10.1080/15572536.2006.11832842>
- RIBON, R. Demarcação de uma grade de trilhas no Centro de Pesquisas da Mata do Paraíso, Viçosa, Minas Gerais. *Revista Árvore*, v. 29, n. 1, p. 151-158, 2005. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0100-67622005000100016>
- SAMSON, R. A.; EVANS, H. C. Notes on entomogenous fungi from Ghana: II. The genus *Akanthomyces*. *Acta Botanica Neerlandica*, v. 23, n. 1, p. 28-35, 1974. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1438-8677.1974.tb00913.x>
- SANJUAN, T. et al. Entomopathogens of Amazonian stick insects and locusts are members of the *Beauveria* species complex (*Cordyceps* sensu stricto). *Mycologia*, v. 106, n. 2, p. 260-275, 2014. DOI: <https://doi.org/10.3852/13-020>
- SPATAFORA, J. W. et al. Phylogenetic evidence for an animal pathogen origin of ergot and the grass endophytes. *Molecular Ecology*, v. 16, n. 8, p. 1701-1711, 2007. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2007.03225.x>
- STORK, N. E. How many species of insects and other terrestrial arthropods are there on Earth? *Annual Review of Entomology*, v. 63, n. 2018, p. 31-45, 2018. DOI: <https://doi.org/10.1146/annurev-ento-020117-043348>
- SUNG, G.-H.; POINAR JR., 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, n. 2, p. 495-502, 2008. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2008.08.028>
- TEDERSOO, L. et al. Global diversity and geography of soil fungi. *Science*, v. 346, n. 6213, p. 1256688, 2014. DOI: <https://www.science.org/doi/10.1126/science.1256688>
- VILGALYS, R.; HESTER, M. Rapid genetic identification and mapping of enzymatically amplified ribosomal DNA from several *Cryptococcus* species. *Journal of Bacteriology*, v. 172, n. 8, p. 4238-4246, 1990. DOI: <https://doi.org/10.1128/jb.172.8.4238-4246.1990>
- 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, n. 1, p. 1-46, 2020. DOI: <https://doi.org/10.1007/s13225-020-00457-3>
- WANG, Y. H. et al. *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. DOI: <https://doi.org/10.11646/phyto-taxa.579.3.5>

WANG, Y. et al. Species diversity and major host/substrate associations of the genus *Akanthomyces* (*Hypocreales*, *Cordycipitaceae*). MycoKeys, v. 101, p. 113, 2024. DOI: <https://doi.org/10.3897/mycokeys.101.109751>

WHITE, T. J. et al. Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. In: INNIS, M. A. et al. (ed.). PCR Protocols: A Guide to Methods and Applications. Academic Press, p. 315–322, 1990. DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/B978-0-12-372180-8.50042-1>

WU, B. et al. Current insights into fungal species diversity and perspective on naming the environmental DNA sequences of fungi. Mycology, v. 10, n. 3, p. 127–140, 2019. DOI: <https://doi.org/10.1080/21501203.2019.1614106>

ZARE, R.; GAMS, W. A revision of *Verticillium* section Prostrata. IV. The genera *Lecanicillium* and *Simplicillium* gen. nov. Nova Hedwigia, v. 73, n. 1–2, p. 1–50, 2001. DOI: <https://doi.org/10.1127/nova.hedwigia/73/2001/1>