

INSTITUTO AGRONÔMICO
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO AGRICULTURA TROPICAL E
SUBTROPICAL

Isabelle Cavagnoli Wustro

**Desenvolvimento de linhagens de feijoeiro comum resistentes à antracnose e a murcha
de curtobacterium**

Projeto de Mestrado apresentado ao Programa de Pós-Graduação em Agricultura Tropical e Subtropical, Área de Concentração em Genética, Melhoramento Vegetal e Biotecnologia, como requisito para a obtenção do título de Mestre.

Orientador: Dr. Alisson Fernando Chiorato

Co-orientador: Dr. César Júnior Bueno

Campinas, SP
Fevereiro de 2026

Ficha elaborada pela bibliotecária do Seção de Documentação Científica do Instituto Agrônômico

W973d Wustro, Isabelle Cavagnoli
Desenvolvimento de linhagens de feijoeiro comum resistentes
à antracnose e a murcha de curtobacterium / Isabelle Cavagnoli Wustro
Campinas, 2026. 65 fls

Orientador: Alisson Fernando Chiorato
Co-orientador: César Júnior Bueno
Dissertação (Mestrado) Agricultura Tropical e Subtropical – Instituto
Agrônômico

1. Feijoeiro comum - doenças. 2. *Phaseolus vulgaris*. 3. *Colletotrichum
Lindemuthianum*. 4. *Curtobacterium flaccumfaciens* pv.
5. *Flaccumfaciens*. 6. Retrocruzamento. I. Chiorato, Alisson Fernando
II. .Júnior Bueno, César. III Título

CDD.633.3394

Pós-Graduação – Agricultura Tropical e Subtropical
Reconhecimento Homologado pela Portaria MEC Nº 609 de 14/03/2019 - D.O.U. 18/03/2019

ATA DE DEFESA DE DISSERTAÇÃO DE MESTRADO

Aos 27 de março de 2026, às 14h00, reuniu-se a banca examinadora homologada pelo Programa de Pós-Graduação em Agricultura Tropical e Subtropical, composta pelos membros abaixo listados visando à defesa de dissertação de mestrado de Isabelle Cavagnoli Wustro, para obtenção do título de **"MESTRE"**, conforme Processo SAA nº PRT6932/2024-54. A sessão presidida pelo Prof. Dr. Alisson Fernando Chiorato, orientador da aluna, foi realizada em sessão pública aberta. Iniciados os trabalhos, a candidata submeteu-se ao exame de sua dissertação, intitulada "Desenvolvimento de linhagens de feijoeiro comum resistentes à antracnose e a murcha de *curtobacterium*". Terminado o exame, procedeu-se ao julgamento, cujo resultado foi o seguinte:

Prof. Dr. Alisson Fernando Chiorato - IAC

APROVADA **REPROVADA** ()

Prof. Dr. Ivan Herman Fischer - APTA

APROVADA **REPROVADA** ()

Prof. Dr. Sérgio Augusto Morais Carbonell - IAC

APROVADA **REPROVADA** ()

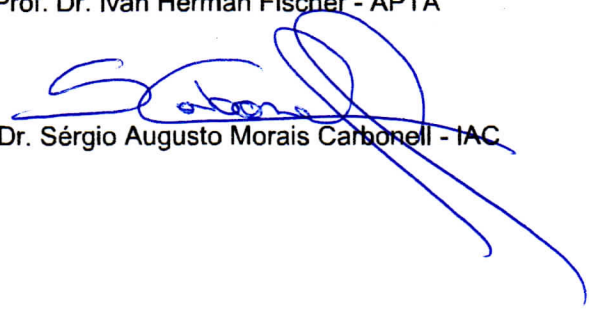
Apurados os resultados, constatou-se que a candidata foi habilitada, fazendo jus, portanto, ao título de **"MESTRE EM AGRICULTURA TROPICAL E SUBTROPICAL"**, na área de concentração: Biotecnologia, Genética e Melhoramento de Plantas, do que, para constar, lavrou-se a presente ata, assinada pelos membros da comissão examinadora:



Prof. Dr. Alisson Fernando Chiorato - IAC



Prof. Dr. Ivan Herman Fischer - APTA



Prof. Dr. Sérgio Augusto Morais Carbonell - IAC

AGRADECIMENTOS

Gostaria de agradecer primeiramente aos meus pais por sempre estarem me apoiando em todos os sonhos que tenho para minha vida e sempre confiando que desempenharei com respeito e dedicação. Aos meus avós que mesmo de longe sempre celebraram minhas conquistas como se estivessem perto. Ao meu namorado por me apoiar e por escutar pacientemente meus inúmeros monólogos ao longo dessa jornada. Ao meu orientador Dr. Alisson Fernando Chiorato que me deu todo o suporte, confiança e liberdade para desenvolver esse estudo, assim como Dr. César Júnior Bueno em que sempre me ajudou e revisou todos os processos, ao Dr. Sérgio Augusto Carbonell por sempre me incentivar a pensar com rigor científico e aprofundamento crítico. Agradeço aos meus amigos Bruna de Carvalho e Vinícius Venturini, que deixaram cada experimento, cada escrita e cada evento mais leves e com mais risadas. A toda equipe técnica do Programa de Melhoramento Genético de Feijoeiro em ajudou na busca por resultados, em especial ao Paulo Xavier que sempre estava ao meu lado nos experimentos. A todos vocês, meu sincero agradecimento. Este trabalho carrega um pouco de cada um, e espero levar comigo, para sempre, tudo o que aprendi ao longo desse caminho.

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO E JUSTIFICATIVA	1
2. HIPÓTESE	3
3. OBJETIVOS ESPECÍFICOS.....	3
4. REVISÃO DE LITERATURA	4
4.1. O FEIJOEIRO COMUM	4
4.2. MELHORAMENTO GENÉTICO DO FEIJOEIRO E CARACTERÍSTICAS ALMEJADAS	5
4.3. ANTRACNOSE DO FEIJOEIRO - COLLETOTRICHUM LINDEMUTHIANUM.....	6
4.4. MURCHA-DE-CURTOBACTERIUM - CURTOBACTERIUM FLACCUMFACIENS PV. FLACCUMFACIENS... ..	11
5. MATERIAL E MÉTODOS	12
5.1. COLLETOTRICHUM LINDEMUTHIANUM – AGENTE CAUSAL DA ANTRACNOSE DO FEIJOEIRO.....	12
5.2. TESTE DE AGRESSIVIDADE DOS ISOLADOS IDENTIFICADOS E TRIAGEM DE CULTIVARES/LINHAGENS RESISTENTES	17
5.3. GENEALOGIA	19
5.4. COLORAÇÃO DE GRÃOS – TEGUMENTO CARIOCA.....	21
5.5. CARACTERÍSTICAS MORFO-AGRONÔMICA EM GERAÇÃO F ₃	22
5.6. MARCADORES MOLECULARES – SCAR E MICROSSATÉLITES	22
5.7. RESISTÊNCIA DE GENÓTIPOS PARA CURTOBACTERIUM FLACCUMFACIENS PV. FLACCUMFACIENS.....	24
6. RESULTADOS E DISCUSSÃO	25
6.1. IDENTIFICAÇÃO DE RAÇA FISIOLÓGICA DOS ISOLADOS OBTIDOS	25
6.2. TRIAGEM E TESTE DE VIRULÊNCIA DOS ISOLADOS DO FUNGO EM CULTIVARES	33
6.3. RESISTÊNCIA À <i>C. LINDEMUTHIANUM</i> EM GERAÇÕES SEGREGANTES.....	40
6.4. TESTE DE COLORAÇÃO EM GRÃOS CARIOCAS EM GERAÇÃO F ₂ RC ₂	43
6.5. AVALIAÇÃO DE CARACTERÍSTICAS MORFO-AGRONÔMICA EM GERAÇÃO F ₃	44
6.6. GENOTIPAGEM POR SSR E SCAR	45
6.7. RESISTÊNCIA À CFF EM GERAÇÃO F ₂ RC ₂	50
7. CONCLUSÃO.....	52
8. CONSIDERAÇÕES FINAIS	53
9. REFERÊNCIAS	55

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Variedades diferenciadoras para classificação de isolados de raças fisiológicas de <i>Colletotrichum lindemuthianum</i> , definidas por Pastor-Corrales (1991) e sistema binário definido na Primeira Reunião Latino Americana da Antracnose do Feijoeiro (CIAT, 1988).	14
Tabela 2 - Escala de severidade da doença causada por <i>Colletotrichum lindemuthianum</i> em genótipos de feijoeiro.	16
Tabela 3 - Cultivares diferenciadoras da raça fisiológica 65 de <i>Colletotrichum lindemuthianum</i> segundo metodologia proposta por Ishikawa et al. (2011) e modificada por Ribeiro et al. (2016).	17
Tabela 4 - Cultivares/Linhagens que foram utilizadas para a análise de virulência dos isolados de <i>Colletotrichum lindemuthianum</i>	18
Tabela 5 - Cultivares/Linhagens utilizadas para cruzamentos e retrocruzamentos entre fontes potenciais de resistência à <i>C. lindemuthianum</i>	19
Tabela 6 - Escala de notas para avaliar a severidade da doença causada <i>C. flaccumfaciens</i> pv. <i>flaccumfaciens</i> em plantas de feijoeiro-comum (Krause, 2009).	25
Tabela 7 - Identificação de isolados de <i>Colletotrichum lindemuthianum</i> quanto às raças fisiológicas, obtidos de diferentes regiões e cultivares.	26
Tabela 8 - Triagem de cultivares às diferentes raças fisiológicas de <i>Colletotrichum lindemuthianum</i>	34
Tabela 9 - Reação de isolados de <i>Colletotrichum lindemuthianum</i> frente a cultivares diferenciadoras portadoras dos genes de resistência da antracnose.	38
Tabela 10 - Resistência e suscetibilidade de gerações F ₂ submetidas à inoculação das raças fisiológicas 81; 65.69; 467 e 585 de <i>Colletotrichum lindemuthianum</i>	41
Tabela 11 - Resistência e suscetibilidade de gerações F ₂ RC ₂ submetidas à inoculação das raças fisiológicas 81; 65.69; 407; 467 e 585 de <i>Colletotrichum lindemuthianum</i>	42
Tabela 12 - Coloração de grãos cariocas de gerações F ₂ RC ₂	43
Tabela 13 - Relação de características morfo-agronômicas em genótipos de geração F ₃	44
Tabela 14 - Conteúdo de Informação Polimórfica (PIC) dos microssatélites associados à resistência à antracnose na população F ₂ RC ₂ e seus parentais.	48
Tabela 15 - Severidade da doença nos parentais da geração F ₃ RC ₂ submetidos à inoculação de <i>Curtobacterium flaccumfaciens</i> pv. <i>flaccumfaciens</i>	50
Tabela 16 - Severidade da doença em indivíduos da geração F ₃ RC ₂ submetidas à inoculação de <i>Curtobacterium flaccumfaciens</i> pv. <i>flaccumfaciens</i>	51

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 - Procedimentos para a inoculação de <i>Colletotrichum lindemuthianum</i> em feijoeiros.	15
Figura 2 - Escala de sintomas causados após a inoculação de <i>Colletotrichum lindemuthianum</i> em materiais de feijoeiro.	16
Figura 3 - Colorímetro Konica Minolta CR-410 empregado na avaliação da coloração dos grãos, com recipiente específico para a leitura das amostras.	22
Figura 4 - Método de inoculação de <i>C. flaccumfaciens</i> pv. <i>flaccumfaciens</i> e sintomas após a inoculação.	25
Figura 5 – Mapa de localização dos isolados coletas e sua raça fisiológica.	28
Figura 6 - Índice de suscetibilidade de diferentes genótipos de feijoeiro submetidos à inoculação com diversos isolados de <i>Colletotrichum lindemuthianum</i>	37
Figura 7 - Índice de agressividade de diferentes isolados de <i>Colletotrichum lindemuthianum</i> inoculados em um grupo de genótipos.	39
Figura 8 - Coloração do tegumento carioca entre famílias, subfamílias de geração F ₂ RC ₂ e controles IAC 2051 e IAC 2560 Nelore.	44
Figura 9 - Análise de Coordenadas Principais (PCoA) baseada em marcadores SSR da população F ₂ RC ₂ e parentais.	45
Figura 10 - Dendrograma de similaridade genética entre genótipos de feijoeiro comum, obtido pelo método UPGMA calculada a partir de marcadores SSR.	47
Figura 11 - Bandas em gel de agarose 2% com amplicon de primer SZ04.	49

RESUMO

Desenvolvimento de linhagens de feijoeiro comum resistentes à antracnose e a murcha de *curtobacterium*

A antracnose do feijoeiro, causada pelo fitopatógeno *Colletotrichum lindemuthianum*, é uma das doenças mais severas da cultura, podendo comprometer até 100% do plantio quando ocorre no início do ciclo vegetativo. Devido à alta taxa de recombinação genética desse patógeno, genes de resistência presentes em determinadas cultivares podem perder eficácia contra novas raças fisiológicas, resultando em quebra de resistência. Este estudo teve como objetivo coletar, isolar e identificar raças fisiológicas de isolados de *C. lindemuthianum* para posterior inoculação em acessos de feijoeiro com o objetivo de identificar fontes de resistência à antracnose para serem utilizadas em retrocruzamentos com cultivares suscetíveis recomendadas ao setor produtivo visando torná-las resistentes novamente. Amostras de feijoeiros com antracnose foram coletadas em diferentes regiões do Brasil e encaminhadas para o Programa de Melhoramento Genético de Feijoeiro (PMGF-IAC), onde isolados do patógeno foram obtidos e purificados. Após esse processo, culturas foram repicadas em vagens autoclavadas para a produção de uma suspensão de esporos, que foi utilizada para inoculação em plantas. As plantas inoculadas foram mantidas em uma sala de ambiente controlado, com temperatura ajustada para $20\pm 2^{\circ}\text{C}$ e umidade relativa aumentada gradativamente nos primeiros três dias: 80% (24h), 90% (48h) e 100% (72h), desligando o sistema de umidificação após esse período. A severidade da doença foi avaliada por meio de uma escala de notas de 1 (planta saudável) a 9 (planta morta). Para a identificação da raça fisiológica foi inoculado a suspensão de esporos do isolado em 12 cultivares diferenciadoras. Isolados identificados como pertencentes à raça 65 foram inoculados em novas cultivares diferenciadoras específicas. Posteriormente, isolados foram inoculados em diferentes genótipos para avaliar sua resistência, agressividade das raças bem como identificar fontes de resistência. Genótipos com alta resistência ao patógeno foram cruzados e retrocruzados, duas vezes, com os parentais recorrentes IAC Veloz (tegumento preto) e IAC 2051 (tegumento carioca), preservando o tipo de tegumento. As gerações segregantes passaram por testes para resistência de *C. lindemuthianum* (mistura de raças), coloração de grãos, análise morfoagronômica, utilização de marcadores moleculares para genes de resistência a antracnose e avaliação de resistência a *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* (Cff). Um total de 21 isolados foram identificados nas raças: 65.69; 65.805; 73; 81 (dois isolados); 87; 89 (dois isolados); 403; 407; 409; 411; 465; 467 (três isolados); 475 (três isolados); 479; 521. Os parentais recorrentes, IAC Veloz e IAC 2051 exibiram índice de suscetibilidade (IS%) às raças com percentuais de 67,7% e 100% respectivamente. Dentre os mais resistentes, destacaram-se a linhagem 10 (IS de 10%); Gen 20-39-11 (3%); IAC Una (19%); IAC 2560 Nelore (26%); IAC Diplomata (39%) e IAC Sintonia (55%), dos quais foram escolhidos para parentais doadores. Na geração F₂RC₂ foi identificada segregação da coloração de tegumento em genótipos cariocas, assim subdividindo famílias. Nas análises morfoagronômicas, as famílias foram escolhidas pela presença de características desejáveis. Avaliações por microssatélites demonstraram divisão dos genótipos, assim como genes fixados e segregantes. Famílias com parentais resistentes ao Cff geraram indivíduos com alto índice de resistência.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris*; *Colletotrichum lindemuthianum*; *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens*; Retrocruzamento.

ABSTRACT

Development of common bean lines with resistance to anthracnose and *Curtobacterium* wilt

Bean anthracnose, caused by the phytopathogen *Colletotrichum lindemuthianum*, is one of the most severe diseases affecting the crop and may result in up to 100% yield loss when it occurs early in the vegetative cycle. Due to the high genetic recombination rate of this pathogen, resistance genes present in certain cultivars may lose effectiveness against new physiological races, resulting in resistance breakdown. This study aimed to collect, isolate, and identify physiological races of *C. lindemuthianum* for subsequent inoculation in common bean accessions, with the objective of identifying resistance sources to be used in backcrossing with susceptible cultivars recommended to the production sector, in order to restore resistance. Bean samples showing anthracnose symptoms were collected from different regions of Brazil and sent to the Common Bean Breeding Program (PMGF-IAC), where isolates were obtained and purified. Cultures were then transferred to autoclaved pods to produce spore suspensions used for plant inoculation. Inoculated plants were maintained under controlled conditions at $20 \pm 2^\circ\text{C}$, with relative humidity gradually increased during the first three days (80%, 90%, and 100% at 24, 48, and 72 h, respectively), after which humidification was discontinued. Disease severity was evaluated using a scale from 1 (healthy plant) to 9 (dead plant). Physiological race identification was performed by inoculating isolates onto 12 differential cultivars, with race 65 isolates further evaluated using additional differentials. Subsequently, isolates were inoculated onto different genotypes to assess resistance, aggressiveness, and to identify resistance sources. Resistant genotypes were crossed and backcrossed twice with the recurrent parents IAC Veloz (black seed coat) and IAC 2051 (carioca seed coat), maintaining seed coat type. Segregating generations were evaluated for resistance to *C. lindemuthianum* (race mixture), grain color, morpho-agronomic traits, molecular markers linked to anthracnose resistance, and resistance to *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* (Cff). A total of 21 isolates were classified into the races 65.69, 65.805, 73, 81 (two isolates), 87, 89 (two isolates), 403, 407, 409, 411, 465, 467 (three isolates), 475 (three isolates), 479, and 521. The recurrent parents IAC Veloz and IAC 2051 showed susceptibility index (SI%) of 67.7% and 100%, respectively. Among the most resistant genotypes were Line 10 (10%), Gen 20-39-11 (3%), IAC Una (19%), IAC 2560 Nelore (26%), IAC Diplomata (39%), and IAC Sintonia (55%), which were selected as donor parents. In the F_2RC_2 generation, segregation for seed coat color was observed in carioca genotypes, leading to family subdivision. Morpho-agronomic evaluations allowed the selection of families with desirable traits, while microsatellite analyses revealed genetic structuring and both fixed and segregating loci. Families derived from parents resistant to Cff generated individuals with high levels of resistance.

Keywords: *Phaseolus vulgaris*; *Colletotrichum lindemuthianum*; *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens*; Backcrossing.

1. INTRODUÇÃO E JUSTIFICATIVA

O feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.) desempenha um papel crucial como fonte acessível de proteína vegetal, fibras e minerais (Coelho et al., 2021). Essa importância nutricional faz com que o feijoeiro seja um alimento essencial na dieta de diversas comunidades ao redor do mundo, especialmente no Brasil, onde a população se destaca como uma das maiores consumidoras dessa leguminosa (Silva et al., 2013).

Os dados de 2024 da Companhia Nacional de Abastecimento (CONAB) corroboram essa relevância, ao estimar que a produção total da safra 2023/24 atingiu 3.331,3 mil toneladas, representando um aumento de 9,7% em relação à safra anterior. Além disso, conforme a FAOSTAT (2024), o Brasil está entre os três maiores produtores mundiais de feijão, ficando atrás apenas da Índia.

No entanto, para garantir uma oferta adequada desse alimento, é fundamental controlar fatores que limitam sua produtividade, os quais podem ser classificados como abióticos e bióticos. Entre os fatores abióticos, destacam-se variáveis climáticas, deficiência de nutrientes e condições geográficas regionais. Já os fatores bióticos incluem a incidência de pragas e doenças, que podem comprometer significativamente a produção (Didonet & Silva, 2004).

Dentre os fatores bióticos, a presença de microrganismos fitopatogênicos, como fungos, bactérias, vírus e nematoides, representam uma ameaça à cultura do feijão. No entanto, a relevância dessas doenças varia, sendo que aproximadamente 20% delas apresentam impacto significativo no campo, enquanto outras ocorrem de forma esporádica e pouco influenciam na produtividade (Wendland, Junior & de Faria, 2018).

Entre as doenças de maior impacto no feijoeiro, a antracnose, causada pelo fungo *Colletotrichum lindemuthianum* (Sacc. & Magnus, 1878) Scrib., destaca-se como um dos principais desafios fitossanitários da cultura. O patógeno encontra condições ideais para seu desenvolvimento em temperaturas amenas (13-26°C) e alta umidade (Wendland, Junior & de Faria, 2018), e, quando associado à utilização de cultivares suscetíveis e sementes contaminadas, pode provocar perdas de até 100% na lavoura (Rava & Sartorato, 1994; Zobot et al., 2024).

O controle da antracnose envolve a adoção de práticas integradas, como rotação de culturas, eliminação de resíduos vegetais infectados, tratamento de sementes com fungicidas e o uso de cultivares resistentes ao patógeno, estratégias consideradas como uma das mais eficazes para reduzir os danos causados pela doença (Rava, 1993; Nunes et al., 2021).

Assim, o desenvolvimento de cultivares de feijoeiro resistentes, por meio de programas de melhoramento genético, é uma estratégia fundamental para o controle da antracnose. No entanto, a alta capacidade de recombinação do fungo *C. lindemuthianum* permite o surgimento de novas raças fisiológicas, que podem superar a resistência genética das cultivares e torná-las suscetíveis à doença (Rava *et al.*, 1994). A variabilidade patogênica desse fungo foi primeiramente comprovada por Barrus (1911), e, atualmente, Nunes *et al.* (2021) relatam a existência de 298 raças fisiológicas identificadas globalmente. No Brasil, um estudo conduzido por Paulino *et al.* (2022) sintetizou as pesquisas realizadas entre 1991 e 2021, identificando a ocorrência de 89 raças no país. Entre as mais recorrentes estão as raças fisiológicas 73, 65 e 81, embora variantes mais virulentas, como 1601 e 1609 (Paraná), 581 (Santa Catarina) e 593 (Goiás), também tenham sido relatadas.

Até o momento, a resistência do feijoeiro à antracnose foi associada a 25 genes (Bano, *et al.* 2020), dos quais 16 genes, até o momento, estão associados ao conjunto de cultivares diferenciadoras de raças fisiológicas de *C. lindemuthianum* que foram estabelecidas na Primeira Reunião Latino-Americana de Antracnose do Feijoeiro (CIAT, 1990), no qual o conjunto de diferenciadoras se dá por quatro cultivares andinas e oito mesoamericanas.

A relação entre os centros de origem da cultura e dos isolados de *C. lindemuthianum* são explicados pela coevolução dessas espécies. Chiorato *et al.* (2006) destacaram que a raça do patógeno está associada à origem de seu hospedeiro, onde cultivares mesoamericanas tendem a ser mais suscetíveis às raças fisiológicas provenientes da mesma região, igualmente acontece com cultivares e isolados andinos.

A complexidade desse patossistema é agravada quando isolados de *C. lindemuthianum* se tornam recorrentes, agressivos às cultivares detentoras de genes de difícil quebra de resistência e geograficamente dispersas nas lavouras brasileiras (Ishikawa *et al.*, 2008; Nunes *et al.*, 2021)

Diante desse cenário, torna-se essencial a busca por fontes de resistência que incorporem genes resistentes às raças andinas e mesoamericanas. Young & Kelly (1997) indicaram a piramidação de genes para manter a resistência de cultivares de feijão por longos períodos, adicionando diversos genes provenientes dos dois centros de origem em uma mesma cultivar.

Para a introgressão desses genes, Matiello, Barbieri & Carvalho (1997) abordaram que o método mais eficiente é por meio do retrocruzamento, utilizando fontes de resistência de mesmo pool gênico ou populações relacionadas. Borém (2021) explica que, a cada

retrocruzamento feito, a proporção de genes adquiridos do parental doador é reduzida pela metade. Após repetições do processo, as progênes terão em sua maioria características do parental recorrente. Assim, dois ou três retrocruzamentos serão suficientes para se ter características do parental recorrente e genes resistentes do parental doador.

Diante do exposto acima, a combinação de todos esses fatores justifica a presente pesquisa, pois, a cada safra, relata-se quebras de resistência de cultivares, como do exemplo da cv. IAC Veloz (Dr. Alisson F. Chiorato, comunicação pessoal), que por conta da emergência de raças fisiológicas mais agressivas e dispersas nas principais localidades de produção da cultura do feijoeiro no Brasil tornou-se suscetível para algumas raças do patógeno. Ainda segundo Dr. Alisson F. Chiorato (Comunicação pessoal), o mesmo ocorreu com a cv. IAC 2051. O controle dessa doença por meio da resistência genética ao invés de uso de fungicidas é vantajoso, tanto para o produtor, quanto para a sustentabilidade agrícola, pelo fato de haver redução significativa no uso de fungicidas e de resíduos tanto nos grãos quanto no meio ambiente.

Desta forma, o objetivo do presente projeto foi realizar estudos etiológicos com isolados de *C. lindemuthianum* obtidos (detecção de raças fisiológicas e de agressividade frente a determinadas cultivares) para depois efetuar uma triagem em materiais da cultura visando detectar fontes com potenciais de resistência ao patógeno para serem cruzadas e retrocruzadas com cultivares comerciais que se apresentaram suscetíveis à antracnose.

2. HIPÓTESE

Genótipos resistentes retrocruzados com as cultivares comerciais IAC Veloz e IAC 2051 manterão as características desses cultivares com o acréscimo dos genes de resistência às novas raças fisiológicas agressivas de *C. lindemuthianum*.

3. OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- Coletar feijoeiro comum com antracnose em diferentes localidades, isolar o patógeno e mapear raças fisiológicas mais recorrentes nas regiões brasileiras;
- Identificar a raça fisiológica dos isolados do patógeno obtidos por meio do uso de cultivares diferenciadoras;
- Analisar a reação de cultivares e linhagens de feijoeiro desenvolvidas pelo Programa de Melhoramento Genético de Feijoeiro do IAC (PMF-IAC) frente as novas raças fisiológicas do fitopatógeno;

- Realizar dois retrocruzamentos entre genótipos identificados como resistentes as novas raças fisiológicas identificadas (genótipo doador) com as cultivares IAC Veloz de tegumento preto e IAC 2051 de tegumento carioca (genótipos recorrentes) suscetíveis ao patógeno, mas amplamente cultivadas em diferentes regiões brasileiras;
- Obter linhagens provenientes de retrocruzamentos que combinem as características pré-existent das cultivares com genes de resistência às novas raças agressivas de *C. lindemuthianum* do genótipo resistente doador;
- Testar se as linhagens obtidas mantiveram as características agronômicas favoráveis dos parentais recorrentes e se herdaram os genes de resistência das novas raças de *C. lindemuthianum* e se ainda são resistentes para a fitobactéria *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens*.

4. REVISÃO DE LITERATURA

4.1. O feijoeiro comum

O gênero *Phaseolus* possui mais de 55 espécies, onde apenas cinco são mais consumidas no mundo. Dentre elas, a mais preferida e produzida para consumo humano é o feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.) (Debouck, 1991). Trata-se de uma leguminosa pertencente à família Fabaceae. É diplódica, apresentando 11 pares de cromossomos ($2n=22$) anual, autógama com mecanismo fotossintético C3, dois hábitos de crescimento (determinado e indeterminado) e raiz principal pivotante (Oliveira *et al.*, 2018).

No século 19 acreditavam que o centro de origem do feijoeiro seria a Índia, depois de diferentes autores discutirem a real origem, após análise de restos arqueológicos de feijoeiro foi indicado a domesticação no México de 4 a 7 mil anos atrás e na América Central e Andes entre 7 a 8 mil anos (Sousa & Ferreira, 2021). Atualmente é compreendido que possui dois pools gênicos, Mesoamericano e Andino. Diferenciam-se principalmente por tipo de faseolina presente, isoenzima e outros aspectos genéticos (Mamidi *et al.* 2011) e aspectos morfológicos onde sementes provenientes do mesoamericano são pequenas, já feijões maiores são do andino (Pinheiro & Faria, 2005).

O feijão é um alimento com alta fonte nutritiva, incluindo proteínas, vitaminas, carboidratos complexos e fibras, do qual faz parte da alimentação humana há cerca de 10.000 anos (Domene *et al.*, 2021). O Brasil encontra-se em segundo lugar em ranking mundial de produção de feijão, atrás da Índia que lidera com 7,9 milhões de toneladas, uma diferença de

4,9 milhões de toneladas, e em terceiro lugar Myanmar, com aproximadamente 2,4 milhões de toneladas (FAOSTAT, 2024)

Atualmente, o padrão de consumo de feijão no Brasil é de 80% de feijão-comum e 20% de feijão-caupi. Em relação ao feijão-comum: 56% carioca, 21% preto e 3% especiais (Wander & Silva, 2025), havendo uma demanda de 3.014 mil toneladas para uma oferta de 3.132 mil toneladas na safra 2025/26 (Conab, 2025).

Dentro da série história de produtividade é possível notar que nos dados de 1996/97 a produtividade estimada era de 591,55 (mil toneladas), comparado com a safra 2025/26 com uma produtividade média de 1.134,22 (mil toneladas) (Conab, 2025). O incremento da produtividade está associado a múltiplos fatores, destacando-se a atenuação de fatores limitantes, tanto de natureza abiótica quanto biótica (Didonet & Silva, 2004).

4.2. Melhoramento genético do feijoeiro e características almeçadas

O melhoramento genético do feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.) teve início formal no início do século XX, sendo a *Michigan Agricultural College* uma das primeiras instituições a conduzir programas estruturados, em 1906 (De Ron *et al.*, 2015). No Brasil, as atividades de melhoramento tiveram início em 1930 no Instituto Agrônomo de Campinas (IAC), por meio do Programa de Melhoramento Genético de Feijoeiro (PMGF-IAC), responsável pelo desenvolvimento e lançamento de cultivares melhoradas dos tipos comerciais mulatinho, chumbinho, rosinha e preto, entre outros (Voyses, 2000). Um marco desse programa ocorreu em 1970, com o lançamento da primeira cultivar do grupo Carioca, a qual promoveu uma mudança significativa no padrão de preferência dos consumidores brasileiros (Almeida *et al.*, 2020).

De modo geral, os programas de melhoramento genético do feijoeiro buscam a obtenção de cultivares que aliem alta produtividade a características agrônomicas e tecnológicas desejáveis, incluindo resistência a fatores bióticos e abióticos, além de atributos relacionados à qualidade dos grãos, como cor, tamanho, tempo de cozimento e qualidade de caldo (Carbonell *et al.*, 2010). Entre os fatores bióticos, observa-se que a resistência ou tolerância a doenças é um dos principais objetivos dos programas de melhoramento, sendo recorrente, em publicações de lançamento de cultivares, a menção à resistência a importantes fitopatógenos como *Colletotrichum lindemuthianum*, *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens*,

Xanthomonas axonopodis pv. *phaseoli*, *Fusarium oxysporum* e *Phaeoisariopsis griseola* (Carbonell *et al.*, 2025; Pereira *et al.*, 2025).

Diversos métodos podem ser empregados no melhoramento do feijoeiro-comum, entre eles o método do pedigree, *single seed descent* (SSD), seleção gamética, método *bulk*, seleção recorrente e retrocruzamento (Borém, 2021). O retrocruzamento não é considerado eficiente quando aplicado ao aumento de produtividade ou tolerância a estresses abióticos (Beaver & Osorno, 2009). Entretanto, para características como resistência ao cretamento bacteriano comum, mancha-angular e antracnose, essa estratégia é recomendada, por possibilitar a introgressão específica de alelos de interesse em um fundo genético previamente adaptado (Uwera *et al.*, 2021; Benchimol-Reis *et al.*, 2025).

Para obtenção de linhagens que combinem estes fatores, pode ser empregado técnicas de hibridização artificial como de Buishand (1956), consistindo em: (1) emasculação das anteras no estágio pré-antese, e (2) polinização manual mediante esfregação do estigma (genitor feminino) com pólen aderido no estigma da planta que servirá de genitor masculino.

4.3. Antracnose do Feijoeiro - *Colletotrichum lindemuthianum*

O gênero *Colletotrichum* compreende aproximadamente 257 espécies, organizadas em 15 complexos de espécies, com registros de associação a cerca de 720 hospedeiros distintos (Talhinhas & Baroncelli, 2021). Entre essas espécies, o agente causal da antracnose do feijoeiro comum é *Colletotrichum lindemuthianum* (Sacc. & Magnus) Briosi & Cavara, patógeno inicialmente observado por Lindemuth em 1875 e posteriormente descrito taxonomicamente por Saccardo em 1878 (Tiffany & Gilman, 1954). Os primeiros relatos da ocorrência da doença concentram-se na Europa e na América do Norte, onde foram registradas epidemias severas, incluindo a destruição de lavouras de feijoeiro em determinadas regiões da Itália no ano de 1891 (Padder & Sharma, 2017).

A antracnose do feijoeiro é identificada a partir da observação de sintomas na parte aérea das plantas, caracterizados por lesões associadas às nervuras, com áreas necrosadas e coloração variando de avermelhada a amarronzada, ocorrendo predominantemente na face abaxial das folhas. Nas vagens, as lesões apresentam-se deprimidas, circulares, com bordas mais escuras em relação ao centro, podendo comprometer severamente a qualidade e a produção dos grãos (Wendland, Junior & de Faria, 2018). Em condições favoráveis ao desenvolvimento da doença e na presença de cultivares altamente suscetíveis, a antracnose pode resultar em perdas de até 100% da lavoura (Rava & Sartorato, 1994; Zobot *et al.*, 2024).

A manifestação desses sintomas está diretamente relacionada à estratégia de colonização adotada por *C. lindemuthianum*, fungo de comportamento hemibiotrófico. Nesse tipo de interação, a infecção se inicia de forma assintomática, com o estabelecimento do patógeno nos tecidos do hospedeiro antes do aparecimento de lesões visíveis. Após a germinação do conídio na superfície vegetal, ocorre a diferenciação do tubo germinativo em apressório, cuja parede celular melanizada desempenha papel fundamental no processo de invasão. A melanização contribui para a geração de elevada pressão de turgor, viabilizando a penetração direta no tecido vegetal. Uma vez no interior do hospedeiro, o fungo estabelece uma fase inicial de colonização restrita a células vivas, seguida pela transição para a fase necrotrófica, geralmente observada por volta de 72 horas após a inoculação. Essa fase é marcada pela formação de hifas secundárias, intensificação do dano tecidual e progressão das lesões, culminando no desenvolvimento dos sintomas típicos da antracnose (Padder & Sharma, 2017; Romero *et al.*, 2024).

A sobrevivência desse fitopatógeno ocorre principalmente em restos culturais contaminados e em hospedeiros alternativos, o que possibilita a permanência de *C. lindemuthianum* entre as safras de feijão. A disseminação do patógeno ocorre predominantemente a curtas distâncias, sendo favorecida pela ação da chuva e do vento. O desenvolvimento da doença é favorecido por temperaturas amenas, entre 13 e 26 °C, associadas à elevada umidade relativa, que propicia o acúmulo de água livre sobre os tecidos vegetais, condição essencial para a germinação dos conídios e o estabelecimento da infecção (Wendland *et al.*, 2016).

Classificação de raças fisiológicas

O conjunto de indivíduos de uma espécie de patógeno é definido por características morfológicas e fenotípicas em comum. Entretanto, quando esses indivíduos apresentam capacidade diferencial de infectar cultivares distintas de um mesmo hospedeiro, tal diferenciação caracteriza a existência de raças fisiológicas (Agrios, 2005). Essas raças não se distinguem, necessariamente, por aspectos morfológicos, mas principalmente por aspectos fisiológico e patogênicos, sendo uma interação específica patógeno–hospedeiro (Gasparotto *et al.*, 2023).

Em áreas de cultivo intensivo de feijoeiro, a elevada pressão de seleção exercida pelo uso contínuo de cultivares com diferentes níveis de resistência favorece a ocorrência de variabilidade genética dentro da própria espécie do patógeno (Nunes *et al.*, 2021). Isso ocorre

porque os mecanismos de variabilidade de *C. lindemuthianum* incluem a anastomose, por meio da formação de tubos de anastomose conidial (CATs), possibilitando a troca genética entre isolados de raças distintas, além de mutações, reprodução sexual e parasexual e a ação de elementos transponíveis (Ishikawa *et al.*, 2012; Pinto *et al.*, 2012; Guttman *et al.*, 2014). Esses processos resultam na emergência de isolados com diferentes perfis de virulência, sustentando o conceito de raças fisiológicas e explicando a frequente quebra de resistência observada em condições de campo.

Após a constatação da variabilidade de isolados de *C. lindemuthianum* entre cultivares de feijoeiro por Barrus (1911), foram inicialmente descritas duas raças fisiológicas, denominadas Alfa e Beta. A partir desses resultados, diversos estudos foram conduzidos visando à identificação de novas raças, sendo posteriormente descrita a raça Gama (Burkholder, 1923). Com o avanço das pesquisas, outras raças fisiológicas foram identificadas, incluindo Delta, Mexicano I, Mexicano II, Brasileiro I e Brasileiro II. Paralelamente, diferentes autores propuseram subdivisões adicionais, como AlfaBR, Epsilon, Eta, Tera, Lambda, Capa, Mu, Zeta e Sigma. Contudo, essas denominações foram estabelecidas em sistemas distintos e não padronizados, dificultando a comparação entre estudos e a consolidação de um sistema unificado de classificação (Carbonell *et al.*, 1999).

De forma semelhante, os genes associados à resistência à antracnose também foram inicialmente identificados por diferentes nomenclaturas. Em função da dificuldade de padronização e da necessidade de uniformizar a comunicação entre diferentes estudos, Young & Kelly (1996) propuseram a reformulação da nomenclatura dos genes de resistência, introduzindo a designação *Co* (de *Colletotrichum*) seguida de numeração sequencial. Assim, os genes passaram a ser identificados como *Co-1* (gene A), *Co-2* (Are), *Co-3* (Mex 1), *Co-4* (Mex 2) e *Co-5* (Mex 3), conforme descrito por Carbonell *et al.* (1999).

Com o passar do tempo, novos genes de resistência foram identificados, ampliando progressivamente a série *Co*. Concomitantemente, o sistema de identificação das raças fisiológicas do patógeno também foi reformulado. Nesse contexto, em 1991, após a Reunião Latino-Americana sobre a Antracnose do Feijoeiro, foi formalizada a adoção de um conjunto padronizado de cultivares diferenciadoras, utilizando o sistema binário desenvolvido por Habgood (1970). Esse sistema permitiu uma caracterização mais precisa, reprodutível e comparável das raças fisiológicas de *C. lindemuthianum*, facilitando o intercâmbio de informações entre diferentes regiões e países, bem como subsidiando de forma mais eficiente os programas de melhoramento genético voltados à resistência à antracnose (Kelly & Vallejo,

2004). Como consequência do aprimoramento desse sistema de classificação e do aumento da amostragem ao longo do tempo, atualmente já foram reportadas 298 raças fisiológicas distintas do patógeno (Fayaz *et al.*, 2026).

Variabilidade intraracial

Além da variabilidade genética já descrita para *C. lindemuthianum*, observa-se também a ocorrência de variabilidade intrarracial, ou seja, dois isolados da mesma raça se comportam diferentemente em uma mesma cultivar. Estudos têm demonstrado diferenças genéticas dentro de uma mesma raça fisiológica, especialmente para as raças 31, 65 e 81 (Carbonell *et al.*, 1990; Santos *et al.*, 2008; Ishikawa *et al.*, 2011; Ribeiro *et al.*, 2016; Costa *et al.*, 2017).

Dentre as raças fisiológicas do fitopatógeno, a raça 65, definida a partir da suscetibilidade das cultivares Michelite (1) e México 222 (64), destaca-se pela elevada variabilidade genética. Essa raça apresenta inúmeras variações nas respostas de resistência e suscetibilidade quando diferentes genótipos de feijoeiro são submetidos à sua inoculação, indicando a necessidade de maior refinamento em sua caracterização. Ribeiro *et al.* (2016) relataram que a interação patógeno-hospedeiro envolvendo a raça 65 difere daquela observada em outras raças fisiológicas. Para essa raça, foram identificados dois genes de resistência com modo de ação dominante, enquanto, nas demais, os efeitos gênicos podem variar entre dominantes e aditivos. Esses resultados evidenciam a ampla variabilidade genética presente na raça 65 e sugerem que o conjunto atual de variedades diferenciadoras pode não ser suficiente para sua adequada classificação.

Marcadores Moleculares de genes de resistência

Marcadores moleculares constituem ferramentas amplamente utilizadas em programas de seleção assistida, uma vez que complementam a avaliação fenotípica e permitem análises baseadas diretamente no genótipo, o qual não sofre influência direta das variações ambientais, diferentemente do fenótipo (Collard & Mackill, 2008). Diversos marcadores já foram descritos na literatura para características de interesse agrônômico no feijoeiro, incluindo tolerância à seca, tipo de faseolina, resistência à mancha-angular e resistência à antracnose, entre outras (Perseguini *et al.*, 2016; Quat *et al.*, 2025; Vidak *et al.*, 2021).

De maneira geral, os marcadores genéticos podem ser agrupados em dois grandes conjuntos. O primeiro compreende os marcadores clássicos, baseados em características fenotípicas observáveis, como descritores morfológicos, citológicos e bioquímicos. O segundo

engloba os marcadores moleculares, fundamentados em variações detectadas diretamente no DNA. Entre esses sistemas destacam-se *Restriction Fragment Length Polymorphism* (RFLP), *Random Amplified Polymorphic DNA* (RAPD), *Amplified Fragment Length Polymorphism* (AFLP), *Simple Sequence Repeats* (SSR) e *Single Nucleotide Polymorphism* (SNP), os quais diferem quanto ao princípio de detecção, nível de polimorfismo e aplicabilidade em estudos genéticos (Kumar *et al.*, 2024).

Os microssatélites, também denominados *Simple Sequence Repeats* (SSR), consistem em regiões do genoma compostas por unidades curtas de 1 a 6 pares de bases repetidas em tandem, sendo mais frequentes repetições de dois, três ou quatro nucleotídeos. Esses marcadores apresentam herança codominante, elevada reprodutibilidade e alto nível de polimorfismo, características que justificam sua ampla aplicação em estudos de diversidade genética, mapeamento e melhoramento de plantas, especialmente na seleção assistida por marcadores moleculares (Faleiro, 2007; Benchimol-Reis *et al.*, 2006; De Almeida *et al.*, 2021; Paulino *et al.*, 2022).

Embora a resistência a *C. lindemuthianum* seja frequentemente descrita como monogênica, controlada por genes independentes do tipo *Co*, estudos têm demonstrado a presença de *loci* de resistência quantitativa (QRL) associados à doença (Kamiri *et al.*, 2021). Entre resistências qualitativas e quantitativas não existe uma delimitação rígida do fenótipo de resistência, podendo uma resposta específica resultar da interação entre diferentes *loci* de efeito quantitativo (Oblessuc *et al.*, 2014). Nesse contexto, os marcadores SSRs analisados neste estudo encontram-se em ligação com regiões associadas a QTLs associados a resistência a antracnose em feijão comum, os quais são definidos como regiões do genoma que contém um ou mais genes associados à variação fenotípica de características quantitativas (Brandenberger, 2022)

Oblessuc *et al.* (2014) descreveram a associação de diferentes microssatélites a QRL relacionados à resistência à antracnose em feijoeiro. O marcador SSR-IAC255.1 foi mapeado no QRL ANT02.1UC associado à resistência às raças 38 e 55. Para a raça 04, os marcadores SSR-IAC245, PvM40, SSR-IAC36 e SSR-IAC143 foram identificados em distintos QRL, correspondendo, respectivamente, a ANT04.1UC, ANT07.1UC, ANT08.2UC e ANT11.1UC, evidenciando a distribuição da resistência em diferentes regiões genômicas. O marcador SSR-IAC284 foi posicionado no QRL ANT07.2UC, conferindo resistência às três raças previamente citadas. No mesmo estudo, BM211 foi associado ao QRL ANT08.2, enquanto BM210 foi relacionado ao QRL ANT07.3.

Os marcadores SCARs (*Sequence Characterized Amplified Regions*) são desenvolvidos a partir de sequências previamente caracterizadas, sendo muitos obtidos por meio da conversão de marcadores RAPD (Faleiro, 2007). A principal vantagem dos SCARs em relação aos RAPDs reside na maior reprodutibilidade entre laboratórios, visto que os RAPDs apresentam elevada sensibilidade às condições de reação e menor especificidade. A conversão envolve o sequenciamento do fragmento RAPD de interesse e o desenvolvimento de *primers* específicos, geralmente com maior comprimento (aproximadamente 17–30 pb), o que confere maior especificidade e estabilidade à amplificação (Nietsche *et al.*, 2000; Jun *et al.*, 2002).

4.4. Murcha-de-Curtobacterium - *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens*

A murcha-de-curtobacterium é causada pela bactéria *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* (*Cff*) (Hedges) Collins & Jones. Trata-se de um microrganismo Gram-positivo, aeróbio obrigatório e móvel, geralmente por meio de um ou mais flagelos (Davis & Vidaver, 2001). No Brasil, esse patógeno foi relatado pela primeira vez em 1995, no estado de São Paulo.

A *Cff* apresenta variabilidade fenotípica, sendo descritas diferentes variantes patogênicas que se distinguem principalmente pela morfologia das colônias e pela coloração, incluindo colônias de coloração laranja, rosa, lilás, vermelha e amarela (Osdaghi *et al.*, 2024). No Brasil as variantes reportadas foram da coloração amarela, laranja e rosa (Osdaghi *et al.*, 2020). A principal via de disseminação do patógeno ocorre por meio de sementes, nas quais pode permanecer viável por longos períodos, com registros de sobrevivência de até 25 anos. As condições ambientais mais favoráveis ao desenvolvimento da doença incluem temperaturas superiores a 25 °C, associadas à alternância entre períodos úmidos e secos (Wendland, Junior & de Faria, 2018).

Em plantas, a sintomatologia caracteriza-se por murchamento e flacidez, com ocorrência de queima e encarquilhamento foliar, além de nanismo, indicando comprometimento do desenvolvimento vegetativo. Em sementes, a infecção pode ser evidenciada por enrugamento e descoloração do tegumento, aspecto particularmente relevante por estar diretamente relacionado ao papel da semente como principal fonte de inóculo e veículo de disseminação do patógeno (Wendland, Junior & de Faria, 2018).

A patogenidade de *Cff* tem sido associada, entre outros fatores, à formação de biofilme no sistema vascular do hospedeiro. Estudos indicam que esse biofilme pode comprometer a integridade dos vasos do xilema, ocasionando danos estruturais e contribuindo para a

degradação da lamela média, o que favorece a obstrução do fluxo de água e a intensificação dos sintomas (Osdaghi *et al.*, 2020). Considerando a dificuldade de controle da doença em condições de campo, a resistência genética tem sido apontada como uma estratégia relevante de manejo (Maringoni *et al.*, 2004). A herança da resistência é descrita como quantitativa e, em estudos internacionais, cultivares do tipo light red kidney e dark red kidney têm se destacado como fontes de resistência a três variantes de *Cff*, enquanto materiais de tegumento branco não apresentam fontes consistentes de resistência (Osdaghi *et al.*, 2020). No contexto nacional, foram relatadas cultivares com resposta favorável, como IAC Alvorada, IAC Carioca Aruã, IAC Carioca Akytã, IAC Carioca Pyatã, IAPAR 31, Ouro Branco, BRS Requite e BRSMG Realce, entre outras (Wendland, Junior & de Faria, 2018).

5. MATERIAL E MÉTODOS

5.1. *Colletotrichum lindemuthianum* – Agente causal da antracnose do feijoeiro

Obtenção de isolados do patógeno e identificação de raça fisiológica

Coletas de plantas de feijoeiro comum com antracnose foram realizadas em diferentes localidades do Brasil, sendo devidamente embaladas e identificadas, contendo o nome da cultivar, município, estado e data da coleta. As amostras foram enviadas para o Programa de Melhoramento Genético de Feijoeiro do Instituto Agronômico de Campinas (PMGF-IAC) para isolamento do fungo, preservação e posterior identificação da raça fisiológica.

O mapeamento das coletas e das raças associadas aos isolados foi realizado utilizando o software QGIS, versão 3.40.15.

Isolamento e purificação de colônias

Fragmentos de lesão de antracnose, causado pelo patógeno *C. lindemuthianum*, na vagem foram retirados da região de transição (tecido doente e sadio) e estes passaram por um processo de desinfestação superficial: 30 segundos em álcool 70%, 1 minuto em solução de hipoclorito de sódio a 2,0%, lavagem em água destilada autoclavada e por fim secagem em papel de filtro estéril. Esses fragmentos assépticos foram cortados em pedaços menores e depois colocados em placa de Petri contendo meio de cultura ágar batata dextrose (BDA). As placas foram incubadas em câmara demanda bioquímica de oxigênio (BOD) por até 10 dias a 22°C

com fotoperíodo de 12 h de luz. Uma vez detectada a incidência de colônia do patógeno *C. lindemuthianum* no meio, a mesma foi repicada para uma nova placa de Petri com BDA para crescimento puro. O isolado foi mantido em diferentes métodos de preservação (Castellani e papel de filtro) para posterior estudos.

Inoculação e identificação de raça fisiológicas

Após as colônias dos isolados estarem purificadas, o inóculo foi preparado seguindo a metodologia descrita por Cárdenas *et al.* (1964) e modificada pelo PMGF-IAC, onde um tubo de ensaio contendo ágar-água serviu de suporte para vagens de feijoeiro autoclavadas, e posteriormente foram retirados fragmentos de meio BDA contendo o isolado do patógeno esporulando e estes foram colocados em contato com a vagem do feijoeiro (Figura 1a e 1b).

Os tubos com as vagens inoculadas foram mantidos em BOD por 21 dias a $22\pm 2^{\circ}\text{C}$ com fotoperíodo de 12 h de luz. Após a colonização (Figura 1C), os tubos de ensaio com as vagens colonizadas pelo isolado receberam 10 mL de água destilada autoclavada (Figura 1d) e depois foram agitados vigorosamente de maneira manual com o intuito de liberar os esporos do fungo. A suspensão obtida foi filtrada em uma dupla camada de gaze para a retirada de impurezas e de micélios.

A suspensão de esporos filtrada teve sua concentração ajustada em câmara Neubauer para $1,0 \times 10^6$ conídios mL^{-1} , e posteriormente foi adicionado o espalhante (Tween 20) - 1 gota ($\cong 20\mu\text{L}$) para cada 100 mL de suspensão (Figura 1e).

As sementes das cultivares diferenciadoras foram colocadas em papel germitest previamente umedecido e depois acondicionados em BOD por 48 horas a $25\pm 2^{\circ}\text{C}$ com fotoperíodo de 12 h de luz. Com as radículas atingindo 2-3 cm, as plântulas foram transplantadas para bandejas de plástico contendo substrato autoclavado (2 x a 121°C por 1 h). Esse teste utilizou 10 repetições (sementes) por genótipo.

Cada isolado do fungo foi então inoculado com a suspensão de esporos ajustada separadamente em grupos contendo as 12 cultivares de feijoeiro diferenciadoras da raça de *C. lindemuthianum* (Pastor-corrales, 1991) (Tabela 1), com ajuda de um compressor de ar. A inoculação do isolado foi realizada no estágio V2 de crescimento das cultivares nas duas faces da folha primária e no caule (Figura 1f).

Tabela 1 - Variedades diferenciadoras para classificação de isolados de raças fisiológicas de *Colletotrichum lindemuthianum*, definidas por Pastor-Corrales (1991) e sistema binário definido na Primeira Reunião Latino Americana da Antracnose do Feijoeiro (CIAT, 1988).

Diferenciadora	Origem	Valor binário	Genes de resistência	Referências
Michelite	M	1	Co-11	Gonçalves-Vidigal <i>et al.</i> (2007)
Michigan Dark Red Kidney	A	2	Co-1	McRostie (1919); Young and Kelly (1997); Zuiderveen <i>et al.</i> (2016)
Perry Marrow	A	4	Co-1 ³	Melotto e Kelly (2000); Zuiderveen <i>et al.</i> (2016)
Cornell 49-242	M	8	Co-2	Mastenbroek (1960); Geffroy <i>et al.</i> (1998); Kelly & Vallejo (2004)
Widusa	A	16	Co-1 ⁵	Gonçalves-Vidigal e Kelly (2006)
Kaboon	A	32	Co-1 ²	Melotto e Kelly (2000); Zuiderveen <i>et al.</i> (2016)
México 222	M	64	Co-3	Bannerot (1965); Rodríguez-Suárez <i>et al.</i> (2008)
PI 207262	M	128	Co-4 ³ , Co-3 ³	Geffroy <i>et al.</i> (1999); Méndez- Vigo <i>et al.</i> (2005); Alzate-Marin <i>et al.</i> (2002);
TO	M	256	Co-4	Fouilloux (1976; 1979); Kelly and Vallejo (2004)
TU	M	512	Co-5	Fouilloux (1976); Young e Kelly (1997); Young <i>et al.</i> (1998); Campa <i>et al.</i> (2009)
AB 136	M	1024	Co-6, co-8	Schwartz <i>et al.</i> (1982); Gonçalves-Vidigal (2001); Kelly e Young (1996); Young e Kelly (1996); Alzate-Marin <i>et al.</i> (2000)
G 2333	M	2048	Co-4 ² , Co-5 ² , Co-3 ⁵	Young <i>et al.</i> (1998); Vallejo e Kelly (2009); Sousa <i>et al.</i> (2014)

M: Mesoamericano; A: Andino

Após a inoculação, os genótipos permaneceram em câmara de crescimento (Figura 1g) contendo controle de temperatura (ar-condicionado) e de umidade (aparelho de nebulização automático). Nas primeiras 72 horas, a temperatura foi mantida em 20±2°C, enquanto a umidade aumentou gradualmente a cada 24 horas, sendo 80% (24 horas), 90% (48 horas) e 100% (72 horas), e após esse período, a nebulização foi desativada e a temperatura ajustada para 22±2°C, permanecendo assim por 7 dias até posterior avaliação (total de 10 dias de incubação).

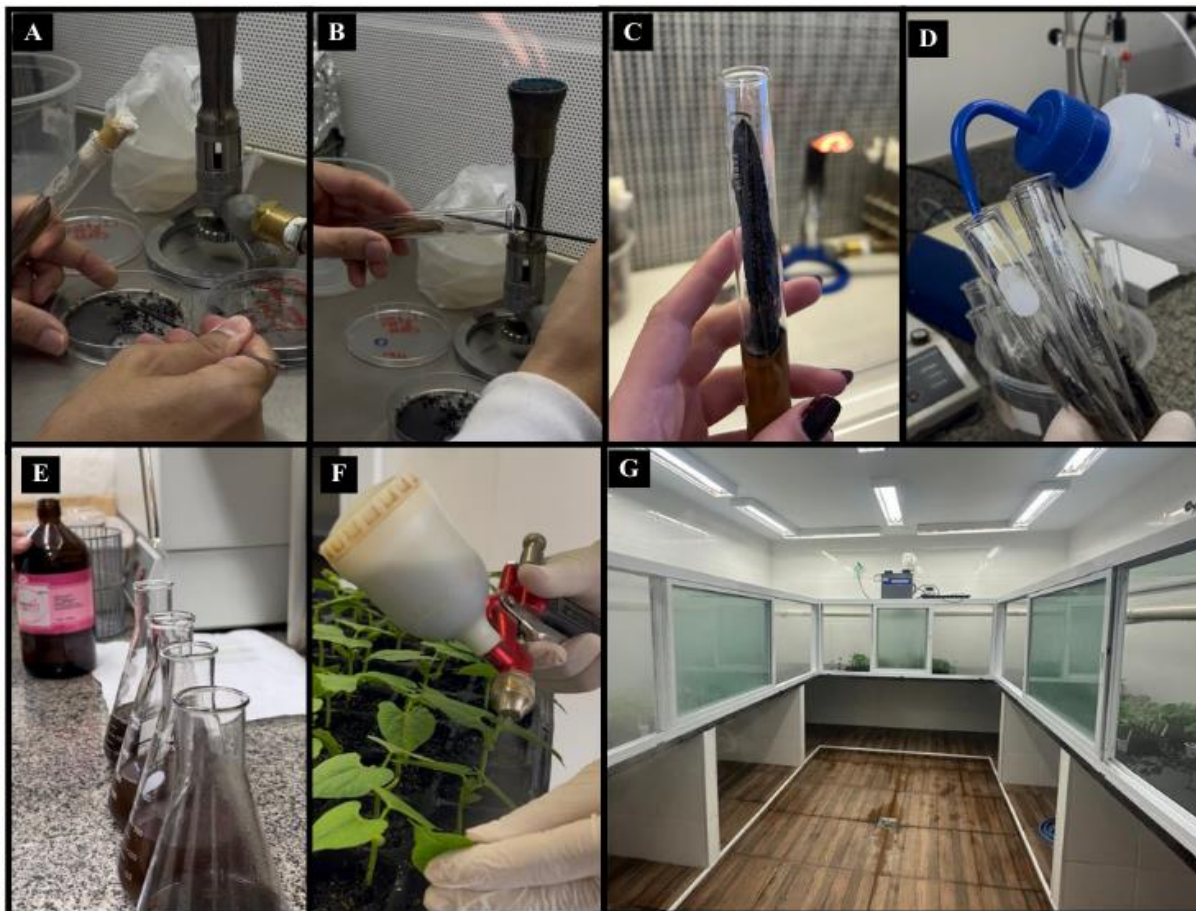


Figura 1 - Procedimentos para a inoculação de *Colletotrichum lindemuthianum* em feijoeiro. A: recorte da colônia em fragmentos; B: disposição do fragmento da colônia em vagem autoclavada; C: vagem colonizada após 21 dias em BOD; D: adição de água destilada autoclavada em tubos de ensaio contendo vagens colonizadas; E: suspensão de esporos recebendo gotas de Tween 20; F: inoculação de suspensão de esporos em plantas de feijoeiro; G: ambiente de incubação.

As plantas foram avaliadas seguindo uma escala de notas quanto à severidade da doença causada por cada isolado do fungo nas cultivares (Rava *et al.*, 1993), a qual segue descrita na Tabela 2 e Figura 2. Os resultados da identificação da raça fisiológica foram obtidos a partir da moda dos resultados de 10 repetições para cada cultivar suscetível ao isolado inoculado.

Tabela 2 - Escala de severidade da doença causada por *Colletotrichum lindemuthianum* em genótipos de feijoeiro.

Nota	Sintoma na planta
1	Ausência de sintomas
2	Face inferior das folhas apresentando 1% das nervuras com manchas necróticas
3	Aumento dos sintomas descritos na classe 2, podendo ser visto 3% das nervuras com manchas necróticas
4	Ambas as faces das folhas apresentando 1% das nervuras afetadas
5	Aumento dos sintomas descritos na classe 4, podendo ser visto 3% das nervuras com manchas necróticas
6	Manchas necróticas nas nervuras em ambas as faces das folhas e algumas lesões presentes nos pecíolos, ramos e talos;
7	Manchas necróticas estão presentes na maioria das nervuras e em grande parte do tecido do mesofilo adjacente, que se rompe. Há uma abundância de lesões nos talos, ramos e pecíolos;
8	Manchas necróticas estão presentes na quase totalidade das nervuras, causando rupturas, desfoliação e redução no crescimento das plantas. Há lesões muito abundantes nos talos, ramos e pecíolos;
9	Maiorias das plantas mortas

Fonte: Rava *et al.* (1993)

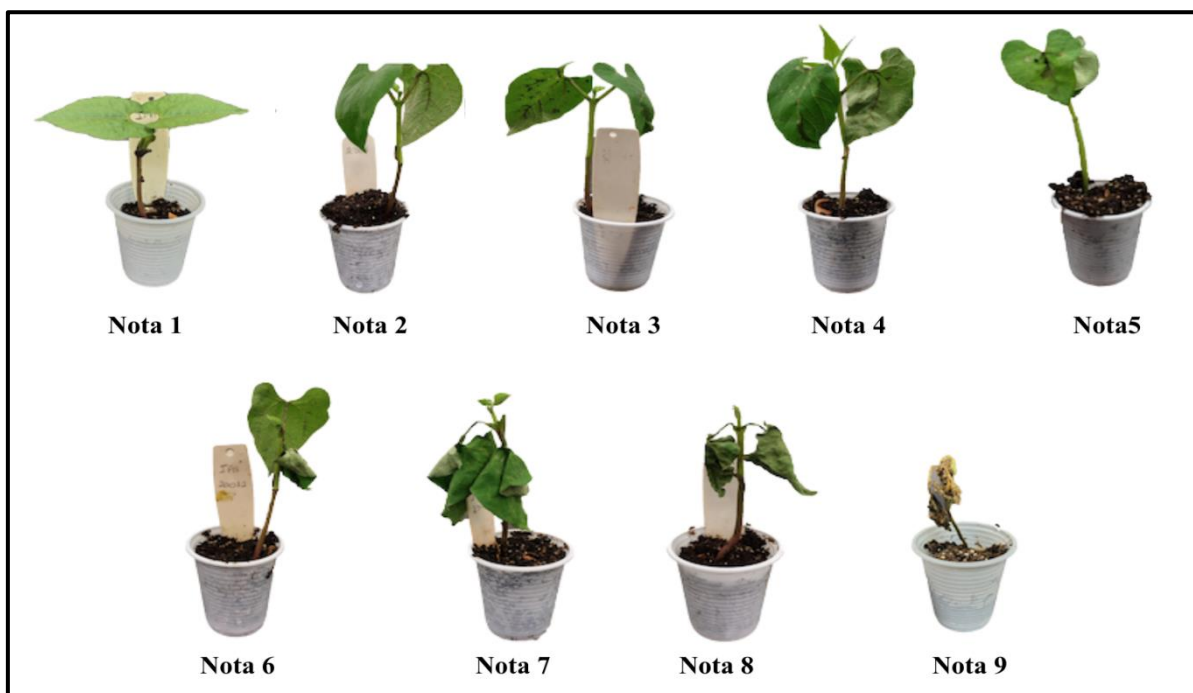


Figura 2 - Escala de sintomas causados após a inoculação de *Colletotrichum lindemuthianum* em genótipos de feijoeiro.

Inoculação e reclassificação da raça fisiológica 65 de *Colletotrichum lindemuthianum*

Para isolados previamente identificados como raça fisiológica 65, foi utilizada metodologia de diferenciação da variabilidade intraracial, descrita por Ishikawa *et al.* (2011) e modificada por Ribeiro *et al.* (2016) (Tabela 3). Neste teste foi utilizada a cultivar IPA 7919 como controle positivo (suscetível).

A inoculação dos isolados do fungo da raça 65, a incubação das plantas inoculadas e a avaliação da severidade da doença nas diferenciadoras seguiu as mesmas metodologias descritas anteriormente.

Tabela 3 - Cultivares diferenciadoras da raça fisiológica 65 de *Colletotrichum lindemuthianum* segundo metodologia proposta por Ishikawa *et al.* (2011) e modificada por Ribeiro *et al.* (2016).

Cultivar	Valor binário
BRS Estilo	1
BRSMG Majestoso	2
BRS Supremo	4
BRSMG União	8
BRS Valente	16
Ouro Vermelho	32
BRSMG Madrepérola	64
BRSMG Talismã	128
Ouro Negro	256
BRS Cometa	512
BRS Esplendor	1024
IPA 7919	Controle suscetível

Fonte: Ribeiro *et al.* (2016)

5.2. Teste de agressividade dos isolados identificados e triagem de cultivares/linhagens resistentes.

Foram inoculados, em genótipos selecionados para esta etapa do experimento, 31 isolados de *C. lindemuthianum*, incluindo aqueles pertencentes a novas raças fisiológicas previamente definidas, amostras provenientes da micoteca do PMGF-IAC e colônias puras fornecidas pela EMBRAPA. Os resultados foram obtidos a partir da média aritmética de 10 repetições para cada cultivar suscetível para cada isolado inoculado, conforme apresentado na Tabela 4.

Tabela 4 - Cultivares/Linhagens que foram utilizadas para a análise de virulência dos isolados de *Colletotrichum lindemuthianum*.

Genótipos	Detentor	Tegumento
IAC Carioca Tybatã	Instituto Agronômico de Campinas - IAC	Carioca
IAC Sintonia	Instituto Agronômico de Campinas - IAC	Carioca
IAC 1849 Polaco	Instituto Agronômico de Campinas - IAC	Carioca
IAC 1850	Instituto Agronômico de Campinas - IAC	Carioca
IAC 2051	Instituto Agronômico de Campinas - IAC	Carioca
IAC 2560 Nelore	Instituto Agronômico de Campinas - IAC	Carioca
Linhagem 10	Instituto Agronômico de Campinas - IAC	Carioca
ANFC 22	Agronorte	Carioca
IPR Sabiá	Instituto de Desenvolvimento Rural do Paraná - IDR	Carioca
IPR Águia	Instituto de Desenvolvimento Rural do Paraná - IDR	Carioca
TAA Dama	Agropecuária Terra Alta	Carioca
TAA Mahre	Agropecuária Terra Alta	Carioca
BRS Estilo	Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - EMBRAPA	Carioca
BRS 104	Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - EMBRAPA	Carioca
BRS 402	Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - EMBRAPA	Carioca
BRS 415	Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - EMBRAPA	Carioca
IAC Diplomata	Instituto Agronômico de Campinas - IAC	Preto
IAC Una	Instituto Agronômico de Campinas - IAC	Preto
IAC Veloz	Instituto Agronômico de Campinas - IAC	Preto
IAC 2358 Unamax	Instituto Agronômico de Campinas - IAC	Preto
IPR Urutau	Instituto de Desenvolvimento Rural do Paraná - IDR	Preto
IPR Tuiuiú	Instituto de Desenvolvimento Rural do Paraná - IDR	Preto
BRS 403	Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - EMBRAPA	Preto
BRS 417	Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - EMBRAPA	Preto
Gen 20-39-11	Instituto Agronômico de Campinas - IAC	Preto
IPA 7919*	Instituto Agronômico de Pernambuco - IPA	Mulatinho

*: controle suscetível

A incubação das plantas inoculadas e a avaliação da severidade da doença nas plantas seguiu as mesmas metodologias descritas anteriormente.

Para quantificar a resposta das cultivares aos diferentes isolados do patógeno, calculou-se o Índice de Suscetibilidade (IS) enquanto o Índice de Agressividade (GA) foi determinado para comparar a virulência entre isolados de uma mesma raça fisiológica, seguindo e modificando o método proposto por Balardin & Kelly (1998), utilizando as seguintes fórmulas:

$$IS = \frac{S}{T} \cdot 100$$

$$IA = \frac{S_1}{T} \cdot 100$$

Onde:

IS: Índice de Suscetibilidade (apresentado em %);

IA: Índice de Agressividade (apresentado em %);

S: Número de plantas suscetíveis da cultivar testada com diversos isolados individualmente;

S₁: Número de plantas suscetíveis testada com o mesmo isolado;

T: Número total de plantas.

O IS avalia a vulnerabilidade das plantas à infecção, enquanto o IA classifica a capacidade dos isolados em superar resistências, permitindo selecionar os mais agressivos para compor a mistura de suspensão de esporos a ser inoculada em gerações segregantes. A seleção considera, prioritariamente, os genes de resistência que cada isolado é capaz de quebrar nas cultivares diferenciadoras (Tabela 1). Em casos de dúvida entre dois isolados pertencentes à mesma raça fisiológica, recorre-se ao IA como critério decisivo.

5.3. Genealogia

Após a realização do ensaio anterior e conhecendo os materiais resistentes à maioria dos isolados do patógeno identificados quanto à raça, foram realizados cruzamentos entre as fontes resistentes e cultivares elite (suscetíveis à *C. lindemuthianum*), sendo uma de tegumento carioca e outra de tegumento preto. A de tegumento preto serviu como doadora de genes resistentes para a cultivar IAC Veloz e a de tegumento carioca como doadora para a cultivar IAC 2051, respeitando as características das cultivares/linhagens como descrito na Tabela 5.

Os cruzamentos foram realizados no período da manhã e ao entardecer, em temperaturas na medida do possível abaixo de 22°C. As plantas foram alocadas em casa de vegetação com regulação de temperatura e irrigação automática.

A geração F₁ proveniente de cada cruzamento foram retrocruzadas duas vezes com as cultivares recorrentes IAC Veloz e IAC 2051, com o intuito de manter o ideótipo destas cultivares que já são conhecidas e aprovadas por agricultores, procurando-se adicionar a resistência genética às principais raças do patógeno. Após retrocruzamentos, as famílias seguiram por método genealógico, onde cada indivíduo gerou uma família F₃ ou F₃RC₂.

Tabela 5 - Cultivares/Linhagens utilizadas para cruzamentos e retrocruzamentos entre fontes potenciais de resistência à *C. lindemuthianum*.

Genótipos	Tipo de tegumento	Porte	Tipo	Ciclo (Dias)	Parental
IAC Veloz	Preto	Ereto	Determinado Tipo I	75	Recorrente
IAC 2051	Carioca	Semi-Ereto	Indeterminado Tipo II	88	Recorrente
Linhagem 10	Carioca	Semi- Ereto	Indeterminado Tipo II	88	Doador
IAC Sintonia	Carioca	Semi- Ereto	Indeterminado Tipo II	90	Doador
IAC 2560 Nelore	Carioca	Semi-Ereto	Indeterminado Tipo II	80	Doador
IAC Diplomata	Preto	Ereto	Indeterminado Tipo II	92	Doador
Gen 20-39-11	Preto	Ereto	Determinado Tipo I	75	Doador
IAC Una	Preto	Semi-Ereto	Indeterminado Tipo II	98	Doador

As sementes foram semeadas em junho de 2024 e, em agosto do mesmo ano, foram realizados os cruzamentos entre os genótipos, utilizando as cultivares IAC Veloz e IAC 2051 como parentais, conduzidos separadamente de acordo com a coloração do tegumento. As vagens oriundas da polinização artificial, correspondentes à geração F_1 , foram colhidas em setembro de 2024, resultando na obtenção de seis famílias F_1 , sendo três de tegumento preto e três de tegumento carioca.

Dez sementes das seis famílias F_1 foram semeadas em setembro de 2024, em duas épocas distintas, com intervalo de 15 dias entre elas, de acordo com a disponibilidade de sementes. Assim, no início de dezembro de 2024 foram colhidos os descendentes correspondentes às gerações F_1RC_1 e F_2 . Foram obtidas seis famílias da geração F_2 , de ambos os tipos de tegumento (preto e carioca), das quais 40 indivíduos foram semeados para avaliação de resistência a *C. lindemuthianum*, utilizando os isolados/raças CL2405/R-467, CL2401/R-65.69, CL1931/R-585 e CL2404/R-81. O preparo do inóculo dos isolados/raças, inoculação, incubação e avaliação seguiram metodologias previamente já descritas. Dez indivíduos, de cada família, identificados como resistentes foram transplantados para vasos em março de 2025, entretanto, 20 indivíduos foram perdidos em decorrência de estresse térmico e déficit hídrico. Ao todo, 42 indivíduos (20 de tegumento preto e 22 de tegumento carioca) completaram o ciclo até a colheita, realizada em junho de 2025, originando as famílias da geração F_3 .

Das 42 famílias F_3 obtidas, aquelas com maior número de sementes e com características desejáveis de grão foram selecionadas para semeadura em solo, realizada em setembro de 2025. No estágio vegetativo R8, 12 famílias (seis de tegumento preto e seis de tegumento carioca) foram avaliadas quanto às características fenotípicas, com atribuição de notas por família. Após a colheita, realizada em novembro de 2025.

A geração F_1RC_1 foi semeada em janeiro de 2025, e os retrocruzamentos foram realizados em março do mesmo ano. A colheita das gerações F_1RC_2 e F_2RC_1 ocorreram em abril de 2025. Durante a colheita da geração F_2RC_1 , as famílias de tegumento preto foram misturadas, inviabilizando a rastreabilidade genealógica, razão pela qual foram descartadas. Nas três famílias de tegumento carioca, não foram realizados testes adicionais nessa etapa.

Por fim, realizou-se o plantio da geração F_1RC_2 em abril de 2025, resultando na geração segregante F_2RC_2 , composta por três famílias de tegumento preto e três famílias de tegumento carioca, colhidas em julho de 2025. Inicialmente, as famílias de tegumento carioca foram avaliadas quanto à coloração das sementes (vide item 4.4), sendo observada elevada segregação

em uma das famílias, a qual foi subdividida em três subfamílias, totalizando cinco famílias de tegumento carioca.

Posteriormente, para as oito famílias, sendo três de tegumento preto e cinco de tegumento carioca, foi conduzido experimento de resistência a *C. lindemuthianum* utilizando uma mistura dos isolados/raças CL2405/R-467, CL2401/R-65.69, CL1931/R-585, CL2404/R-81 e CL2504/R-407. Foram transplantadas 50 sementes por família, contudo, em função de perdas variáveis entre famílias, foram obtidos entre 39 e 49 indivíduos com sanidade e vigor adequados para avaliação da antracnose. O preparo do inóculo dos isolados/raças, inoculação, incubação e avaliação seguiram metodologias previamente já descritas (vide item - Inoculação e identificação de raça fisiológicas).

Todos os indivíduos resistentes das famílias da geração F₂RC₂ foram transplantados para vasos contendo solo, com exceção de um indivíduo que não sobreviveu ao transplante. Em seguida, procedeu-se à extração de DNA para análises moleculares utilizando marcadores SCAR e SSR. A extração foi realizada de forma que permitisse a manutenção das plantas em casa de vegetação até a colheita, que originou 38 famílias da geração F₃RC₂. Nesta última geração, foi realizada a avaliação de resistência a *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens*.

5.4. Coloração de Grãos – Tegumento carioca

O teste de coloração dos grãos foi realizado após a observação de segregação fenotípica em uma família da geração F₂RC₂ de tegumento carioca. A coloração foi quantificada por meio de colorímetro (Konica Minolta CR-410), utilizando o parâmetro L*, que varia de 0 (preto) a 100 (branco), indicando a luminosidade do grão.

Os grãos foram dispostos em recipientes apropriados e avaliados em triplicata quanto à coloração (Figura 3). Os dados obtidos foram submetidos à análise estatística no programa R (versão 4.5.2), utilizando o ambiente de desenvolvimento RStudio, empregando-se o teste de comparação de médias de Tukey.

As cultivares IAC 2051 e IAC 2560 Nelore foram utilizadas como controles, por apresentarem coloração compatível com o padrão atualmente exigido pelo mercado.

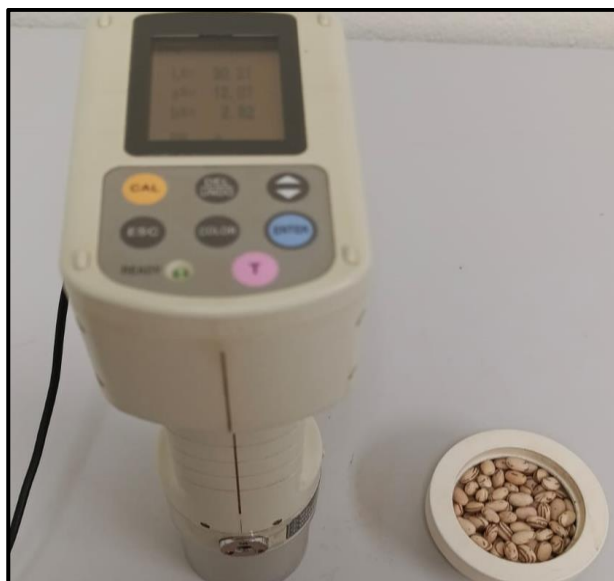


Figura 3 - Colorímetro Konica Minolta CR-410 empregado na avaliação da coloração dos grãos, com recipiente específico para a leitura das amostras.

5.5. Características morfo-agronômica em geração F₃

Os genótipos da geração F₃ foram avaliados após a semeadura em solo, sendo as linhas de plantio dimensionadas de acordo com a quantidade de sementes obtidas na geração F₂. As avaliações foram realizadas observando características dentro e entre famílias.

Neste teste de avaliação, os genótipos foram classificados em escala de notas de um a cinco, referente ao seu valor agrônomo, sendo cinco e quatro indicativos de excelente sanidade, com porte ereto e semi-ereto, respectivamente, três correspondente à sanidade moderada, com presença de patógenos e porte ereto ou semi-ereto, nota dois sendo indicativo de baixa sanidade, com alta ocorrência de plantas mortas, e um representando elevada mortalidade na parcela devido à incidência de patógenos. Além disso, foram avaliados o ciclo, o hábito e o tipo de crescimento, bem como o comprimento da guia. Quanto ao hábito de crescimento, os genótipos foram classificados como determinado (D), indeterminado (I) ou segregante entre determinado e indeterminado (DI).

5.6. Marcadores Moleculares – Scar e Microsatélites

A extração de DNA foi realizada de plantas da geração F₂RC₂ retirando-se folhas em início de desenvolvimento e maceradas em nitrogênio líquido, utilizando o kit da ProMega Wizard® Genomic DNA Purification, e quantificando e verificando a qualidade do DNA

extraído por meio do espectrofotômetro NanoPhotometer N60 (Implen), aceitando razão 260/280 e 260/230, de 1.8 e 1.6-2.5, respectivamente. A reação de PCR para marcadores moleculares SCAR foi feita com 8,0µL de GoTaq® Green Master Mix; 8,0µL de Nuclease-Free Water; 2,0µL de cada primer (10mM) e 5,0µL de DNA (10ng/µL). Para a reação com marcadores SSR foi utilizado 12,0µL de GoTaq® Green Master Mix; 3,5µL de Nuclease-Free Water; 2,0µL de cada primer (10mM) e 5,0µL de DNA (10ng/µL). As amplificações foram realizadas em termociclador BioRad T100™ Thermal Cycler utilizando programas de PCR específicos para cada par de primers.

Os marcadores SCAR utilizados foram SAB3, SH18, SBB14, SW12, SZ20, SZ04, SQ4, SY20, SC08, SB12 e SF10, utilizando programação específica de PCR descrita em Bean Improvement Cooperative (2010). Entre os marcadores SSR utilizados foram CV542014 (Gonçalves-Vidigal *et al.* 2011), PV-atcc003 e PVctt001 (Yu *et al.*, 2000;), BMd-25 (Blair *et al.*, 2003) BM210, BM211, SSR-IAC143, BM156 (Gaitán-Solís *et al.*, 2002), SSR-IAC255.1, SSR-IAC245, SSR-IAC284, SSR-IAC254 (Oblessuc *et al.*, 2014), SSR-IAC36 (Benchimol-Reis *et al.*, 2007) SSR-IAC167 (Cardoso *et al.*, 2008), PvM40 (Hanai *et al.* 2007) e PvBR251 (Grisi *et al.*, 2007).

O marcador CV542014 está posicionado em Pv01 e encontra-se ligado ao alelo *Co-1*⁴, identificado em estudos envolvendo o cruzamento entre TU e MDRK (Campa *et al.*, 2009; Campa *et al.*, 2017; Nay *et al.*, 2019). Esse alelo integra o cluster *Co-1* e confere resistência às raças 3, 7, 9, 17, 19, 23, 39, 64, 65, 73, 81, 89, 1545, 2047 e 3481 (Nunes *et al.*, 2017).

Em Pv02, localizam-se os marcadores PvBR251 (Grisi *et al.*, 2007) e SSR-IAC255.1 (Oblessuc *et al.*, 2014). Ainda nesse mesmo cromossomo, o marcador BM156 foi descrito como pertencente ao cluster *Co-17* (Jiménez & Korpelainen, 2012; Campa *et al.*, 2017).

O marcador IAC167 foi mapeado em Pv03 (Perseguini *et al.*, 2016). Em Pv04, situam-se PVctt001, associado ao alelo *Co-3* (Blair *et al.*, 2003; Campa *et al.*, 2017), e IAC245 (Oblessuc *et al.*, 2014).

Os marcadores IAC284, Pv-atcc003, BM210 e PvM40 estão posicionados em Pv07, sendo BM210 descrito como próximo ao gene *Co-5* (Burle *et al.*, 2010; Oblessuc *et al.*, 2014), enquanto os demais também apresentam associação com regiões relacionadas à resistência.

Em Pv08 encontram-se Bmd-25 (Blair *et al.*, 2003), SSR-IAC36, IAC254 e BM211 (Oblessuc *et al.*, 2014). Por fim, SSR-IAC143 foi descrito em Pv11 (Oblessuc *et al.*, 2014).

Os amplicons foram separados por eletroforese em gel de agarose a 2%, corando com 3µL de mistura de Loading Buffer + Gel Red para cada 3 µL de amplificado. Para marcadores

do tipo SSR foi realizada eletroforese em Fragment Analyzer (*Advanced Analytical*, EUA) e o kit DNF-905-K1000 (Agilent Technologies), permitindo a visualização de polimorfismos de 3 a 6 pares de bases entre os genótipos analisados.

As análises de divergência genética, por meio da Análise de Coordenadas Principais (PCoA), foram realizadas utilizando o suplemento GenAlEx, enquanto o conteúdo de informação polimórfica (PIC) foi obtido com o auxílio do suplemento MSTools, sendo os valores calculados conforme a metodologia proposta por Botstein *et al.* (1980) onde marcadores com valores de PIC superiores a 0,50 são considerados altamente informativos, entre 0,25 e 0,50, mediantemente informativos e inferiores a 0,25, pouco informativos. Todas as análises foram conduzidas no ambiente do Microsoft Excel®.

A similaridade genética entre os genótipos foi estimada a partir dos marcadores SSR polimórficos. A distância genética modificada de Rogers foi calculada e utilizada para a construção do dendrograma pelo método UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*). As análises foram realizadas no *software* R (versão 4.5.2), utilizando o ambiente de desenvolvimento Rstudio.

5.7. Resistência de genótipos para *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens*

Para o teste de resistência à murcha-de-*Curtobacterium* na geração F₃RC₂ foi realizada a inoculação de *C. flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens*, utilizando-se a estirpe IBSBF 2869, cedida pelo Instituto Biológico. A metodologia de inoculação adotada baseou-se em Maringoni (2002).

Inicialmente, a colônia bacteriana foi estriada a partir de cultura permanente em placas contendo meio de cultura *Nutrient Agar* (NA) e incubada em câmara tipo BOD, por 72 horas, a 28 °C sem fotoperíodo. Plantas com aproximadamente 10 dias após a germinação, no estágio fenológico V₂, foram inoculadas com o auxílio de uma agulha previamente imersa na colônia bacteriana (Figura 4a). A inoculação consistiu na realização de duas punções na região compreendida entre os cotilédones e as folhas primárias (Figura 4b).

Os tratamentos consistiram de 38 genótipos da geração F₃RC₂, seus parentais e os tratamentos controle positivo e negativo foram realizados na cultivar IAC 2051. A avaliação da severidade da doença nas plantas foi realizada 10 dias após a inoculação, utilizando a escala de notas proposta por Krause (2009) (Tabela 6 e Figura 4c).

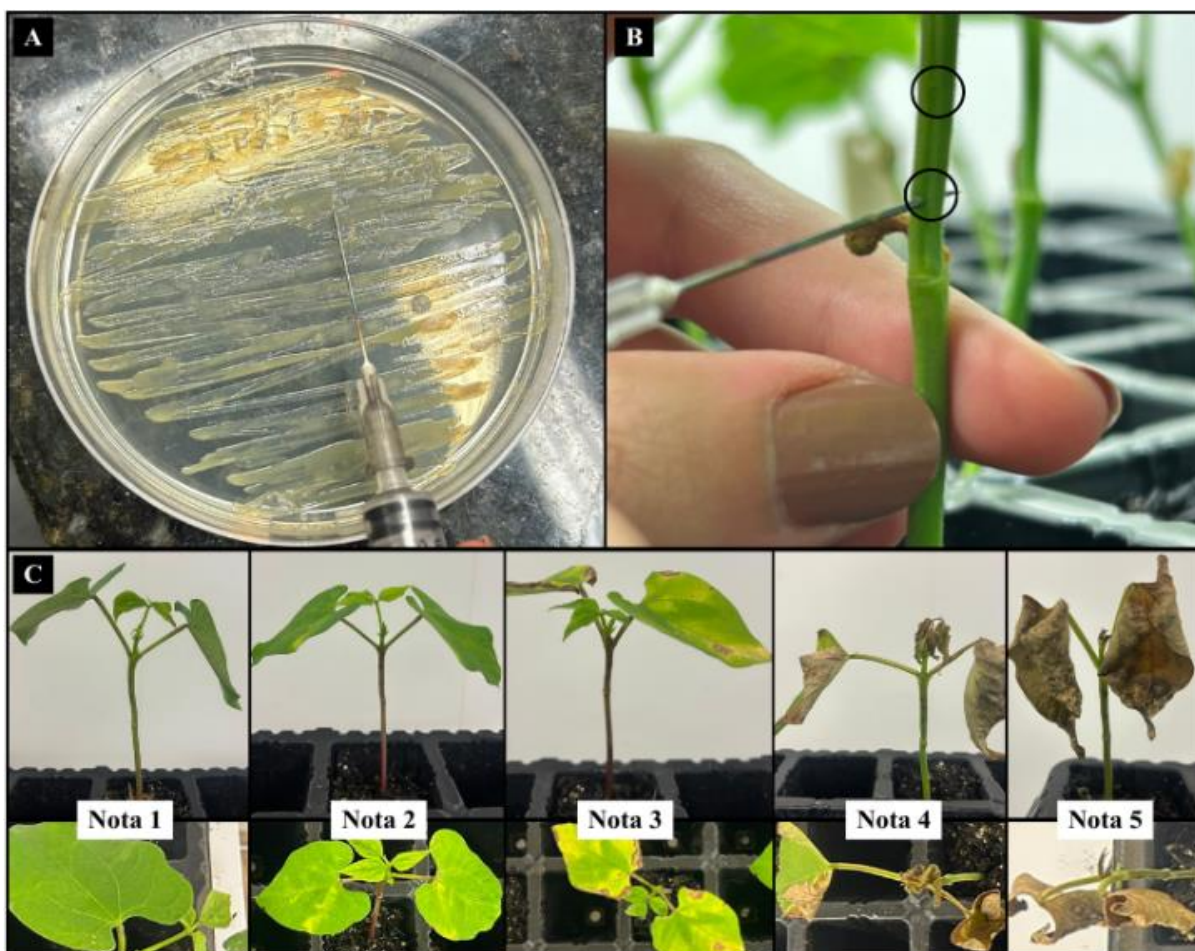


Figura 4 - Método de inoculação de *C. flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* e sintomas após a inoculação. A-Introduzindo a agulha no meio de cultura contendo colônias de *C. flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens*; B – Inoculação com destaque para os dois pontos de pulção; C- Imagens da escala sintomatológica.

Tabela 6 - Escala de notas para avaliar a severidade da doença causada *C. flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* em plantas de feijoeiro-comum (Krause, 2009).

Nota	Níveis da sintomatologia
1,0	10% de murchamento na planta
2,0	10-25%
3,0	25-50%
4,0	50-75%
5,0	Acima de 75%

6. RESULTADOS E DISCUSSÃO

6.1. Identificação de raça fisiológica dos isolados obtidos

Os isolados CL 2307 e CL 2401 foram inicialmente identificados como pertencentes à raça fisiológica 65. Esses isolados foram posteriormente inoculados em cultivares diferenciadoras com o objetivo de avaliar a variabilidade intrarracial, sendo então

reidentificados como pertencentes às raças específicas 805 e 69, respectivamente. Dessa forma, a nomenclatura final atribuída a esses isolados passou a ser 65.805 e 65.69 (Tabela 7).

Os isolados identificados estão descritos no Tabela 7 e distribuídos entre diferentes estados brasileiros. Foi identificado um isolado proveniente do estado da Bahia, classificado como raça fisiológica 81 (R-81), e um isolado do estado de Goiás, pertencente à raça R-467. No estado de Minas Gerais, foram identificados quatro isolados, classificados como R-521, R-65.805, R-409 e R-403 (Tabela 7).

No estado de São Paulo, foram coletados três isolados, pertencentes às raças R-479, R-467 e R-475. Por fim, o estado do Paraná apresentou o maior número de isolados, totalizando 12, distribuídos entre as raças R-65.69, R-81, R-87, R-73, R-89, R-407, R-411, R-465, R-467 e R-475, sendo esta última representada por dois isolados (Tabela 7).

Tabela 7 - Identificação de isolados de *Colletotrichum lindemuthianum* quanto às raças fisiológicas, obtidos de diferentes regiões e cultivares.

Estado	Cidade	Cultivar infectada	Data	Identificação	Raças fisiológicas
BA	Mucugê	IAC 1850	2024	CLI 2407	81
GO	Rio Verde	IAC Veloz	2023	CLI 2308	467
MG	Araxá	IAC 1850	2023	CLI 2303	521
	Alfenas	TAA DAMA	2023	CLI 2307	65.805
	Patos de Minas	IAC 2051	2025	CLI 2516	409
	Araguari	IAC 2051	2025	CLI 2517	403
SP	Capão Bonito	Gen 19-46-05	2024	CLI 2402	479
	Capão Bonito	Gen 19-39-02	2024	CLI 2405	467
	Votuporanga	IAC 2051	2025	CLI 2518	475
PR	Mangueirinha	IAC Veloz	2023	CLI 2403	475
	Castro	BRS 414	2025	CLI 2511	475
	Pato Branco	IAC 2358 Unamax	2023	CLI 2401	65.69
	Pato Branco	IAC 2051	2023	CLI 2404	81
	Pato Branco	IPR Urutau	2023	CLI 2406	87
	Guarapuava	IPR Tuiuiú	2025	CLI 2501	73
	Guarapuava	BRS 403	2025	CLI 2502	89
	Guarapuava	IPR Urutau	2025	CLI 2504	407
	Guarapuava	IAC 2560 Nelore	2025	CLI 2505	411
	Guarapuava	IAC 2358 Unamax	2025	CLI 2506	89
	Guarapuava	TAA Dama	2025	CLI 2514	467
	Guarapuava	IAC 2561 (Tiger)	2025	CLI 2515	465

A maior concentração de isolados observada no estado do Paraná reflete, em parte, a relevância da região na produção nacional de feijão, ocupando a primeira posição no ranking brasileiro, seguida por Minas Gerais e Bahia (CONAB, 2026). Contudo, esse padrão também está associado ao maior esforço amostral realizado no estado ao longo do período de coleta, conforme evidenciado na Figura 5.

Ao analisar as raças fisiológicas classificadas nos dois principais estados produtores de feijão no Brasil (Paraná e Minas Gerais), observa-se ampla variabilidade de perfis de virulência. Foram identificadas raças capazes de infectar diferenciadoras do pool gênico Mesoamericano, como Michelite, Cornell 49-242, México 222, PI 207262, TO e TU, bem como raças virulentas às diferenciadoras Andinas, incluindo Michigan Dark Red Kidney, Perry Marrow e Widusa. Esse cenário é coerente com a constatação de que, tanto em Minas Gerais quanto no Paraná, há cultivo simultâneo de genótipos pertencentes aos dois pools gênicos, como as cultivares andinas IAC 2153, IAC 2156 e IAC 2157, e as mesoamericanas IAC Veloz, IAC 2051 e IAC 2358 Unamax, entre outras (dados obtidos a partir de autorizações de cultivo emitidas pelo PMGF-IAC ao MAPA – SIGEF).

Fayaz *et al.* (2026) demonstraram que populações do patógeno provenientes de regiões onde ocorre o cultivo de materiais dos pools Andino e Mesoamericano tendem a apresentar maior variabilidade. Esse padrão está em consonância com a dinâmica de coevolução descrita por Chiorato *et al.* (2006), segundo a qual genótipos oriundos de diferentes pools genéticos podem exercer pressões seletivas distintas sobre a população do patógeno, resultando em respostas diferenciadas de virulência.

Ainda assim, destaca-se que os isolados pertencentes às raças 65, 73, 81 e 87, identificados neste estudo, já vinham sendo reportados como os mais recorrentes em território brasileiro, conforme descrito por Carneiro *et al.* (1999) e Alzate-Marin & Sartorato (2004), indicando a persistência e ampla adaptação dessas raças ao longo do tempo. Esse padrão reforça a relevância do monitoramento contínuo da variabilidade racial do patógeno para o manejo da antracnose e o direcionamento de programas de melhoramento genético.

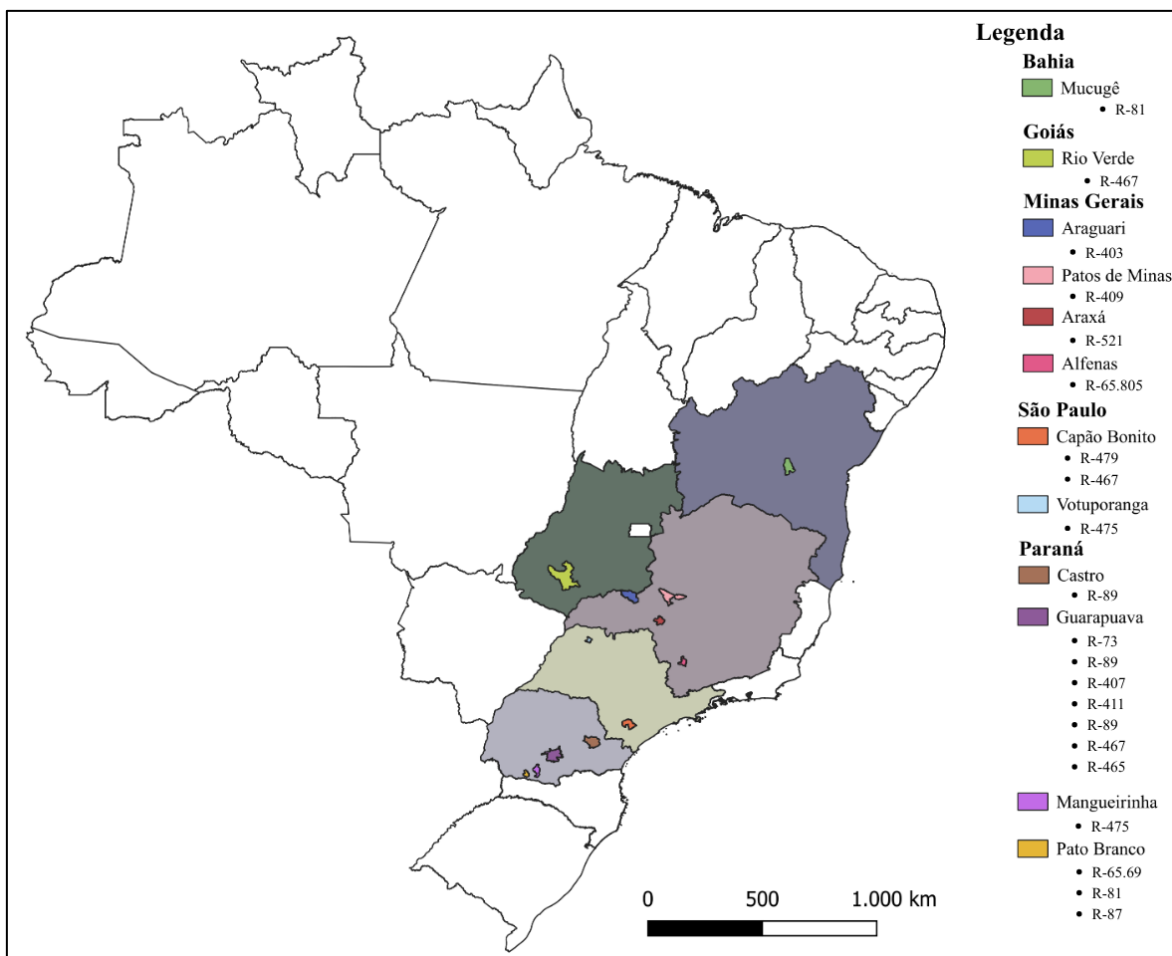


Figura 5 – Mapa de localização dos isolados coletados em relação às suas respectivas raças fisiológicas.

Raça 65

Os isolados classificados como raça 65 foram patogênicos às cultivares diferenciadoras Michelite (Co-11) e México 222 (Co-3), indicando capacidade de superar a resistência conferida por esses genes. Na nomenclatura anterior, isolados equivalentes eram enquadrados no grupo Alfa, raça fisiológica Epsilon (Rava *et al.*, 1994). No presente estudo, dois isolados foram enquadrados nessa raça, coletados em Minas Gerais e Paraná (Tabela 7).

A raça 65 apresenta ampla ocorrência no Brasil, com registros frequentes em Minas Gerais (Alzate-Marin & Sartorato, 2004; Silva *et al.*, 2007; Talamini *et al.*, 2004; Barcelos *et al.*, 2011; Pinto *et al.*, 2012) e no Paraná (Mesquita *et al.*, 1998; Rava *et al.*, 1994; Carneiro, 1998; Thomazella *et al.*, 2002; de Oliveira *et al.*, 2014). Também há relatos em outros estados, como Goiás, Espírito Santo, Bahia e Paraíba (Rava *et al.*, 1994), São Paulo e Santa Catarina (Carbonell *et al.*, 1999; Ribeiro *et al.*, 2016; Gonçalves-Vidigal *et al.*, 2008), além do Distrito Federal, Mato Grosso do Sul e Rio Grande do Sul (Alzate-Marin & Sartorato, 2004). Esse

conjunto de evidências corrobora a disseminação nacional da raça, conforme destacado por Paulino (2022).

Em nível internacional, a raça 65 foi reportada em sete países, incluindo México, Equador, Argentina, Estados Unidos, África do Sul e Índia (Nunes *et al.*, 2021), sugerindo ampla circulação do patógeno com esse perfil de virulência.

Neste estudo, foi empregada uma notação mais específica para a raça 65, refletindo a variabilidade genética intrarracial. O isolado de Alfenas (MG) foi designado como 65.805, enquanto o isolado de Pato Branco (PR) foi designado como 65.69. Como a metodologia proposta por Ishikawa *et al.* (2011) e modificada por Ribeiro *et al.* (2016) ainda é pouco difundida e carece de padronização, não foi possível identificar isolados diretamente comparáveis na literatura, o que limita a discussão de correspondências exatas.

Raça 73

A raça 73 foi caracterizada por patogenicidade sobre Michelite (Co-11), Cornell 49-242 (Co-2) e México 222 (Co-3), indicando um espectro de virulência capaz de superar múltiplas fontes clássicas de resistência. Na classificação anterior, essa raça estava associada ao grupo Alfa e à raça fisiológica Alfa-Brasil (Rava *et al.*, 1994). No presente estudo, um isolado foi classificado como raça 73, coletado em Guarapuava (PR) em 2025, a partir da cultivar IPR Tuiuiú (Tabela 7).

No Brasil, trata-se de uma raça frequentemente relatada, com recorrência no Paraná (Carneiro, 1998; Alzate-Marin & Sartorato, 2004; Gonçalves-Vidigal *et al.*, 2008; de Oliveira *et al.*, 2014; Uchôa *et al.*, 2015; Xavier *et al.*, 2018) e presença em diversos outros estados, como Minas Gerais, Goiás, Santa Catarina, Rio Grande do Sul, Espírito Santo, Distrito Federal, Mato Grosso do Sul, São Paulo e Rio de Janeiro (Carbonell *et al.*, 1999; Alzate-Marin & Sartorato, 2004; Silva *et al.*, 2007; Gonçalves-Vidigal *et al.*, 2008; Barcelos, Souza & Silva, 2011; Ribeiro *et al.*, 2016).

Nos registros de coleções e micotecas, a raça 73 aparece como uma das mais difundidas geograficamente, com ocorrência relatada em México, Costa Rica, Honduras, Guatemala, Canadá, Porto Rico e Índia (Nunes *et al.*, 2021). Esse padrão reforça seu caráter cosmopolita e sua relevância para estratégias de resistência.

Raça 81

A raça 81 apresentou compatibilidade com as diferenciadoras Michelite (Co-11), Widusa (Co-15) e México 222 (Co-3). Na classificação antiga, era incluída no grupo Alfa e na raça fisiológica Eta (Rava et al., 1994). No presente estudo, dois isolados foram classificados como raça 81, provenientes da Bahia e do Paraná (Tabela 7).

Há registros prévios dessa raça no Paraná (Rava et al., 1994; Carneiro, 1999; Barcelos, Souza e Silva, 2011; Uchôa et al., 2015; Xavier et al., 2018), bem como em São Paulo, Minas Gerais, Bahia, Pernambuco, Santa Catarina, Goiás, Distrito Federal e Mato Grosso do Sul (Rava et al., 1994; Carbonell et al., 1999; Alzate-Marin & Sartorato, 2004; Gonçalves-Vidigal et al., 2008; Pinto et al., 2012; Ribeiro et al., 2016).

Quanto à distribuição fora do território nacional, essa raça foi relatada em sete países, com registros em Argentina, Uganda, África do Sul, China, Japão e Bulgária (Nunes et al., 2021).

Raça 87

A raça 87 apresentou um espectro de virulência capaz de infectar as diferenciadoras: Michelite (Co-11), Michigan Dark Red Kidney (Co-1), Perry Marrow (Co-13), Widusa (Co-15) e México 222 (Co-3). Neste estudo, um isolado foi classificado como raça 87, proveniente do Paraná, estado no qual essa raça já havia sido registrada (Carneiro, 1999; Thomazella et al., 2002; Sansigolo et al., 2008; Alzate-Marin & Sartorato, 2004) (Tabela 7).

Além do Paraná, há relatos em São Paulo, Minas Gerais, Goiás, Santa Catarina, Rio Grande do Sul, Espírito Santo, Bahia, Distrito Federal, Pernambuco e Paraíba (Carbonell et al., 1999; Alzate-Marin & Sartorato, 2004; Silva et al., 2007; Pinto et al., 2012). Na literatura de outros países, a raça 87 foi reportada na Argentina (Nunes et al., 2021), indicando ocorrência também no contexto regional sul-americano.

Raça 89

A raça 89 foi virulenta às diferenciadoras Michelite (Co-11), Cornell 49-242 (Co-2), Widusa (Co-15) e México 222 (Co-3). Na nomenclatura histórica, foi associada ao grupo Alfa e à raça fisiológica Alfa-Brasil (Rava et al., 1994).

No presente estudo, dois isolados foram classificados como raça 89, ambos coletados no Paraná (Tabela 7), assim possuindo histórico de ocorrência consistente neste estado (Rava

et al., 1994; Carneiro, 1999; Thomazella *et al.*, 2002; Sansigolo *et al.*, 2008; de Oliveira *et al.*, 2014; Xavier *et al.*, 2018).

Em outras regiões do país, há relatos em São Paulo, Minas Gerais, Goiás, Santa Catarina, Mato Grosso do Sul e Sergipe (Carbonell *et al.*, 1999; Alzate-Marin & Sartorato, 2004). Em coleções internacionais, a raça 89 foi registrada na Costa Rica, Canadá e África do Sul (Nunes *et al.*, 2021).

Raça 403

A raça 403 apresentou virulência frente às diferenciadoras Michelite (*Co*-11), Michigan Dark Red Kidney (*Co*-1), Widusa (*Co*-1⁵), PI 207262 (*Co*-4³ e *Co*-3³) e TO (*Co*-4). Até onde foi possível verificar, não foram encontrados registros de classificação equivalente na literatura nacional ou em compilações internacionais disponíveis. Dessa forma, os isolados aqui descritos podem representar um perfil de virulência ainda não documentado. No entanto, essa ausência também pode estar relacionada a possível baixa frequência populacional que dificulte sua detecção. Assim, o registro da raça 403 destaca a importância do monitoramento contínuo e da validação do fenótipo de virulência em coletas adicionais.

Raça 407

A raça 407 foi patogênica às diferenciadoras Michelite (*Co*-11) Michigan Dark Red Kidney (*Co*-1), Perry Marrow (*Co*-1³), Widusa (*Co*-1⁵), PI 207262 (*Co*-4³ e *Co*-3³) e TO (*Co*-4). No Brasil, não foram localizados trabalhos descrevendo previamente a raça 407. Por outro lado, registros em micotecas apontam ocorrência desse perfil na Índia (Nunes *et al.*, 2021), o que sugere que a combinação de virulência observada não é exclusiva do cenário brasileiro. Esse contraste reforça que perfis de virulência complexos podem emergir ou ser detectados à medida que se amplia a amostragem.

Raça 409

A raça 409 demonstrou virulência frente às diferenciadoras Michelite (*Co*-11) Cornell 49-242 (*Co*-2), Widusa (*Co*-1⁵), PI 207262 (*Co*-4³ e *Co*-3³) e TO (*Co*-4). Não foram encontrados relatos prévios dessa raça em outras regiões. Dado o uso difundido do conjunto de 12 diferenciadoras, essa ausência pode refletir baixa frequência populacional do patótipo e limitações de cobertura amostral e de publicação disponível.

Raça 411

A raça 411 apresentou patogenicidade sobre Michelite (Co-11), Michigan Dark Red Kidney (Co-1), Cornell 49-242 (Co-2), Widusa (Co-1⁵), PI 207262 (Co-4³ e Co-3³) e TO (Co-4). Não foram localizados relatos prévios no Brasil ou em compilações consultadas para essa classificação, o que sugere possível registro inédito.

Raça 465

A raça 465 foi compatível com Michelite (Co-11), Widusa (Co-1⁵), México 222 (Co-3), PI 207262 (Co-4³ e Co-3³) e TO (Co-4). Há indicação de ocorrência dessa raça no Brasil, embora sem especificação do estado. Registros adicionais apontam sua presença no México e na Índia (Nunes *et al.*, 2021).

Raça 467

A raça 467 apresentou virulência frente a Michelite (Co-11), Michigan Dark Red Kidney (Co-1), Widusa (Co-1⁵), México 222 (Co-3), PI 207262 (Co-4³ e Co-3³) e TO (Co-4).

Essa raça não foi identificada em território nacional, apenas internacional, onde encontra-se apenas no México (Nunes *et al.*, 2021).

Raça 475

A raça 475 foi patogênica às diferenciadoras Michelite (Co-11), Michigan Dark Red Kidney (Co-1), Cornell 49-242 (Co-2), Widusa (Co-1⁵), México 222 (Co-3), PI 207262 (Co-4³ e Co-3³) e TO (Co-4).

No presente estudo, foram identificados isolados dessa raça em São Paulo e Paraná (Tabela 7). Em estudos anteriores, a ocorrência havia sido registrada no Paraná (De Oliveira *et al.*, 2014). Não foram encontrados registros fora do Brasil para essa classificação.

Raça 479

A raça 479 exibiu o perfil mais amplo deste conjunto, apresentando virulência frente a Michelite (Co-11), Michigan Dark Red Kidney (Co-1), Perry Marrow (Co-1³), Cornell 49-242 (Co-2), Widusa (Co-1⁵), México 222 (Co-3), PI 207262 (Co-4³ e Co-3³) e TO (Co-4). Esse

comportamento caracteriza um patótipo de alta complexidade, com potencial de impactar um espectro grande de cultivares e de reduzir a durabilidade de fontes de resistência quando utilizadas de forma isolada.

Há registros dessa raça no Brasil, sem relatos em outros países na compilação disponível (Nunes *et al.*, 2021). Ainda que a ausência de relatos externos não comprove exclusividade, o registro nacional é importante por indicar a ocorrência de um perfil altamente virulento.

Raça 521

A raça 521 foi virulenta às diferenciadoras Michelite (*Co-11*), Cornell 49-242 (*Co-2*) e TU (*Co-5*). A capacidade de causar doença em TU, associada ao gene *Co-5*, é relevante porque esse gene integra o conjunto de fontes historicamente exploradas na resistência à antracnose, e sua quebra pode comprometer materiais que dependem dessa resistência de forma isolada (Kelly e Vallejo, 2004).

Conforme Nunes *et al.* (2021), essa raça já havia sido descrita na Costa Rica, Colômbia, Honduras, Guatemala e Índia. Portanto, os isolados aqui descritos configuram o primeiro relato para o Brasil.

6.2. Triagem e teste de virulência dos isolados do fungo em cultivares

Os isolados identificados como pertencentes às novas raças fisiológicas, juntamente com isolados antigos provenientes da micoteca do PMGF-IAC e isolados cedidos pela EMBRAPA, foram utilizados para avaliar o nível de resistência das cultivares de feijoeiro mais utilizadas no mercado. Esses isolados foram utilizados na triagem de parentais promissores, bem como na mensuração do Índice de Agressividade (IA) das raças e do Índice de Suscetibilidade (IS) dos genótipos avaliados (Tabela 8).

As reações dos genótipos às diferentes raças fisiológicas de *C. lindemuthianum* foram determinadas com base na presença ou ausência de alelos de resistência específicos. Com o objetivo de facilitar a interpretação dos resultados, a Figura 6 apresenta uma visão geral do comportamento dos genótipos avaliados, destacando aqueles que apresentaram maior índice de suscetibilidade frente ao conjunto de raças analisadas.

Tabela 8 - Triagem de cultivares às diferentes raças fisiológicas de *Colletotrichum lindemuthianum*.

Isolado/Raça Cultivar	CLI 2401/65.69	CLI 20012 ¹ /65.773	CL 1407 ² /73	CL 2501/73	CLI 1626 ² /81	CLI 2407/81	CLI 2404/81
IAC Tybatã	R	R	R	R	S	R	S
IAC Sintonia	R	R	R	R	R	S	S
IAC 1849 Polaco	R	R	R	R	S	S	S
IAC 1850	R	R	R	R	R	S	R
IAC 2051	S	S	S	S	S	S	S
IAC 2560 Nelore	R	R	S	R	R	R	R
Linhagem 10	R	R	S	R	R	R	R
ANFC 22	S	R	S	S	S	S	S
IPR Sabiá	R	R	S	R	S	S	S
IPR Águia	S	S	S	S	R	R	S
TAA Dama	R	R	S	R	S	S	S
TAA Mahre	R	R	S	R	S	S	R
BRS Estilo	S	S	S	S	S	R	R
BRS 104	R	R	S	S	S	S	S
BRS 402	S	S	S	S	S	S	S
BRS 415	R	R	S	R	S	S	S
IAC Diplomata	S	S	R	S	R	R	S
IAC Una	S	R	R	R	R	R	R
IAC Veloz	S	R	R	R	S	S	S
IAC 2358 Unamax	S	R	R	S	R	R	S
IPR Urutau	S	R	S	R	S	R	S
IPR Tuiuiú	S	S	R	S	S	S	R
BRS 403	S	S	S	R	S	S	S
BRS 417	R	S	S	R	R	S	S
Gen 20-39-11	R	R	R	R	R	R	R
IPA 7919*	S	S	S	S	S	S	S

Continua...

Continuação tabela 8

Isolado/Raça Cultivar	CLI 2406/87	CL 2506/89	CLI 2502/89	CL 1716 ² /91	CL 1482 ² /113	CLI 1510 ² /467	CLI 1427 ² /217	CLI 1674 ² /219
IAC Tybatã	R	R	R	R	S	S	R	S
IAC Sintonia	R	R	R	R	S	S	S	R
IAC 1849 Polaco	R	S	R	R	S	S	S	S
IAC 1850	R	R	R	R	R	R	R	R
IAC 2051	S	S	S	S	S	S	S	S
IAC 2560 Nelore	R	R	R	S	S	R	R	R
Linhagem 10	R	R	R	S	R	R	R	R
ANFC 22	S	S	S	S	S	S	S	S
IPR Sabiá	R	R	R	R	R	S	R	S
IPR Águia	S	S	R	R	S	R	R	R
TAA Dama	R	R	R	R	S	S	R	S
TAA Mahre	R	R	R	R	S	S	S	S
BRS Estilo	S	R	R	S	S	S	R	R
BRS 104	S	S	R	S	S	S	S	S
BRS 402	S	S	S	S	S	S	S	S
BRS 415	R	R	R	R	S	S	S	S
IAC Diplomata	S	S	R	R	S	R	R	R
IAC Una	S	R	R	R	S	R	R	R
IAC Veloz	R	R	R	S	S	S	S	S
IAC 2358 Unamax	S	S	S	R	R	R	R	R
IPR Urutau	S	R	R	S	S	R	S	S
IPR Tuiuiú	R	S	S	S	S	R	S	R
BRS 403	S	S	S	S	S	R	S	S
BRS 417	S	R	R	S	S	R	S	S
Gen 20-39-11	R	R	R	R	R	R	R	R
IPA 7919*	S	S	S	S	S	S	S	S

Continua...

Continuação tabela 8

Isolado/Raça Cultivar	CL	CLI	CLI	CLI	CL	CLI	CLI	CL
	2517/403	2504/407	2516/409	2505/411	2515/465	2021 ² /465	2308/467	2514/467
IAC Tybatã	R	R	R	R	R	S	R	R
IAC Sintonia	S	R	S	S	S	S	S	R
IAC 1849 Polaco	S	S	R	S	S	S	S	S
IAC 1850	R	R	R	R	R	R	R	R
IAC 2051	S	S	S	S	S	S	S	S
IAC 2560 Nelore	R	S	R	S	R	R	R	R
Linhagem 10	R	R	R	R	R	R	R	R
ANFC 22	S	S	R	S	S	S	S	S
IPR Sabiá	S	R	R	S	R	S	S	S
IPR Águia	R	S	S	R	R	R	R	R
TAA Dama	R	S	R	R	R	S	S	R
TAA Mahre	R	R	S	R	R	S	R	R
BRS Estilo	R	S	S	R	R	R	S	R
BRS 104	S	S	S	R	R	R	S	R
BRS 402	S	S	S	S	S	S	S	S
BRS 415	S	S	S	S	S	S	S	S
IAC Diplomata	R	S	S	R	R	R	R	R
IAC Una	R	R	R	R	R	R	R	R
IAC Veloz	S	S	R	S	R	S	S	S
IAC 2358 Unamax	R	R	S	R	R	R	S	R
IPR Urutau	S	S	S	S	R	S	S	R
IPR Tuiuiú	R	R	R	R	S	S	R	S
BRS 403	R	R	R	S	S	S	S	S
BRS 417	R	R	S	R	R	R	R	S
Gen 20-39-11	R	R	R	R	R	R	R	R
IPA 7919*	S	S	S	S	S	S	S	S

Continua...

Continuação tabela 8

Isolado/Raça Cultivar	CLI	CLI	CL	CL	CLI	CLI	CLI	CLI
	2405/467	2511/475	2403/475	2518/475	2402/479	2303/521	2301 ¹ /529	1931 ² /585
IAC Tybatã	S	S	R	R	R	R	R	R
IAC Sintonia	R	S	S	S	S	S	S	R
IAC 1849 Polaco	S	S	S	S	S	S	S	R
IAC 1850	R	S	R	R	R	S	S	R
IAC 2051	S	S	S	S	S	S	S	S
IAC 2560 Nelore	S	S	R	R	R	R	R	S
Linhagem 10	R	R	R	R	R	R	R	S
ANFC 22	S	S	S	S	S	S	R	S
IPR Sabiá	R	S	S	S	S	S	S	R
IPR Águia	S	R	S	R	S	R	R	S
TAA Dama	S	R	R	R	S	R	R	R
TAA Mahre	S	R	R	R	S	R	R	R
BRS Estilo	S	R	R	R	S	S	S	S
BRS 104	S	R	R	R	S	S	S	S
BRS 402	S	S	S	S	S	S	S	S
BRS 415	S	S	R	S	R	S	R	R
IAC Diplomata	S	R	R	R	S	R	R	S
IAC Una	R	S	R	R	R	S	S	R
IAC Veloz	R	S	S	S	S	S	S	R
IAC 2358 Unamax	R	R	S	R	S	R	R	R
IPR Urutau	R	S	S	S	S	S	R	S
IPR Tuiuiú	S	R	R	R	S	S	S	S
BRS 403	S	S	R	S	S	S	S	S
BRS 417	S	R	R	R	S	S	S	S
Gen 20-39-11	R	R	R	R	R	R	R	S
IPA 7919*	S	S	S	S	S	S	S	S

¹: Isolado antigo da micoteca do PMGF-IAC;²: Isolado fornecido pela EMBRAPA;

*: controle suscetível;

R: cultivar resistente ao isolado (notas 1-3);

S: cultivar suscetível ao isolado (notas 4-9).

Entre as cultivares de tegumento preto já recomendadas ao setor produtivo, a cultivar IAC Una apresentou o maior nível de resistência, com IS de 19,4%. Entretanto, a linhagem Gen 20-39-11, que se encontra em avaliação nos ensaios de VCU do programa feijão IAC, destacou-se por apresentar o menor valor de IS (3,2%) entre todos os genótipos avaliados, evidenciando elevado potencial como parental doador de genes associados à menor severidade da doença. Em contraste, a maior suscetibilidade dentro desse grupo foi observada na cultivar BRS 403, que apresentou IS de 80,6% (Tabela 8).

No grupo de tegumento carioca, a cultivar IAC 1850 foi a que apresentou menor severidade média da doença, com IS de 12,9%. Contudo, a linhagem 10 apresentou desempenho superior, registrando IS de 9,7%, o menor valor observado entre os genótipos desse grupo, o que a torna promissora para uso como fonte genética em programas de melhoramento. Por outro lado, as cultivares BRS 402 e IAC 2051 apresentaram os maiores níveis de suscetibilidade, ambas com IS de 100% (Tabela 8).

Em relação aos parentais recorrentes, IAC Veloz e IAC 2051 apresentaram elevados valores de IS, com 67,7% e 100%, respectivamente (Tabela 8), confirmando o relato da comunicação pessoal do Dr. Alisson F. Chiorato quanto a perda de resistência destas cultivares frente a novos isolados com novas raças fisiológicas. Considerando o tipo de tegumento e o desempenho frente à doença, os genótipos Linhagem 10, IAC 2560 Nelore e IAC Sintonia, todos de tegumento carioca, mostraram-se promissores para retrocruzamento com a cultivar IAC 2051. Por sua vez, os genótipos de tegumento preto, Gen 20-39-11, IAC Una e IAC Diplomata, apresentaram potencial para retrocruzamento com a cultivar IAC Veloz, conforme ilustrado na Figura 6.

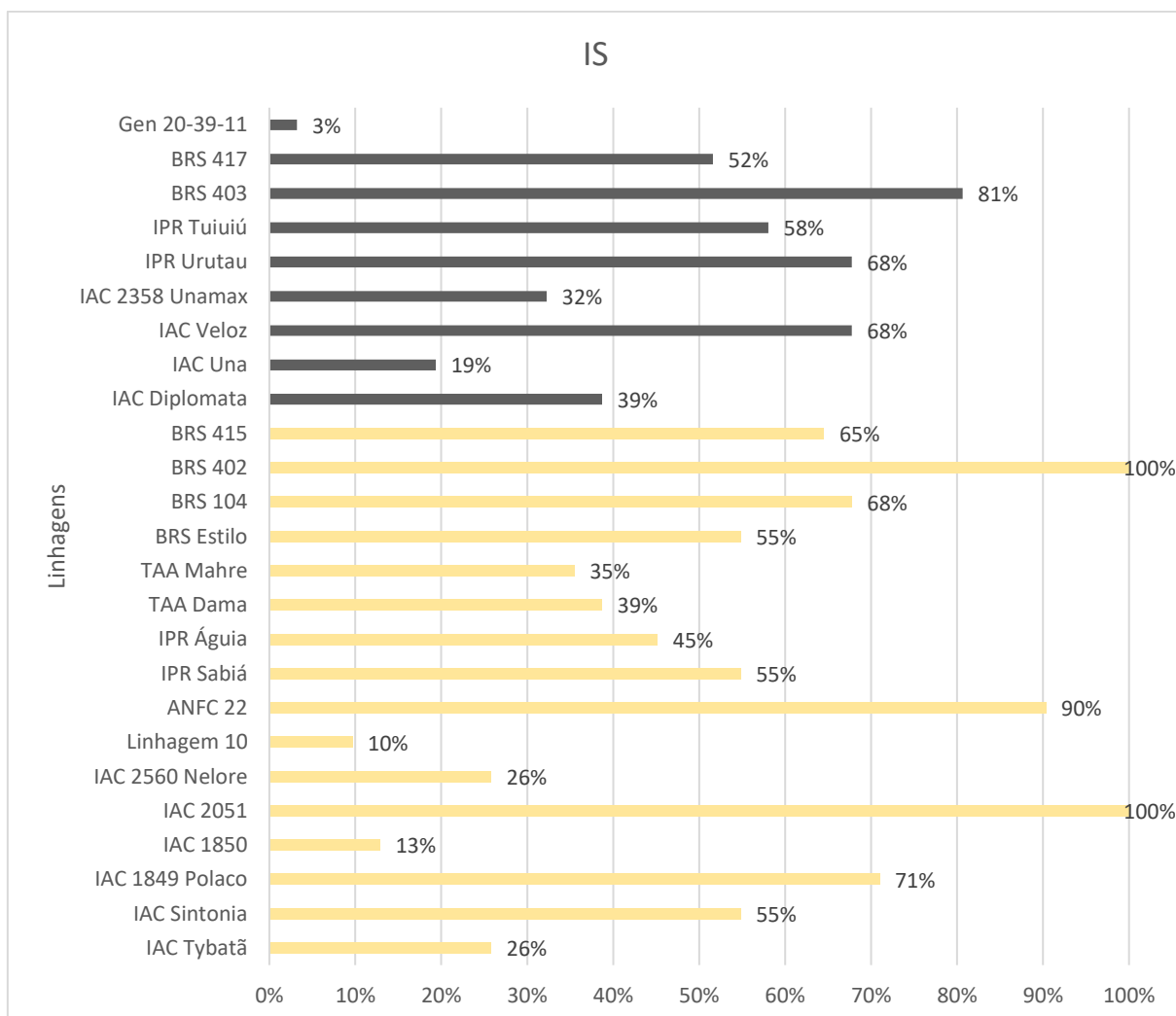


Figura 6 - Índice de suscetibilidade de diferentes genótipos de feijoeiro submetidos à inoculação com diversos isolados de *Colletotrichum lindemuthianum*. Genótipos de tegumento preto estão representados em cinza, enquanto genótipos de tegumento carioca estão representados em amarelo.

Com base nesse princípio, as raças fisiológicas selecionadas para compor as misturas de isolados foram escolhidas considerando dois critérios principais: (1) a ampla distribuição no território brasileiro, conforme descrito na literatura, e (2) o espectro de agressividade em relação aos demais e frente a virulência às cultivares diferenciadoras, buscando atingir o maior número possível de genes de resistência (Tabela 9).

Dessa forma, para a composição do inóculo utilizado na geração segregante F₂, foram selecionadas as raças 467, 65, 585 e 81. Posteriormente, após a identificação das raças capazes de causar doença na diferenciadora Perry Marrow, a mistura destinada à inoculação da geração F₂RC₂ passou a incluir as raças 467, 65, 585, 81 e 407 (Tabela 9), ampliando a diversidade do inóculo e representando o que a futura cultivar pode encontrar no campo.

Tabela 9 - Reação de isolados de *Colletotrichum lindemuthianum* frente a cultivares diferenciadoras portadoras dos genes de resistência da antracnose.

Genes de Resistência												Raça	Isolado
Co-11	Co-1	Co-1 ³	Co-2	Co-1 ⁵	Co-1 ²	Co-3	Co-4 ³ Co-3 ³	Co-4	Co-5	Co-6 co-8	Co-4 ² Co-5 ² Co-3 ⁶		
Cultivares diferenciadoras ¹													
A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L		
1	2	4	8	16	32	64	128	256	512	1024	2048		
+						+						65.69	CLI 2401
+						+						65.773	CLI 20012
+			+			+						73	CLI 2501
+			+			+						73	CLI 1407
+				+		+						81	CLI 2404
+				+		+						81	CLI 2407
+				+		+						81	CLI 1626
+	+	+		+		+						87	CLI 2406
+			+	+		+						89	CLI 2502
+			+	+		+						89	CLI 2506
+	+		+	+		+						91	CLI 1716
+				+		+	+					113	CL 1482
+			+	+		+			+			217	CLI 1427
+	+		+	+		+			+			219	CLI 1674
+	+			+		+		+				403	CLI 2517
+	+	+		+		+		+	+			407	CLI 2504
+			+	+		+		+	+			409	CLI 2516
+	+		+	+		+		+	+			411	CLI 2505
+				+		+		+	+			465	CLI 2515
+				+		+		+	+			465	CLI 2021
+	+			+		+		+	+			467	CLI 1510
+	+			+		+		+	+			467	CLI 2308
+	+			+		+		+	+	+		467	CLI 2405
+	+			+		+		+	+	+		467	CLI 2514
+	+		+	+		+		+	+	+		475	CLI 2403
+	+		+	+		+		+	+	+		475	CLI 2511
+	+		+	+		+		+	+	+		475	CLI 2518
+	+	+	+	+		+		+	+	+		479	CLI 2402
+			+							+		521	CLI 2303
+				+						+		529	CLI 2301
+			+			+			+	+		585	CLI 1931

¹: Cultivares diferenciadoras: A (Michelite); B (Michigan Dark Red Kidney); C (Perry Marrow; D (Cornell 49-242); E (Widusa); F (Kaboon); G (México 222); H (PI 207262); I (TO); J (TU); K (AB136); L (G2333);

²: + = Suscetível

Contudo, como havia mais de um isolado pertencente às mesmas raças fisiológicas, como 65, 81 e 467, tornou-se necessária a utilização da análise comparativa do índice de agressividade (IA) permitindo a seleção dos mais agressivos para compor a mistura de inoculação em gerações segregantes (Figura 7). Dentre os isolados da raça 65, o CL 2401 (IA: 48%), classificado como raça 65.69, demonstrou maior agressividade comparado ao CL 20012 – 65.773 (IA: 32%). Para a raça 81, três isolados foram avaliados: CL 2404 (IA: 68%), CL 1626 (IA: 60%) e CL 2407 (IA: 60%), sendo o CL 2404 selecionado. Quanto à raça 467, dentre os isolados, CL 2308 (IA: 56%), CL 2405 (IA: 64%), CL 2514 (IA: 40%) e CL 1510 (IA: 52%), o

CL 2405 foi escolhido. Em relação ao isolado CL 1482, identificado como raça 113, embora tenha demonstrado agressividade na cultivar diferenciadora Kaboon, comportamento não observado de forma evidente nos demais isolados avaliados, ele não foi incluído nas misturas de raças destinadas às gerações segregantes. Essa decisão foi tomada devido à ausência de uniformidade no índice de agressividade entre os diferentes testes realizados.

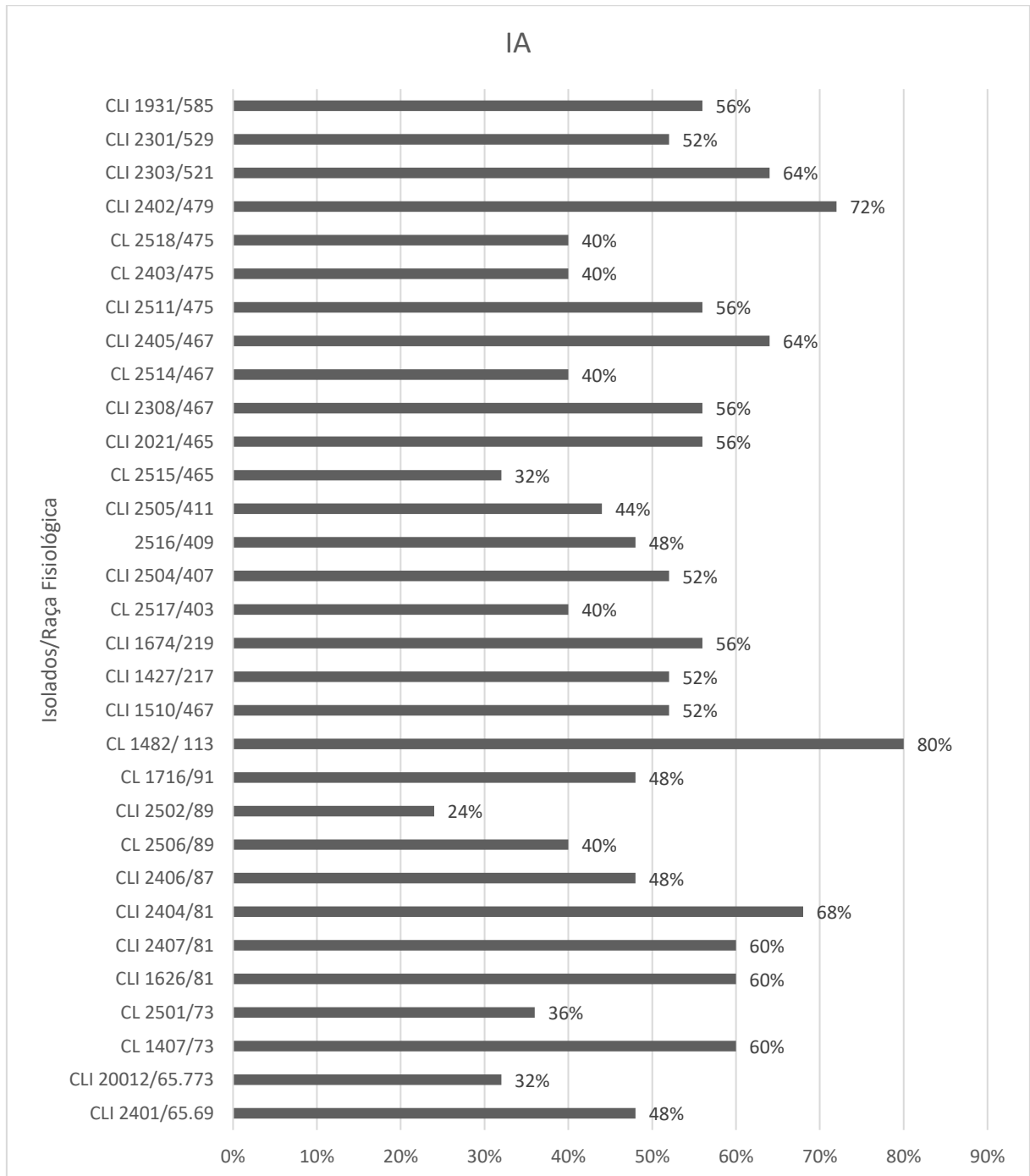


Figura 7 - Índice de Agressividade de diferentes isolados de *Colletotrichum lindemuthianum* inoculados em um grupo de genótipos.

A diferença de agressividade intrarracial observada nas raças 475, 467, 465, 89, 81, 73 e 65 neste estudo encontra respaldo em trabalhos anteriores. Carbonell *et al.* (1999) demonstraram que, mesmo após a classificação dos isolados em uma mesma raça fisiológica, a inoculação em diferentes cultivares pode resultar em respostas distintas de patogenicidade, evidenciando variação intrarracial. Nesse estudo, esse comportamento foi observado, entre outras, nas raças 31, 81 e 65. Resultados semelhantes também foram relatados por Santos *et al.* (2008), que confirmaram variação de virulência intrarracial frente a um determinado genótipo de feijoeiro, especialmente para as raças 81 e 65.

Adicionalmente, Costa *et al.* (2017) verificaram que, para as cultivares avaliadas, a resistência a isolados da raça 65 pode ser condicionada pela atuação de genes duplicados e independentes. Considerando que o feijoeiro comum é uma espécie predominantemente autógama, com baixa taxa de cruzamento natural, os autores sugerem que esse mecanismo contribui para a manutenção de cópias funcionais de genes de defesa, atuando como uma espécie de reserva genética no hospedeiro. Esse fator pode explicar, ao menos em parte, as diferenças de reação observadas entre isolados classificados dentro de uma mesma raça fisiológica.

6.3. Resistência à *C. lindemuthianum* em gerações segregantes

Observou-se que os cruzamentos envolvendo linhagens ou cultivares com maior nível de resistência a *C. lindemuthianum* resultaram em uma maior proporção de progênies resistentes, podendo ser visto para o tegumento carioca o cruzamento entre a Linhagem 10 (9,7% de IS) e o IAC 2051 resultou em 70% das progênies resistentes, em contrapartida o cruzamento entre o IAC Sintonia (54,8% de IS) e o IAC 2051 resultou em 12,5% de progênies resistentes. Destacou-se também o cruzamento entre os genótipos IAC 2560 Nelore (25,8% de IS) e a IAC 2051 resultando em 92,5% das progênies resistentes para o tegumento carioca (Tabela 10).

Para o tegumento preto, destacou-se o cruzamento entre os genótipos Gen 20-39-11 (3,2% de IS) e a IAC Veloz (67,7% de IS) com 80% das progênies resistentes (Tabela 10), em contrapartida o parental doador com maior IS, IAC Diplomata (38,7%) teve a menor proporção de indivíduos F₂ resistentes (32,5%).

Os resultados superiores do IS dos parentais doadores IAC Diplomata e IAC Sintonia comparados com outras cultivares, foram refletidos nos genótipos provenientes de seus

cruzamentos, exemplificando a importância da escolha do parental dentro de um programa de melhoramento.

Tabela 10 - Resistência e suscetibilidade de gerações F₂ submetidas à inoculação das raças fisiológicas 81; 65.69; 467 e 585 de *Colletotrichum lindemuthianum*.

Cruzamentos	Identificação do genótipo	Quantidade de plantas inoculadas	Plantas resistentes
IAC Veloz X IAC Diplomata	13	40	32,5%
IAC Veloz X Gen 20-39-11	14	40	80,0%
IAC Veloz X IAC Una	18	40	60,0%
IAC 2051 X Linhagem 10	25	40	70,0%
IAC 2051 X IAC Sintonia	26	40	12,5%
IAC 2051 X IAC 2560 Nelore	27	40	92,5%

Considerando que os retrocruzamentos foram conduzidos com retorno ao parental suscetível, porém portador de características agrônômicas desejáveis, a redução da proporção de resistência nas gerações avançadas era um resultado esperado. Isso ocorre porque, conforme descrito por Borém (2021), após a recuperação gênica do parental recorrente, a progênie oriunda de dois retrocruzamentos apresenta, teoricamente, 87,5% do genoma do parental recorrente e apenas 12,5% do genoma do parental doador.

Além disso, os genes *Co* associados à reação à antracnose são, em sua maioria, dominantes, com exceção do *co-8*, que apresenta herança recessiva, e ainda podem estabelecer relações epistáticas entre si (Kelly & Vallejo, 2004; Campa *et al.*, 2011). Esses fatores influenciam diretamente a expressão fenotípica da reação à doença nas gerações segregantes, especialmente em populações submetidas a sucessivos retrocruzamentos.

Nesse contexto, a família F₂RC₂ de tegumento preto, proveniente do cruzamento entre IAC Veloz × Gen 20-39-11 e retrocruzada para IAC Veloz, foi a que apresentou a maior proporção de proles com menor intensidade da doença, alcançando 38% de plantas resistentes (Tabela 11). Esse resultado corrobora os dados observados na geração F₂, na qual a família oriunda do cruzamento simples também se destacou por apresentar a maior frequência de indivíduos classificados como resistentes. Tais resultados indicam a eficiência do genótipo Gen 20-39-11 como doador de genes associados à resistência à antracnose, mesmo após a recuperação genética do parental recorrente suscetível.

Em contraste, nas famílias provenientes dos retrocruzamentos [(IAC Veloz X IAC Diplomata) X IAC Veloz] X IAC Veloz e [(IAC Veloz X IAC Una) X IAC Veloz] X IAC Veloz, observou-se comportamento distinto. Nessas famílias, as populações F₂ apresentavam

percentuais de resistência de 32,5% e 65%, respectivamente, contudo, após os sucessivos retrocruzamentos, houve redução da frequência de indivíduos resistentes.

Entre as famílias F₂RC₂ de tegumento carioca, destaca-se a resistência observada na família de retrocruzamento [(IAC 2051 X Linhagem 10) X IAC 2051] X IAC 2051, que apresentou 16% de plantas resistentes. Resultado semelhante foi observado na família [(IAC 2051 X IAC Sintonia) X IAC 2051] X IAC 2051, de tegumento carioca mais escuro (26-2-2-C), com 16% de plantas resistentes. Ao comparar os parentais doadores, verifica-se que o IAC Sintonia apresentava 54,7% de Índice de Suscetibilidade (IS), enquanto sua população F₂ apresentou 15% de plantas resistentes, indicando que a segregação manteve genes de resistência provenientes do parental doador. Entretanto, em suas subfamílias (26-2-2-A e 26-2-2-B), observou-se redução no percentual de indivíduos resistentes, porém quando não se segrega a família por coloração de tegumento, atinge 9,5% de plantas resistentes.

Por outro lado, o parental doador Linhagem 10 apresentou IS de 9,7%, e a família F₂ oriunda do cruzamento simples entre os mesmos parentais apresentou 75% de plantas resistentes. Contudo, após o retrocruzamento com o parental recorrente suscetível, houve diminuição expressiva da resistência entre as proles. Comportamento semelhante foi observado na família [(IAC 2051 X IAC Nelore) X IAC 2051] X IAC 2051, na qual a população segregante do cruzamento simples apresentou taxa de resistência de 93%, reduzida para apenas 6% após o retorno genético ao parental IAC 2051.

O retorno ao parental recorrente, que apresentava maior índice de suscetibilidade, indica que sucessivas gerações de retrocruzamento, na ausência de seleção para a característica alvo entre cruzamentos, promovem a redução progressiva do genoma do parental doador. Teoricamente, na ausência de seleção, essa proporção é reduzida aproximadamente pela metade a cada geração de retrocruzamento, resultando na recuperação predominante do genoma do parental recorrente ao longo dos ciclos sucessivos (Tourrette *et al.*, 2021).

Tabela 11 - Resistência e suscetibilidade de gerações F₂RC₂ submetidas à inoculação de mistura das raças fisiológicas 81; 65.69; 407; 467 e 585 de *Colletotrichum lindemuthianum*.

Cruzamentos	Identificação do genótipo	Quantidade de plantas inoculadas	Plantas resistentes
[(IAC Veloz X IAC Diplomata) X IAC Veloz] X IAC Veloz	13-1-1	34	0%
[(IAC Veloz X Gen 20-39-11) X IAC Veloz] X IAC Veloz	14-1-1	40	38%
[(IAC Veloz X IAC Una) X IAC Veloz] X IAC Veloz	18-1-1	36	0%
[(IAC 2051 X Linhagem 10) X IAC 2051] X IAC 2051	25-2-2	49	16%
	26-2-2-A	49	8%
[(IAC 2051 X IAC Sintonia) X IAC 2051] X IAC 2051	26-2-2-B	38	3%
	26-2-2-C	49	16%
[(IAC 2051 X IAC Nelore) X IAC 2051] X IAC 2051	27-2-2	49	6%

6.4. Teste de coloração em grãos cariocas em geração F₂RC₂

Como foi identificada segregação na coloração dos grãos na geração F₂RC₂, tornou-se necessária a quantificação das diferenças observadas entre os genótipos avaliados. Os padrões de mercado atualmente adotados, representados pelas cultivares IAC 2051 e IAC 2560 Nelore, apresentaram média de luminosidade (L*) de 61,3 (Tabela 12). Valores inferiores a essa média foram observados em genótipos pertencentes às subfamílias do retrocruzamento [(IAC 2051 X IAC Sintonia) X IAC 2051] X IAC 2051, identificadas como 26-2-2-A e 26-2-2-C. Ao analisar essas subfamílias, verificou-se que o genótipo 26-2-2-B apresentou o melhor desempenho, atingindo a maior média de luminosidade entre os materiais avaliados desse cruzamento (Tabela 12).

Resultados intermediários foram observados nas famílias provenientes dos retrocruzamentos [(IAC 2051 X Linhagem 10) X IAC 2051] X IAC 2051 e [(IAC 2051 X IAC Nelore) X IAC 2051] X IAC 2051, do qual são estatisticamente semelhantes (Tabela 12).

Tabela 12 - Coloração de grãos cariocas de gerações F₂RC₂.

Cruzamento	Identificação do genótipo	Luminosidade média (L*)
[(IAC 2051 X IAC Sintonia) X IAC 2051] X IAC 2051	26-2-2-B	64,73 a
[(IAC 2051 X Linhagem 10) X IAC 2051] X IAC 2051	25-2-2	63,11 b
[(IAC 2051 X IAC Nelore) X IAC 2051] X IAC 2051	27-2-2	62,48 bc
-	IAC 2051	61,33 cd
-	IAC Nelore	61,30 d
[(IAC 2051 X IAC Sintonia) X IAC 2051] X IAC 2051	26-2-2-A	60,09 e
[(IAC 2051 X IAC Sintonia) X IAC 2051] X IAC 2051	26-2-2-C	55,58 f

Duas médias com a mesma letra minúscula significam que não há diferença entre os cruzamentos, segundo o teste de Tukey com 5% de significância.

De acordo com Ribeiro et al. (2008), grãos que apresentam valores de luminosidade (L) superiores a 55* são considerados de maior valor comercial e apresentam maior aceitação pelo mercado consumidor. Esse critério permite inferir o potencial comercial dos genótipos avaliados. Nesse contexto, o genótipo 26-2-2-C, que apresentou o menor valor de L*, destacou-se por uma coloração mais escura (Figura 8), afastando-se do padrão visual das cultivares comerciais IAC 2051 e IAC 2560 Nelore, o que indica menor potencial de aceitação pelo mercado consumidor.



Figura 8 - Coloração do tegumento carioca entre famílias, subfamílias de geração F_2RC_2 e controles IAC 2051 e IAC 2560 Nelore.

6.5. Avaliação de características morfo-agronômica em geração F_3

Após os procedimentos de retrocruzamento, considerando o objetivo de recuperar as características morfo-agronômicas dos parentais recorrentes, IAC Veloz de ciclo precoce, hábito determinado e tipo I de crescimento, com guia média (Chiorato *et al.*, 2020), e IAC 2051, de ciclo normal, hábito de crescimento indeterminado e tipo II (Carbonell *et al.*, 2021), as famílias foram selecionadas com base na maior similaridade fenotípica em relação aos respectivos parentais recorrentes. As características dos parentais recorrentes e dos doadores encontram-se descritas na Tabela 5.

Os genótipos da geração F_3 apresentaram variabilidade para as características avaliadas. Entre as famílias de tegumento preto, apenas a família 18-P2 atingiu nota 4,5, referente ao valor agrônomo, apresentando hábito de crescimento determinado, tipo I e guia curta, características que se aproximam das descritas para o parental IAC Veloz (Tabela 14).

Entre as famílias de tegumento carioca, duas apresentaram notas satisfatórias (4,5), atribuídas à boa sanidade das plantas. Entretanto, observou-se segregação para hábito e tipo de crescimento em relação aos parentais, onde a Linhagem 10 apresenta hábito de crescimento indeterminado, tipo II e ciclo normal, enquanto a presença de guia curta está associada ao parental recorrente IAC 2051.

Tabela 13 - Relação de características morfo-agronômicas em genótipos de geração F_3

Cruzamentos	Identificação do genótipo	Tipo de tegumento	Valor agrônomo (Nota)	Ciclo	Hábito e tipo de Crescimento	Tamanho da guia
IAC Veloz X IAC Diplomata	13-P3*	Preto	4,0**	Normal	DI ¹ - I e II	Curta
IAC Veloz X Gen 20-39-11	14-P1	Preto	3,0	Normal	DI - I e II	Média
IAC Veloz X Gen 20-39-11	14-P2	Preto	3,0	Normal	D ² - I	Curta
IAC Veloz X Gen 20-39-11	14-P3	Preto	3,0	Semi-Precoce	D - I	Curta
IAC Veloz X IAC Una	18-P2	Preto	3,0	Normal	I ³ - II	Média
IAC Veloz X IAC Una	18-P8	Preto	4,5	Normal	D - I	Curta
IAC 2051 X Linhagem 10	25-P1	Carioca	4,5	Normal	DI - I e II	Curta
IAC 2051 X Linhagem 10	25-P7	Carioca	4,5	Normal	DI - I e II	Curta
IAC 2051 X IAC Nelore	27-P1	Carioca	3,0	Normal	D - I	Curta
IAC 2051 X IAC Nelore	27-P2	Carioca	3,0	Normal	I - II	Média
IAC 2051 X IAC Nelore	27-P6	Carioca	2,0	Semi-Precoce	I - II	Média
IAC 2051 X IAC Nelore	27-P7	Carioca	2,0	Normal	I - II	Média

*: Letra P referente ao indivíduo escolhido na geração F_2 ;

6.6. Genotipagem por SSR e SCAR

Marcador Molecular SSR

Foram obtidos resultados para 16 *loci* microssatélites funcionais na população F₂RC₂ e em seus parentais recorrente e doador, previamente descritos como ligados a genes de resistência à antracnose. Esses marcadores encontram-se distribuídos em sete cromossomos do feijoeiro, correspondentes a Pv01, Pv02, Pv03, Pv04, Pv07, Pv08 e Pv11 (Yu *et al.*, 2000; Blair *et al.*, 2003; Grisi *et al.*, 2007; Gonçalves-Vidigal *et al.*, 2011; Persegui *et al.*, 2011; Oblessuc *et al.*, 2014; Persegui *et al.*, 2016).

A análise de coordenadas principais (PCoA), baseada em marcadores SSRs, evidenciou a separação dos genótipos em dois grupos principais ao longo da primeira coordenada, refletindo a estrutura genética das populações avaliadas (Figura 9). Os indivíduos posicionados à esquerda do eixo principal corresponderam predominantemente às famílias de tegumento preto, especialmente a família 14-1-1, juntamente com o parental recorrente IAC Veloz e o parental doador Gen 20-39-11. À direita, agruparam-se principalmente as famílias de tegumento carioca, incluindo 26-2-2, 25-2-2 e 27-2-2, associadas ao parental recorrente IAC 2051. Esse padrão confirma a coerência entre o pedigree das populações e os dados moleculares, além de indicar recuperação genômica diferenciada entre os grupos.

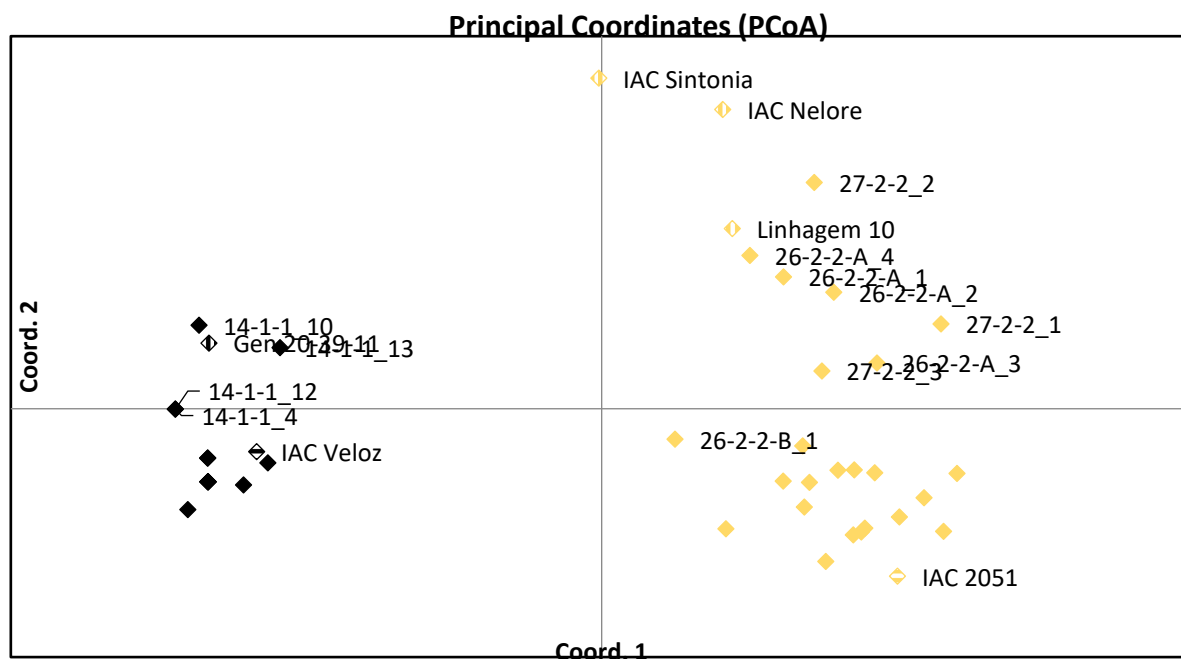


Figura 9 - - Análise de Coordenadas Principais (PCoA) baseada em marcadores SSR da população F₂RC₂ e parentais. Pontos em preto sólido: genótipos F₂RC₂ de tegumento preto; preto listrado: parentais de tegumento preto; amarelo sólido: genótipos F₂RC₂ de tegumento carioca; amarelo listrado: parentais de tegumento carioca.

Considerando que os marcadores utilizados foram descritos como ligados a QRL associados à resistência à antracnose, a seleção priorizou genótipos com maior proximidade genética ao parental resistente. Entre os genótipos de tegumento preto, destacaram-se 14-1-1-P4 e 14-1-1-P12. Nos materiais de tegumento carioca, foram selecionados 27-2-2-P2, 26-2-2-B-P1 26-2-2A-P4, 26-2-2A-P1, 26-2-2A-P2 e 26-2-2A-P3, onde pode ser visto no dendrograma (Figura 10)

Embora a família 25-2-2 tenha apresentado maior frequência de resistência fenotípica, seu agrupamento próximo ao parental recorrente IAC 2051 no dendrograma e isso pode ser explicado pela elevada recuperação do *background* genético do recorrente após sucessivos retrocruzamentos. No dendrograma (Figura 10), os genótipos cariocas se separaram num grupo distinto dos genótipos de tegumento preto, com exceção do IAC Sintonia. Além disso, os SSRs utilizados refletem a similaridade nos *loci* dos marcadores avaliados, os quais podem não estar em ligação com os QRL específicos herdados do parental doador responsáveis pela resistência observada. Estudos de associação de larga escala demonstram que a resistência à antracnose envolve múltiplos *loci* distribuídos ao longo do genoma, com dezenas de marcadores associados a diferentes regiões cromossômicas, indicando a complexidade genética desse caráter (Shafi *et al.*, 2024)

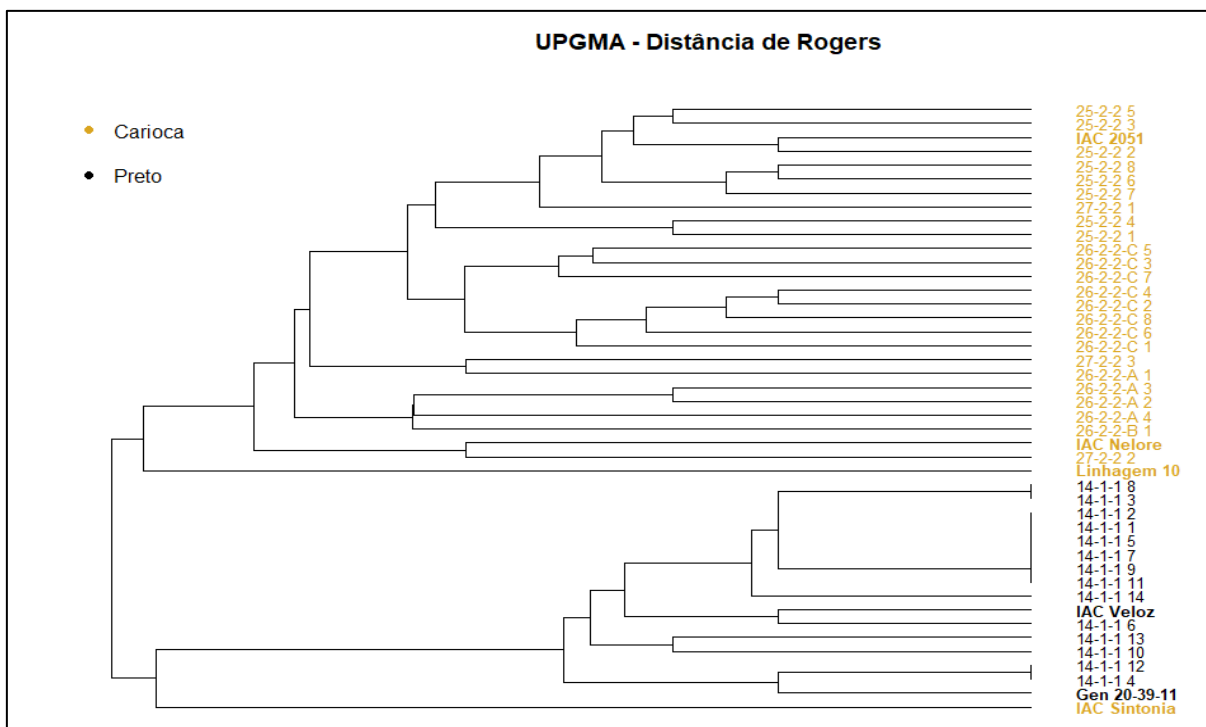


Figura 10 - Dendrograma utilizando a distância modificada de Rogers e o coeficiente de UPGMA entre genótipos de feijoeiro comum, calculado a partir de marcadores SSRs.

A análise da constituição alélica desses genótipos revelou distintos padrões de homo e heterozigose. O genótipo 26-2-2A_P1 apresentou homozigose para todos os microssatélites avaliados, enquanto 26-2-2A_P2 e 26-2-2A_P3 foram heterozigotos para SSR-IAC167 e 26-2-2A_P4 para Bmd-25. Na família 26-2-2-C, o genótipo 26-2-2-C_P7 também se mostrou completamente homozigoto, ao passo que os demais indivíduos do mesmo retrocruzamento apresentaram heterozigose para alguns marcadores, como PVctt001, SSR-IAC167, SSR-IAC143, BM211 e BM156. De forma semelhante, 26-2-2-B_P1 foi heterozigoto para Bmd-25, SSR-IAC167 e BM211.

Na família 25-2-2, predominou a homozigose, com exceção de 25-2-2_P1 e 25-2-2_P7, heterozigotos para BM211. Já na família 27-2-2, todos os genótipos avaliados apresentaram homozigose para os marcadores testados. De modo geral, os genótipos de tegumento preto mostraram-se homozigotos para todos os alelos analisados, indicando fixação dos *loci* avaliados e probabilidade nula de segregação desses marcadores nas gerações subsequentes.

Com base nesses critérios de Botstein *et al.* (1980), os SSRs classificados como altamente informativos nesta população foram: Bmd-25, PVctt001, BM211, BM210, BM156 e PvM40. Como mediamente informativos destacaram-se SSR-IAC167, SSR-IAC143 e Pv-

atcc003. Já os marcadores considerados pouco informativos foram: SSR-IAC284, SSR-IAC245, CV542014, SSR-IAC36, PVBR251, SSR-IAC255.1 e SSR-IAC254 (Tabela 14).

Tabela 14 - Conteúdo de Informação Polimórfica (PIC) dos microssatélites associados à resistência à antracnose na população F₂RC₂ e seus parentais.

Microssatélite	Valor de PIC
Bmd-25	0,62
PVctt001	0,56
SSR-IAC167	0,30
SSR-IAC143	0,46
SSR-IAC284	0,00
SSR-IAC245	0,00
Pv-atcc003	0,28
CV542014	0,00
BM211	0,53
BM210	0,50
SSR-IAC36	0,00
PVBR251	0,00
SSR-IAC255.1	0,02
SSR-IAC254	0,19
BM156	0,56
PvM40	0,64

O valor de PIC obtido para o marcador Bmd-25 na população avaliada não se encontra alinhado com o resultado reportado por Burle *et al.* (2010). No presente estudo, esse marcador foi classificado como altamente informativo (Tabela 14), enquanto em Burle *et al.* (2010) apresentou PIC de 0,22, sendo considerado pouco informativo. Essa discrepância pode ser atribuída à composição do painel utilizado, uma vez que Burle *et al.* (2010) avaliaram um conjunto de variedades crioulas, cultivares mesoamericanas e andinas. O valor de PIC é dependente da frequência e distribuição dos alelos nos genótipos analisados, podendo variar conforme o material genético avaliado (Anderson *et al.*, 1992).

Situação semelhante foi observada para o marcador SSR-IAC167. No presente estudo, esse microssatélite foi classificado como mediamente informativo (Tabela 14) resultado compatível com estudos conduzidos em painéis de cultivares carioca (Persegini *et al.*, 2011; Persegini *et al.*, 2015). Entretanto, quando avaliado em painel composto por cultivares mesoamericanas e andinas, o PIC atingiu 0,542, sendo classificado como altamente informativo (Pipan & Meglič, 2019). O mesmo padrão de variação foi verificado para o marcador BM156, que neste estudo apresentou alto poder informativo (Tabela 14) enquanto em Burle *et al.* (2010) foi classificado como mediamente informativo e em Pires *et al.* (2022) como pouco informativo (PIC = 0,0797).

Para os marcadores SSR-IAC284 e SSR-IAC245 observa-se um contraste ainda mais evidente. No presente estudo, ambos se mostraram monomórficos (Tabela 14), enquanto em

Santos et al. (2024) atingiram valores de PIC de 0,58 e 0,55, respectivamente, sendo classificados como altamente informativos. Novamente, essa diferença pode ser atribuída à composição distinta dos painéis de cultivares utilizados. De forma inversa, o marcador Pv-atcc003 apresentou comportamento distinto entre os estudos, sendo praticamente monomórfico em Burle *et al.* (2010), mas demonstrando alto nível de informação na população avaliada neste trabalho.

Alguns marcadores mantiveram padrão informativo semelhante entre diferentes estudos, como PvM40 (Persegini *et al.*, 2014), BM210, que apresentou PIC de 0,71 em Burle *et al.* (2010), e PVctt001, com PIC de 0,64 no mesmo estudo. Por fim, o marcador SSR-IAC36 manteve-se monomórfico tanto no presente estudo (Tabela 14) quanto em Benchimol-Reis *et al.* (2007), mesmo utilizando painéis diferentes, indicou baixa variabilidade desse *locus* nos materiais avaliados.

Marcador Molecular SCAR

Os marcadores SCARs avaliados, organizados conforme os genes de resistência alvo, não apresentaram amplificação consistente associada às reações fenotípicas esperadas. Para os genes *Co-2* (SQ4), *Co-3* e *Co-9* (SW12), *Co-4* (SY20 e SC08), *Co-5* (SAB3), *Co-9* (SB12) e *Co-10* (SF10), não foi observado produto de amplificação nas condições empregadas.

No caso do gene *Co-6* (AB136), o marcador SZ20 não apresentou amplificação, enquanto SZ04 gerou fragmento com tamanho aproximado de 1500 pb, distinto do esperado (567 pb), não sendo considerado específico (Figura 11). Para o gene *Co-4*² (G2333), o marcador SBB14 não gerou produto detectável, ao passo que SH18 apresentou amplificação apenas no genótipo G2333.

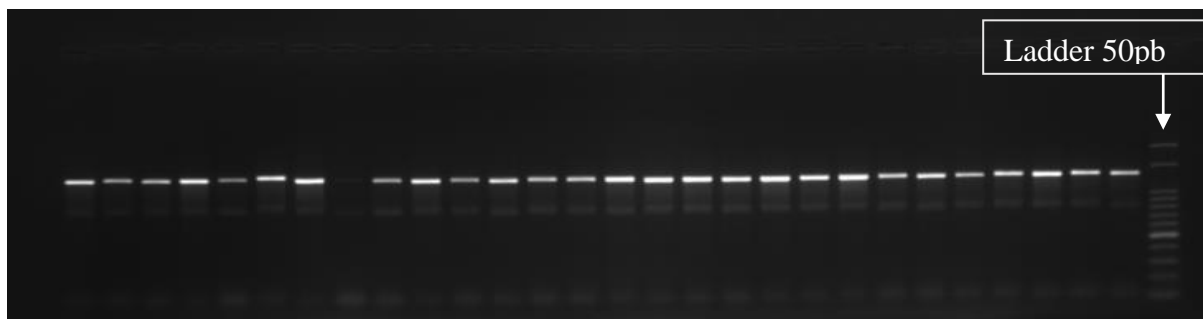


Figura 11 - Amplificação de DNA dos genótipos de feijoeiro comum em gel de agarose 2% com o SCAR SZ04. A última canaleta refere-se ao Ladder de 50 pb.

6.7. Resistência à Cff em geração F₃RC₂

A resistência à *C. flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* foi avaliada nos parentais conforme resultados anteriores do PMGF-IAC. É possível notar que apenas a cultivar IAC Veloz demonstrou resistência, em oposição ao Gen 20-39-11, IAC 2051, IAC 2560 Nelore, Linhagem 10 e IAC Sintonia (Tabela 15).

Tabela 15 - Severidade da doença nos parentais da geração F₃RC₂ submetidos à inoculação de *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens*.

Parentais	Tipo de tegumento	Severidade da doença – Escala de notas
IAC Veloz	Preto	1,8
Gen 20-39-11	Preto	4,2
IAC 2051	Carioca	4,2
IAC 2560 Nelore	Carioca	5,0
Linhagem 10	Carioca	5,0
IAC Sintonia	Carioca	4,2

Escala de notas: 1 – 2, material de feijoeiro considerado resistente; 3 – 5, material suscetível ao patógeno.

O IAC Veloz é indicado como moderadamente resistente (Chiorato et al., 2020), porém as outras cultivares não possuem registro de reação a *C. flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens*.

Dificuldades na herança da resistência de Cff se dá por haver genes de resistência recessivos e dominantes, além de efeitos aditivos e não aditivos, sendo isso uma herança de maior complexidade (Valentini *et al.*, 2011).

Os genótipos provenientes de cruzamentos envolvendo o parental resistente IAC Veloz originaram proles com maior frequência de indivíduos resistentes, evidenciando a contribuição direta desse genitor como fonte de alelos de resistência. Entretanto, mesmo nos cruzamentos em que os parentais avaliados foram classificados como suscetíveis, observou-se a ocorrência de proles resistentes, ainda que em menor proporção (Tabela 16).

Isso pode ser explicado pelo estudo de Valentini *et al.* (2011), onde no cruzamento de um parental resistente X suscetível a geração F₁ e recíprocos obtiveram médias inferiores a dos pais (mais resistentes), sendo uma resistência de genes dominantes, explicando a elevada porcentagem de proles F₃RC₂ resistentes do cruzamento IAC Veloz X Gen 20-39-11, em que a herança dessa resistência pode ser hipotetizada como dominante. Já as proles provenientes do cruzamento entre parentais suscetível X suscetível, pode ser referente a fixação de um gene recessivo, ou erro de inoculação.

Tabela 16 - Severidade da doença em indivíduos da geração F₃RC₂ submetidas à inoculação de *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens*.

Cruzamento	Identificação de Genótipos	Quantidade de plantas inoculadas	Porcentagem de plantas resistentes
(IAC Veloz X Gen 20-39-11) X IAC Veloz] X IAC Veloz	14-1-1-P1	15	100%
	14-1-1-P2	14	86%
	14-1-1-P3	15	73%
	14-1-1-P4	15	93%
	14-1-1-P5	15	80%
	14-1-1-P6	15	80%
	14-1-1-P7	14	100%
	14-1-1-P8	14	100%
	14-1-1-P9	15	87%
	14-1-1-P10	15	87%
	14-1-1-P11	20	70%
	14-1-1-P12	16	88%
	14-1-1-P13	15	80%
	14-1-1-P14	15	100%
[(IAC 2051 X Linhagem 10) X IAC 2051] X IAC 2051	25-2-2-P1	15	33%
	25-2-2-P2	15	0%
	25-2-2-P3	15	0%
	25-2-2-P4	15	0%
	25-2-2-P5	15	7%
	25-2-2-P6	15	7%
	25-2-2-P7	15	0%
	25-2-2-P8	15	7%
(IAC 2051 X IAC Nelore) X IAC 2051] X IAC 2051	27-2-2-P1	15	7%
	27-2-2-P2	15	0%
	27-2-2-P3	14	0%
(IAC 2051 X IAC Sintonia) X IAC 2051] X IAC 2051	26-2-2-C-P1	14	0%
	26-2-2-C-P2	14	0%
	26-2-2-C-P3	14	0%
	26-2-2-C-P4	13	0%
	26-2-2-C-P5	14	0%
	26-2-2-C-P6	15	0%
	26-2-2-C-P7	15	0%
	26-2-2-C-P8	15	0%
	26-2-2-B-P1	15	0%
	26-2-2-A-P1	15	7%
	26-2-2-A-P2	14	7%
	26-2-2-A-P3	15	0%
26-2-2-A-P4	15	73%	

Genótipos obtidos após inoculação com *C. lindemuthianum*, nos quais cada indivíduo resistente originou, por autopolinização, uma família posteriormente inoculada com *C. flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* (Cff).

7. CONCLUSÃO

- Foram isoladas 21 colônias de *C. lindemuthianum* de cinco estados brasileiros, com as seguintes raças fisiológicas identificadas: 65.69; 65.805; 73; 81 (dois isolados); 87; 89 (dois isolados); 403; 407; 409; 411; 465; 467 (três isolados); 475 (três isolados); 479; 521.
- Os isolados com maior virulência foram: da raça 113, 479, 467, 521 e 81;
- Foi identificada diferença intraracial entre isolados das raças fisiológicas: 65, 73, 81, 89, 465, 467 e 475;
- As cultivares com maior resistência frente aos isolados avaliados foram: IAC 1850 e IAC Una e entre as linhagens: Gen 20-39-11 e Linhagem 10;
- Em geração F₂ para tegumento preto, o cruzamento IAC Veloz X Gen-20-39-22 se destacou com 32 plantas resistentes e para tegumento carioca o cruzamento IAC 2051 X IAC 2560 Nelore com 37 plantas resistentes;
- Em geração F₂RC₂, os retrocruzamentos [(IAC Veloz X Gen 20-39-11) X IAC Veloz] X IAC Veloz e [(IAC 2051 X Linhagem 10) X IAC 2051] X IAC 2051 forneceram maior quantidade de genótipos resistentes;
- Foi observado segregação na coloração de tegumento na geração F₂RC₂ da família [(IAC 2051 X IAC Sintonia) X IAC 2051] X IAC 2051, em que genótipos 26-2-2-B possuem coloração mais apropriada para o mercado;
- Na avaliação morfo-agronômica em geração F₃, as famílias 18-P8, 25-P1 e 25-P7 obtiveram melhores características;
- Na avaliação de SSRs para resistência de antracnose, os genótipos que mais mantiveram as características dos parentais doadores foram: 27-2-2-P2 e 14-1-1-P4
- Nos resultados de resistência a *Cff*, a família proveniente de retrocruzamento (IAC Veloz X Gen 20-39-11) X IAC Veloz] X IAC Veloz se destacou pelo alto índice de indivíduos resistentes.

8. CONSIDERAÇÕES FINAIS

Os dados etiológicos dos isolados de *Colletotrichum lindemuthianum* demonstraram que, dentro da estrutura amostral realizada, os isolados avaliados não superaram os genes de resistência presentes nas diferenciadoras AB136 e G2333. No entanto, Nunes *et al.* (2021) relatam que já foram identificadas no território brasileiro as raças 1601 e 1609, capazes de superar a resistência de AB136. Da mesma forma, Vallejo & Kelly (2009) indicam que as raças 3481 e 3545 apresentam, como esperado, suscetibilidade na diferenciadora G2333, enquanto a cultivar G2338 apresenta resistência, sendo considerada uma alternativa promissora para programas de melhoramento visando resistência a *C. lindemuthianum*.

Os dados obtidos neste estudo também evidenciaram eventos já reportados na literatura relacionados à variabilidade na agressividade entre isolados pertencentes à mesma raça fisiológica. Diferenças na intensidade dos sintomas causados por isolados classificados dentro da mesma raça já foram relatadas anteriormente para raças como 31, 81 e 65 (Carbonell *et al.*, 1999; Santos *et al.*, 2008). Esse fenômeno indica que a classificação fisiológica baseada apenas na reação de cultivares diferenciadoras nem sempre é capaz de representar toda a variabilidade existente nas populações do patógeno.

Nos isolados avaliados neste estudo, esse comportamento foi observado entre isolados pertencentes às raças 65, 73, 81, 89, 465, 467 e 475. A elevada diversidade de raças e níveis de agressividade dentro das populações de *C. lindemuthianum* tem sido observada em diferentes regiões produtoras de feijão, sendo relatada a ocorrência de numerosas raças fisiológicas no Brasil e em outros países produtores (Pastor-Corrales & Tu, 1989; Ribeiro *et al.*, 2016; Nunes *et al.*, 2021).

A variabilidade intraracial pode ser atribuída a diferentes mecanismos evolutivos que atuam sobre as populações do patógeno, incluindo mutações, recombinação genética e pressão de seleção exercida pela utilização contínua de cultivares resistentes (Bardas *et al.*, 2009; Palacioğlu *et al.*, 2020). Morelos-Martínez *et al.* (2024) demonstram a alta quantidade de elementos transponíveis no genoma de *C. lindemuthianum*, característica associada à rápida evolução do fungo e à sua capacidade de adaptação a diferentes ambientes.

Como consequência, isolados pertencentes à mesma raça fisiológica podem apresentar diferentes níveis de agressividade, refletindo variações na capacidade de colonização do hospedeiro ou na expressão de fatores de virulência. Essa variabilidade representa um desafio adicional para programas de melhoramento genético, uma vez que genótipos classificados

como resistentes a determinada raça podem apresentar respostas diferenciadas quando expostos a isolados distintos dessa mesma raça (Kelly & Vallejo, 2004; Ishikawa *et al.*, 2011).

Do ponto de vista do melhoramento genético do feijoeiro, a ocorrência de variabilidade dentro das raças fisiológicas reforça a necessidade de avaliações de resistência utilizando múltiplos isolados do patógeno ou misturas de raças. Essa estratégia pode resultar em níveis de virulência iguais ou até superiores aos observados quando os genótipos são inoculados com raças individualmente (Faleiros *et al.*, 2018). Essa abordagem permite uma caracterização mais robusta da resistência dos genótipos avaliados, reduzindo o risco de seleção de materiais que apresentem resistência apenas a isolados específicos do patógeno. Além disso, a incorporação de diferentes mecanismos de resistência, incluindo genes maiores e *loci* de resistência quantitativa, tem sido apontada como estratégia importante para aumentar a durabilidade da resistência à antracnose em cultivares comerciais (Oblessuc *et al.*, 2014).

Nesse contexto, a seleção simultânea de diferentes características ao longo das gerações constitui uma prática que aumenta a probabilidade de sucesso em programas de melhoramento (Mendes *et al.*, 2009). A seleção de genótipos superiores em programas de melhoramento de feijoeiro geralmente envolve a análise de diversos caracteres, incluindo ciclo, hábito de crescimento, arquitetura de planta e adaptação agrônômica, características que influenciam diretamente o desempenho produtivo e a aceitação comercial das cultivares (Ramalho *et al.*, 2012; Carbonell *et al.*, 2010).

Assim, as avaliações realizadas nas populações segregantes permitiram a identificação de famílias promissoras tanto nas gerações F₃ quanto nas gerações provenientes de retrocruzamento (F₃RC₂), considerando simultaneamente características morfo-agronômicas, resistência a doenças e qualidade de grãos.

Dessa forma, os resultados evidenciam que a elevada variabilidade fisiológica e de agressividade de *Colletotrichum lindemuthianum* reforça a natureza dinâmica desse patossistema. Nesse contexto, estratégias integradas de melhoramento, como a avaliação com múltiplos isolados, a piramidação de genes de resistência e a seleção simultânea de caracteres agrônômicos, são fundamentais para o desenvolvimento de cultivares com resistência mais ampla e durável, reunindo características desejadas pelo setor produtivo. As famílias promissoras identificadas neste estudo apresentam, portanto, potencial para avanço nas próximas etapas do programa de melhoramento.

9. REFERÊNCIAS

Agrios, g. n. Plant pathology. 5. ed. Burlington: Elsevier Academic Press, 2005.

Almeida, C. P.; Paulino, J. F. C.; Carbonell, S. A. M.; Chiorato, A. F.; Song, Q.; Di Vittori, V.; Rodriguez, M.; Papa, R.; Benchimol-Reis, L. L. Genetic diversity, population structure, and Andean introgression in Brazilian common bean cultivars after half a century of genetic breeding. *Genes*, v. 11, n. 11, p. 1298, 2020. DOI: 10.3390/genes11111298.

Alzate-Marin, A. L.; Sartorato, A. Analysis of the pathogenic variability of *Colletotrichum lindemuthianum* in Brasil. Annual Report of the Bean Improvement Cooperative, 47, 241-242, 2004. Disponível em: <<http://www.alice.cnptia.embrapa.br/alice/handle/doc/212500>>

Beaver, J. S.; Osorno, J. M. Achievements and limitations of contemporary common bean breeding using conventional and molecular approaches. *Gent: Euphytica*, v. 168, n. 2, p. 145–175, 2009. (*Euphytica*, 168). DOI: 10.1007/s10681-009-9911-x.

Balardin, R. S.; Kelly, J. D. Interaction between *Colletotrichum lindemuthianum* races and gene pool diversity in *Phaseolus vulgaris*. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, v. 123, n. 6, p. 1038–1047, 1998. DOI: 10.21273/JASHS.123.6.1038.

Banoo, A.; Nabi, A.; Rasool, R. S.; Mahiya-Farooq; Shah, M. D.; Ahmad, M.; Sofi, P. A.; Aasiya-Nabi; Itoo, H.; Sharma, P. N.; Padder, B. A. North-Western Himalayan Common Beans: Population Structure and Mapping of Quantitative Anthracnose Resistance Through Genome Wide Association Study. *Frontiers in Plant Science*, v. 11, 2020. DOI: 10.3389/fpls.2020.571618

Barcelos, Q. L.; Souza, E. A.; Silva, K. J. D. Vegetative compatibility and genetic analysis of *Colletotrichum lindemuthianum* isolates from Brazil. *Genetics and Molecular Research*, v.10, p.230-242, 2011. <https://doi.org/10.4238/vol10-1gmr907>

Bardas, G. A.; Veloukas, T.; Koutita, O.; Karaoglanidis, G. S. Molecular diversity and assessment of biological characteristics of Greek *Colletotrichum lindemuthianum* populations. *Berlin: Journal of Phytopathology*, v. 157, n. 9, p. 561–568, 2009. (*Journal of Phytopathology*, 157). DOI: 10.1111/j.1439-0434.2008.01477.x.

Barili, L. D., Vale, N. M., Moura, L. M., Paula, R. G., Silva, F. F., e Carneiro, J. E. S. (2016). Genetic progress resulting from forty-three years of breeding of the carioca common bean in Brazil. *Genetics and Molecular Research*, 15, 1–11. DOI: 10.4238/gmr.15038523

Barrus, M.F. Variation of varieties of beans in their susceptibility to anthracnose. *Phytopathology*, 190-199, 1911.

Barrigossi, J. A. F.; Ferreira, C. M. Arroz e feijão: tradição e segurança alimentar. Brasília, DF: Embrapa; Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2021. Disponível em: <<http://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/handle/doc/1134359>>

Bean Improvement Cooperative (BIC). SCAR markers linked with disease resistance traits in common bean (*Phaseolus vulgaris*). Bean Improvement Cooperative, 2010. Available at: http://arsftfbean.uprm.edu/bic/wp-content/uploads/2018/04/SCAR_Markers_2010.pdf

Benchimol-Reis, L. L.; Bueno, C. J.; Harakava, R.; Chiorato, A. F.; Carbonell, S. A. M. Molecular breeding for fungal resistance in common bean. Basel: International Journal of Molecular Sciences, v. 26, n. 21, 10387, 2025. (International Journal of Molecular Sciences, 26). DOI: 10.3390/ijms262110387.

Benchimol-Reis, L. L.; de Campos, T.; Carbonell, S. A. M.; Colombo, C. A.; Chioratto, A. F.; Formighieri, E. F.; Gouvêa, L. R. L.; de Souza, A. P. Structure of genetic diversity among common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) varieties of Mesoamerican and Andean origins using new developed microsatellite markers. Ottawa: Genetic Resources and Crop Evolution, v. 54, n. 8, p. 1747–1762, 2007. (Genetic Resources and Crop Evolution, 54). DOI: 10.1007/s10722-006-9184-3.

Blair, M. W.; Pedraza, F.; Buendia, H. F.; Gaitán-Solís, E.; Beebe, S. E.; Gepts, P.; Tohme, J. Development of a genome-wide anchored microsatellite map for common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Berlin: *Theoretical and Applied Genetics*, v. 107, p. 1362–1374, 2003. (Theoretical and Applied Genetics, 107). DOI: 10.1007/s00122-003-1398-6.

Brandenberger, L. (2022). Quantitative Trait Loci (QTL). In: Vonk, J., Shackelford, T.K. (eds) Encyclopedia of Animal Cognition and Behavior. Springer, Cham. DOI: 10.1007/978-3-319-55065-7_209

Burle, M. L.; Fonseca, J. R.; Kami, J. A.; Gepts, P. Microsatellite diversity and genetic structure among common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) landraces in Brazil, a secondary center of diversity. Berlin: *Theoretical and Applied Genetics*, v. 121, n. 4, p. 801–813, 2010. (Theoretical and Applied Genetics, 121). DOI: 10.1007/s00122-010-1350-5.

Borém, A. Melhoramento de plantas. 8. ed. São Paulo: Oficina de Textos, 2021. 456 p.

Botstein, D., White, R. L., Skolnick, M. and Davis, R. W. (1980). Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphism. *American Journal of Human Genetics*, 32(3): 314-331. PMID: 6247908; PMCID: PMC1686077.

Buishand, T. J. The crossing of beans (*Phaseolus* spp.). *Euphytica*, 5:41-50, 1956.

Burkholder, W.H. The gamma strain of *Colletotrichum lindemuthianum* (Sacc. Et Magn.). *Phytopathology*, 316-323, 1923.

Campa, A.; Trabanco, N.; Ferreira, J. J. Identification of clusters that condition resistance to anthracnose in the common bean differential cultivars AB136 and MDRK. St. Paul, MN: *Phytopathology*, v. 107, n. 12, p. 1515–1521, 2017. (Phytopathology, 107). DOI: 10.1094/PHYTO-01-17-0012-R.

Carbonell, S. A. M.; Chiorato, A. F.; Bezerra, L. M. C.; Gonçalves, J. G. R.; Silva, D. A.; Esteves, J. A. F.; Benchimol-Reis, L. L.; Limonta Carvalho, C. R.; Paes de Barros, V. L. N.; Freitas, R. S.; Ticelli, M.; Gallo, P. B. IAC 1850: high yielding carioca common bean cultivar.

Crop Breeding and Applied Biotechnology, v. 19, n. 3, p. 378–381, 2019. DOI: 10.1590/1984-70332019v19n3c53.

Carbonell, S. A. M.; Chiorato, A. F.; Capanema Bezerra, L. M.; Gonçalves, J. G. R.; Rovaris, S. R. S.; Gonçalves, G. M. C.; Paulino, J. F. C. IAC 2051: common bean cultivar of carioca type with slow seed coat darkening. Viçosa, MG: Crop Breeding and Applied Biotechnology, v. 21, n. 2, e36282128, 2021. (Crop Breeding and Applied Biotechnology, 21). DOI: 10.1590/1984-70332021v21n2c37.

Carbonell, S. A. M.; Bueno, C. J.; Freitas, R. S.; Wustro, I. C.; Ticelli, M.; Chiorato, A. F. IAC 2560 Nelore: resistance to *Colletotrichum lindemuthianum*, with slow seed coat darkening. Crop Breeding and Applied Biotechnology, v. 25, n. 4, e53172541, 2025. DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/1984-70332025v25n4c46>.

Carbonell, S. A. M., Ito, M. F., Pompeu, A. S., Francisco, F. G., Ravagnani, S., & Almeida, A. L. L. (1999). Raças fisiológicas de *Colletotrichum lindemuthianum* e reação de linhagens e cultivares de feijoeiro no Estado de São Paulo. *Fitopatologia Brasileira*, 24(1), 60-65.

Cárdenas, F.; Adams, M. W.; Andersen, A. The genetics system for reaction of field beans (*Phaseolus vulgaris* L.) to infection by three physiologic races of *Colletotrichum lindemuthianum*. *Euphytica*, n.13, p.178-186, 1964. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/BF00033307>.

Cardoso, J. M. K.; Oblessuc, P. R.; de Campos, T.; Sforça, D. A.; Carbonell, S. A. M.; Chioratto, A. F.; Formighieri, E. F.; de Souza, A. P.; Benchimol, L. L. New microsatellite markers developed from an enriched microsatellite common bean library. Brasília, DF: Pesquisa Agropecuária Brasileira, v. 43, n. 7, p. 929–936, 2008. (Pesquisa Agropecuária Brasileira, 43).

Carneiro, S. M. de T. P. G. (1999). Raças fisiológicas de *Colletotrichum lindemuthianum* no Estado do Paraná. *Summa Phytopathologica*, v. 25, p 275-278, 1999.

Chiorato, A. F.; Carbonell, S. A. M.; Moura, R. R. de .; Ito, M. F.; Colombo, C. A. Co-evolução entre raças fisiológicas de *Colletotrichum lindemuthianum* e feijoeiro. *Bragantia*, v. 65, n. 3, p. 381–388, 2006. DOI: 10.1590/S0006-87052006000300003

Chiorato, A. F.; Gonçalves, J. G. R.; da Silva, D. A.; Carvalho, C. R. L.; Esteves, J. A. F.; Benchimol Reis, L. L.; Capanema, L. M. B.; Carbonell, S. A. M. IAC Veloz: a new early-cycle black bean cultivar. Viçosa, MG: *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, v. 20, 2020. (Crop Breeding and Applied Biotechnology, 20). DOI: 10.1590/1984-70332020v20n3c38.

CIAT (Centro Internacional de Agricultura Tropical). Research constraints provisionally identified by CIAT. In: Workshop on advanced Phaseolus bean research network, p.30 , 1990.

Coelho, L. G. F.; Bomfim, C. A.; Mendes, I. de C.; Vale, H. M. M. do; Junior, F. B. dos R. A inoculação do feijoeiro no Brasil: Alternativas para aumentar a produtividade utilizando microrganismos promotores do crescimento vegetal. Planaltina: Embrapa Cerrados, 2021. 47p. (Embrapa Cerrados. Documentos).

Collard, B. C. Y.; Mackill, D. J. Marker-assisted selection: an approach for precision plant breeding in the twenty-first century. London: Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences, v. 363, p. 557–572, 2008. DOI: 10.1098/rstb.2007.2170.

Colletotrichum lindemuthianum (Sacc. and Magnus) Briosi and Cavara, *Funghi Parass. Piante Colt. od Utili*, Fasc. 2: no. 50 (1889)

Companhia Nacional de Abastecimento (Conab). Acompanhamento da Safra Brasileira de Grãos, Brasília, DF, v. 11, safra 2023/24, n. 9 nono levantamento, 2024. Disponível em: <https://www.conab.gov.br/component/k2/item/download/53610_b188f20a12afca8147455ae4b652f7e2> Acesso em: 05 Jul. 2024.

Companhia Nacional de Abastecimento (Conab). Portal de Informações Agropecuárias — Oferta e Demanda. Disponível em: <https://portaldeinformacoes.conab.gov.br/oferta-e-demanda.html>. Acesso em: 07 Janeiro. 2026.

Companhia Nacional de Abastecimento (Conab). Portal de Informações Agropecuárias – Produtos 360°. Disponível em: <https://portaldeinformacoes.conab.gov.br/produtos-360.html>. Acesso em: 29 jan. 2026.

Davis, M. J.; Vidaver, A. K. 2001. Coryneform plant pathogens. In: Schaad, N. W., Jones, J. B., Chun, W. (Ed.). *Plant pathogenic bacteria*. 3rd ed. APS Press, St. Paul, USA, p.218-235.

Debouck, D. G. Systematics and morphology. In: SCHOONHOVEN, A. van; VOYSEST, O. (ed.). *Common beans: research for crop improvement*. Wallingford: CAB; CALI: CIAT, 1991. p. 55-118.

DE Almeida, C.P.; Paulino, J.F.d.C.; Santos, I.L.; Bajay, M.M.; Goncalves, G.d.M.C.; Carvalho, C.R.L.; Carbonell, S.A.M.; Chiorato, A.F.; Benchimol-Reis, L.L. Marker-assisted backcrossing for disease resistance and agronomic traits in Carioca beans. *Crop Sci* 61 (4): 2510-2521, 2021. DOI:10.1002/csc2.20528.

DE Ron, A. M.; Papa, R.; Bitocchi, E.; González, A. M.; Debouck, D. G.; Brick, M. A.; Fourie, D.; Marsolais, F.; Beaver, J.; Geffroy, V.; McClean, P.; Santalla, M.; Lozano, R.; Yuste-Lisbona, F. J.; Casquero, P. A. Common bean. In: De Ron, A. M. (ed.). *Grain legumes*. New York, NY: Springer, 2015. p. 1–36. DOI: 10.1007/978-1-4939-2797-5_1.

Didonet, A. D.; SILVA, S. C. da. Elementos climáticos e produtividade do feijoeiro. Belo Horizonte: Informe Agropecuário, p. 13-19, 2004. (Informe Agropecuário. Circular técnica, 25).

Domene, S. M. Á.; Ghedini, N. S. R. V.; Steluti, J. Importância nutricional do arroz e do feijão. In: Ferreira, C. M.; Barrigossi, J. A. F. (org.). *Arroz e feijão: tradição e segurança alimentar*. Brasília, DF: Embrapa; Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2021. p. 148–163.

Dos Santos, A. C. S.; Bischoff Nunes, I.; Teixeira da Silva, L.; de Sousa Alcântara, L. V.; da Silva Domingues, L.; Donazzolo, J.; Morini Kupper Cardoso Perseguini, J.; Possenti, J. C. Morpho–molecular characterization of Brazilian common bean landraces varieties and commercial cultivars. *Basel: Horticulturae*, v. 10, n. 11, p. 1123, 2024. (Horticulturae, 10). DOI: 10.3390/horticulturae10111123.

Fayaz, T.; Nabi, A.; Nabi, N.; Lateef, I.; Junaid, R.; Nisa, Q.; Khursheed, S.; Bashir, A.; Rashid, Z.; Itoo, H.; Shah, R. A.; Banday, S.; Zargar, S. M.; Khan, I.; Shah, M. D.; Padder, B. A. Microsatellite markers display high diversity in bean anthracnose pathogen *Colletotrichum lindemuthianum* in Kashmir. New York: Biochemical Genetics, 2026. DOI: 10.1007/s10528-026-11322-4.

Faleiro, F. G. Marcadores genético-moleculares aplicados a programas de conservação e uso de recursos genéticos. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 102 p., 2007. (Embrapa Cerrados, Documentos). ISBN: 978-85-7075-035-8.

Falleiros, A. B.; Mota, S. F.; Souza, E. A.; Mizubuti, E. S. G.; Vieira, R. F.; Moreira, M. A. Mixture of *Colletotrichum lindemuthianum* races in anthracnose resistance screening and its implication for common bean breeding. Viçosa, MG: Tropical Plant Pathology, v. 43, p. 54–60, 2018. (Tropical Plant Pathology, 43). DOI: 10.1007/s40858-017-0190-5.

FAOSTAT. Countries by commodity, 2024. Disponível em: https://www.fao.org/faostat/en/#rankings/countries_by_commodity.

Flor, H.H. Current status of the gene-for-gene concept. Annual Review Phytopathology 9:275-296. 1971.

Gaitán-Solís, E.; Duque, M. C.; Edwards, K. J.; Tohme, J. Microsatellite repeats in common bean (*Phaseolus vulgaris*): isolation, characterization, and discrimination power for diversity analysis. Ames, IA: Crop Science, v. 42, n. 6, p. 2128–2136, 2002. (Crop Science, 42). DOI: 10.2135/cropsci2002.2128.

Gasparotto, L.; Pereira, J. C. R.; Hanada, R. E.; Cares, J. E.; Araújo, J. C. A. de; Ângelo, P. C. da S. Glossário de fitopatologia. 4. ed. rev. e atual. Brasília: Embrapa, 2023.

Guttman, D. S., McHardy, A. C., & Schulze-Lefert, P. (2014). *Microbial genome-enabled insights into plant-microorganism interactions*. Nature Reviews Genetics, 15(12), 797–813. <https://doi.org/10.1038/nrg3748>. PMID: 25266034.

Gonçalves-Vidigal, M. C.; Thomazella, C.; Vidigal Filho, P. S.; Kvitschal, M. V.; Elias, H. T. Characterization of *Colletotrichum lindemuthianum* isolates using differential cultivars of common bean in Santa Catarina State, Brazil. Brazilian Archives of Biology Technology, 51, 883-888, 2008. <https://doi.org/10.1590/S1516-89132008000500002>

Gonçalves-Vidigal, M.C., Meirelles, A.C., Poletine, J.P., De Sousa, L.L., Cruz, A.S., Nunes, M.P., Lacanallo, G.F. and Vidigal Filho, P.S. (2012), Genetic analysis of anthracnose resistance in ‘Pitanga’ dry bean cultivar. Plant Breeding, 131: 423-429. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0523.2011.01939.x>

Grisi, M. C. M.; Blair, M. W.; Gepts, P.; Brondani, C.; Pereira, P. A. A.; Brondani, R. P. V. Genetic mapping of a new set of microsatellite markers in a reference common bean (*Phaseolus vulgaris*) population BAT93 x Jalo EEP558. Londrina: Genetics and Molecular Research, v. 6, n. 3, p. 691–706, 2007. (Genetics and Molecular Research, 6).

Habgood, R. M. Designation of physiological races of plant pathogens. Nature, v. 227, p. 1268–1269, 1970. DOI: 10.1038/2271268a0

Hanai, L. R.; de Campos, T.; Camargo, L. E. A.; Benchimol, L. L.; de Souza, A. P.; Melotto, M.; Carbonell, S. A. M.; Chioratto, A. F.; Consoli, L.; Formighieri, E. F.; Siqueira, M. V. B. M.; Tsai, S. M.; Vieira, M. L. C. Development, characterization, and comparative analysis of polymorphism at common bean SSR loci isolated from genic and genomic sources. Ottawa: *Genome*, v. 50, n. 3, p. 266–277, 2007. (Genome, 50). DOI: 10.1139/G07-007.

IDR - Instituto de Desenvolvimento Rural do Paraná. Catálogo de cultivares de feijão 2024. Curitiba, PR: Instituto de Desenvolvimento Rural do Paraná – IAPAR-EMATER, 2024.

Ishikawa, F. H.; Ramalho, M. A. P.; Souza, E. A. De. Common bean lines as potential differential cultivars for race 65 of *Colletotrichum lindemuthianum*. *Journal of Plant Pathology*, v. 93, n. 2, p. 461–464, 2011.

Ishikawa, F. H., Souza, E. A., Shoji, J., Connolly, L., Freitag, M., Read, N. D., & Roca, M. G. Heterokaryon incompatibility is suppressed following conidial anastomosis tube fusion in a fungal plant pathogen. *PLoS ONE*, v.7(2), p. 1-12, 2012.

Ishikawa, F. H.; Souza, E. A.; Silva, K. J. D.; Freire, C. N. S. Pathogenic variability of causal agent of common bean anthracnose. Michigan: Annual Report of the Bean Improvement Cooperative, p. 184-185, 2008. (Artigo de periódico, v. 51).

Jun, J.H.; Chung, K.H.; Jeong, S.B.; Lee, H.J. Identification of RAPD and SCAR markers linked to the flesh adhesion gene F in peach (*Prunus persica* (L.) Batsch). *Journal of Horticultural Science & Biotechnology*, v. 77 n. 5, p. 598-603, 2002.

Kamiri, A. K.; Arunga, E. E.; Rotich, F.; Otsyula, R. Response of French bean genotypes to *Colletotrichum lindemuthianum* and evaluation of their resistance using SCAR markers. *African Journal of Biotechnology*, v. 20, n. 2, p. 51–65, 2021. (African Journal of Biotechnology, 20). DOI: 10.5897/AJB2020.17279.

Kelly, J. D.; Vallejo, V. A. A comprehensive review of the major genes conditioning resistance to anthracnose in common bean. *HortScience*, Alexandria, VA, v. 39, n. 6, p. 1196–1207, 2004.

Kumar, R.; Das, S. P.; Choudhury, B. U.; Kumar, A.; Prakash, N. R.; Verma, R.; Chakraborti, M.; Devi, A. G.; Bhattacharjee, B.; Das, R.; Das, B.; Devi, H.; Das, B.; Rawat, S.; Mishra, V. K. Advances in genomic tools for plant breeding: harnessing DNA molecular markers, genomic selection, and genome editing. Ottawa: *Biological Research*, v. 57, p. 80, 2024. (Biological Research, 57). DOI: 10.1186/s40659-024-00562-6.

Mamidi, S., Rossi, M., Annam, D., Moghaddam, S., Lee, R., Papa, R., e McClean, P. (2011). Investigation of the domestication of common bean (*Phaseolus vulgaris*) using multilocus sequence data. *Functional Plant Biology*, 38, 953–67. <https://doi.org/10.1071/FP11124>.

Matiello, R. R.; Barbieri, R. L.; Carvalho, F. I. F. de. Resistência das plantas a moléstias fúngicas. *Ciência Rural*, v. 27, n. 1, p. 161–168, 1997. Disponível em: <https://doi.org/10.1590/S0103-84781997000100028>.

Mendes, F. F.; Ramalho, M. A. P.; Abreu, A. F. B. Índice de seleção para escolha de populações segregantes de feijoeiro-comum. Brasília, DF: *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v. 44, n. 10,

p. 1312–1318, 2009. (Pesquisa Agropecuária Brasileira, 44). DOI: 10.1590/S0100-204X2009001000015.

Mesquita, A. G. G.; Paula Júnior, T. J.; Moreira, M. A.; Barros, E. G. Identification of races of *Colletotrichum lindemuthianum* with the aid of PCR based molecular markers. *Plant Disease*, 82, 1084-1087, 1998. <https://doi.org/10.1094/PDIS.1998.82.10.1084>

Nietsche, S.; Borém, A.; Carvalho, G.A.; Ocha, R.C.; Paula, Jr, T.J.; Barros de, E.G.; Moreira, M.A. RAPD and SCAR markers linked to gene conferring resistance to Angular Leaf Spot in Common Bean. *Journal Phytopathology*, v. 148, p.117-121, 2000.

Morelos-Martínez, M. I.; Cano-Camacho, H.; Díaz-Tapia, K. M.; Simpson, J.; López-Romero, E.; Zavala-Páramo, M. G. Comparative genomic analyses of *Colletotrichum lindemuthianum* pathotypes with different virulence levels and lifestyles. *Basel: Journal of Fungi*, v. 10, n. 9, 651, 2024. (*Journal of Fungi*, 10). DOI: 10.3390/jof10090651.

Nay, M.M.; Souza, T.L.P.O.; Raatz, B.; Mukankusi, C.M.; Gonçalves-Vidigal, M.C.; Abreu, A.F.B.; Melo, L.C.; Pastor-Corrales, M.A. A Review of Angular Leaf Spot Resistance in Common Bean. *Crop Sci.* 2019 Jul-Aug;59(4):1376-1391. doi: 10.2135/cropsci2018.09.0596. Epub 2019 Jun 4. PMID: 33343018; PMCID: PMC7680949.

Nunes, M. P. B.; Gonçalves-Vidigal, C.; Martins, V.; Xavier, L.; Valentini, G.; Bisneta, M.; Vidigal Filho, P. Relationship of *Colletotrichum lindemuthianum* races and resistance loci in the *Phaseolus vulgaris* L. genome. *Crop Science*, 2021. DOI: 61. 10.1002/csc2.20601.

Oliveira, B.; Carneiro, S.; Romano, E. Caracterização de raças de *colletotrichum lindemuthianum* no estado do Paraná. *Cesumar*. 16. 205-211, 2014. Disponível em: <https://periodicos.unicesumar.edu.br/index.php/iccesumar/article/download/3692/2423>

Oliveira, L. F. C. de; Oliveira, M. G. de C.; Wendland, A.; Heinemann, A. B.; Guimarães, C. M.; Ferreira, E. P. de B.; Quintela, E. D.; Barbosa, F. R.; Carvalho, M. da C. S.; Lobo Junior, M.; Silveira, P. M. da; Silva, S. C. da. *Conhecendo a fenologia do feijoeiro e seus aspectos fitotécnicos*. Brasília, DF: Embrapa, 2018. 61 p. ISBN 978-85-7035-816-5.

Osdaghi, E.; Taghavi, S. M.; Hamidizade, M.; Kariminejhad, M.; Fazliarab, A.; Hajian Maleki, H.; Baeyen, S.; Taghouti, G.; Jacques, M.-A.; Van Vaerenbergh, J.; Portier, P. Multiphasic investigations imply transfer of orange-/red-pigmented strains of the bean pathogen *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* to a new species as *C. aurantiacum* sp. nov., elevation of the poinsettia pathogen *C. flaccumfaciens* pv. *poinsettiae* to the species level as *C. poinsettiae* sp. nov., and synonymy of *C. albidum* with *C. citreum*. *Berlin: Systematic and Applied Microbiology*, v. 47, n. 2-3, p. 126489, 2024. (*Systematic and Applied Microbiology*, 47). DOI: 10.1016/j.syapm.2024.126489.

Osdaghi, E.; Young, A. J.; Harveson, R. M. Bacterial wilt of dry beans caused by *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens*: a new threat from an old enemy. *Oxford: Molecular Plant Pathology*, v. 21, n. 5, p. 605–621, 2020. (*Molecular Plant Pathology*, 21). DOI: 10.1111/mpp.12926.

Palacioğlu, G.; Bayraktar, H.; Özer, G. Genetic variability of *Colletotrichum lindemuthianum* isolates from Turkey and resistance of Turkish bean cultivars. *Madrid: Spanish Journal of Agricultural Research*, v. 18, n. 4, e1007, 2020. (*Spanish Journal of Agricultural Research*, 18). DOI: 10.5424/sjar/2020184-16398.

Pastor-corrales, M.A. Estandarización de cultivares diferenciales y de designación de razas de *Colletotrichum lindemuthianum*. *Phytopathology*, 81, 1991. Disponível em: <https://www.researchgate.net/publication/285331720_Estandarizacion_de_variedades_diferenciales_y_de_designacion_de_razas_de_Colletotrichum_lindemuthianum>

Paulino, J.F.C.; Almeida, C.; Santos, I.L.; Gonçalves, J.G.R.; CARBONELL, S.A.M.; CHIORATO, A.F.; Benchimol-Reis, L.L. Combining disease resistance and postharvest quality traits by early marker-assisted backcrossing in carioca beans. *Sci. agric.* 2020, 79 (2) 2022 <https://doi.org/10.1590/1678-992X-2020-0233>.

Pereira, H. S.; Aguiar, M. S. de; Torga, P. P.; Souza, T. L. P. O. de; Faria, L. C. de; Sarmiento, P. H. L.; Oliveira, L. F. C. de; Albrecht, J. C.; Vianello, R. P.; Melo, L. C. BRS FC429: feijão-comum carioca com escurecimento lento, ereto e resistente à murcha de Fusarium. *Comunicação técnica Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO: Embrapa Arroz e Feijão, 2025. 5 p. (Embrapa Arroz e Feijão. Comunicado técnico, 278). Disponível em: <http://www.fpbjournal.com/fpbj/index.php/fpbj/article/view/229/98>*

Pinheiro, P. V.; Faria, J. C. de. *Fluxo gênico em feijoeiro comum: ocorrência e possíveis consequências*. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2005. 28 p. (Embrapa Arroz e Feijão. Documentos, 185).

Pinto, J. M. A.; Pereira, R.; Mota, S. F.; Ishikawa, F. H.; Souza, E. A. Investigating phenotypic variability in *Colletotrichum lindemuthianum* populations. *Phytopathology*, 102, 2012 490-497. <https://doi.org/10.1094/PHYTO-06-11-0179>

Pipan, B.; Meglič, V. Diversification and genetic structure of the western-to-eastern progression of European *Phaseolus vulgaris* L. germplasm. London: *BMC Plant Biology*, v. 19, article 442, 2019. (*BMC Plant Biology*, 19). DOI: 10.1186/s12870-019-2051-0.

Quat, N. N.; Dang, B. Q.; Nguyen, N. T.; Nguyen, T. N.; Luu, M. C. Evaluating drought tolerance in common beans using drought indices and molecular markers. *New Delhi: Indian Journal of Agricultural Research*, v. 59, n. 8, p. 1177–1183, 2025. (*Indian Journal of Agricultural Research*, 59). DOI: 10.18805/IJARE.AF-940.

Ramalho, M. A. P.; Abreu, Â. F. B.; Santos, J. B.; Nunes, J. A. R. *Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas*. Lavras: UFLA, 2012.

Rava, C. A.; Molina, J.; Kauffmann, M.; Briones, I. Determinación de razas fisiológicas de *Colletotrichum lindemuthianum* en Nicaragua. *Fitopatol. Bras.*, v. 18, n. 3, p. 388-391, 1993. Disponível em: <<http://www.alice.cnptia.embrapa.br/alice/handle/doc/197525>>

Rava, C.A.; Purchio, A. F.; Sartorato, A.S. Caracterização de patótipos de *Colletotrichum lindemuthianum* que ocorrem em algumas regiões produtoras de feijoeiro comum. *Fitopatol. bras.* p. 167-172, 1994. Disponível em: <<https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/doc/215553/1/fb-1994.pdf>>

Ribeiro, T.; Esteves, J. A. F.; Silva, D. A.; Gonçalves, J. G. R.; Carbonell, S. A. M.; Chiorato, A. F. Classification of *Colletotrichum lindemuthianum* races in differential cultivars of common bean. *Acta Scientiarum. Agronomy*, v. 38, n. 2, p. 179–184, 2016. Disponível em: <<https://doi.org/10.4025/actasciagron.v38i2.27866>>

Ribeiro ND, Storck L and Poersch NL (2008) Classificação de lotes comerciais de feijão por meio da claridade do tegumento dos grãos. *Ciência Rural* 38: 2042-2045

Roca MG, Arlt J, Jeffree CE, Read ND. Cell biology of conidial anastomosis tubes in *Neurospora crassa*. *Eukaryot Cell*. 2005; 4: 911±919. <https://doi.org/10.1128/EC.4.5.911-919.2005> PMID:15879525

Romero, G.; González, S.; Royero, W.; González, A. Morphological and transcriptional analysis of *Colletotrichum lindemuthianum* race 7 during early stages of infection in common bean. *Genetics and Molecular Biology*, v. 47, e20220263, 2024. DOI: 10.1590/1678-4685-GMB-2022-0263.

Saccardo P., 1878. *Fungi Veneti novi v. critici auctore PA Saccardo*. Seriei VIII. Appendicula. *Michelia* 1: 351-355.

Sansigolo, A.; Gonçalves-Vidigal, M. C.; Vidigal Filho, P. S.; Gonela, A.; Kvitschal, M. V. New races of *Colletotrichum lindemuthianum* in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) in Paraná State, Brazil. *Annual Report of the Bean Improvement Cooperative*, 51, 192-193, 2008.

Santos, J.; Antunes, I. F.; Rey, M. S.; Rosseto, E. A. Virulência das raças 65, 73 e 81 de *Colletotrichum lindemuthianum* (Sacc. & Magn.) Scrib. e determinação de fontes de resistência em *Phaseolus vulgaris* L. Pelotas, RS: *Current Agricultural Science and Technology*, v. 14, n. 3, 2008. (*Current Agricultural Science and Technology*, 14). DOI: 10.18539/CAST.V14I3.1940.

Shafi, S.; Tahir, M.; Bawa, V.; Jan, F.; Choudhary, N.; Khan, M. A.; Singh, Y.; Kumar, U.; Bhat, B. A.; Dar, W. A.; ... Biochemical defense arsenal, genes/QTLs and transcripts for imparting anthracnose resistance in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Amsterdam: Plant Stress*, v. 14, 100609, 2024. (*Plant Stress*, 14). DOI: 10.1016/j.stress.2024.100609.

Silva, O. F. da; Wander, A. E. *O Feijão-Comum no Brasil: Passado, presente e Futuro*. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2013. 63 p. (Embrapa Arroz e Feijão. Documentos, 287).

Silva, K. J. D.; Souza, E. A.; Sartorato, A.; Ishikawa, F. H. Characterization of *Colletotrichum lindemuthianum* isolates from the State of Minas Gerais, Brazil. *Journal of Phytopathology*, 155, 241-247, 2007. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0434.2007.01226.x>

Sousa, I. S. F. de; Ferreira, C. M. Aspectos histórico-culturais do arroz e do feijão na sociedade brasileira. In: Ferreira, C. M.; Barrigossi, J. A. F. (org.). *Arroz e feijão: tradição e segurança alimentar*. Brasília, DF: Embrapa; Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2021. p. 48–70.

Talhinhas, P.; Baroncelli, R. *Colletotrichum* species and complexes: geographic distribution, host range and conservation status. *Fungal Diversity*, v. 110, p. 109–198, 2021. DOI: 10.1007/s13225-021-00491-9.

Thomazella, C.; Gonçalves-Vidigal, M. C.; Vidigal Filho, P. S.; Nunes, W. M. C.; Vida, J. B. Characterization of *Colletotrichum lindemuthianum* races in Paraná state, Brazil. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 2, 55-60, 2002.

Tiffany L., Gilman J.C., 1954. Species of *Colletotrichum* from legumes. *Mycologia* 46: 52-75.

Tourrette, E.; Falque, M.; Martin, O. C. Enhancing backcross programs through increased recombination. *Montpellier: Genetics Selection Evolution*, v. 53, p. 25, 2021. (*Genetics Selection Evolution*, 53). DOI: 10.1186/s12711-021-00619-0.

Uchôa, E. B; Gonçalves-Vidigal, M. C.; Souza, M. C. M.; Vidigal Filho, P. S.; Castro, S. A. L.; Poletine, J. P. New races of *Colletotrichum lindemuthianum* in common bean from Parana State, Brazil. *Annual Report of the Bean Improvement Cooperative*, 58, 41–42, 2015. Disponível em: http://arsftfbean.uprm.edu/bic/wp-content/uploads/2018/05/BIC_2015_Annual_Report.pdf

Uwera, A.; Rusagara, J.; Msolla, S.; Musoni, A.; Assefa, T. Molecular marker-assisted backcrossing of anthracnose resistance genes into common beans (*Phaseolus vulgaris* L.) varieties. *Austin, TX: American Journal of Plant Sciences*, v. 12, p. 771–781, 2021. DOI: 10.4236/ajps.2021.125053.

Valentini G.; Baldissera J.N.C.; Morais P.P.P.; Stähelin D.; Heidemann J.C.; Stenger F.; Elias H.T.; Guidolin A.F.; Coimbra J.L.M. (2011) Herança da resistência em feijão à murcha causada por *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens*. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 46: 1045-1052.

Vallejo, V.; Kelly, J. D. New insights into the anthracnose resistance of common bean landrace G 2333. *Sharjah: The Open Horticulture Journal*, v. 2, p. 29–33, 2009. (*The Open Horticulture Journal*, 2). DOI: 10.2174/1874840600902010029.

Vidak, M.; Šatović, Z.; Liber, Z.; Grdiša, M.; Gunjača, J.; Kilian, A.; Carović-Stanko, K. Assessment of the origin and diversity of Croatian common bean germplasm using phaseolin type, SSR and SNP markers and morphological traits. *Basel: Plants*, v. 10, n. 4, 665, 2021. (*Plants*, 10). DOI: 10.3390/plants10040665.

Voyses, O. Mejoramiento genético del frijol (*Phaseolus vulgaris* L.): legado de variedades de América Latina 1930-1999. Cali, CO: Centro Internacional de Agricultura Tropical, 2000. 195 p. ISBN 978-9586940320.

Xavier, L. F. S.; Poletine, J. P.; Vidigal Filho, P. S.; Martiniano-Souza, M. C.; Calvi, A. C.; Castro, S. A. L.; Silva, J. B.; Dartibale, G. B.; Gonçalves-Vidigal, M. C. Races of *Colletotrichum lindemuthianum* in common bean from Paraná state, southern of Brazil. *Annual Report of the Bean Improvement Cooperative*, 61, 107–108, 2018.

Wander, A. E.; Silva, O. F. da. Consumo. Agência de Informação Tecnológica — Embrapa. *Embrapa Arroz e Feijão*, 14 abr. 2025. Disponível em: <https://www.embrapa.br/agencia-de-informacao-tecnologica/cultivos/feijao/pos-producao/consumo>. Acesso em: 07, Janeiro, 2026.

Wendland, A.; Lobo Junior, M.; Faria, J. C. de. Manual de identificação das principais doenças do feijoeiro-comum. Brasília, DF: Embrapa, 2018. 49 p. ISBN 978-85-7035-862-2.

Wendland, A.; Moreira, A. S.; Bianchini, A.; Giampan, J. S.; Lobo Jr., M. Doenças do feijoeiro. In: Amorim, L.; Rezende, J. A. M.; Bergamin Filho, A.; Camargo, L. E. A. (ed.). *Manual de fitopatologia: doenças das plantas cultivadas*. 5. ed. São Paulo: Agronômica Ceres, 2016.

Young, R.; Kelly, J.D. RAPD markers linked to three major anthracnose resistance gene in common bean. *Crop Science*, v.37, p. 940-946, 1997. Doi: 10.2135/cropsci1997.0011183X003700030039x.

Yu, K.; Park, S.J.; Poysa, V.; Gepts, P. 2000. Integration of simple sequence repeat (SSR) markers into a molecular linkage map of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *J. Hered.* 91:429–434. doi:10.1093/jhered/91.6.429.

Zabot, G. F.; Gaviria-Hernández, V.; Farias, C. R. J. de; Zabot, G. L. Semisynthetic compounds for controlling *Colletotrichum lindemuthianum* on bean seeds. *Journal of Plant Protection Research*. 2024;64(2):200-8. <https://doi.org/10.24425/jppr.2024.1502>.