

UNIVERSIDADE ESTADUAL DE MARINGÁ
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO

ANA CAROLINE DUQUE DOS SANTOS

Co-segregação de genes de resistência ao *Colletotrichum lindemuthianum* e a *Pseudocercospora griseola* em linhagens endogâmicas de feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.)

MARINGÁ
PARANÁ – BRASIL
AGOSTO- 2024

ANA CAROLINE DUQUE DOS SANTOS

Co-segregação de genes de resistência ao *Colletotrichum lindemuthianum* e a *Pseudocercospora griseola* em linhagens endogâmicas de feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.)

Dissertação apresentada à Universidade Estadual de Maringá, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do Título de Mestre.

Orientador: Prof. Dra. Maria Celeste Gonçalves Vidigal. Coorientadores: Dr. Pedro Soares Vidigal Filho, Dra. Mariana Vaz Bisneta e Dra. Andressa Gonçalves Vidigal Rosenberg.

MARINGÁ
PARANÁ – BRASIL
AGOSTO- 2024

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP) (Biblioteca Central - UEM, Maringá, PR, Brasil)

Santos, Ana Caroline Duque dos
S237c Co-segregação de genes de resistência ao
Colletotrichum lindemuthianum e a Pseudocercospora griseola
em linhagens endogâmicas de feijão comum (Phaseolus
vulgaris L.) / Ana Caroline Duque dos
Santos. -- Maringá, PR, 2025.
58 f. : il. color., figs., tabs.

Orientadora: Profa. Dra. Maria Celeste Gonçalves
Vidigal.
Coorientador: Prof. Dr. Pedro Soares Vidigal
Filho.
Coorientadora: Profa. Dra. Mariana Vaz Bisneta.
Coorientadora: Profa. Dra. Andressa Gonçalves
Vidigal Rosenberg.
Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual de
Maringá, Centro de Ciências Agrárias, Departamento
de Agronomia, Programa de Pós-Graduação em Genética e
Melhoramentos, 2025.

1. Feijão (Phaseolus Vulgaris). 2. Antracnose.
3. Mancha angular. 4. Resistência genética. 5.
Melhoramento genético vegetal. I. Vidigal, Maria
Celeste Gonçalves, orient. II. Vidigal Filho, Pedro Soares,
coorient. III. Vaz Bisneta, Mariana,
coorient. IV. Rosenberg, Andressa Gonçalves Vidigal,
coorient. V. Universidade Estadual de Maringá.
Centro de Ciências Agrárias. Departamento de
Agronomia. Programa de Pós-Graduação em Genética e
Melhoramento. VI. Título.

CDD 23.ed.631.523

Rosana de Souza Costa de Oliveira - 9/1366

ANA CAROLINE DUQUE DOS SANTOS

Co-segregação de genes de resistência ao *Colletotrichum lindemuthianum* e a *Pseudocercospora griseola* em linhagens endogâmicas de feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.)

Dissertação apresentada à Universidade Estadual de Maringá, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, na área de concentração em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de Mestre.

APROVADA em 14 de agosto de 2024.

Dr^a Mariana Vaz Bisneta
Membro

Prof^a. Dr^a. Claudia Tomasella
Membro

Prof^a. Dr^a. Maria Celeste Gonçalves Vidigal
(Orientador)

Aos meus pais, Claudinei dos Santos e Ester Duque por serem meu alicerce e incentivadores.

Ao meu irmão Diego Duque Arantes (*In Memoriam*), por ser minha inspiração.

Ao meu namorado e melhor amigo Vinicius da Silva Gois pelo suporte e apoio.

Ao meu tio Clésio Francisco dos Santos, pelo apoio e suporte, dedico com muito amor e carinho este trabalho.

AGRADECIMENTOS

A Deus, por ser minha motivação e guiar meus passos sempre com sabedoria, sendo meu suporte nos momentos mais difíceis.

À Universidade Estadual de Maringá e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento pela oportunidade de cursar o Mestrado.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pela concessão de bolsa.

A professora Doutora Maria Celeste Gonçalves Vidigal, pela orientação e ensinamentos que foram fundamentais para meu crescimento acadêmico e pessoal.

Aos coorientadores, professor Doutor Pedro Soares Vidigal Filho, Doutora Mariana Vaz Bisneta e Doutora Andressa Gonçalves Vidigal Rosenberg.

À Doutora Giselly Figueiredo Lacanallo por toda ajuda nos experimentos.

A todos meus colegas de equipe do Núcleo de Pesquisa Aplicada à Agricultura (NUPAGRI) – João Vitor da Silva Alves, Weslaine de Almeida Macedo, Mariana Vaz Bisneta, Stephanie Mariel Alves, Eduardo Ansilheiro Nascimento e Tatiane. Wisch.

À minha amiga e apoiadora durante o processo do mestrado Bruna Sisti Michelin de Polli.

Aos meus grandes amigos e incentivadores Carolina Sakada e Pedro de Lima.

BIOGRAFIA

ANA CAROLINE DUQUE DOS SANTOS, filha de Claudinei dos Santos e de Ester Duque, nasceu em 17 de fevereiro de 1998, na cidade de Paranavaí, estado do Paraná.

Em dezembro de 2012, concluiu o Ensino Fundamental no Colégio Estadual Bento Munhoz da Rocha Neto, na cidade de Paranavaí, estado do Paraná.

Concluiu o Ensino Médio, em dezembro de 2015, no Colégio SESI, na cidade de Paranavaí, estado do Paraná.

Ingressou no Curso de Ciências Biológicas, em fevereiro de 2016, na Universidade Estadual do Paraná, na cidade de Paranavaí, estado do Paraná, obtendo o título de licenciada em Ciências Biológicas em setembro de 2021.

Em março de 2022, ingressou no curso de Mestrado do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento (PGM), da Universidade Estadual de Maringá – UEM, em Maringá, estado do Paraná, Brasil.

SUMÁRIO

RESUMO	5
ABSTRACT	6
1. INTRODUÇÃO	7
2. REVISÃO DE LITERATURA	10
2.1 Origem e domesticação do feijão comum (<i>Phaseolus vulgaris</i> L.).....	10
2.2. Importância nutricional e econômica da cultura	12
2.3. Antracnose no feijão comum	14
2.3.1 Agente causal e sintomas	14
2.3.2 Variabilidade patogênica do <i>Colletotrichum lindemuthianum</i>	15
2.3.3 Resistência Genética	17
2.4. Mancha angular no feijão comum	19
2.4.1 Agente causal e sintomas	19
2.4.2 Variabilidade patogênica da <i>Pseudocercospora griseola</i>	21
2.4.3 Resistência Genética	22
2.5. Co-segregação de genes de resistência	24
3. MATERIAIS E MÉTODOS	26
3.1. Material Vegetal	26
3.2. Inóculos de <i>Colletotrichum lindemuthianum</i> e <i>Pseudocercospora griseola</i> .	28
3.3. Inoculação e avaliação da população F _{2:8} de Awauna UEM × IPR88 Uirapuru	29
3.4. Análise estatística	29
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO...	30
5. CONCLUSÕES	35
6. REFERÊNCIAS	36

RESUMO

SANTOS, Ana Caroline Duque, M.Sc. Universidade Estadual de Maringá, agosto de 2024. **Co-segregação de genes de resistência ao *Colletotrichum lindemuthianum* e a *Pseudocercospora griseola* em linhagens endogâmicas de feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.).** Professora orientadora: Dra. Maria Celeste Gonçalves Vidigal. Coorientadores: Dr. Pedro Soares Vidigal Filho, Dra. Mariana Vaz Bisneta e Dra. Andressa Gonçalves Vidigal Rosenberg.

A antracnose e a mancha angular, causadas por *Colletotrichum lindemuthianum* e *Pseudocercospora griseola*, respectivamente, são as principais doenças fúngicas que afetam a produtividade do feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.). O uso de cultivares resistentes é reconhecido como a estratégia mais eficaz para controle dessas doenças. Este estudo teve como objetivo analisar a co-segregação dos genes de resistência às raças 73 de *C. lindemuthianum* e 63-39 de *P. griseola* por meio da fenotipagem de linhagens endogâmicas F_{2:8}, originadas do cruzamento entre as cultivares Awauna UEM e IPR88 Uirapuru. Os resultados indicaram que, das 56 linhagens avaliadas, 50 co-segregaram para reações de resistência/suscetibilidade, enquanto 6 linhagens apresentaram recombinação. A segregação observada ajustou-se à razão 1RR:1SS, com um χ^2 de 0.071 e um *P*-valor de 0.78, evidenciando resistência monogênica dominante à raça 73 de *C. lindemuthianum*. Similarmente, a segregação para a raça 63-39 de *P. griseola* também se ajustou à razão 1RR:1SS ($\chi^2= 0,64$ e *P*-valor= 0,42). Esses resultados são promissores para os programas de melhoramento genético afim de desenvolver cultivares de feijão resistentes tanto à antracnose quanto à mancha angular, permitindo a seleção eficiente para resistência múltipla e otimizando o desenvolvimento de cultivares mais resistentes e adaptadas às condições adversas.

Palavras-chave: Resistência genética, Antracnose, Mancha angular.

ABSTRACT

SANTOS, Ana Caroline Duque, M.Sc. State University of Maringá, August 2024.
Co-segregation of resistance genes to *Colletotrichum lindemuthianum* and *Pseudocercospora griseola* in inbred lines of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) Advisor: Dr. Maria Celeste Gonçalves Vidigal. Co-advisors: Dr. Pedro Soares Vidigal Filho, Dr. Mariana Vaz Bisneta and Dr. Andressa Gonçalves Vidigal Rosenberg.

Anthrachnose and angular leaf spot, caused by *Colletotrichum lindemuthianum* and *Pseudocercospora griseola*, respectively, are the main fungal diseases significantly affecting common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) productivity. The use of resistant cultivars is considered the most effective strategy for controlling these diseases. This study aimed to analyze the co-segregation of resistance genes to race 73 of *C. lindemuthianum* and race 63-39 of *P. griseola* by phenotyping F_{2:8} inbred lines derived from the cross between the cultivars Awauna UEM and IPR88 Uirapuru. The results showed that, among the 56 lines evaluated, 50 co-segregated for resistance/susceptibility reactions, while six lines exhibited recombination. The observed segregation fit the expected 1RR:1SS ratio ($\chi^2 = 0.071$; $p = 0.78$), indicating monogenic dominant resistance to race 73 of *C. lindemuthianum*. Likewise, segregation for race 63-39 of *P. griseola* also fit the 1RR:1SS ratio ($\chi^2 = 0.64$; $p = 0.42$).

These findings are promising for breeding programs aimed at developing bean cultivars resistant to both anthrachnose and angular leaf spot, enabling efficient selection for multiple resistances and optimizing the development of cultivars that are more resilient and better adapted to adverse conditions.

Keywords: Genetic resistance, Anthrachnose, Angular Leaf Spot.

1. INTRODUÇÃO

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é a leguminosa mais importante usada para consumo humano direto. Nutricionistas o destacam como uma relevante fonte nutritiva devido ao seu alto teor de proteínas, além de sua combinação de carboidratos, fibras alimentares e minerais, como ferro e zinco, que são fundamentais para diversas funções corporais, incluindo o fortalecimento do sistema imunológico (Uebersax *et al.*, 2023).

Estudos moleculares indicam que o feijão comum teve origem na região da Mesoamérica, mais especificamente no México, resultando em dois principais centros de domesticação: o Mesoamericano e o Andino (Bitocchi *et al.*, 2012, 2013; Schmutz *et al.*, 2014). O centro Mesoamericano se estende do norte do México até a Colômbia e fornece a base genética para a maioria das cultivares comerciais brasileiras (Gepts *et al.*, 1986; Blair *et al.*, 2013; Almeida *et al.*, 2020). Por sua vez, o centro Andino é distribuído no sul dos Andes, abrangendo do sul do Peru ao noroeste da Argentina (Gepts *et al.*, 1986; Bellucci *et al.*, 2014; Rodriguez *et al.*, 2016).

Dentro do grupo de cultivares comerciais brasileiras, os feijões dos tipos carioca e preto são os mais relevantes em termos de produção e consumo (Conab, 2024). Esses tipos de feijão são amplamente cultivados em diversas regiões do país devido à sua adaptabilidade às diferentes condições climáticas. As cultivares do feijão tipo preto são reconhecidas por serem fontes importantes de genes de resistência à várias doenças, incluindo antracnose e mancha angular (Mastenbroek, 1960; Young *et al.*, 1998; Corrêa *et al.*, 2001; Faleiro *et al.*, 2001; Queiroz *et al.*, 2004; Coelho *et al.*, 2013; Gonçalves-Vidigal *et al.*, 2013).

A antracnose é causada pelo fungo *Colletotrichum lindemuthianum* (Saccardo e Magnus) (Briosi e Cavara, 1889; Singh e Schwartz, 2010). A doença pode desenvolver sintomas em toda a parte aérea da planta e nas sementes, apresentando lesões ovais e deprimidas de margens escuras (Chaves, 1980) e, em casos mais severos, pode apresentar estrangulamento do hipocótilo (Bianchini *et al.*, 1997). Atualmente, cerca de 298 raças de *C. lindemuthianum* foram relatadas no mundo, das quais cerca de 89 raças foram identificadas nos campos de produção do Brasil (Nunes *et al.*, 2021; Xavier *et al.*, 2021) o que evidencia uma ampla

variabilidade patogênica deste fungo no país e no mundo (Pastor- Corrales et al., 1995; Ansari et al., 2004).

Outra doença que merece destaque por afetar significativamente a produtividade do feijão comum é a mancha angular. Esta doença é causada pelo fungo hemibiotrófico *Pseudocercospora griseola* (Sacc.) Crous & Braun (Bianchini et al., 2005) e pode ocasionar perdas econômicas irreparáveis à cultura (Stavely e Pastor-Corrales, 1989; Pastor-Corrales et al., 1995). A doença manifesta-se por meio de lesões circulares marrom-cinzentas de formas angulares, que causam a necrose foliar, levando a desfolha prematura das plantas (Schwartz et al., 1982; Rodríguez et al., 2017). Esse patógeno também apresenta ampla variabilidade patogênica, mundialmente, já foram identificadas mais de 50 raças de *P. griseola* (Ddamulira et al., 2014; Rodríguez et al., 2017; Rezene et al., 2018; Nay et al., 2019a; Aytenfsu e Terefe, 2023).

Tanto a antracnose como a mancha angular sob condições ambientais favoráveis podem levar a perdas de produtividade de até 100% (Damasceno e Silva et al., 2007) e 80%, respectivamente (Singh e Schwartz, 2010). Essas doenças representam uma ameaça significativa para a produção de feijão, exigindo mecanismos de manejo eficazes. As estratégias de controle geralmente incluem o uso de produtos químicos, utilização de sementes livres de doenças e adoção de cultivares resistentes. No entanto, devido ao alto custo associado ao uso de produtos químicos e a preocupação ambiental com seu impacto, a escolha de semente livres de doenças e a implantação de cultivares resistentes têm se destacado como as abordagens predominantes e mais sustentáveis no manejo eficaz da doença (Nabi et al., 2022).

Neste sentido, o Programa de Melhoramento de Feijão da Universidade Estadual de Maringá desenvolveu a cultivar Awauna UEM, originada do cruzamento de FT Nobre/SEL 1308. Esta cultivar, pertencente ao grupo comercial preto, é destaque, pois possui o gene de resistência *Co-4²* (RNC-MAPA, 2016, nº 35631), que confere ampla resistência ao fungo *C. lindemuthianum*. Adicionalmente, a cultivar Awauna UEM também é resistente à maioria das doenças que afetam a produtividade do feijão, tais como: mancha angular, ferrugem, crestamento bacteriano comum, murcha de *Curtobacterium*, vírus do mosaico comum, oídio e fogo selvagem. A cultivar também se destaca por suas características agrônômicas, como alto potencial produtivo, precocidade, porte ereto e alto teor de proteína.

Outra cultivar do tipo preto importante para o mercado brasileiro de feijão é a IPR88 Uirapuru desenvolvida pelo IAPAR. Originada do cruzamento entre os genótipos BAC29/PR1711/3/ NEP2/2/Puebla173/Icapijao, a IPR88 Uirapuru destaca-se por sua ampla adaptação e elevado potencial de rendimento. No entanto, é suscetível às doenças de antracnose e mancha angular, o que pode limitar seu uso em áreas onde essas doenças são prevalentes.

A população $F_{2:8}$ derivadas do cruzamento entre as cultivares Awauna UEM e IPR 88 Uirapuru foi recentemente utilizada em estudos de *Quantitative Trait Loci* (QTL), levando à identificação de cinco QTLs associados aos componentes de rendimento nos cromossomos Pv01, Pv04, Pv08 e Pv10 (Reche et al., 2023). A identificação desses QTLs em cromossomos específicos oferece informações valiosas sobre quais regiões genômicas são cruciais para os componentes de rendimento, o que pode facilitar uma seleção mais eficiente. Além disso, trabalhos que analisam a resistência a doenças nesta população ainda não foram conduzidos.

Estudos de co-segregação e segregação para genes de resistência a doenças são essenciais para o desenvolvimento de cultivares mais resistentes, a compreensão dos mecanismos de resistência, a implementação de estratégias de melhoramento e manejo mais eficazes. Neste contexto, o objetivo deste estudo foi analisar a co-segregação dos genes de resistência às raças 73 de *Colletotrichum lindemuthianum* e 63-39 de *Pseudocercospora griseola*, por meio da fenotipagem de linhagens endogâmicas $F_{2:8}$ derivadas do cruzamento entre Awauna UEM e IPR88 Uirapuru.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Origem e domesticação do feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.)

O feijão comum, pertencente à classe Dicotyledoneae, ordem Rosales, família Fabaceae (Leguminosae), gênero *Phaseolus* e espécie *Phaseolus vulgaris* L. (Maréchal et al., 1978; Debouck, 1999), é uma das leguminosas mais importantes. A família Fabaceae é conhecida por apresentar uma grande quantidade de espécies que possuem altas taxas de proteína em sua composição (Sarbhoy, 1977). Das mais de 100 espécies do gênero *Phaseolus*, cinco foram domesticadas e são cultivadas: feijão comum (*P. vulgaris* L.); feijão Ayocote (*P. coccineus* L.); feijão lima (*P. lunatus* L.); feijão tepari (*P. acutifolius*) e *P. polyanthus* (Debouck, 1999; Bitocchi et al., 2017).

O feijão comum originou-se na região da Mesoamérica, especificamente no México, há aproximadamente de 4 a 6 milhões de anos (Bitocchi et al., 2012; Schmutz et al., 2014). A domesticação ocorreu de forma independente na Mesoamérica e nos Andes há cerca de 8.000 anos (Mamidi et al., 2011), a partir de um ancestral silvestre comum há cerca de 165.000 anos. Esse processo de domesticação passou por deriva genética com efeito fundador, resultando na formação de duas populações distintas: a Mesoamericana e a Andina. O grupo gênico Andino surgiu com menor tamanho populacional e menor diversidade genética em relação ao Mesoamericano, refletindo diferenças na sua constituição genética (Schmutz et al., 2014).

O grupo gênico Mesoamericano se estende do norte do México até a Colômbia, originando cultivares de sementes pequenas (massa de 100 sementes < 25 g) e médias (massa de 100 sementes entre 25 e 40 g). Em contraste, o grupo gênico Andino é encontrado principalmente no sul dos Andes, do sul do Peru ao noroeste da Argentina, onde originaram-se cultivares de sementes médias e grandes (massa de 100 sementes > 40 g) (Singh et al., 1991; McClean et al., 2002; Broughton et al., 2003; Díaz e Blair, 2006). O tamanho das sementes está relacionado ao tipo de faseolina: o grupo Mesoamericano apresenta padrões de faseolina "S", "B", "Sb" e "Sd", enquanto o grupo Andino apresenta padrões de faseolina dos tipos "T", "C", "H" e "A" (Koenig et al., 1990; Gepts et al., 1986; Singh et al., 1991).

A variação no tamanho das sementes e nos padrões de faseolina reflete o complexo processo de domesticação e seleção ocorrido em cada grupo gênico.

Após os eventos de domesticação, os grupos Mesoamericano e Andino foram subdivididos em distintas raças de feijão comum. No grupo Mesoamericano, surgiram as raças Durango, Jalisco e Mesoamérica, enquanto no grupo Andino surgiram as raças Chile, Nova Granada e Peru (Beebe et al., 2001; Singh et al., 1991).

No Brasil, as rotas de introdução do feijão comum não estão totalmente esclarecidas. Entretanto, estudos propõem duas hipóteses principais para a entrada dos feijões no país. A primeira hipótese sugere um caminho pré-histórico, com um fluxo que passou pelo México, Ilhas do Caribe, Colômbia, Venezuela e Brasil, introduzindo feijões do grupo gênico Mesoamericano. A segunda hipótese aponta para uma rota mais contemporânea, originada nos Andes, onde feijões de sementes maiores teriam sido levados para a Europa pelos colonizadores e, posteriormente trazidos ao Brasil por imigrantes (Gepts et al., 1988). Relatos posteriores indicam que os feijões do grupo Andino provavelmente foram introduzidos pelos povos indígenas Guarani, que transportaram sementes de feijão comum do Peru e Bolívia para o Brasil (Blair et al., 2013).

A cultura do feijão comum adaptou-se de maneira eficiente às diversas condições climáticas do Brasil, resultando na diversificação de cultivares locais ao longo do tempo. Esta adaptação é um reflexo da grande variabilidade genética da espécie, que permite a seleção de cultivares capazes de uma ampla adaptabilidade e estabilidade em diferentes ambientes. Atualmente, o feijão comum é uma das leguminosas mais importantes no país, com os tipos carioca e preto sendo os mais cultivados e consumidos no país (Almeida et al., 2020; Carbonell et al., 2021; Conab, 2024).

O sucesso dessas cultivares se deve, em parte, aos avanços em programas de melhoramento genético que têm focado na resistência a doenças, na adaptação a diferentes condições ambientais e no aumento da produtividade. Além disso, na pesquisa agrônômica, tem sido desenvolvida práticas de manejo que otimizam o uso de recursos naturais, promovendo uma agricultura mais sustentável. A continuidade da pesquisa e do desenvolvimento de novas cultivares é de fundamental importância para assegurar a produção de feijão comum no Brasil frente às mudanças climáticas e aos desafios fitossanitários (Assefa et al., 2019; Conab, 2024).

2.2. Importância nutricional e econômica da cultura

O feijão comum é uma das fontes de proteína mais acessíveis entre as leguminosas e a base da alimentação de milhões de pessoas (Broughton et al., 2003; Faostat, 2022). Os grãos são ricos em ácidos fenólicos, proteínas, carboidratos, fibras, minerais, fontes antioxidantes, como flavonoides e polifenóis. Além disso, são uma excelente fonte de lisina e vitaminas do complexo B. O feijão comum também se destaca como um dos principais fornecedores de micronutrientes essenciais, como ferro e zinco (Lin et al., 2008; Machado et al., 2008; Petry et al., 2015). Além de possuir baixo teor de gordura e é praticamente isento de gorduras saturadas, contribuindo para uma dieta equilibrada e saudável.

De acordo com o último levantamento da *Food and Agriculture Organization of the United Nations* (FAO), o cultivo de feijões secos (*dry beans*) está presente em todos os continentes habitados. Ficando o continente Asiático responsável por aproximadamente 12,6 milhões de toneladas da produção mundial, seguindo dos continentes Africano com 7,8 milhões de toneladas, Americano com 7,3 milhões de toneladas, representando uma alta porcentagem da produção global. Em contraste, os continentes Europeu e Oceânico apresentam produções que não chegam a 3% da produção global. A produção mundial totaliza aproximadamente 28,3 milhões de toneladas, cultivadas em cerca de 36,8 milhões de hectares, com produtividade média de 1.300 kg ha⁻¹ (Faostat, 2022).

O Brasil destaca-se como o segundo maior produtor e um dos principais consumidores mundiais de feijão comum. O país é precedido apenas pela Índia, que lidera a produção global com 6,6 milhões de toneladas (Faostat, 2022; Conab, 2024). Nas três safras de 2023/24, aproximadamente 2,8 milhões de hectares foram cultivados com feijão no Brasil, resultando em uma produção de 3,3 milhões de toneladas e uma produtividade média de 1.143 kg ha⁻¹. Essas informações abrangem os dois principais grupos de feijão cultivados no Brasil: *Phaseolus vulgaris* L. (feijão comum) e *Vigna unguiculata* (L.) Walp. (feijão caupi) (Conab, 2024).

No mesmo período, a produção de feijão comum no Brasil, incluindo feijão cores e preto, demonstrou um desempenho satisfatório, atingindo cerca de 2,6 milhões de toneladas. Isso representa aproximadamente 80% da produção total dos feijões cultivados, com uma área colhida de 1,6 milhões de hectares, resultando em um rendimento médio de 1.617 kg ha⁻¹. Essa produtividade coloca o Brasil em destaque acima da média mundial. Dentre os principais estados produtores, o

Paraná lidera a produção nacional de feijão comum, com uma produtividade média de 1.590 kg ha⁻¹, seguido por Minas Gerais e Bahia (Conab, 2024).

A produção de feijão preto no Brasil é de grande importância para o mercado nacional, especialmente na região Sul do país, que se destaca como maior produtora e consumidora. Os estados do Paraná, Santa Catarina e Rio Grande do Sul são os principais produtores de feijão preto da região Sul. O Paraná lidera com uma produção de 565,4 mil toneladas, seguido por Santa Catarina com 86,3 mil toneladas e o Rio Grande do Sul com 52,5 mil toneladas. Juntos, esses estados contribuem com 704,2 mil toneladas, representando a maior parte da produção nacional de feijão preto, que totaliza 731,7 mil toneladas, com produtividade média de 1.525 kg ha⁻¹ (Conab, 2024).

Esse destaque da região Sul na produção nacional de feijão preto é resultado da adoção e implementação de melhorias técnicas de produção desenvolvidas pela pesquisa, principalmente no desenvolvimento de cultivares mais resistentes e adaptadas a diversas condições climáticas. Essas pesquisas têm contribuído para o aumento da produtividade do feijão preto, beneficiando diretamente essa região e fortalecendo sua posição como líder na produção dessa leguminosa (Carneiro et al., 2015; Carbonell et al., 2021; Conab, 2024).

Nesse contexto, a expansão da área cultivada nos últimos anos no Brasil reflete a necessidade de disponibilizar um maior número de cultivares adaptáveis e estáveis em diferentes regiões, considerando que o cultivo do feijão comum ocorre durante todo o ano, em três safras distintas (Moura e Brito, 2015; Conab, 2024). Fatores de estresse abiótico, como o clima e solo, são as principais limitações para a produtividade do feijão comum na maioria dos países tropicais e subtropicais (Rao, 2014). Embora a cultura seja bem adaptável a diversas condições climáticas, ela também está amplamente sujeita ao desenvolvimento de diversos patógenos, como fungos, vírus, bactérias e nematoides (Paula Júnior e Zambolin, 2006). Entre as doenças de origem fúngica, a antracnose e a mancha angular exercem impacto significativo na redução da produtividade da cultura (Damasceno et al., 2007; Singh e Schwartz, 2010).

2.3. Antracnose no feijão comum

2.3.1 Agente causal e sintomas

A antracnose, causada pelo fungo *Colletotrichum lindemuthianum* (Saccardo e Magnus) Briosi e Cavara (1889) é uma das doenças economicamente mais importantes do feijão comum e pode causar perdas de até 100% em cultivares suscetíveis (Damasceno e Silva et al., 2007). *C. lindemuthianum* (Saccardo e Magnus), pertence à classe Deuteromycetes (fungos imperfeitos), ordem Melanconiales, família Melanconiaceae (Rava et al., 1994).

É uma doença de caráter cosmopolita, com ocorrência mais severa em locais onde há predominância de temperaturas amenas e alta umidade (Walker, 1959; Carneiro et al., 2015). Essa doença fúngica pode ocasionar perdas significativas na produtividade do feijão comum quando em temperaturas amenas (18 e 22°C) sendo a temperatura favorável ao desenvolvimento do patógeno 21°C e umidade relativa acima de 91% (Chaves, 1980; Kelly et al., 1994). Os sintomas da antracnose podem ser observados nas sementes, nas folhas, nos pecíolos e nas vagens. Quando a doença afeta plântulas, observam-se lesões pequenas de coloração marrom ou preta nos cotilédones. O hipocótilo pode apresentar lesões alongadas, superficiais ou deprimidas, podendo ocorrer o estrangulamento do hipocótilo e morte da plântula (Bianchini et al., 2005).

As sementes contaminadas representam as principais fontes do inóculo e, conseqüentemente, desempenham um papel crucial na disseminação da doença, conforme observado por Kimati (1980). As lesões, geralmente ovais e deprimidas, exibem margens escuras com um centro claro, podendo também apresentar colorações pardas e negras. Sob condições ideais de temperatura e umidade, as lesões revelam esporos de tonalidade rosada, conforme descrito por Chaves (1980).

O tecido foliar inicialmente manifesta sintomas na face abaxial, acompanhando as nervuras da folha, embora também possam ser observados na face adaxial (Figura 1 A e B). Em estágios avançados, pode ocorrer necrose do tecido foliar (Sartorato, 1988; Bassanezi et al., 2001).



Figura 1. Sintomas da antracnose causada pelo fungo *C. lindemuthianum*. A- Lesões na face adaxial no tecido foliar; B- Lesões na face abaxial no tecido foliar; C-D - Sintomas no pecíolo e caule do feijão comum – Fonte: Nupagri, 2023.

Nos pecíolos e caules, os sintomas se apresentam com coloração escura, formato oval e depressões (Figura 1 C e D). Observam-se sintomas semelhantes em vagens, especialmente no centro de lesões com coloração clara e esporulação, quando as condições de temperatura e umidade são ideais (Sartorato, 1988).

2.3.2 Variabilidade patogênica do *Colletotrichum lindemuthianum*

Os danos causados pelo fungo *C. lindemuthianum* têm sido relatados desde 1875. Os primeiros estudos detalhados sobre a variabilidade do patógeno foram realizados no início do século XX. Em 1911, Barrus começou a investigar a diversidade genética de *C. lindemuthianum*, revelando a existência de diferentes raças do fungo. Este trabalho pioneiro destacou a complexidade e a variabilidade do patógeno. Atualmente, a variabilidade genética de *C. lindemuthianum* continua a ser um desafio significativo para os programas de melhoramento de feijão.

Para enfrentar esse desafio, a comunidade científica desenvolveu um sistema padronizado de identificação de raças de *C. lindemuthianum*. Esse sistema proposto por Pastor-Corrales (1991) descreveu o uso de um sistema binário de Habgood (1970), utilizando 12 cultivares diferenciadoras de antracnose (Quadro 1). Essa padronização envolve a atribuição de um valor numérico a cada cultivar diferenciadora, utilizando a fórmula 2^{n-1} , em que "2" representa o número de classes fenotípicas (resistente ou suscetível) e "n" é determinado pela ordem das cultivares diferenciadoras. Esse valor numérico padronizado é utilizado para

designar cada raça, por meio da soma dos valores binários das cultivares diferenciadoras suscetíveis. (Quadro 1).

Quadro 1 – Diferenciadoras para antracnose no feijão comum, valores binários, conjuntos gênicos e genes de resistência identificados

Cultivares diferenciadoras	Valor binário	Conjunto gênico ¹	Gene de resistência
Michelite	1	MA	Co-11
Michigan Dark Red Kidney	2	A	Co-1
Perry Marrow	4	A	Co-1 ³
Cornell 49-242	8	MA	Co-2
Widusa	16	A	Co-1 ⁵
Kaboon	32	A	Co-1 ²
México 222	64	MA	Co-3
PI 207262	128	MA	Co-4 ³ , Co-3 ³
TO	256	MA	Co-4
TU	512	MA	Co-5
AB 136	1024	MA	Co-6, Co-8
G2333	2048	MA	Co-3 ⁵ , Co-4 ² , Co-5 ²

¹Conjunto gênico: MA - Mesoamericano; A - Andino

Fonte: Kelly e Young, 1996; Sousa et al. 2014.

As raças de *C. lindemuthianum*, assim como o feijão comum, têm origem Mesoamericana ou Andina. Raças de origem Mesoamericana possuem uma elevada taxa de virulência em cultivares de ambos os conjuntos gênicos de feijão comum enquanto que as raças Andinas são mais virulentas no grupo de feijão comum Andino (Gepts, 1988; Pastor-Corrales, 1996; Balardin e Kelly, 1998; Chiorato et al., 2006).

Atualmente, cerca de 298 raças de *C. lindemuthianum* foram relatadas no mundo, das quais 89 estão presentes no Brasil (Nunes et al., 2021; Paulino et al., 2021, Xavier et al., 2021). A ampla variabilidade apresentada pelo *C. lindemuthianum* pode ser atribuída a diferentes mecanismos, como mutação, recombinação sexual, heterocariose e parassexualidade (Azevedo, 1976; Rava et al., 1994). A ampla variabilidade de feijão comum cultivado no Brasil e a diversidade patogênica de *C. lindemuthianum* sugerem um processo de coevolução entre o patógeno e o hospedeiro. Isso significa que, à medida que o feijão comum desenvolve novas resistências, o patógeno também evolui para superar essas defesas, resultando em uma contínua adaptação mútua. Essa coevolução complexa

torna o controle da antracnose um desafio constante e exige o desenvolvimento contínuo de novas cultivares resistentes (Melotto e Kelly, 2000; Gonçalves-Vidigal et al., 2013; Gonçalves-Vidigal et al., 2020).

2.3.3 Resistência Genética

Um dos mecanismos mais eficientes para o controle da antracnose no feijão comum é o uso da resistência genética (Kelly e Vallejo, 2004; Singh e Schwartz, 2010; Gonçalves et al., 2023). Essa estratégia se destaca pelo alto custo associado aos produtos químicos (Nabi et al., 2022) e por contribuir para a redução da contaminação ambiental decorrente do uso inadequado desses insumos. No entanto, o fungo *Colletotrichum lindemuthianum* está em constante evolução, apresentando ampla variabilidade e superação da resistência de diversas cultivares, sendo assim necessários estudos constantes em busca de novas fontes de resistência durável a esse patógeno (Balardin e Kelly, 1998; Melotto e Kelly, 2000; Gonçalves-Vidigal et al., 2008, 2020).

Devido à grande variabilidade patogênica de *C. lindemuthianum* e ao surgimento constante de novas raças, é essencial identificar continuamente novos genes e/ou alelos de resistência. A incorporação dessas descobertas nas cultivares comerciais pode ampliar o espectro de resistência, resultando em maior estabilidade da produção de feijão comum. Atualmente, 24 genes de resistência de efeito dominante, com seus respectivos alelos, já foram descritos e nomeados com o símbolo Co (Quadro 2).

Desses genes de resistência, onze foram identificados no conjunto gênico mesoamericano: Co-2, Co-3 (e série alélica Co-3², Co-3³, Co-3⁴, Co-3⁵), Co-4 (e série alélica Co-4² e Co-4³), Co-5 (e o alelo Co-5²), Co-6, Co-11, Co-16, Co-17, Co-u, Co-v, CoPv09c^c. Para o conjunto gênico Andino, treze genes foram identificados: Co-1 (e série alélica Co-1², Co-1³, Co-1⁴, Co-1⁵, Co-1^{HY}) Co-12, Co-13, Co-14, Co-15, Co-18, Co-w, Co-x, Co-y, Co-z, Co-Pa, Co-AC, Co-BF e CoPv01^{CDRK} (Campa et al., 2014; Castro et al., 2017; Chen et al., 2017; Paulino et al., 2019; Gilio et al., 2020; Gonçalves-Vidigal et al., 2020; Marcon et al., 2021; Lateef et al., 2024). Adicionalmente, um único gene de efeito recessivo foi identificado na cultivar AB 136 e nomeado como co-8 (Alzate-Marin et al., 1997).

Quadro 2. Genes de resistência à antracnose, fonte de resistência, grupos gênicos, cromossomos e referências

Gene	Fonte de resistência	Grupo gênico ¹	GL ²	Referências
<i>Co-1</i>	MDRK ³ ; A193	A	Pv01	Burkholder (1918); McRostie (1919); Young e Kelly (1997); Mendonza et al. (2001)
<i>Co-1</i> ²	Kaboon	A	Pv01	Melotto e Kelly (2000); Campa et al. (2011)
<i>Co-1</i> ³	Perry Marrow	A	Pv01	Melotto e Kelly (2000)
<i>Co-1</i> ⁴	AND 277	A	Pv01	Alzate-Marin et al. (2003); Gonçalves-Vidigal et al. (2011)
<i>Co-1</i> ⁵	Widusa	A	Pv01	Gonçalves-Vidigal e Kelly (2006)
<i>Co-1</i> ^{HY}	Hongyundou	A	Pv01	Chen et al. (2017)
<i>Co-2</i>	Cornell 49242	M	Pv11	Mastenbroek (1960)
<i>Co-3</i>	México 222	M	Pv04	Bannerot (1965); Rodríguez-Suárez et al. (2008)
<i>Co-3</i> ²	México 227	M	Pv04	Fouilloux (1979)
<i>Co-3</i> ³	BAT 93; PI 207262	M	Pv04	Gonçalves-Vidigal et al. (1997); Geffroy et al. (1999); Alzate-Marin et al. (2007); Rodríguez-Suárez et al. (2004); Méndez-Vigo et al. (2005); Geffroy et al. (2008);
<i>Co-3</i> ⁴	Ouro Negro	M	Pv04	Gonçalves-Vidigal et al. (2013)
<i>Co-3</i> ⁵	G 2333; MSU 7-1	M	Pv04	Pastor-Corrales (1994); Young et al. (1998), Sousa et al. (2014)
<i>Co-4</i>	TO	M	Pv08	Fouilloux (1976); Fouilloux (1979); Young et al. (1998); Arruda et al. (2000); Queiroz et al. (2004)
<i>Co-4</i> ²	G 2333; SEL 1308	M	Pv08	Young et al. (1998); Alzate-Marin et al. (2001); Awale e Kelly (2001); Melotto e Kelly (2001); Trabanco et al. (2015); Oblessuc et al. (2015); Burt et al. (2015)
<i>Co-4</i> ³	PI 207262	M	Pv08	Alzate-Marin et al. (2007); Alzate-Marin et al. (2007); Arruda et al. (2000)
<i>Co-5</i>	TU	M	Pv07	Bannerot (1965); Fouilloux (1976); Campa et al. (2009)
<i>Co-5</i> ²	G 2333; SEL 1360; MSU 7-1	M	Pv07	Young e Kelly (1996); Alzate-Marin et al. (2001); Vallejo e Kelly (2009); Sousa et al. (2014)
<i>Co-6</i>	AB 136	M	Pv07	Schwartz et al. (1982); Alzate-Marin et al. (1999); Gonçalves-Vidigal et al. (2001); Kelly et al. (2003); Queiroz et al. (2004); Campa et al. (2017)
<i>co-8</i>	AB 136	M	-	Alzate-Marin et al. (1997)
<i>Co-11</i>	Michelite	M	-	Gonçalves-Vidigal et al. (2007)
<i>Co-12</i>	Jalo Vermelho	A	Pv04	Gonçalves-Vidigal et al. (2008)
<i>Co-13</i>	Jalo Listras Pretas	A	Pv03	Gonçalves-Vidigal et al. (2009); Lacanallo e Gonçalves-Vidigal (2015)
<i>Co-14</i>	Pitanga	A	Pv01	Gonçalves-Vidigal et al. (2012); Gonçalves-Vidigal et al. (2016)
<i>Co-15</i>	Corinthiano	A	Pv04	Sousa et al. (2015)
<i>Co-16</i>	Crioulo 159	M	Pv04	Coimbra-Gonçalves et al. (2016)
<i>Co-17</i>	SEL 1308	M	Pv03	Trabanco et al. (2015)
<i>Co-18</i>	KRC-5	A	Pv10	Lateef et al. (2024)
<i>Co-u</i>	BAT 93	M	Pv02	Geffroy et al. (2008)
<i>Co-v</i>	BAT 93	M	Pv07	Geffroy (1997)

Co-x	Jalo EEP 558	A	Pv01	Geffroy et al. (2008)
Co-w	Jalo EEP 558	A	Pv01	Geffroy et al. (2008)
Co-y	Jalo EEP 558	A	Pv04	Geffroy et al. (1999); Geffroy et al. (2008)
Co-z	Jalo EEP 558	A	Pv04	Geffroy et al. (1999); Geffroy et al. (2008)
Co-Pa	Paloma	A	Pv01	Castro et al. (2017)
Co-AC	Amendoim Cavalo	A	Pv01	Nanami et al. (2017); Gilio et al. (2017)
CoPv01 ^{CDRK}	CDRK ⁴	A	Pv01	Gonçalves-Vidigal et al. (2020)
CoPv09c ^C	Cornell 49242	M	Pv09	Campa et al. (2014)
Co-Bf	Beija Flor	A	Pv04	Marcon et al. (2021)

¹Grupo gênico: A=Andino, M=Mesoamericano, ²GL: Grupos de ligação, ³MDRK: Michigan Dark Red Kidney, ⁴ CDRK: Califórnia Dark Red Kidney. * Gene proposto para Aprovação do Bean Improvement Cooperative Genetics Committee (BIC).

A caracterização de genes de resistência destaca-se pela sua eficiência no controle da antracnose. A utilização de cultivares resistentes, aliada ao melhoramento genético contínuo, é fundamental para garantir a sustentabilidade da produção de feijão comum e minimizar os impactos da antracnose.

2.4. Mancha angular no feijão comum

2.4.1 Agente causal e sintomas

Assim como a antracnose, a mancha angular se destaca pela sua importância, sendo a segunda principal doença fúngica que afeta a produtividade e qualidade dos grãos (Carneiro et al., 2015). A presença deste fungo na lavoura associado à temperaturas moderadas e elevada umidade, fornece um ambiente ideal para a ocorrência desta doença (Bianchini et al., 2005), com potencial de perdas na produção de até 80% (Singh e Schwartz, 2010).

A mancha angular é causada pelo fungo *Pseudocercospora griseola* (Sacc.), no qual pertence ao filo dos Deuteromicetos, classe Hyphomycete, ordem Miniliales, família Stilbaceae (Bianchini et al., 1997; Pastor-Corrales et al., 1998). De acordo com Bianchini et al. (1997), o fungo *P. griseola* produz sinêmios na face inferior da folha, com 250 µm de comprimento e 20-40 µm de largura, compostos por conidióforos paralelos escuros, formando tufo visíveis a olho nu. Os conídios são de cor cinza, cilíndricos a fusiformes, às vezes curvos, com 2 a 6 septos, medindo 35-70 µm de comprimento e 5-7,5 µm de largura no centro e 1,5-2 µm de largura na base.

O processo de dispersão deste patógeno pode ocorrer por meio de respingos de chuva, sementes contaminadas, restos de cultura no campo e principalmente

pelos ventos, ou seja, tem facilidade de disseminação no campo (Singh e Schwartz, 2010). Os conídios germinam em temperaturas entre 8 e 32° C, com ótimo a 20–28°C. O desenvolvimento da doença ocorre em temperaturas entre 16-28° C, preferencialmente a 24° C (Bianchini et al., 2005). Quando em condições ambientais favoráveis, como temperaturas amenas, ocorrência de orvalho, presença do patógeno, suscetibilidade das cultivares, a mancha angular pode levar a perdas elevadas de produtividade (Schwartz et al., 1982; Bianchini et al., 1997).

Os sintomas desta doença podem ser observados em vagens, folhas e caules e aparecem de 8 a 12 dias após infecção. Nas folhas, os sintomas são bem característicos, sendo lesões em formato angular e coloração marrom escura delimitado pelas nervuras (Figura 2). Com a ocorrência de grande número de lesões, ocorre união destas em toda a folha, evoluindo para necroses e desfolha prematura (Schwartz et al., 1982; Rodríguez et al., 2017).



Figura 2. Sintomas foliar da mancha angular em trifólios de feijão comum. Fonte: Nupagri 2023.

Nos ramos e pecíolos, as lesões são escuras e alongadas. Nas vagens, as manchas arredondadas e castanho-escuros, com tamanho variável, não sendo lesões deprimidas, o que a difere da lesão de antracnose. Nas sementes, a infecção ocorre principalmente através do hilo, prejudicando a germinação e o desenvolvimento das plântulas (Bianchini et al., 2005).

2.4.2 Variabilidade patogênica da *Pseudocercospora griseola*

A ampla variabilidade entre isolados de *P. griseola* aumenta a importância de estudos de caracterização e identificação do patógeno. Essa identificação é realizada por meio da inoculação de esporos do patógeno em um grupo de 12 cultivares diferenciadoras. A padronização das cultivares diferenciadoras da mancha angular foi estabelecida no "*International Workshop of the Angular Leaf Spot on Common Beans*" no CIAT em 1995. As seis primeiras cultivares diferenciadoras são de origem Andina (A) e as seis seguintes são de origem Mesoamericana (MA), conforme proposto por Pastor-Corrales e Jara (1995) (Quadro 3).

Quadro 3. Cultivares diferenciadoras utilizadas na caracterização de raças de *Pseudocercospora griseola* em feijão comum utilizando o sistema binário proposto por Pastor-Corrales e Jara (1995)

Cultivares diferenciadoras	Pool gênico	Valor binário	Valor numérico (2^{dn-1})
Don Timóteo	Andino	2 ¹	1
G 11796	Andino	2 ²	2
Bolón Bayo	Andino	2 ³	4
Montcalm	Andino	2 ⁴	8
Amendoim	Andino	2 ⁵	16
G 5686	Andino	2 ⁶	32
PAN 72	Mesoamericano	2 ¹	1
G 2858	Mesoamericano	2 ²	2
Flor de Mayo	Mesoamericano	2 ³	4
México 54	Mesoamericano	2 ⁴	8
BAT 332	Mesoamericano	2 ⁵	16
Cornell 49-242	Mesoamericano	2 ⁶	32

† Valor binário andino ($1 + 8 + 16$) = 25. ‡ Valor binário mesoamericano ($1 + 2 + 4 + 32$) = 39 (raça 25–39).

A identificação e denominação de uma determinada raça é feita por um número composto por duas somatórias. O primeiro número corresponde à soma dos valores numéricos para as cultivares andinas suscetíveis e o segundo refere-se a cultivares suscetíveis Mesoamericanas. As duas somatórias são separadas por traço. A suscetibilidade de uma cultivar é avaliada por uma escala de severidade da

doença, podendo variar de 1 a 9, sendo 1 a 3 plantas resistentes, 4 a 6 plantas intermédias, e 6 a 9 plantas suscetíveis (Inglis et al., 1988).

Mais de 50 raças de *P. griseola* já foram identificadas mundialmente (Ddamulira et al., 2014; Rodríguez et al., 2017; Rezene et al., 2018; Nay et al., 2019a; Aytenfsu e Terefe, 2023), fato este que evidencia a importância da busca por controle da doença. Atualmente, um dos mecanismos mais eficiente e econômico é a utilização de cultivares resistentes. No entanto, são necessários estudos de identificação das possíveis fontes de resistência, bem como o conhecimento do seu controle genético.

2.4.3 Resistência Genética

A resistência à mancha angular no feijão comum é amplamente conferida por *loci* que exibem padrões qualitativos de herança (Nay et al., 2019a), indicados por um único locus dominante identificado por meio de abordagens genéticas clássicas. No entanto, existem também loci de efeitos cumulativos, responsáveis pela variação contínua da resistência (QTLs - Quantitative Trait Loci) (Mahuku et al., 2009; Oblessuc et al., 2012, 2013, 2015; Keller et al., 2015; Bassi et al., 2017).

Até o momento, foram identificados seis loci de resistência, codificados como *Phg*. Estudos de herança da resistência à mancha angular permitiram a caracterização de quatro genes dominantes e independentes, denominados *Phg-1* (presente na cultivar andina AND 277), *Phg-2* (presente na cultivar Mesoamericana México 54 e seu alelo *Phg-2²* presente na cultivar mesoamericana BAT 332) *Phg-3* (presente na cultivar Mesoamericana Ouro Negro) e *PhgPv01^{CDRK}* (presente na cultivar Andina Califórnia Dark Red Kidney) (Sartorato et al. 1999; Gonçalves-Vidigal et al., 2011, 2013, 2020). Outros dois loci de características quantitativas também foram relatados: *Phg-4* (presente na cultivar andina G5686) e *Phg-5* (presente nas cultivares andinas CAL 143 e G5686) (Mahuku et al., 2009; Oblessuc et al., 2012; Keller et al., 2015; Souza et al., 2016; Nay et al., 2019a).

Os loci *Phg-1* e *PhgPv01^{CDRK}* foram mapeados no cromossomo Pv01, o *Phg-2* no Pv08 e o *Phg-3* no Pv04 (Sartorato et al., 1999; Gonçalves-Vidigal et al., 2011, 2013, 2020; Gil et al., 2019; Nay et al., 2019a, 2019b). Por sua vez, os dois QTLs *Phg-4* e *Phg-5* foram mapeados nos cromossomos Pv04 e Pv10, respectivamente (Corrêa et al., 2001; Oblessuc et al., 2012, 2013; Keller et al., 2015;

Gil et al., 2019; Nay et al., 2019a) (Quadro 4). Além disso, o QTL denominado *ALS11^{AS}* foi mapeado no cromossomo Pv11 (Bassi et al., 2017).

Quadro 4. Genes de resistência a mancha angular identificados, cultivar fonte do gene, conjunto gênico e referência (Souza et al., 2016), com modificações

Gene/Alelo	Fonte do gene	Conjunto gênico ¹	Cromossomo	Referência
<i>Phg-1</i>	AND 277	A	Pv01	Carvalho et al. (1998), Gonçalves-Vidigal et al. (2011)
<i>Phg-2</i>	México 54	M	Pv08	Sartorato et al. (1999, 2000)
<i>Phg-2²</i>	BAT 332	M	Pv08	Namayanja et al. (2006)
<i>Phg-3</i>	Ouro Negro	M	Pv04	Corrêa et al. (2001), Gonçalves-Vidigal et al. (2013)
<i>Phg-4</i>	G5686	A	Pv04	Mahuku et al. (2009), Oblessuc et al. (2012), Keller et al. (2015)
	CAL 143	A	Pv10	
<i>Phg-5</i>	G5686	A	Pv10	Oblessuc et al. (2012, 2013) Keller et al. (2015)
<i>PhgPv01^{CDRK}</i>	CDRK	A	PV01	Gonçalves-Vidigal et al., 2020

¹ Conjunto gênico: M - Mesoamericano; A - Andino.

Em relação aos loci de resistência à mancha angular, diversos marcadores moleculares ligados a esses *loci* estão disponíveis e podem ser usados para incorporar eficientemente os loci de resistência em novas variedades de feijão (Nay et al., 2019a). Esses marcadores permitem que os melhoristas identifiquem rapidamente plantas que possuem os genes de resistência desejados, acelerando o processo de melhoramento genético e aumentando a eficácia na introdução de resistência a doenças em cultivares comerciais. Com o uso desses marcadores, é possível selecionar plantas resistentes desde os estádios iniciais do desenvolvimento, economizando tempo e recursos. Além disso, a utilização de marcadores moleculares facilita a piramidação de genes de resistência, proporcionando a combinação de múltiplos genes de interesse em uma única variedade ou linhagem, acarretando a uma defesa mais duradoura e abrangente à mancha angular.

2.5. Co-segregação de genes de resistência

Os genes de resistência (R) são considerados componentes do mecanismo da Teoria da interação gene-a-gene proposta por Flor (1942), no qual para cada

gene que condiciona uma reação de resistência no hospedeiro existe um gene complementar no patógeno que condiciona a avirulência. O estudo da diversidade e da organização genômica dos genes R tem despertado o interesse de muitos pesquisadores, pois abre novas perspectivas para a compreensão da evolução desses genes e para o desenvolvimento de estratégias eficazes de melhoramento visando à resistência a doenças. Esses estudos mostram que as plantas possuem muitos genes específicos de raça, que são mapeados em poucos *loci*. Esses *loci* podem ser compostos por genes isolados, genes ligados e organizados de forma sequencial ou genes que contêm diferentes alelos (Pryor e Ellis, 1993).

Esses genes agrupados são chamados de "*clusters*" ou blocos gênicos e podem conferir resistência a diferentes raças do mesmo patógeno ou a diferentes patógenos, conforme descrito em muitas espécies (Michelmore e Meyers, 1998), incluindo o feijão comum (Ferrier-Cana et al., 2003, Gonçalves-Vidigal et al., 2020). Estudos conduzidos em 2001 por Gonçalves-Vidigal e colaboradores, avaliaram a resistência da cultivar AB 136 as raças 31 e 69 do *C. lindemuthianum* em 56 famílias $F_{2:3}$, provenientes do cruzamento AB 136 (Resistente) e Michelite (Suscetível). Os resultados evidenciaram a existência do gene Co-6 presente em AB 136, responsável pela resistência as duas raças estudadas.

Em *P. vulgaris*, há relatos sobre a existência de regiões genômicas que concentram resistência a vários patógenos (Oblessuc et al., 2015; Valentini et al., 2017). Na co-segregação de famílias $F_{2:3}$ derivadas do cruzamento entre AND 277 (resistente) e Ouro Negro (susceptível), inoculadas com a raça 2047 da antracnose e a raça 63-23 da mancha angular, verificou-se que os genes de resistência Co-1⁴ /Phg-1, presentes na cultivar AND 277, são herdados juntos, co-segregando para resistência às raças avaliadas (Gonçalves-Vidigal et al., 2011).

Estudos conduzidos por Gonçalves-Vidigal e colaboradores (2013), estudando a cultivar Mesoamericana Ouro Negro, que apresenta resistência às raças 7 e 73 de *C. lindemuthianum* e à raça 63-39 de *P. griseola*, verificaram que os genes Co-3⁴ e Phg-3 estão intimamente ligados no cromossomo Pv04 (0.0 cM), com o marcador molecular g2303 associado a ambos.

Estudos vem sendo conduzidos com outras doenças que acometem a cultura do feijão, como a ferrugem. Uma análise de co-segregação inoculando famílias $F_{2:3}$ do cruzamento Rudá e Ouro Negro com as raças de *C. lindemuthianum* e *Uromyces*

appendiculatus relatou a ligação genética entre os genes da ferrugem, *Ur-14*, e da antracnose, *Co-3⁴* (Valentini et al., 2017),

Um estudo recente de co-segregação foi realizado entre os genes *CoPv01^{CDRK}* e *PhgPv01^{CDRK}* em uma população de RIL derivada do cruzamento entre California Dark Red Kidney e Yolano, inoculada com as raças 73, 2047 e 3481 de *C. lindemuthianum* e a raça 63-39 de *P. griseola*. Este estudo verificou que ambos os genes segregam juntos (Gonçalves-Vidigal et al., 2020). Esse resultado destaca a importância deste estudo, pois pode ser fundamental para o desenvolvimento de cultivares mais resistentes a ambas as doenças.

Diante disso, os trabalhos de co-segregação demonstram uma importância para o melhoramento de plantas, pois permitem identificar a relação entre diferentes genes de resistência e suas localizações no genoma. Através desses estudos, é possível determinar se os genes são herdados juntos, facilitando assim, o desenvolvimento de cultivares mais resistentes a múltiplos patógenos, ou a raças diferentes do mesmo patógeno (Gonçalves-Vidigal et al., 2020).

Adicionalmente, a co-segregação também pode revelar a presença de *clusters* de resistência no genoma, onde vários genes de resistência estão localizados próximos uns aos outros. Essa informação é valiosa porque permite a identificação e transferência simultânea de múltiplos genes de resistência para novas cultivares, aumentando a durabilidade e a eficácia da resistência às doenças. Dentre os genes/alelos identificados, o *Co-4²* é um dos mais eficazes pois confere resistência a raça 2047, que foi identificada na Costa Rica e é uma das mais virulentas coletadas até o momento (Balardin e Kelly 1998, Alzate-Marin et al., 2004). O alelo *Co-4²* do feijão comum é encontrado nas cultivares SEL 1308 (Young et al., 1998; Vallejo e Kelly, 2009), G 2333 (Young et al., 1998) e Awauna UEM (RNC-MAPA, 2016, nº 35631).

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Material vegetal

Os experimentos foram conduzidos em casa de vegetação e no Laboratório de Biotecnologia do Núcleo de Pesquisa Aplicada à Agricultura (Nupagri) da Universidade Estadual de Maringá (UEM), Paraná, Brasil (latitude 23°26'8"S e longitude 51°53'42"W), durante o período de março de 2022 a julho de 2024. Um total de 10 plantas de cada uma das 56 Linhagens Recombinantes Endogâmicas (RILs), provenientes de estudos conduzidos anteriormente, entre as cultivares Awauna UEM (♀) e IPR88 Uirapuru (♂) foram utilizadas. As linhagens foram obtidas utilizando o método de Descendente de Semente Única (Brim, 1966) até a geração $F_{2:8}$.

No presente estudo, utilizou-se o parental resistente de feijão comum Awauna UEM, de origem mesoamericana, pertencente ao grupo comercial preto (Figura 3). Essa cultivar foi desenvolvida pelo Programa de Melhoramento de Feijão Comum do Nupagri-UEM e tem como parentais a cultivar FT Nobre e a linhagem SEL 1308. A Awauna UEM destaca-se por sua resistência à maioria das doenças que afetam a produtividade da cultura, incluindo mancha angular, ferrugem, crestamento bacteriano comum, murcha de *Curtobacterium*, vírus do mosaico comum, oídio, fogo selvagem e algumas das raças endêmicas brasileiras de *Colletotrichum lindemuthianum*, como a raça 73, em razão da presença do alelo de resistência à antracnose $Co-4^2$ (RNC-MAPA, 2016). Além disso, apresenta resistência ao acamamento e potencial produtivo de até 4.000 kg ha⁻¹.



Figura 3. Sementes da Cultivar Awauna UEM. Fonte: Nupagri, 2023.

O parental suscetível utilizado neste trabalho foi o IPR88 Uirapuru, cultivar do grupo comercial preto (Figura 4), desenvolvida pelo Instituto de Desenvolvimento Rural do Paraná – IDR/Instituto Agrônômico do Paraná – IAPAR, destaca-se por sua ampla adaptação e elevado potencial de rendimento. Apresenta resistência ao vírus do mosaico comum, ferrugem e oídio. Adicionalmente possui tolerância à altas temperaturas e períodos curtos de estresse hídrico (Moda-Cirino et al., 2001). No entanto, é suscetível às doenças de antracnose e mancha angular, o que pode limitar seu uso em áreas onde essas doenças são prevalentes.



Figura 4. Sementes da Cultivar IPR88 Uirapuru. Fonte: IDR – Paraná, 2023.

As sementes foram plantadas em bandejas plásticas com dimensões de 50 × 30 × 9 cm, contendo substrato a base de turfa, utilizando 10 sementes de cada linhagem (560 plantas) e de cada parental (20 plantas) (Figura 5).

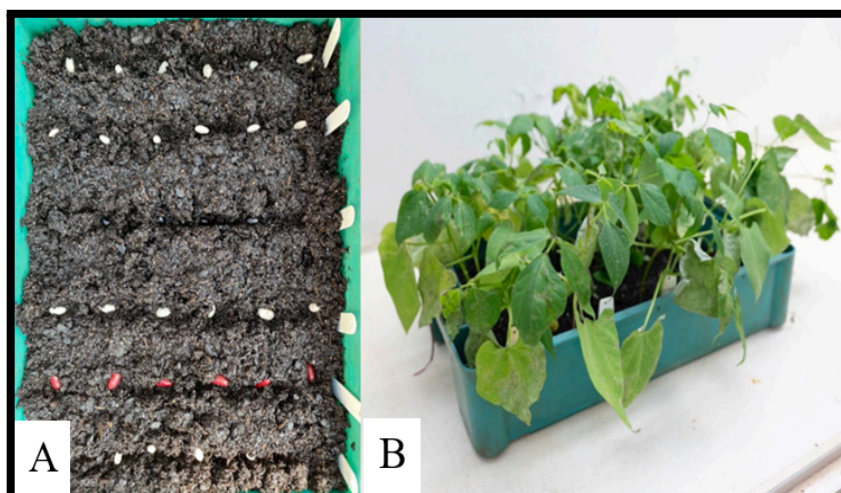


Figura 5. A - Bandejas plásticas com as sementes dispostas em fileira demonstrando o esquema de semeadura; B - Plantas com a primeira folha trifoliada desenvolvida. Fonte: Nupagri, 2023.

3.2. Inóculos de *Colletotrichum lindemuthianum* e *Pseudocercospora griseola*

As raças utilizadas neste estudo foram a 73 de *Colletotrichum lindemuthianum* e 63-39 de *Pseudocercospora griseola*. A raça 73 foi obtida da micoteca do Nupagri, da Universidade Estadual de Maringá. E a raça 63-39 foi gentilmente fornecida pela Dra. M. Goreti de Almeida Oliveira do Instituto de Biotecnologia Aplicada à Agropecuária (Bioagro) da Universidade Federal de Viçosa, Minas Gerais, Brasil.

O preparo do inóculo de *Colletotrichum lindemuthianum* foi realizado conforme a metodologia descrita por Cárdenas et al. (1964), a qual consiste na multiplicação dos esporos de cada isolado do patógeno em tubos de ensaio contendo vagens esterilizadas, parcialmente imersas em meio de ágar-água. A repicagem do fungo para as vagens foi realizada em câmara de fluxo laminar previamente esterilizada, e o material foi posteriormente incubado em BOD (Biochemical Oxygen Demand) por 14 dias, a 20 ± 2 °C, para esporulação.

Após o período de esporulação, as vagens foram retiradas dos tubos de ensaio e colocadas em um béquer contendo água esterilizada, em seguida, filtrada em gaze dupla para a obtenção da suspensão de esporos. Para determinação da concentração de esporos do patógeno, foram efetuadas cinco contagens em microscópio, com o auxílio de hematocitômetro (câmara de Neubauer-Preciss). Após a contagem, a suspensão de esporos foi ajustada à concentração de $1,2 \times 10^6$ esporos mL⁻¹ de água destilada e esterilizada. Além disso, foi adicionado uma gota Tween 20 a cada 100 mL de suspensão de esporo obtida (Pastor-Corrales, 1985).

O inóculo da raça 63-39 de *P. griseola* foi multiplicado em placas de Petri contendo meio suco de tomate V8 e incubadas em BOD a uma temperatura de ± 24 °C, por aproximadamente 21 dias (Sanglard et al., 2009). A transferência do fungo das placas contendo micélio do patógeno foi realizada com o auxílio de água destilada esterilizada mediante raspagem da superfície das placas, transferindo a solução para um béquer. A solução filtrada em uma camada dupla de gaze e a contagem dos esporos foram efetuadas com auxílio de um hematocitômetro (câmara de Neubauer-Preciss). A concentração da solução foi ajustada para $2,0 \times 10^4$ conídios mL⁻¹ em água destilada esterilizada, conforme metodologia de Pastor-Corrales e Jara (1995).

3.3. Inoculação e avaliação

Os parentais e 10 plantas de cada uma das 56 Linhagens Recombinantes Endogâmicas (RILs) do cruzamento Awauna UEM × IPR88 Uirapuru foram inoculados com a raça 73 de *C. lindemuthianum* e a raça 63-39 de *P. griseola*, separadamente. Após a expansão da primeira folha trifoliolada (estádio V3) (Gepts, 1987), as bandejas com as plantas foram transferidas para uma câmara de nebulização, onde as inoculações foram realizadas. As inoculações foram feitas com a suspensão de esporos, previamente descritas acima. Após a inoculação, as plantas foram mantidas em câmara de nebulização com umidade relativa superior a 95%, temperatura de $20 \pm 2^\circ\text{C}$, e luminosidade controlada (12 h de iluminação de 680 lux/12 h de escuro) por 72 horas.

Após o período de incubação, as bandejas foram transferidas para bancadas e mantidas a uma temperatura de $20 \pm 2^\circ\text{C}$, sob luz artificial, onde permaneceram por 7 dias para posterior avaliação visual dos sintomas. As avaliações visuais dos sintomas de antracnose e mancha angular foram conduzidas de acordo com as escalas de severidade propostas por Pastor-Corrales et al. (1995) e Inglis et al. (1988), respectivamente, utilizando escores variando de 1 a 9. Plantas que apresentaram escores entre 1 e 3 foram classificadas como resistentes, enquanto aquelas com escores de 4 a 9 foram consideradas suscetíveis.

3.4. Análise estatística

Com base nos dados obtidos nas análises fenotípicas, aplicou-se o teste do qui-quadrado (χ^2) para verificar o ajuste à proporção de segregação esperada de 1:1 na população $F_{2:8}$ oriunda do cruzamento Awauna UEM × IPR 88 Uirapuru, utilizando o software Genes (Cruz, 2013).

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Neste estudo, foi avaliada a reação fenotípica dos parentais, da geração $F_{2:8}$ de 56 linhagens endogâmicas recombinantes, derivadas do cruzamento entre os parentais Awauna UEM (R) e IPR88 Uirapuru (S), inoculados separadamente, com as raças 73 de *C. lindemuthianum* e 63-39 de *P. griseola*.

Os resultados obtidos das avaliações fenotípicas estão descritos no Quadro 5. Os dados mostram a segregação observada e esperada, bem como o valor de qui-quadrado (χ^2) e *P*-valor. Como esperado as linhagens $F_{2:8}$ ajustaram-se a uma proporção de 1RR:1SS a antracnose, ($\chi^2 = 0,071$ e *P*-valor = 0,78), condicionada pelo único alelo de resistência dominante *Co-4²* presente em Awauna UEM (RNC-MAPA, 2016, nº 35631). Do mesmo modo a segregação observada para mancha angular ajustou-se a mesma proporção de 1RR:1SS ($\chi^2 = 0,64$ e *P*-valor = 0,42).

Quadro 5. Reação das 54 linhagens endogâmicas $F_{2:8}$ do cruzamento das cultivares de feijão comum Awauna UEM × IPR88 Uirapuru inoculadas com a raça 73 *Colletotrichum lindemuthianum* e raça 63-39 *Pseudocercospora griseola*

Parentais e cruzamento	Geração	Segregação observada (1RR:1SS) ^a	Segregação esperada (1RR:1SS)	χ^2	<i>P</i> -valor
Raça 73 do <i>C. Lindemuthianum</i>					
Awauna UEM	R	10:0			
IPR88 Uirapuru	S	0:10			
Awauna UEM x IPR88 Uirapuru	$F_{2:8}$	27:29	28:28	0.071	0.78
Raça 63-39 do <i>P. Griseola</i>					
Awauna UEM	R	10:0			
IPR88 Uirapuru	S	0:10			
Awauna UEM x IPR88 Uirapuru	$F_{2:8}$	25:31	28:28	0.64	0,42

P-valor do qui-quadrado superiores a 0,05 indicam que os valores observados não foram significativamente diferentes dos esperados; ^aRR: Resistente; SS: Suscetível.

Das 56 linhagens avaliadas, um total de 50 linhagens co-segregaram de forma semelhante para a resistência/suscetibilidade aos dois patógenos e 6 recombinantes foram observados (Quadro 6), revelando uma estreita ligação entre o alelo de resistência a antracnose (*Co-4²*) e o da mancha angular.

Quadro 6. Resposta das plantas resistentes e suscetíveis das linhagens F_{2:8} derivadas do cruzamento entre as cultivares Awauna Uem × IPR 88 Uirapuru

Linhagens endogâmicas	Raça 73 de <i>C. lindemuthianum</i>	Raça 63-39 de <i>P. griseola</i>
1	R	R
2	S	S
4	S	S
6	R	R
7	S	S
8	S	S
9	S	S
10	S	S
11	R	S
12	R	S
15	R	S
16	S	S
18	S	S
19	S	S
21	S	S
24	S	S
25	S	S
27	S	S
28	S	S
30	R	R
31	R	R
32	S	S
36	R	R
37	R	R
38	R	R
39	R	R
41	R	R
42	S	R
43	R	R
44	R	R
45	R	R
46	R	R
47	R	R
50	R	R
51	R	S
53	R	R
54	S	S
56	S	S
57	S	S
58	S	S
59	S	R
60	R	R
61	S	S
62	S	S
64	R	R
65	R	R
66	S	S
67	R	R
68	S	S

70	S	S
71	R	R
72	R	R
74	R	R
77	S	S
78	S	S
79	S	S

O locus *Co-4*² é um dos mais importantes na resistência à antracnose, desempenhando um papel crucial ao quebrar a virulência de diversas raças da doença (Silvério et al., 2002). O *Co-4* é um locus complexo que contém várias cópias de genes codificadores de quinases semelhantes a receptores (RLKs), como o *CoK-4*, contendo um conjunto de quinases semelhantes a receptores previstos (*CoK-4 CrRLK1-like*), que são similares à proteína FERONIA (*FER*) em *Arabidopsis thaliana* (Oblessuc et al. 2015). Sendo essenciais para a percepção de patógenos e a transdução de sinais, ativando respostas imunes nas plantas. Azevedo et al. (2018) demonstraram que a proteína *CoK-4* no feijão comum funciona de maneira semelhante à quinase *FER* em *Arabidopsis*, sendo crucial tanto para o desenvolvimento da parte aérea da planta quanto para a imunidade contra patógenos. Ambas as proteínas, que são quinases receptoras ligadas à membrana plasmática, demonstrando que provavelmente, atuam nas mesmas vias de sinalização que permitem o desenvolvimento das células-guarda e o movimento estomático. Esses estudos indicam que *CoK-4* tem um papel significativo nas interações entre planta e patógeno.

O alelo *Co-4*² foi mapeado no grupo de ligação Pv08 (Young et al., 1998; Kelly et al., 2003) e é um alelo do gene *Co-4*. Neste mesmo grupo de ligação, também estão localizados genes que conferem resistência às importantes doenças fúngicas que afetam a cultura do feijão, como a mancha angular e ferrugem (Souza et al., 2023).

No Pv08, estão localizados além do locus *Co-4* (alelos *Co-4*² e *Co-4*³), QTLs que conferem resistência à raça 4 de *C. lindemuthianum* (ANT8.1–ANT8.4), estando esses ligados a quatro marcadores SNPs (Single Nucleotide Polymorphisms) e SSRs (Simple Sequence Repeats), conforme estudos conduzidos por Perseguini et al., 2016. Em relação à raça 0-39 de *P. griseola*, os mesmos autores identificaram dois SNPs (scaffold00034_1236020 e scaffold00041_635678) e um SSR (PvM001). Neste cromossomo, também se encontra localizado o gene *Phg-2* e seu alelo *Phg-2*²

que confere resistência à mancha angular, localizados no final deste cromossomo identificados nas cultivares México 54 (Sartorato et al., 1999, 2000) BAT 332 (Namayanja et al., 2006). Sendo o gene *Phg-2* intimamente ligado ao gene *Ur-13* que confere resistência a ferrugem, causada pelo *Uromyces appendiculatus* (Garzon e Blair, 2014).

Estudos realizados por meio de marcadores moleculares confirmam que o gene *Co-4*, juntamente com seus alelos *Co-4²* e *Co-4³*, estão localizados na extremidade do cromossomo Pv08, nas regiões aproximadas de 1,0 a 3,0 Mb (Young et al., 1998; Awale e Kelly, 2001; Burt et al., 2015). Perseguini et al. (2016) identificou também nessa região por meio de GWAS, marcadores associados à resistência à antracnose nas posições 8,0 Mb (scaffold00105_48480), 13,4 (scaffold00097_323110), 13,6 (scaffold00097_164240), 14,8 (scaffold00034_860044), e marcadores associados à resistência à mancha angular 9,6 Mb (PvM001) e 15,2 (scaffold00034_1236020), sendo essas duas regiões próximas a região do gene de resistência à antracnose *Co-4²*. A alta concentração dessas proteínas NBS-LLR e quinases na região citada, sugere a co-segregação de genes de resistência a antracnose e mancha angular. Estudos conduzidos por Vaz Bisneta e Gonçalves-Vidigal (2020) destacam a região de 0 Mb e 15,2 Mb do Pv08, como uma região de genes candidatos responsáveis pela codificação de proteínas NBS-LLR e quinases, as quais desempenham papéis cruciais na resistência a várias doenças, como antracnose e mancha angular.

O gene *Phg-2*, que confere resistência à mancha angular, está posicionado em uma região próxima a 58 Mb no final deste cromossomo e é presente na cultivar México 54 (Sartorato et al., 1999, 2000). No entanto através de estudos de ligação genética realizados por Okki et al. (2019), evidenciaram a fraca ligação genética entre os genes *Co-4²* e *Phg-2* ($r=44$ cM e LOD score de 0.7). Em estudos complementares, Souza et al. (2023) demonstraram que o gene *Co-4²* e *Phg-2*, embora no mesmo cromossomo, não estão fortemente ligados geneticamente.

A co-segregação dos genes *Co-4²* e do gene associado a resistência à mancha angular presente em Awauna UEM, como evidenciado nas análises fenotípicas, é de grande importância para o melhoramento genético. Essa correlação indica que é possível selecionar simultaneamente essas características desejáveis durante os processos de cruzamento e seleção. A integração desses genes em uma mesma linhagem pode desenvolver cultivares mais resistentes a doenças, o que

contribui para a obtenção de plantas mais produtivas e com maior capacidade de adaptação a diferentes condições ambientais. Isso, por sua vez, fortalece a eficiência do programa de melhoramento genético, promovendo avanços na agricultura.

Nesse sentido, avaliar a co-segregação do gene *Co-4*² que confere resistência à antracnose, com outros possíveis genes de resistência a diferentes patógenos e/ou raças é de fundamental importância para os estudos de resistência e desenvolvimento de cultivares, pois permite a seleção simultânea de múltiplas resistências em um único programa de cruzamento. Isso pode levar ao desenvolvimento de cultivares de feijão comum que são mais resistentes a uma gama mais ampla de patógenos, melhorando a produtividade da cultura. A resistência a patógenos como *Colletotrichum lindemuthianum*, causador da antracnose, e *Pseudocercospora griseola*, responsável pela mancha-angular, é particularmente importante devido ao impacto significativo dessas doenças na produção de feijão.

Estudos adicionais utilizando técnicas de mapeamento genético, como mapeamento por associação (GWAS) e mapeamento de ligação, bem como análises moleculares detalhadas, são recomendados para confirmar a co-segregação e entender melhor os mecanismos genéticos subjacentes à resistência a *C. lindemuthianum* e *P. griseola*. Essas abordagens podem identificar marcadores moleculares ligados aos genes de resistência, facilitando a seleção assistida por marcadores (MAS) e acelerando o processo de melhoramento.

A integração de dados fenotípicos e genotípicos, juntamente com a aplicação de bioinformática e ferramentas de análise de dados, podem fornecer uma compreensão mais abrangente das redes de genes envolvidas na resposta a esses patógenos, promovendo um incremento na produtividade de feijão de maneira sustentável.

5. CONCLUSÃO

A análise da co-segregação do gene que confere resistência à antracnose com genes de resistência à mancha angular é crucial para os programas de melhoramento genético do feijão comum. Essa abordagem permite a seleção eficiente de resistência a múltiplas doenças, otimizando os cruzamentos e facilitando o desenvolvimento de cultivares mais adaptadas e resistentes. A resistência a patógenos como *Colletotrichum lindemuthianum* e *Pseudocercospora griseola*, causadores da antracnose e da mancha angular, respectivamente, é particularmente importante devido ao seu impacto significativo na produção de feijão. Incorporar múltiplos genes de resistência em programas de melhoramento não apenas melhora a produtividade das lavouras, mas também contribui para a sustentabilidade agrícola ao reduzir a dependência de defensivos químicos. Portanto, estratégias que integrem a co-segregação de genes de resistência são fundamentais para o desenvolvimento de cultivares com resistência ampla e duradoura, garantindo maior segurança e eficiência na produção agrícola.

6. REFERÊNCIAS

ALMEIDA, C.P.DE.; PAULINO, J.F. DE.C.; MORAIS CARBONELL, S.A.; 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**, 11:1298, 2020.

ALZATE-MARIN, A.L.; BAÍA, G.S.; PAULA JÚNIOR, T.J.; CARVALHO, G.A.; BARROS, E.G.; MOREIRA, M.A. Inheritance of anthracnose resistance in common bean differential cultivar AB 136. **Plant Disease**, 81:996–998, 1997.

ALZATE-MARIN, A.L.; MENARIM, H.; CARVALHO, G.A.; PAULA JÚNIOR, T.J.; BARROS, E.G.; MOREIRA, M.A. Improved selection with newly identified RAPD markers linked to resistance gene to four pathotypes of *Colletotrichum lindemuthianum* in common bean. **Phytopathology**, 89:281–285, 1999.

ALZATE-MARIN, A.L.; MENARIM, H.; SOARES, BAÍA, G.; PAULA JÚNIOR, T.J., ALMEIDA DE SOUZA, K.; DA COSTA, M.R.; GONÇALVES DE BARROS, E.; MOREIRA, M.A. Inheritance of anthracnose resistance in the common bean differential cultivar G 2333 and identification of a new molecular marker linked to the *Co-4²* gene. **Phytopathology**, 149:259–264, 2001.

ALZATE-MARIN, A.L.; ARRUDA, K.M.; BARROS, E.G.; MOREIRA, M.A. Allelism studies for anthracnose resistance genes of common bean cultivar AND 277. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, 46:173–174, 2003.

ALZATE-MARIN, A.L.; SARTORATO, A. Analysis of the variability of *Colletotrichum lindemuthianum* in Brazil. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, 47:241–242, 2004.

ALZATE-MARIN, A.L.; SOUZA, K.A.; SILVA, M.G.M.; OLIVEIRA, E.J.; MOREIRA, M.A.; BARROS, E.G. Genetic characterization of anthracnose resistance genes *Co-*

4³ and Co-9 in common bean cultivar Tlalnepantla 64 (PI 207262). **Euphytica**, 154:1–8, 2007.

ANSARI, K.I.; PALACIOS, N.; ARAYA, C.; LANGIN, T.; EGAN, D.; DOOHAN, F.M. Pathogenic and genetic variability among *Colletotrichum lindemuthianum* isolates of different geographic origins. **Plant Pathology**, 53:635–642, 2004.

ARRUDA, M.C.C.; ALZATE-MARIN, A.L.; CHAGAS, J.M.; MOREIRA, M.A.; BARROS, E.G. Identification of Random Amplified Polymorphic DNA markers linked to the Co-4 resistance gene to *Colletotrichum lindemuthianum* in common bean. **Phytopathology**, 90:758–761, 2000.

ASSEFA, T.; ASSIBI MAHAMA, A.; BROWN, A.V.; CANNON, E.K.S.; RUBYOGO, J.C.; RAO, I.M.; BLAIR, M.W.; CANNON, S.B. A review of breeding objectives, genomic resources, and marker-assisted methods in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Molecular Breeding**, 39:1–23, 2019.

AYTENFSU, Misganaw; TEREFE, Habtamu. A review of *Pseudocercospora griseola* in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) in Africa. **CABI Reviews**, Wallingford, v. 18, p. 1–12, 2023. Disponível em: <https://doi.org/10.1079/cabireviews.2023.0016>. Acesso em: 20 junho. 2024.

AWALE, H.E.; KELLY, J.D. Development of SCAR markers linked to Co-4² gene in common bean. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, 44:119–120, 2001.

AYTENFSU, M.; TEREFE, H. A review of *Pseudocercospora griseola* in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) in Africa. **Cabi Reviews**, 18:1, 2023.

AZEVEDO, J.L. Variabilidade em fungos fitopatogênicos. **Summa Phytopathologica**, 2:3–15, 1976.

AZEVEDO, R.F.; GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; OBLESSUC, P.R.; MELOTTO, M. The common bean COK-4 and the Arabidopsis FER kinase domain share similar

functions in plant growth and defence. **Molecular Plant Pathology**, 19:1765–1778, 2018.

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**, 123:1038–1047, 1998.

BANNEROT, H. Résultats de l'infection d'une collection de haricots par six races physiologiques d'anthracnose. **Annales de l'Amélioration des Plantes**, 15:201–222, 1965.

BARRUS, M. F. Variation of cultivars of beans in their susceptibility to anthracnose. **Phytopathology**, 1:190–195, 1911.

BASSANEZI, R.B.; AMORIN, L.; FILHO, A.B.; HAU, B.; BERGER, R.D. Accounting for photosynthetic efficiency of bean leaves with rust, angular leaf spot and anthracnose to assess crop damage. **Plant Pathology**, 50:443–452, 2001.

BASSI, D.; BORIS B.; ROSA, J.S.; OBLESSUC, P.R.; ALMEIDA, C.P.; NUCCI, S.M.; SILVA, L.C.D.; CHIORATO, A.F.; VIANELLO, R.P.; CAMARG, L.E.A.; BLAIR, M.W.; BENCHIMOL-REIS, L.L. Linkage and mapping of quantitative trait loci associated with angular leaf spot and powdery mildew resistance in common beans. **Genetics and Molecular Biology**, 40:109–122, 2017.

BEEBE, S.; RENGIFO, J.; GAITAN, E.; DUQUE, M.C.; TOHME, J. Diversity and origin of Andean landraces of common bean. **Crop Science**, 41:854–862, 2001.

BELLUCCI, E.; BITOCCHI, E.; RAU, D.; RODRIGUEZ, M.; BIAGETTI, E.; GIARDINI, A.; ATTENE, G.; NANNI, L.; PAPA, R. Genomics of origin, domestication and evolution of *Phaseolus vulgaris*. In: TUBEROSA R.; GRANER, A.; FRISON, E. (eds.). **Genomics of Plant Genetic Resources**. Berlin: Springer, 2014. p. 483–507.

BIANCHINI, A.; MARINGONI, A.C.; CARNEIRO, S.M.T.P.G. Doenças do feijoeiro – *Phaseolus vulgaris*. In: KIMATI, H.; AMORIM L.; REZENDE, J.A.M.; BERGAMIN

FILHO, A. CAMARGO, L.E.A. (eds.). **Manual de fitopatologia: doenças de plantas cultivadas**. São Paulo: Agronômica Ceres, 1997. p. 353–375.

BIANCHINI, A.; MARINGONI, A.C.; CARNEIRO, S.M.T.P.G. Doenças do Feijoeiro. In: KIMATI, H.; AMORIM, L.; REZENDE, J.A.M.; BERGAMIN FILHO, A; CAMARGO, L.E.A. (eds.). **Manual de fitopatologia: Doenças das plantas cultivadas**. São Paulo: Agronômica Ceres, 2005. p. 333–349.

BITOCCHI, E.; BELLUCCI, E.; GIARDINI, A.; RAU, D.; RODRIGUEZ, M.; BIAGETTI, E.; SANTILOCCHI, R.; ZEULI, P.S.; GIOIA, T.; LOGOZZO, G.; ATTENE, G.; NANNI, L.; PAPA, R. Molecular analysis of the parallel domestication of the common bean (*Phaseolus vulgaris*) in Mesoamerica and the Andes. **New Phytologist**, 197:300–313, 2013.

BITOCCHI, E.; NANNI, L.; BELLUCCI, E.; ROSSI, M.; GIARDINI, A.; ZEULI, S.P.; LOGOZZO, G.; STOUGAARD, J.; MCCLEAN, P.; ATTENE, G.; PAPA, R. Mesoamerican origin of the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) is revealed by sequence data. **Proceedings of the National Academy of Science**, 109:788–796, 2012.

BITOCCHI, E.; RAU, D.; BELLUCCI, E.; RODRIGUEZ, M.; MURGIA, M. L.; GIOIA, T.; SANTO, D.; NANNI, L.; ATTENE, G.; PAPA, R. Beans (*Phaseolus* spp.) as a Model for Understanding Crop Evolution. **Frontiers in Plant Science**, 8:1–21, 2017.

BLAIR, M.W.; BRONDANI, R.V.P.; DÍAZ, L.M.; DEL PELOSO, M.J. Diversity and Population Structure of Common Bean from Brazil. **Crop Science**, 53:1983–1993, 2013.

BRIM, C.A. A modified pedigree method of selection in soybean. **Crop Science**, 6:220, 1966.

BRIOSI, G.; CAVARA, F.I. *Colletotrichum lindemuthianum*. I **Fungi Parassiti dela Piante Coltivate od utili essicati, Delineati e Descritti**, 2:26–50, 1889.

- BROUGHTON, W.J.; HERNÁNDEZ, G.; BLAIR, M.; BEEBE, S.; GEPTS, P.; VANDERLEYDEN, J. Beans (*Phaseolus* spp.) - model food legumes. **Plant and Soil**, 252:55–128, 2003.
- BURKHOLDER, W.H. The production of an anthracnose-resistant White Marrow Bean. **Phytopathology**, 8:353–359, 1918.
- BURT, A.J.; WILLIAM, H.M.; PERRY, G.; KHANAL, R.; PAULS, K.P.; KELLY, J.D.; NAVABI, A. Candidate gene identification with SNP marker-based fine mapping of anthracnose resistance gene *Co-4* in common bean. **PLoS ONE**, 10:10, 2015.
- CAMPA, A.; GIRALDEZ, R.; FERREIRA, J.J. Genetic dissection of the resistance to nine anthracnose races in the common bean differential cultivars MDRK and TU. **Theoretical and Applied Genetics**, 119:1–11, 2009.
- CAMPA, A.; GIRALDEZ, R.; FERREIRA J.J. Genetic analysis of the resistance to eight anthracnose races in the common bean differential cultivar Kaboon. **Phytopathology**, 101:757–764, 2011.
- CAMPA, A.; RODRÍGUEZ-SUÁREZ, C.; GIRALDEZ, R.; FERREIRA, J.J. Genetic analysis of the response to eleven *Colletotrichum lindemuthianum* races in a RIL population of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **BMC Plant Biology**, 14:1–12, 2014.
- CAMPA, A.; TRABANCO, N.; FERREIRA J.J. Identification of clusters that condition resistance to anthracnose in the common bean differential cultivars AB 136 and MDRK. **Phytopathology**, 107:1515–1521, 2017.
- CARBONELL, S.A.M.; CHIORATO, A.F.; BEZERRA, L.M.C. A planta e o grão de feijão e as formas de apresentação aos consumidores. In: FERREIRA, C.M.; BARRIGOSSO, J.A.F. (eds.). **Arroz e Feijão: tradição e segurança alimentar**. Brasília: Embrapa, 2021. p. 102–116.

CÁRDENAS, F.; ADAMS, M.W.; ANDERSEN, A. The genetic system for reaction of field beans (*Phaseolus vulgaris* L.) to infection by three physiologic races of *Colletotrichum lindemuthianum*. **Euphytica**, 13:178–186, 1964.

CARNEIRO, J.E.; JÚNIOR, T.P. DE; BORÉM, A. **Feijão: do plantio à colheita**. Viçosa: UFV, 2015. 384p.

CARVALHO, G.A.; PAULA JUNIOR, T.J.; ALZATE-MARIN, A.L.; NIETSCHE, S.; BARROS, E.G.; MOREIRA, M.A. Inheritance of resistance of the Andean bean line AND-277 to race 63-23 of *Phaeoisariopsis griseola* and identification of a RAPD marker linked to the resistance gene. **Fitopatologia Brasileira**, 23:482–485, 1998.

CASTRO, S.A.L; GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; GILIO, T.A.S.; LACANALLO, G.F.; VALENTINI, G.; MARTINS, V.S.R.; SONG, Q.; GALVÁN, M.Z.; HURTADO-GONZALES, O.P.; PASTOR-CORRALES, M.A. Genetics and mapping of a new anthracnose resistance locus in Andean common bean Paloma. **BMC Genomics**, 18:306, 2017.

CHAVES, G. La Antracnosis. In: SCHWARTZ, H.F.; GALVEZ, G.E. (eds.). **Problemas de producción del frijol: enfermedades, insectos, limitaciones edáficas y climáticas de *Phaseolus vulgaris***. Cali: CIAT, 1980, 424p.

CHEN, M.; WU, J.; WANG, L.; MANTRI, N.; ZHANG, X.; ZHU, Z. Mapping and genetic structure analysis of the anthracnose resistance locus *Co-1^{HY}* in the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **PLoS ONE**, 12: e0169954, 2017.

CHIORATO, A.F.; CARBONELL, S.A.M.; DE MOURA, R.; FUMIKOITO, M.; COLOMBO, C.A. Co-evolução entre raças fisiológicas de *Colletotrichum lindemuthianum* e feijoeiro. **Bragantia**, 65:381–388, 2006.

COELHO, R.T.; GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; VIDIGAL FILHO, P.S.; LACANALLO, G.F.; DARBEN, L.M.; SILVA, C.R.; SOUSA, L.L.; CRUZ, A.S. Characterization of the anthracnose resistance gene in the Mesoamerican common bean cultivar Crioulo 159. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, 57:43–44, 2013.

COIMBRA-GONÇALVES, G.K.; GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; COELHO, R.T.; VALENTINI, G.; VIDIGAL FILHO, P.S.; LACANALLO, G.F.; SOUSA, L.L.; ELIAS, H.T. Characterization and mapping of anthracnose resistance gene in Mesoamerican common bean cultivar Crioulo 159. **Crop Science**, 56:1–12, 2016.

CONAB. **Companhia Nacional de Abastecimento**. Disponível em: <<https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos>>. Acesso em jul. 2024.

CORRÊA, R.X.; GOOD-GOD, P.I.; OLIVEIRA, M.L.; NIETSCHE, S.; MOREIRA, M.A.; BARROS, E.G. Herança da resistência à mancha-angular do feijoeiro e identificação de marcadores moleculares flanqueando o loco de resistência. **Fitopatologia Brasileira**, 26:27–32, 2001.

CRUZ, C. D. GENES: A software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum Agronomy**, 35:271–276, 2013.

DAMASCENO E SILVA, K.J.; SOUZA, E.A.; ISHIKAWA, F.H. Characterization of *Colletotrichum lindemuthianum* isolates from the State of Minas Gerais, Brazil. **Journal of Phytopathology**, 155:241–247, 2007.

DDAMULIRA, G.; MUKANKUSI, C.; OCHWO-SSEMAKULA, M.; EDEMA, R.; SSERUWAGI, P.; GEPTS, P. Gene Pyramiding Improved Resistance to Angular Leaf Spot in Common Bean. **American Journal of Experimental Agriculture**, 9:1–12, 2015.

DEBOUCK, D. Diversity in *Phaseolus* species in relation to the common bean. In: Singh, S.P. **Common bean improvement in the twenty-first century**. Dordrecht: Kluwer, 1999. p. 25–52.

DÍAZ, L.M.; BLAIR, M.W. Race structure within the Mesoamerican gene pool of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) as determined by microsatellite markers. **Theoretical and Applied Genetics**, 114:143–154, 2006.

FALEIRO, F.G.; VINHADELLI, W.S.; RAGAGNIN, V.A.; STAVELY, J.R.; MOREIRA, M.A.; BARROS, E.G. Resistência de linhagens de feijoeiro a quatro raças de *Uromyces appendiculatus* isoladas em Minas Gerais, Brasil. **Fitopatologia Brasileira**, 26:77–80, 2001.

FAOSTAT. **Food and Agriculture Organization of the United Nations** (FAO). Statistical Database, Food and Agriculture. Crops: Beans, dry. Disponível em: <<http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC/visualize>> Acesso em: 3 ago. 2024.

FERRIER-CANA, E.; GEFFROY, V.; MACADRE, C.; CREUSOT, F.; IMBERTBOLLORE, P.; SEVIGNAC, M.; LANGIN, T. Characterization of expressed NBS-LRR resistance gene candidates from common bean. **Theoretical and Applied Genetics**, 106:251–261, 2003.

FLOR, H.H. Inheritance of pathogenicity in *Melampsora lini*. **Phytopathology**, 32:653–669, 1942.

FOUILLoux, G. Bean anthracnose: new genes of resistance. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, 19:36–37, 1976.

FOUILLoux, G. New races of bean anthracnose and consequences on our breeding programs. **Diseases of Tropical Food Crops**, 221–235, 1979.

GARZON, L.N.; BLAIR, M.W. Development and mapping of SSR markers linked to resistance-gene homologue clusters in common bean. **The Crop Journal**, 2:183–194, 2014.

GEFFROY, V. **Dissection génétique de la résistance à *Colletotrichum lindemuthianum*, agente de l'anthracnose, chez deux génotypes représentatifs des pools géniques de *Phaseolus vulgaris***. Paris-Grignon: Institut National Agronomique Paris Grignon, 1997. 263p. (Thèse de Doctorat)

GEFFROY, V.; SICARD, D.; OLIVEIRA, J.C.F.; SÉVIGNAC, M.; COHEN, S.; GEPTS, P.; NEEMA, C.; LANGIN, T.; DRON, M. Identification of an ancestral resistance gene

cluster involved in the coevolution process between *Phaseolus vulgaris* and its fungal pathogen *Colletotrichum lindemuthianum*. **Molecular Plant-Microbe Interactions**, 12:774–784, 1999.

GEFFROY, V.; SÉVIGNAC, M.; BILLANT, P.; DRON, M.; LANGIN, T. Resistance to *Colletotrichum lindemuthianum* in *Phaseolus vulgaris*: a case study for mapping two independent genes. **Theoretical and Applied Genetics**, 116:407–415, 2008.

GEPTS, P.; OSBORN, T.C.; RASHKA, K.; BLISS, F.A. Phaseolin-protein variability in wild forms and landraces of the common bean (*Phaseolus vulgaris*): evidence for multiple centers of domestication. **Economic Botany**, 40:451–468, 1986.

GEPTS, P. Characterizing plant phenology. In: WISLÖF, K.; HESKETH, J. (eds.). **Plant growth modeling for resource management**. CRC Press: Boca Raton, 1987, p. 3–24.

GEPTS, P. A Middle American and an Andean common bean gene pool. In: GEPTS, P. (eds.). **Genetic Resources of *Phaseolus* Beans**. London: Kluwer, 1988. p. 375–390.

GEPTS, P.; KMIĘCIK, K.; PEREIRA, P.; BLISS, F.A. Dissemination pathways of common bean (*Phaseolus vulgaris*, Fabaceae) deduced from Phaseolin electrophoretic variability. I. **The Americas. Economic Botany**, 42:73–85, 1988.

GIL, J.; SOLARTE, D.; LOBATON, J. D.; MAYOR, V.; BARRERA, S.; JARA, C.; BEEBE, S.; RAATZ, B. Fine-mapping of angular leaf spot resistance gene *Phg-2* in common bean and development of molecular breeding tools. **Theoretical and Applied Genetics**, 132:2003–2016, 2019.

GILIO, T.A.S.; HURTADO-GONZALES, O.P.; GONCALVES-VIDIGAL, M.C.; VALENTINI, G.; FERREIRA ELIAS, J.C.; SONG, Q.; PASTOR-CORRALES, M.A. Fine mapping of an anthracnose-resistance *locus* in Andean common bean cultivar Amendoim Cavalo. **PLoS ONE**, 15:1–17, 2020.

GILIO, T.A.S.; HURTADO-GONZALES, O.P.; VALENTINI, G. CASTRO, S.A.L.; ELIAS, H.T.; SONG, Q.; GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; PASTOR-CORRALES, M.A. Fine mapping the broad spectrum anthracnose resistance gene in Amendoim Cavalo. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, 60:3–4, 2017.

GONÇALVES, R.J.; VIDIGAL FILHO, P.S.; SOUZA JUNIOR, H.; GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; LACANALLO, G.F.; VAZ BISNETA, M. Enhanced understanding of anthracnose resistance in Michigan Dark Red Kidney common bean cultivar. **Agronomy Science and Biotechnology**, 9:1–10, 2023.

GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; CARDOSO, A.A.; VIEIRA, C.; SARAIVA, L.S. Inheritance of anthracnose resistance in common bean genotypes P.I. 207262 and AB 136. **Brazilian Journal of Genetics**, 20, 1997.

GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; SAKIYAMA, N.S.; VIDIGAL FILHO, P.S.; AMARAL JÚNIOR, A.T.; POLETINE, J.P.; OLIVEIRA, V.R. Resistance of Common Bean Cultivar AB 136 to Races 31 and 69 of *Colletotrichum lindemuthianum*: the Co-6 Locus. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, 1:99–104, 2001.

GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; KELLY, J.D. Inheritance of anthracnose resistance in the common bean cultivar Widusa. **Euphytica**, 151:411–419, 2006.

GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; SILVA, C.R.; VIDIGAL FILHO, P.S.; GONELA, A.; KVITSCHAL, M.V. Allelic relationships of anthracnose (*Colletotrichum lindemuthianum*) resistance in the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) cultivar Michelite and the proposal of a new anthracnose resistance gene, Co-11. **Genetics and Molecular Biology**, 30:589–593, 2007.

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 and Technology**, 51:883–888, 2008a.

GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; LACANALLO, G.F.; VIDIGAL FILHO, P.S. A new gene conferring resistance to anthracnose in Andean common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) cultivar “Jalo Vermelho”. **Plant Breeding**, 127:592–596, 2008b.

GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; VIDIGAL FILHO, P.S.; MEDEIROS, A.F.; PASTOR-CORRALES, M.A. Common bean landrace Jalo Listras Pretas is the source of a new Andean anthracnose resistance gene. **Crop Science**, 49:133–138, 2009.

GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; CRUZ, A.S.; GARCIA, A.; KAMI, J.; VIDIGAL FILHO, P.S.; SOUSA, L.L.; MCCLEAN, P.; GEPTS, P.; PASTOR-CORRALES, M.A. Linkage mapping of the *Phg-1* and *Co-1⁴* genes for resistance to angular leaf spot and anthracnose in the common bean cultivar AND 277. **Theoretical and Applied Genetics**, 122:893–903, 2011.

GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; MEIRELLES, A.C.; POLETINE, J.P.; SOUSA, L.L.; CRUZ, A.S.; NUNES, M.P.; LACANALLO, G.F.; VIDIGAL, P.S. Genetic analysis of anthracnose resistance in “Pitanga” dry bean cultivar. **Plant Breeding**, 131:423–429, 2012.

GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; CRUZ, A.S.; LACANALLO, G.F.; VIDIGAL FILHO, P. S.; SOUSA, L.L.; PACHECO, C.M.N.A.; MCCLEAN, P.; GEPTS, P.; PASTOR-CORRALES, M.A. Co-segregation analysis and mapping of the anthracnose *Co-10* and angular leaf spot *Phg-ON* disease-resistance genes in the common bean cultivar Ouro Negro. **Theoretical and Applied Genetics**, 126:2245–2255, 2013.

GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; PACHECO, C.M.N.A.; VIDIGAL FILHO, P.S.; LACANALLO, G.F.; SOUSA, L.L.; MARTINS, V.S.R. Genetic mapping of the anthracnose resistance gene *Co-14* in the common bean cultivar Pitanga. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, 59:55–56, 2016.

GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; GILIO, T.A.S.; VALENTINI, G.; VAZ-BISNETA, M.; VIDIGAL FILHO, P.S.; SONG, Q.; OBLESSUC, P.R.; MELOTTO, M. New Andean source of resistance to anthracnose and angular leaf spot: Fine-mapping of disease

resistance genes in California Dark Red Kidney common bean cultivar. **PLoS ONE**, 15:1–19, 2020.

HABGOOD, H. Designation of physiological races of plant pathogens. **Nature**, 227:1267–1269, 1970.

INGLIS, D.A.; HAGEDORN, J.; RAND, R.E. Use of dry inoculum to evaluate beans for resistance to anthracnose and angular leaf spot. **Plant Disease**, 72:771–774, 1988.

KELLY, J.D.; AFANADOR, L.; CAMERON, L.S. New races of *Colletotrichum lindemuthianum* in Michigan and implications in dry bean resistance breeding. **Plant Disease**, 78, 892–894, 1994.

KELLY, J.D.; YOUNG, R.A. Proposed symbols for anthracnose resistance genes. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, 39:20–24, 1996.

KELLY, J.D.; GEPTS, P.; MIKLAS, P.N.; COYNE, D.P. Tagging and mapping of genes and QTL and molecular marker-assisted selection for traits of economic importance in bean and cowpea. **Field Crops Research**, 82:135–154, 2003.

KELLY, J.D.; VALLEJO, V.A. A Comprehensive Review of the Major Genes Conditioning Resistance to Anthracnose in Common Bean. **HortScience**, 39:1196–1207, 2004.

KELLER, B.; MANZANARES, C.; JARA, C.; LOBATON, J.D.; STUDER, B.; RAATZ, B. Fine-mapping of a major QTL controlling angular leaf spot resistance in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Theoretical and Applied Genetics**, 128:813–826, 2015.

KIMATI, H. Doenças do feijoeiro – *Phaseolus vulgaris*. In: GALLI, F. (eds.). **Manual de Fitopatologia: Doenças de Plantas Cultivadas**. São Paulo: Ed. Agronômica Ceres, 1980. p. 297–318.

KOENIG, R.L.; SINGH, S.P.; GEPTS, P. Novel phaseolin types in wild and cultivated common bean (*Phaseolus vulgaris*, Fabaceae). **Economic Botany**, 44:50–60, 1990.

LACANALLO, G.F.; GONÇALVES-VIDIGAL, M.C. Mapping of an Andean gene for anthracnose resistance (*Co-13*) in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) Jalo Listras Pretas landrace. **Australian Journal of Crop Science**, 9:394–400, 2015.

LATEEF, I.; KATOCH, S.; KATOCH, A.; BADIYAL, A.; PATHANIA, A.; DHIMAN, NISA, Q.; BASHIR, A.; NABI, A.; NABI, N.; FAYAZ, T.; GULZAR, G.; SHAR, M.D.; SHIKARI, A.B.; DAR, Z.A.; ITOO, H.; SHAH, R.A.; SOFI, T.A.; SHARMA, V.; SHARMA, M.K.; RATHOUR, R.; SHARMA, P.N.; PADDER, B.A. Fine mapping of a new common bean anthracnose resistance gene (*Co-18*) to the proximal end of Pv10 in Indian landrace KRC-5. **Theoretical and Applied Genetics**, 137:32, 2024.

LIN, L-Z.; HARNLY, J.M.; PASTOR-CORRALES, M.A.; LUTHRIA, D.L. The polyphenolic profiles of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Food Chemistry**, 107:399–410, 2008.

MACHADO, C.M.; FERRUZZI, M.G.; NIELSEN, S.S. Impact of the hard-to-cook phenomenon on phenolic antioxidants in dry beans (*Phaseolus vulgaris*). **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, 56: 3102–3110, 2008.

MAMIDI, S.; ROSSI, M.; ANNAM, D.; MOGHADDAM, S.; LEE, R.; PAPA, R.; MCCLEAN, P. Investigation of the domestication of common bean (*Phaseolus vulgaris*) using multilocus sequence data. **Functional Plant Biology**, 38:953–967, 2011.

MAHUKU, G.S.; IGLESIAS, Á.M.; JARA, C. Genetics of angular leaf spot resistance in the Andean common bean accession G5686 and identification of markers linked to the resistance genes. **Euphytica**, 167:381–396, 2009.

MARCON, J.R.S.; GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; PAULINO, J.F.C.; VIDIGAL FILHO, P.S.; COÊLHO, M. Genetic resistance of common bean cultivar Beija Flor to *Colletotrichum lindemuthianum*. **Acta Scientiarum Agronomy**, 43: e44910, 2021.

MARÉCHAL, R.; MASCHERPA, J. M.; STAINIER, F. Étude taxonomique d'un groupe complexe d'espèces de genres *Phaseolus* et *Vigna* (Papilionaceae) sur la base de données morphologiques et polliniques, traitées par l'analyse informatique. **Boissiera**, 28:1–273, 1978.

MASTENBROEK, C.A breeding programme for resistance to anthracnose in dry shell haricot beans, based on a new gene. **Euphytica**, 9:177–184, 1960.

McROSTIE, G.P. Inheritance of anthracnose resistance as indicated by a cross between a resistant and a susceptible bean. **Phytopathology**, 9:141–148, 1919.

McCLEAN, P.; LEE, R.; OTTO, C.; GEPTS, P.; BASSETT, M. Molecular and phenotypic mapping of genes controlling seed coat pattern and color in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Journal of Heredity**, 93:148–152, 2002.

MELOTTO, M.; OBLESSUC, P.R.; SCHMUTZ, J. The *Co-4* locus on chromosome Pv08 contains a unique cluster of genes conferring resistance to anthracnose and angular leaf spot in common bean. **Frontiers in Plant Science**, 6:152, 2015.

MELOTTO, M.; KELLY, J.D. An allelic series at the *Co-1* locus conditioning resistance to anthracnose in common bean of Andean origin. **Euphytica**, 116:143–149, 2000.

MELOTTO, M.; KELLY, J.D. Fine mapping of the *Co-4* locus of common bean reveals a resistance gene candidate, *COK-4*, that encodes for a protein kinase. **Theoretical and Applied Genetics**, 103:508–517, 2001.

MÉNDEZ-VIGO, B.; RODRÍGUEZ-SUÁREZ, C.; PAÑEDA, A.; FERREIRA, J.J.; GIRALDEZ, R. Molecular markers and allelic relationships of anthracnose resistance gene cluster B4 in common bean. **Euphytica**, 141:237–245, 2005.

MENDONZA, A.; HERNÁNDEZ, F.; HERNÁNDEZ, S. Identification of Co-1 Anthracnose Resistance and linked molecular markers in common bean line A193. **Plant Disease**, 85:252–255, 2001.

MICHELMORE, R.W.; MEYERS, B.C. Clusters of Resistance Genes in Plants Evolve by Divergent Selection and a Birth-and-Death Process. **Genome Research**, 8:1113–1130, 1998.

MODA-CIRINO, V.; OLIARI, L.; LOLLATO, M.A.; FONSECA JÚNIOR, N.S. IPR88 Uirapuru – Common bean. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, 1:205–206, 2001.

MOURA, A.D.; BRITO, L.M. Aspectos Socioeconômicos. In: CARNEIRO, J.E.; JÚNIOR, T.P.DE; BORÉM, A. (eds.). **Feijão: do plantio à colheita**. Viçosa: UFV, 2015. p. 16–36.

MURUBE E, CAMPA A, FERREIRA J.J. Integrating genetic and physical positions of the anthracnose resistance genes described in bean chromosomes Pv01 and Pv04. **PLoS ONE**, 14: e0212298, 2019.

NABI, A.; LATEEF, I.; NISA, Q.; BANOO, A.; RASOOL, R.S.; SHAH, M.D.; AHMAD, M.; PADDER, B.A. *Phaseolus vulgaris-Colletotrichum lindemuthianum* Pathosystem in the Post-Genomic Era: An Update. **Current Microbiology**, 79:36, 2022.

NAMAYANJA, A.; BURUCHARA, R.; MAHUKU, G.; RUBAIHAYO, P.; KIMANI, P.; MAYANJA, S.; EYEDU, H. Inheritance of resistance to angular leaf spot in common bean and validation of the utility of resistance linked markers for marker assisted selection out side the mapping population. **Euphytica**, 151:361–369, 2006.

NANAMI, D.S.Y.; GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; CASTRO, S.A.L.; FRIAS, A.A.T.; VIDIGAL FILHO, P.S.; ELIAS, H.T. Characterization of genetic resistance in Andean common bean cultivar Amendoim Cavalo to *Colletotrichum lindemuthianum*. **Agronomy Science and Biotechnology**, 3:43–52, 2017.

NAY, M.M.; SOUZA, T.L.; RAATZ, B.; MUKANKUSI, C.M.; GONÇALVES-VIDIGAL, M. C.; ABREU, A.F.; MELO, L.C.; MARCIAL A.; PASTOR-CORRALES, M.A. A Review of Angular Leaf Spot Resistance in Common Bean. **Crop Science**, 59:1376–1391, 2019a.

NAY, M. M.; MUKANKUSI, C. M.; STUDER, B.; RAATZ, B. Haplotypes at the *Phg-2* Locus Are Determining Pathotype-Specificity of Angular Leaf Spot Resistance in Common Bean. **Frontiers in Plant Science**, 10:1–11, 2019b.

NUNES, M.P.B.A.; GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; MARTINS, V.S.; XAVIER, L.F.; VALENTINI, G.; VAZ BISNETA, M.; VIDIGAL FILHO, P.S. Relationship of *Colletotrichum lindemuthianum* races and resistance loci in the *Phaseolus vulgaris* L. genome. **Crop Science**, 61:3877–3893, 2021.

OBLESSUC, P.R.; BARONI, R.M.; GARCIA, A.A.F.; CHIORATTO, A.F.; CARBONELL, S.A.M.; CAMARGO, L.E.A.; BENCHIMOL-REIS L.L. Mapping of angular leaf spot resistance QTL in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) under different environments. **BMC Genetics**, 13:50, 2012.

OBLESSUC, P.R.; CARDOSO-PERSEGUINI, J.M.K.; BARONI, R.M.; CHIORATO, A.F.; CARBONELL, S.A.M.; MONDEGO, J.M.C.; VIDAL, R.O.; CAMARGO, L.E.A.; BENCHIMOL-REIS, L.L. Increasing the density of markers around a major QTL controlling resistance to angular leaf spot in common bean. **Theoretical and Applied Genetics**, 126:2451–2465, 2013.

OBLESSUC, P.R.; FRANCISCO, C.; MELOTTO, M. The *Co-4* locus on Chromosome Pv08 contains a unique cluster of 18 *COK-4* genes and is regulated by immune response in common bean. **Theoretical and Applied Genetics**, 128:1193–1208, 2015.

OKII, D., BADJI, A., ODONG, T., TALWANA, H., TUKAMUHABWA, P., MALE, A., MUKANKUSI, C. & GEPTS, P. Recombination fraction and genetic linkage among key disease resistance genes (*Co-42/Phg-2* and *Co-5*) in common bean. **African Journal of Biotechnology**, 18(29), 819-830, 2019.

PASTOR-CORRALES, M.A. Estandarización de variedades diferenciales y de designación de razas de *Colletotrichum lindemuthianum*. **Phytopathology**, 81:694, 1991.

PASTOR-CORRALES, M.A.; ERAZO, O.A.; ESTRADA, E.I.; SINGH, S.P. Inheritance of anthracnose resistance in common bean accession G 2333. **Plant Disease**, 78:959–962, 1994.

PASTOR-CORRALES, M.A. Resistance to *Colletotrichum lindemuthianum* isolates from Middle America and Andean South America in different common bean races. **Plant Disease**, 7:63–67, 1995.

PASTOR-CORRALES, M.A.; JARA, C.E. La evolución de *Phaeoisariopsis griseola* con el frijol común en América Latina. **Fitopatología Colombiana**, 19:15–24, 1995.

PASTOR-CORRALES, M.A.; OTOYA, M.M.; MOLINA, A. Resistance to *C. lindemuthianum* isolates from Middle America and Andean South America in different common beans races. **Plant Disease**, 79:63–67, 1995.

PASTOR-CORRALES, M.A. Traditional and molecular confirmation of the coevolution of beans and pathogens in Latin America. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, 39:46–47, 1996.

PASTOR-CORRALES, M.A.; JARA, C.; SINGH, S.P. Pathogenic variation in, sources of, and breeding for resistance to *Phaeoisariopsis griseola* causing angular leaf spot in common bean. **Euphytica**, 103: 161–171, 1998.

PAULA JÚNIOR, T.J.; ZAMBOLIM, L. Doenças. In: VIEIRA C, PAULA JÚNIOR, T.J.; BORÉM, A (eds.). **Feijão**. Viçosa: UFV, 2006. p. 359-414.

PAULINO, J.F.C.; GONÇALVES-VIDIGAL, M. C.; CASTRO, S.A.L.; LACANALLO, G. F.; MARTINS, V.S.R.; MARTIANO-SOUZA, M.C.; TABOADA, G.; GÁLVAN, M.Z. Molecular characterization and mapping of the anthracnose resistance gene in the Andean common bean cultivar Perla. **Annual Report of Bean Improvement Cooperative**, 62:13–14, 2019.

PAULINO, P.P.S.; GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; VAZ BISNETA, M.; VIDIGAL FILHO, P.S.; NUNES, M.P.B.A.; XAVIER, L.F.S.; LACANALLO, G.F. Occurrence of anthracnose pathogen races and resistance genes in common bean across 30 years in Brazil. **Agronomy Science and Biotechnology**, 8:1–21, 2021.

PERSEGUINI, J.M.K.C.; OBLESSUC, P.R.; ROSA, J.R.B.F.; GOMES, K.A.; CHIORATO, A.F.; CARBONELL, S.A.M.; GARCIA, A.A.F.; VIANELLO, R.P.; BENCHIMOL-REIS, L.L. Genome-Wide Association Studies of Anthracnose and Angular Leaf Spot Resistance in Common Bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **PLoS ONE**, 11, 2016.

PETRY, N.; BOY, E.; WIRTH, J.P.; HURRELL, R.F. Review: The potential of the common bean (*Phaseolus vulgaris*) as a vehicle for iron biofortification. **Nutrients**, 7: 1144–1173, 2015.

PRYOR, T.; ELLIS, J. The genetic complexity of fungal resistance genes in plants. **Advances in Plant Pathology**, 10:281–305, 1993.

QUEIROZ, V.T.; SOUSA, C.S.; COSTA, M.R.; SANGLAD, D.A.; ARRUDA, K.M.A.; SOUZA, T.L.P.O.; RAGAGNIN, V.A.; BARROS, E.G.; MOREIRA, M.A. Development of SCAR markers linked to common bean anthracnose resistance genes Co-4 and Co-6. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, 47:249–250, 2004.

RAO, I.M. Advances in improving adaptation of common bean and Brachiaria forage grasses to abiotic stress in the tropics. In: PESSARAKLI, M. (eds.). **Handbook of plant and crop physiology**. FL: Boca Raton, 2014. p. 847–889.

RAVA, C.; PURCHIO, A.; SARTORATO, A. Caracterização de patótipos de *Colletotrichum lindemuthianum* que ocorrem em algumas regiões produtoras de feijoeiro comum. **Fitopatologia Brasileira**, 19:167–172, 1994.

RECHE, D.; VIDIGAL FILHO, P.S.; GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; VAZ BISNETA, M.; VALENTINI, G.; SANTOS, A.A.B.; GILIO, T.A.S. Mapping of Quantitative Trait Loci Associated with Yield Components in the Awauna UEM×IPR88 UIRAPURU Population of Common Bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Annual Reporter of The Bean Improvement Cooperative**, 66:25–26, 2023.

REZENE, Y.; TESFAYE, K.; CLARE, M.; GEPTS, P. Pathotypes Characterization and Virulence Diversity of *Pseudocercospora griseola* the Causal Agent of Angular Leaf Spot Disease Collected from Major Common Bean (*Phaseolus vulgaris* L.) Growing Areas of Ethiopia. **Journal of Plant Pathology e Microbiology**, 9:1000445, 2018.

RODRIGUEZ, M.; RAU, D.; BITOCCHI, E.; BELLUCCI, E.; BIAGETTI, E.; CARBONI, A.; GEPTS, P.; NANNI, L.; PAPA, R.; ATTENE, G. Landscape genetics, adaptive diversity and population structure in *Phaseolus vulgaris*. **New Phytologist**, 209:1781–1794, 2016.

RODRÍGUEZ, D.; VEGA, L.; MURILLO, A.; PERALTA, E. Variabilidad patogénica de aislamientos de *Pseudocercospora griseola* em dos provincias de Ecuador. **J. Agric. Univ. P.R.**, 101:107–119, 2017

RODRÍGUEZ-SUÁREZ, C.; PAÑEDA, A.; FERREIRA, J.J.; GIRALDEZ, R. Allelic relationships of anthracnose resistance gene cluster B4 in common bean. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, 47:145–146, 2004.

RODRÍGUEZ-SUÁREZ, C.; FERREIRA, J.J.; CAMPA, A.; PAÑEDA, A.; GIRALDEZ, R. Molecular mapping and intra-cluster recombination between anthracnose race-specific resistance genes in the common bean differential cultivars Mexico 222 and Widusa. **Theoretical and Applied Genetics**, 116:807–814, 2008.

SANGLARD, D.A.; BALBI, B.P.; BARROS, E.G.; MOREIRA, M. A. An efficient protocol for isolation, sporulation and maintenance of *Pseudocercospora griseola*. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, 52:62–63, 2009.

SARBHOY, R.K. Cytogenetical studies in the genus *Phaseolus* Linn. III. Evolution in the genus *Phaseolus*. **Cytologia**, 42:401–413, 1977.

SARTORATO, A. Antracnose. In: ZIMMERMANN, M.J.; ROCHA, M.; YAMADA, T. **Cultura do feijoeiro: fatores que afetam a produtividade**. Piracicaba: Potafos, 1988, p. 457–477.

SARTORATO, A.; NIETSCH, S.; BARROS, E.D.; MOREIRA, M.A. Inheritance of angular leaf spot resistance and RAPD markers linked to disease resistance gene in common beans. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, 42:21–22, 1999.

SARTORATO, A.; NIETSCH, S.; BARROS, E.D.; MOREIRA, M.A. RAPD and SCAR markers linked to resistance gene to angular leaf spot in common beans. **Fitopatologia Brasileira**, 25:637–642, 2000.

SCHMUTZ, J.; MCCLEAN, P.E.; MAMIDI, S.; WU, G.A. CANNON, S.B.; GRIMWOOD, J.; JENKINS, J.; SHU, S.; SONG, Q.; CHAVARRO, C.; TORRESTORRES, M.; GEFFROY, V.; MOGHADDAM, S.M.; GAO, D.; ABERNATHY, B.; BARRY, K.; BLAIR, M.; BRICK, M.A.; CHOVIATIA, M.; GEPTS, P.; GOODSTEIN, D.M.; GONZALES, M.; HELLSTEN, U.; HYTEN, D.H.; JIA, G.; KELLY, J.D.; KUDRNA, D.; LEE, R.; RICHARD, M.M.S.; MIKLAS, P.N.; OSORNO, J.M.; RODRIGUES, J.; THAREAU, V.; URREA, C.A.; WANG, M.; YU, Y.; ZHANG, M.; WING, R.A.; CREGAN, P.C.; ROKHSAR D.S.; JACKSON, S.A. A reference genome for common bean and genome-wide analysis of dual domestications. **Nature Genetics**, 46:707–713, 2014.

SCHWARTZ, H.F.; PASTOR-CORRALES, M.A.; SINGH, S.P. New sources of resistance to anthracnose and angular leaf spot of beans (*Phaseolus vulgaris* L.). **Euphytica**, 31:741–754, 1982.

SILVÉRIO, L.; GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; VIDIGAL FILHO, P.S.; BARELLI, M.A.A.; THOMAZELLA, C.; NUNES, W.M.C. Genetic resistance to *Colletotrichum lindemuthianum* race 2047 in G 2333. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, 45:74-75, 2002.

SINGH, S.P.; GEPTS, P.; DEBOUCK, D.G. Races of common bean (*Phaseolus vulgaris*, Fabaceae). **Economic Botany**, 45:379-396, 1991.

SINGH, S.P.; SCHWARTZ, H.F. Breeding Common Bean for Resistance to Diseases: A Review. **Crop Science**, 50:2199–2223, 2010.

SOUSA, L.L.; CRUZ, A.S.; VIDIGAL FILHO, P.S.; VALLEJO, V.A.; KELLY, J.D.; GONÇALVES-VIDIGAL, M.C. Genetic mapping of the resistance allele Co-5² to *Colletotrichum lindemuthianum* in the common bean MSU 7-1 line. **Australian Journal of Crop Science**, 8:317–323, 2014.

SOUSA, L.L.; GONÇALVES, A.O.; GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; LACANALLO, G.F.; FERNANDEZ, A.C.; AWALE, H.; KELLY, J.D. Genetic characterization and mapping of anthracnose resistance of Corinthiano common bean landrace cultivar. **Crop Science**, 55:1025–1036, 2015.

SOUZA, T.L.P.O.; GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; RAATZ, B.; MUKANKUSI, C.M.; ABREU, Â.F.B.; MELO, L.C.; PASTOR-CORRALES, M.A. Major loci controlling resistance to the angular leaf spot of common bean. **Annual report of the Bean Improvement Cooperative**, 59:49–50, 2016.

SOUZA, I.P.; AZEVEDO, B.R.; COELHO, A.S.G.; SOUZA, T.L.P.O.; VALDISSER, P.A.M.R.; GOMES-MESSIAS, L.M.; FUNICHEL, B.O.; BRONDANI, C.; VIANELLO, R.P. Whole-genome Resequencing of common bean elite breeding lines. **Scientific Reports**, 13:12721, 2023.

STAVELY, J.R.; PASTOR-CORRALES, M.A. Rust. In: SCHWARTZ H.F.; PASTOR-CORRALES, M.A. (eds.). **Bean production problems in the tropics**. Cali, Colombia: CIAT, 1989. p. 159–194.

TRABANCO, N.; CAMPA, A.; FERREIRA, J.J. Identification of a new chromosomal region involved in the genetic control of resistance to anthracnose in common bean. **The plant genome**, 8:1–11, 2015.

UEBERSAX, M.A.; CICHY, K.A.; GOMEZ, F.E.; PORCH, T.G.; HEITHOLT, J.; OSORNO, J.M.; KAMFWA, K.; SNAPP, S.S.; BALES, S. Dry beans (*Phaseolus vulgaris* L.) as a vital component of sustainable agriculture and food security—A review. **Legume Science**, 5:e155, 2023.

VALENTINI, G.; GONCALVES-VIDIGAL, M.C.; HURTADO GONZALES, O.P.; DE LIMA CASTRO, S.A.; CREGAN, P.B.; SONG, Q.; PASTOR-CORRALES, M.A. High-resolution mapping reveals linkage between genes in common bean cultivar Ouro Negro conferring resistance to the rust, anthracnose, and angular leaf spot diseases. **Theoretical and Applied Genetics**, 130:1705–1722, 2017.

VALLEJO, V.; KELLY, J.D. New insights into the anthracnose resistance of common bean landrace G 2333. **The Open Horticulture Journal**, 2:29–33, 2009.

VAZ BISNETA, M.; GONÇALVES-VIDIGAL, M.C. Integration of anthracnose resistance loci and RLK and NBS-LRR-encoding genes in the *Phaseolus vulgaris* L. genome. **Crop Science**, 60: 2901–2918, 2020.

WALKER, J.C. **Enfermedades de las hortalizas**. Barcelona: Salvat, 1959. 624p

XAVIER, L.F.S.; POLETINE, J.P.; GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; VALENTINI, G.; FILHO, P.S.V.; PASTOR-CORRALES, M.A. Characterization of diversity in *Colletotrichum lindemuthianum* in Parana, Brazil, suggest breeding strategies for anthracnose resistance in common bean. **European Journal of Plant Pathology**, 160:757–770, 2021.

YOUNG, R.A.; KELLY, J.D. RAPD Markers flanking the are gene for anthracnose resistance in common bean. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, 121:37–41, 1996.

YOUNG, R.A.; KELLY, J.D. Tests of allelism for the anthracnose resistance *Co-1* gene. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, 40:128–129, 1997.

YOUNG, R.A.; MELOTTO, M.; NODARI, R.O.; KELLY, J.D. Marker assisted dissection of oligogenic anthracnose resistance in the common bean cultivar, G2333. **Theoretical and Applied Genetics**, 96:87–94, 1998.