

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

ELDENIRA BARBOSA UCHÔA

**Caracterização de isolados de *Colletotrichum lindemuthianum* em
feijão comum no estado do Paraná**

MARINGÁ
PARANÁ – BRASIL
AGOSTO - 2015

ELDENIRA BARBOSA UCHÔA

**Caracterização de isolados de *Colletotrichum lindemuthianum* em
feijão comum no estado do Paraná**

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.

Orientadora: Prof^a Dr^a Juliana Parisotto Poletine.

MARINGÁ
PARANÁ – BRASIL
AGOSTO - 2015

A meu pai, Raimundo Ferreira Uchôa (*in memoriam*), por seu amor, bondade, sabedoria, persistência, por ser meu ombro amigo, meu porto seguro. Fica, em minha memória e no meu coração, eternas lembranças de seu amor incondicional. À minha mãe, Elzanira Gonçalves Barbosa, pelo amor e carinho que sempre se fez presente em minha vida.

A toda a minha família, que nunca me abandonou.

Ao Luis Gonzaga da Silva Filho, pelo apoio, carinho e compreensão nos momentos difíceis.

Com carinho, dedico este trabalho.

AGRADECIMENTOS

A Deus, acima de todas as coisas.

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

À Coordenadoria de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (Capes) e à Fundação Araucária, pela concessão da bolsa de estudos.

À professora doutora Juliana Parisotto Poletine, pela orientação, conselhos, compreensão e ensinamentos.

À professora doutora Maria Celeste Gonçalves Vidigal, por ter me recebido em seu grupo de pesquisa e pela dedicação, orientação e valiosas contribuições.

Ao professor doutor Pedro Vidigal Filho pela orientação e cooperação na realização deste trabalho.

Aos professores do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, pelos ensinamentos transmitidos.

Ao professor doutor Allan Klynger da Silva Lobato, que acompanhou meus primeiros passos na pesquisa científica. Receba minha enorme gratidão.

Às doutoras Giselly Figueiredo Lacanallo e Vanusa Silva Ramos Martins, pelo incentivo e ajuda nas correções.

Aos colegas do Laboratório do Núcleo de Pesquisa Aplicada à Agricultura (Nupagri), Marcela Coelho, Tiago Maretti, Sandra Aparecida de L. Castro, Vanesca Priscila C. Rocha, Gislayne Kelly Coimbra, Julio Cesar F. Elias, Marilda P. Caixeta, Rodrigo C. Franzon, Rafael Felipe Azevedo, Alexandre C. Calvi e Thiago Alexandre S. Gilio, pela ajuda, conselhos, sugestões e saudável convivência.

À amiga Maria da Conceição Martiniano de Souza, pelo auxílio na realização de trabalhos e pelo imenso carinho com que nos relacionamos.

A todos os funcionários do Nupagri e da Secretaria da do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, pela disponibilidade, paciência e valioso auxílio durante a realização deste trabalho.

A cada um dos meus amigos de Graduação, quando tudo se iniciou, que deixaram saudades da maravilhosa convivência diária.

BIOGRAFIA

ELDENIRA BARBOSA UCHÔA, filha de Raimundo Ferreira Uchôa (*in memoriam*) e de Elzanira Gonçalves Barbosa, nasceu em 22 de Abril de 1984, no município de Paragominas, estado do Pará.

Em 2001, concluiu o Ensino Fundamental e Médio, na Escola de Educação Básica e Profissional “Fundação Bradesco”, em Paragominas, no Pará.

Diplomou-se em Agronomia, no ano de 2013, pela Universidade Federal Rural da Amazônia.

Em março de 2013, ingressou no curso de Mestrado em Genética e Melhoramento, área de concentração em Genética e Melhoramento, oferecido pela Universidade Estadual de Maringá, em Maringá, Paraná, Brasil

SUMÁRIO

RESUMO	VII
ABSTRACT	VIII
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	3
2.1. Aspectos gerais e econômicos da cultura do feijão comum (<i>Phaseolus vulgaris</i> L.).....	3
2.2. Antracnose do feijão comum.....	6
2.3. Variabilidade patogênica e denominação de raças de <i>Colletotrichum lindemuthianum</i>	12
Conjunto gênico: MA – Mesoamericano; A: Andino	15
2.4. Mecanismos de variabilidade do <i>C. lindemuthianum</i>	20
3. MATERIAL E MÉTODOS	26
3.1. Coleta das amostras	26
3.2. Isolamento de <i>C. lindemuthianum</i>	28
3.3. Multiplicação do inóculo	29
3.4. Inoculação e incubação.....	30
3.5. Semeadura das cultivares diferenciadoras	31
3.6. Avaliação dos sintomas.....	31
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	33
4.1. Raças de <i>C. lindemuthianum</i> identificadas nos municípios Paranaenses.....	33
4.2. Reação de compatibilidade das cultivares diferenciadoras.....	39
5. CONCLUSÕES	41
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	42

RESUMO

UCHÔA, Eldenira Barbosa, M. Sc. Universidade Estadual de Maringá, Agosto de 2015. **Caracterização de isolados de *Colletotrichum lindemuthianum* em feijão comum no estado do Paraná.** Orientadora: Juliana Parisotto Poletine. Coorientadores: Maria Celeste Gonçalves Vidigal e Pedro Soares Vidigal Filho.

Antracnose, causada pelo fungo *Colletotrichum lindemuthianum* é uma das mais importantes doenças do feijão comum. O patógeno é altamente variável, uma vez que as raças ocorrem em diferentes níveis de virulência. Portanto, para que haja eficácia num programa de melhoramento, há necessidade de monitoramento constante da distribuição e variabilidade do patógeno. Este estudo objetivou caracterizar isolados coletados em cultivos de feijão comum no estado do Paraná. Trinta e quatro isolados de *C. lindemuthianum* foram testados no conjunto de 12 cultivares diferenciadoras para antracnose em *Phaseolus vulgaris* L. A avaliação visual dos sintomas foi realizada utilizando a escala de severidade com notas de 1 a 9, onde plantas com notas de 1 a 3 foram consideradas resistentes, enquanto plantas com sintomas 4 a 9 foram consideradas suscetíveis. Os resultados obtidos permitiram a identificação de 25 raças: 2, 3, 10, 11, 15, 27, 31, 63, 64, 73, 75, 79, 81, 82, 83, 90, 91, 93, 95, 259, 283, 287, 339, 346 e 351. Este foi o primeiro relato da ocorrência das raças 82, 90, 259, 283, 287, 346 e 351 no estado do Paraná, além do primeiro indício da ocorrência das raças 3, 15 e 63 no Brasil, demonstrando a elevada variabilidade genética do patógeno e evidenciando a importância do monitoramento nas regiões de cultivo. A raça 3 apresentou a maior frequência de ocorrência (14,7%), seguida das raças 2, 64, 91, 95 e 351 com frequência igual a 5,9%. As raças 64 e 73 apresentaram reações de compatibilidade apenas com cultivares de origem Mesoamericana. Contrariamente, as raças 3, 10, 27, 31, 75, 79, 81, 82, 91, 93, 259, 283, 287, 346 e 351 mostraram reações de compatibilidade com ambas cultivares de origem Andina e Mesoamericana. Todas as cultivares Andinas apresentaram reação de compatibilidade com os isolados. Todos os isolados apresentaram-se incompatíveis com as cultivares PI 207262, TU, AB 136 e G 2333.

Palavras-chave: Variabilidade populacional, patógeno, monitoramento de raça.

ABSTRACT

UCHÔA, Eldenira Barbosa, M. Sc. Universidade Estadual de Maringá, August, 2015. **Characterization of isolates of *Colletotrichum lindemuthianum* in common bean from Parana State, Brazil.** Adviser: Juliana Parisotto Poletine. Committee Members: Maria Celeste Gonçalves Vidigal and Pedro Soares Vidigal Filho.

Anthracoze is one of the most important diseases of common bean that is caused by the fungus *Colletotrichum lindemuthianum*. This pathogen is highly variable, with races occurring at different levels of virulence. Therefore, for an effective breeding program, there is a need to continuously monitor the distribution and variability of the pathogen. The study had as objective to characterize isolates collected in common bean crops in Parana State. Thirty-four isolates *C. lindemuthianum* were tested on a set of 12 international bean differential cultivars for anthracnose in *Phaseolus vulgaris* L. Anthracnose disease reactions were rated visually using a severity scale from 1 to 9. Plants with disease reaction scores between 1 and 3 were considered resistant, whereas plants that rated 4-9 were considered susceptible. Twenty-five races were identified: 2, 3, 10, 11, 15, 27, 31, 63, 64, 73, 75, 79, 81, 82, 83, 90, 91, 93, 95, 259, 283, 287, 339, 346 and 351. This was the first report of races 82, 90, 259, 283, 287, 346 and 351 in Parana State; it is worth mentioning that this is the first report of race 3, 15 and 63 in Brazil, demonstrating the high genetic variability of the pathogen and evidencing the importance of monitoring in growing regions. Race 3 presented the highest frequency of occurrence (14.7%), followed by races 2, 64, 91, 95 and 351 (5.9%). Races 64 and 73 presented compatibility reactions only with cultivars of Mesoamerican origin. By other hand, races 3, 10, 27, 31, 75, 79, 81, 82, 91, 93, 259, 283, 287, 346 and 351 showed compatibility reactions with both Andean and Mesoamerican cultivars. All Andean cultivars presented reaction of compatibility with isolates. All isolates were incompatible with PI 207262, TU, AB 136 and G 2333 cultivars.

Keywords: Populational variability, pathogen, races monitor.

1. INTRODUÇÃO

O gênero *Phaseolus* é originário do Continente Americano e possui aproximadamente 75 espécies. Dentre essas espécies, são cultivadas *P. vulgaris* L., *P. lunatus* L., *P. coccineus* L., *P. acutifolius* A. Gray var. *latifolius* Freeman e *P. polyanthus* Greenman (Freitag e Debouck, 2002), distribuídas em regiões temperadas e tropicais do Novo Mundo, com mais de 90% das espécies ocorrendo no México (Mercado-Ruaro et al., 2009).

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris*, L.) é uma cultura de importância econômica, nutricional e social, principalmente, nos países em desenvolvimento da América Latina, leste e sul da África. Por este motivo, essa leguminosa tem sido cultivada e consumida em todo o mundo e em diferentes condições edafoclimáticas, sendo considerada fonte de carboidratos, proteínas, vitaminas e minerais (Broughton et al., 2003; Souza et al., 2014).

A cultura do feijão apresenta ampla adaptação edafoclimática, permitindo seu cultivo em diversos sistemas e diferentes épocas de semeadura e safras. Portanto, a espécie encontra-se sujeita às mais diversas condições ambientais, sendo cultivada praticamente em todos os estados brasileiros (Pereira et al., 2009; Salvador, 2012).

No Brasil, entre os estados produtores de feijão comum, o Paraná é o maior produtor nacional, contribuindo com 871,2 mil toneladas na safra 2013/2014 (Conab, 2014). Assim, a cultura destaca-se na agricultura paranaense, sendo considerada uma das principais em área plantada, representando papel importante para a economia do Estado, gerando emprego e renda no campo (Salvador, 2012).

O cultivo em solos de baixa fertilidade, a suscetibilidade à seca e às doenças são considerados fatores limitantes, impossibilitando que o feijão expresse todo seu potencial produtivo (Schwartz e Gálvez, 1980). Porém, devido à adaptabilidade da espécie em diferentes condições ambientais, é possível seu cultivo em várias épocas do ano e em praticamente todos os estados brasileiros, garantindo constante oferta do produto no mercado (Vieira et al., 1998).

A antracnose, causada pelo fungo *Colletotrichum lindemuthianum* (Sacc.) Scrib, é uma das doenças de maior importância para a cultura do feijão comum nas principais regiões produtoras do mundo, podendo causar perdas de até 100% na

produção, quando se utilizam cultivares suscetíveis, sementes contaminadas e quando as condições climáticas são favoráveis ao desenvolvimento do patógeno (Pastor-Corrales e TU, 1989; Carbonell et al., 1999; Bianchini et al., 2005; Mendéz-Vigo et al., 2005).

O fungo apresenta ampla variabilidade e muitas raças já foram identificadas no Brasil e no mundo. A doença, além de diminuir o rendimento da cultura, deprecia sua qualidade por ocasionar manchas no grão, tornando-o impróprio para o consumo (Alzate-Marin et al., 2003; Dalla Pria et al., 2003; Singh e Schwartz, 2010).

Vários autores relataram expressivo número de distintas raças já identificadas. Em levantamento bibliográfico com informações publicadas entre 1991 e 2013, realizado por Nunes et al. (2013), sobre a incidência do fungo *C. lindemuthianum* em *P. vulgaris* foram relatadas aproximadamente 247 raças identificadas em 28 países.

Entre as estratégias de manejo integrado de doenças, uma das medidas de controle *C. lindemuthianum* mais eficiente tem sido o emprego da resistência genética, uma vez que há redução dos custos de produção, além da diminuição de danos causados ao meio ambiente, diminuindo, ou até mesmo evitando, o uso de defensivos agrícolas (Mahuku e Riascos, 2004; Costa e Rava, 2009). No entanto, o uso de cultivares resistentes torna-se difícil pela ocorrência da elevada variabilidade de raças apresentada por este patógeno (Rava et al., 1994; Ishikawa et al., 2005).

No Brasil, já foram identificadas 73 raças de *C. lindemuthianum*, sendo o estado do Paraná o que se destaca por apresentar a maior variabilidade, com 44 raças do patógeno, correspondendo a 60,3% das raças brasileiras. A ampla distribuição da cultura neste estado, aliada às condições climáticas favoráveis, permite que o patógeno tenha seu hospedeiro disponível em larga escala e em todas as épocas de cultivo (safra das águas, seca e inverno), o que pode favorecer sua disseminação nesta região (Nunes et al., 2013).

Diante do exposto, o presente estudo objetivou caracterizar isolados de *Colletotrichum lindemuthianum* coletados em cultivos de feijão comum, em municípios do estado do Paraná.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Aspectos gerais e econômicos da cultura do feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.)

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma espécie diploide com 22 cromossomos, pertencente à família Fabaceae, do gênero *Phaseolus*, subtribo Phaseoleae, subfamília Faboideae (Papilionoideae) (Freytag e Debouck, 2002). O tipo de reprodução da espécie ocorre por autogamia, facilitada pelo mecanismo de cleistogamia, e a taxa de fecundação cruzada pode chegar a 5%, apresentando hábito de crescimento tanto determinado como indeterminado (CIAT, 1990).

O *P. vulgaris* L. é estruturado em dois principais grupos de germoplasmas estabelecidos pelos centros de origens geograficamente diferentes: um centro de domesticação Mesoamericano e o outro centro Andino (Singh et al., 1991). A região da Mesoamérica engloba a parte Sul do Golfo do México e a metade do Norte da América Central, enquanto a região centro sul Andina compreende o norte do Peru até as províncias do noroeste da Argentina e um terceiro centro de origem e menor que seria na Colômbia ou América Central (Gepts e Bliss, 1986).

Os centros de origens foram determinados com auxílio da análise eletroforética, baseando-se nas características do tipo de faseolina (principal proteína de reserva de feijões selvagens e cultivados) e no tamanho das sementes (Gepts, 1998).

Os grãos pequenos (<20g 100 sementes⁻¹) e faseolina tipo 'S' são germoplasmas predominantes no centro de origem mesoamericano. Os grãos de sementes graúdas (>40g 100⁻¹ sementes) e faseolina do tipo 'T' (possivelmente também as do tipo 'A', 'C', e 'H') encontram-se no Sul dos Andes. O Norte dos Andes (Colômbia) é outro centro de origem, de menor importância, com feijões de sementes pequenas e faseolina do tipo 'B'. Os centros de origem correspondem aos centros de domesticação, visto que cultivares de feijão apresentam o mesmo tipo de faseolina, específica de cada centro de origem, e de seus ancestrais selvagens (Gepts et al., 1986).

A espécie constitui-se na mais importante do gênero *Phaseolus*, contribuindo com 95% da produção mundial, sendo cultivada em aproximadamente 100 países

(Acosta-Gallegos et al, 2007). Países como Índia, Mianmar, Brasil, China, Estados Unidos da América, República Unida da Tanzânia, Quênia, México e Uganda destacam-se entre os maiores produtores da cultura (FAO, 2015).

Esta leguminosa apresenta ampla adaptação edafoclimática, o que permite seu cultivo durante todo o ano, em quase todas as unidades da federação brasileira, nas diferentes épocas e safras (Buratto et al., 2007).

O cultivo do feijão comum é realizado em três safras, sendo a primeira denominada “safra das águas”, a segunda “safra da seca” e a terceira “safra de outono/inverno”. Na primeira safra, de acordo com o zoneamento climático, a semeadura da Região Centro Sul ocorre de agosto a dezembro e a colheita nos meses de novembro a fevereiro. Já na Região Norte e Nordeste, a semeadura ocorre em novembro e dezembro e a colheita em janeiro a março. A semeadura da segunda safra abrange todos os estados brasileiros, ocorre de dezembro a março, e a colheita está distribuída entre março a julho. O cultivo da terceira safra é realizado de abril até julho e a colheita estende-se de julho a outubro. Embora esses períodos possam apresentar variação de ano para ano, pode-se identificar que há colheita o ano todo e que existe sobreposição de épocas em algumas regiões (Ferreira et al., 2002; Salvador, 2012).

O feijão (*P. vulgaris* L.) é um dos mais importantes componentes da dieta alimentar, principalmente, nos países em desenvolvimento, por ser reconhecido como excelente fonte protéica, além de possuir expressivo conteúdo de carboidratos, vitaminas, minerais (Ca, Cu, Fe, Mg, Mn e Zn), fibras e compostos fenólicos com ação antioxidante que podem reduzir a incidência de doenças (Embrapa, 2005; Acosta-Gallegos et al., 2007).

O valor nutritivo da proteína do feijão comum é baixo quando utilizado sozinho, como única fonte protéica, mas essa deficiência é suprida quando combinado com outros cereais, como o arroz, por exemplo, formando uma mistura de proteínas mais nutritiva. Isso ocorre porque o feijão comum é pobre em aminoácidos sulfurados e rico em lisina; o arroz é pobre em lisina e relativamente rico em aminoácidos sulfurados, ou seja, um complementa o outro, no que se refere aos aminoácidos essenciais (Embrapa, 2005; Mesquita et al., 2007).

O feijão comum é a principal fonte de proteína na alimentação dos brasileiros, seguido, em importância, pela carne bovina e pelo arroz. Esses três alimentos básicos contribuem com 70% da ingestão protéica, além de ser uma

cultura de grande expressão socioeconômica no Brasil. A importância alimentar do feijão comum se deve, especialmente, ao menor custo em relação à proteína de origem animal (Mesquita et al., 2007).

O mercado mundial de feijão comum movimenta, por ano, aproximadamente, 20 milhões de toneladas da leguminosa. Segundo informações da FAO (2013), as Américas respondem por 38,5% do consumo mundial, seguidas pela Ásia (37,8%), África (17,9%), Europa (3,3%) e Oceania (0,1%). Os países em subdesenvolvimento são responsáveis por 87,1% do consumo mundial e por 89,8% da produção. Entre os continentes, em 2009, a Ásia foi o maior produtor mundial (41,7%), seguido das Américas (36,0%), África (20,0%), Europa (2,1%) e Oceania (0,2%) (Barbosa e Gonzaga, 2012). A produção nacional do feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é de 2,89 milhões de toneladas por safra, destacando-se como o terceiro maior produtor mundial dessa cultura, logo após Myanmar e Índia (FAO, 2015).

O Brasil é o exemplo mais extremo, onde menos de 0,1% da produção do feijão comum produzido é exportado. A importância do feijão para dieta no mundo em desenvolvimento se reflete no fato de que, para os países em desenvolvimento, apenas 13% da produção é exportada, contrastando com os países desenvolvidos, que exportam 31% da sua produção. Do ponto de vista econômico, as exportações de feijão pelos países desenvolvidos geram aproximadamente o dobro de renda que para os países em desenvolvimento (Gepts et al., 2008).

Aproximadamente 41% da produção do feijão comum primeira safra é cultivada na região Sul, com destaque para o estado do Paraná, com 34,6%. Na região Sudeste, destacam-se Minas Gerais e São Paulo (15,1%); na região Centro-Oeste; o destaque é para Goiás (8,9%); e na região Nordeste, os estados da Bahia e Piauí (Conab, 2013).

O Brasil, mesmo se destacando entre os principais produtores mundiais, sua produtividade ainda é considerada baixa, uma vez que a sua produção não é suficiente para atender à demanda interna (Conab, 2013). Todos os países produtores também são grandes consumidores, devido à diversificação de hábitos alimentares entre regiões de um mesmo país, no que se refere à preferência do grão por tipos, variedades e classes. Sendo assim uma pequena parte é oriunda de importações da Argentina, Bolívia e China (Conab, 2014). Essa baixa produtividade é atribuída também a vários fatores, como a incidência de doenças, a ocorrência de

pragas, as deficiências nutricionais e períodos de estiagens (Schwartz e Pastor-Corrales, 1989; Miklas et al., 2006; Barbosa e Gonzaga, 2012; Conab, 2013). Dentre esses fatores, a ocorrência de enfermidades destaca-se entre os mais importantes, sendo a antracnose, cujo agente causal é o fungo *Colletotrichum lindemuthianum* (Sacc.) Scrib, uma das doenças de maior importância desta cultura.

2.2. Antracnose do feijão comum

A taxonomia do *Colletotrichum* está em estado constante de mudança e permanece confusa, devido a sua ampla gama de hospedeiros suscetíveis e heterogeneidade fenotípica e genotípica (Freemam et al., 1998). No início, houve confusão entre a semelhança dos gêneros *Colletotrichum* e *Vermicularia*, cuja característica principal era a presença ou ausência de seta no acérvulo. Por outro lado, já havia sido descrito o gênero *Gloeosporium* Desm. & Mont., muito semelhante ao *Colletotrichum*, mas não produzia setas no acérvulo. Portanto, por não ser uma característica estável, variando de acordo com as condições do ambiente físico e nutricional, deixou de ser um critério de valor taxonômico para separação dos gêneros *Colletotrichum* e *Gloeosporium* (Menezes, 2006).

Von Arx (1957), sobre a taxonômica de *Colletotrichum*, concluiu que muitas espécies fúngicas incluídas nos gêneros *Colletotrichum*, *Vermicularia* e *Gloeosporium* pertenciam a um mesmo gênero, conservando o nome *Colletotrichum* e excluindo os outros dois. Atualmente, o *Colletotrichum* pertence ao Reino Fungi; Filo Ascomycota; Classe Sordariomycetes; Ordem Phyllachoraceae e a forma sexual teleomorfa é denominada *Glomerella* (Than et al., 2008).

O primeiro relato sobre a antracnose em *P. vulgaris* foi registrado na França no ano de 1843. O agente causal foi descrito com vários nomes, como: *Gloeosporium lindemuthianum* (Saccardo e Magnus em 1878), *Septoria leguminum* (1882), *Septoria leguminum* var *phaseolorum*, *C. lindemuthianum* (1889), *C. lagenarium* (1893), *Gloeosporium lindemuthianum* (1894) e *Glomerella lindemuthiana* 1993) (Martinez-Pacheco et al., 2009). Atualmente, o agente causal da antracnose do feijão comum foi claramente identificado como um fungo que apresenta as formas imperfeitas e perfeitas, denominada *Colletotrichum lindemuthianum* e *Glomerella cyngulata* f. *phaseoli* sp, respectivamente.

O gênero *Colletotrichum* pertence ao filo Ascomycota, que contém muitas espécies que causam antracnose em uma ampla gama de culturas e plantas ornamentais (Bailey e Jeger, 1992). A maioria das culturas de interesse agrônômico cultivadas em todo o mundo são hospedeiros suscetíveis à antracnose, como feijão comum, soja, manga, abacate, café, mamão, banana, citros, etc. e os danos no rendimento são significativos, principalmente nos trópicos (Freemam et al., 1998; Costa et al., 2006; Than et al., 2008; O'Connell et al., 2012). O gênero *Colletotrichum* foi classificado recentemente como o oitavo mais importante grupo de fungos patogênicos de plantas no mundo, de acordo com a percepção científica e importância econômica (Dean et al., 2012).

Embora *P. vulgaris* seja suscetível ao *C. lindemuthianum*, este também é patogênico a outras espécies de leguminosas, como *P. lunatus*, *P. acutifolius*, *P. coccineus*, *Vigna unguiculata* e *Vicia faba* (Dufresne et al., 2000; Kimati et al., 2005).

O feijão comum é hospedeiro de inúmeras doenças de origem bacteriana, fúngica e virótica e podem causar perdas de até 100%, tanto no rendimento quanto na qualidade do grão do *Phaseolus vulgaris* L. (Singh e Schwarts, 2010). Dentre as doenças mais severas que prejudicam a cultura está à antracnose, causada pelo fungo *Colletotrichum lindemuthianum*. É uma das mais importantes devido ao fato de ocorrer nas diversas épocas de plantio, sendo o principal meio de transmissão as sementes infectadas e, principalmente, porque reduz muito a produção (Zambolim e Chaves, 1978; Pastor-Corrales, 1985; Singh e Schwartz, 2010).

O *C. lindemuthianum* é um patógeno de caráter cosmopolita, de ampla distribuição geográfica (Pastor-Corrales e Tu, 1989; Singh e Schwarts, 2010), afeta cultivares suscetíveis de feijão comum em locais com temperaturas baixa a moderada e alta umidade relativa, nas regiões de clima temperado e subtropical (Pastor-Corrales et al., 1995; Kimati et al., 2005). Temperaturas acima de 25° ou inferiores a 18°C limitam a infecção e o desenvolvimento do fungo (Zaumeyer e Thomas, 1957).

O agente etiológico da antracnose do feijão comum, *Colletotrichum lindemuthianum* (Sacc & Magnus) Briosi & Cav. foi descrito inicialmente por Saccaros & Magnus como *Gloesporium lindemuthianum*, ao estudarem um material coletado por Lindemuth, em Bonn, na Alemanha (Bailey e Jeger, 1992). Posteriormente, Scribner verificou a presença de setas e transferiu-o para o gênero *Colletotrichum*.

O fungo *Colletotrichum lindemuthianum* pertence à classe dos *Deuteromycetes* e à ordem *Melanconiales* (Rava et al., 1994) e apresenta duas fases reprodutivas, uma assexuada ou imperfeita e outra sexuada ou perfeita. Esta última somente foi encontrada sob condições de laboratório (Roca, 1997). Apresenta micélio apocítico e ramificado e se reproduz de forma assexual, num corpo de frutificação chamado acérvulo, onde produz os conídios que formam uma massa de cor salmão ou mel. São hialinos, unicelulares, oblongos ou cilíndricos, apresentando as extremidades arredondadas (Sutton, 1992). Por ocasião da germinação, um conídio pode emitir um ou mais tubos germinativos ou continuar crescendo, proporcionando a formação de hifas e micélio (Roca, 2002).

O ciclo de vida de espécies de *Colletotrichum* é hemibiotrófico e apresenta duas fases de infecção: uma biotrófica e outra necrotrófica. A primeira dura de três a cinco dias, com início seis dias após a germinação dos esporos. O fungo diferencia vesículas de infecção e hifas primárias e provavelmente utiliza os nutrientes, fluidos apoplásticos, para se alimentar. A transição para a segunda fase necrotrófica ocorre seis dias após a inoculação, quando o fungo não encontra mais os nutrientes necessários, e, então, passa pelo crescimento necrotrófico, tornando os nutrientes disponíveis para continuar seu desenvolvimento (Perfect et al., 1999; Tavenier et al., 2007; Münch et al., 2008; Martínez-Pacheco et al., 2009).

Na fase necrotrófica, o fungo desenvolve hifas secundárias que crescem dentro das células e têm como função secretar enzimas que degradam a parede celular, conforme vão avançando, e cerca de 120 horas após a infecção é possível visualizar a formação de lesões características dos sintomas da doença (Dufresne et al., 2000; O'Connell et al., 1985; Perfect et al., 1999).

O tempo de germinação dos conídios, quando em condições favoráveis, ocorre com temperaturas entre 13 e 27°C, sendo considerada ótima a 21°C e umidade relativa acima de 91%, é de seis a nove horas após o contato inicial com o hospedeiro. Eles formam o tubo germinativo, em seguida o apressório e, então, de forma mecânica, penetram pela cutícula e epiderme do mesmo. A maturação do apressório envolve a biossíntese de uma camada de melanina ao seu redor, essencial para o processo de penetração (Latunde-Dada, 2001). Os sintomas podem ser observados a partir do sexto dia após o início da infecção (Kimati et al., 2005).

O ciclo começa com a adesão de um conídio na superfície da folha, seguido pela formação de apressório melanizados, que permitem a entrada na célula

hospedeira. Depois de ter entrado na célula, o fungo forma vesículas de infecção e uma ampla hifa primária. Durante esta fase, o fungo se comporta como patógeno biotrófico. Dois dias após a penetração, são formadas as hifas secundárias, que levam à desintegração necrótica das células hospedeiras, seguido pela formação de acérvulo e da produção de conídios, espalhados pela chuva e o vento, continuando o ciclo (Quintana-Rodriguez et al., 2015).

Na fase sexuada, o fungo *C. lindemuthianum* é conhecido como *Glomerella cingulata* (Stonem Spaulde & V. Schrenk) f.sp. *phaseol*). Este fungo é patogênico a outras espécies de leguminosas como *P. lunatos*, *P. acutifolius*, *P. coccineus*, *Vigna unguiculata* e *Vicia faba* (Kimati et al., 2005).

O fungo em sua fase necrotrófica sobrevive entre as estações de cultivo de feijão na forma de micélio dormente no interior das sementes, ou na forma de esporos em restos culturais, pertence à classe dos Ascomicetos e à ordem Diaportales. Os esporos sexuais ou ascósporos são resultantes dos processos de plasmogamia (fusão celular), seguido de cariogamia (fusão nuclear) e divisão meiótica, os quais são produzidos dentro de uma estrutura em forma de saco, conhecida como asco. Os ascos localizam-se nos corpos de frutificação denominados peritécios, os quais possuem formato aproximadamente arredondado (Kimati et al., 1997).

O patógeno causador da antracnose do feijão comum, *C. lindemuthianum*, é uma das espécies mais estudadas do gênero, devido à sua importância econômica, com capacidade de infecção complexa (O'Connell et al., 1985), devido à facilidade com que podem ser cultivados *in vitro* (Mathur et al., 1950) e a disponibilidade de um sistema de transformação eficiente e reprodutível (Rodriguez e Redman, 1992). Portanto, durante o processo inicial de colonização intracelular pelo fungo, seja na fase biotrófica ou não, a planta hospedeira parece não reconhecer como um agente patogênico e, por isso, não apresenta resposta específica de resistência (O'Connell et al., 1985; O'Connell, 1987).

Os sintomas da doença causados pela antracnose podem ser visualizados em toda parte aérea da planta, porém os sintomas típicos são lesões necróticas de coloração marrom escura presentes na face inferior da folha e, às vezes, podem ser vistas na face superior (Figura 1). Uma região clorótica desenvolve-se próxima das manchas necróticas e as folhas tendem a curvar-se para baixo. Quando em ataques

severos, essas lesões se alongam pelo limbo foliar ao redor das áreas afetadas nas nervuras, tornando necrótica parte do tecido foliar (Kimati et al., 2005).

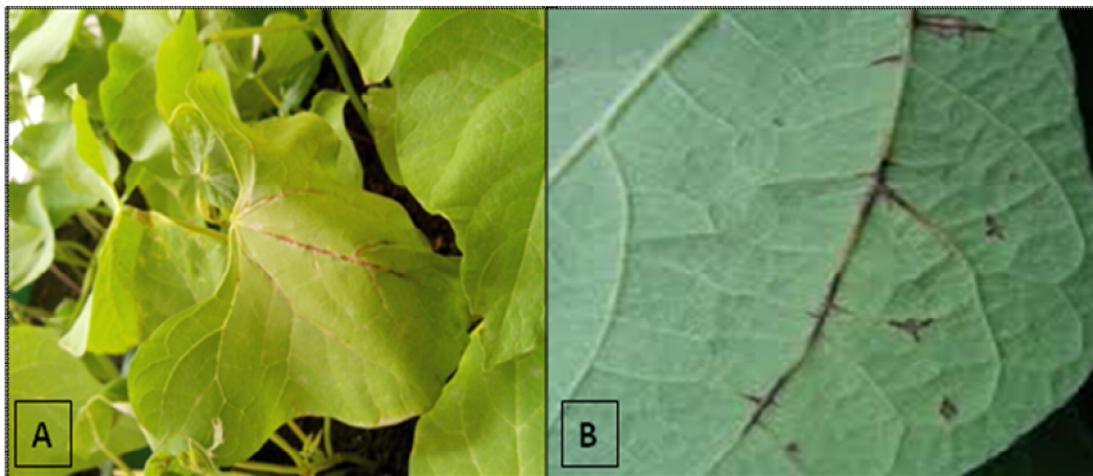


Figura 1 - Sintomas da antracnose na face adaxial (A) e abaxial (B) na folha do feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.).
Fonte Nupagri (2014).

Nas plântulas, as lesões são pequenas, de coloração marrom ou preta e podem ser observadas nos cotilédones (Kimati et al., 2005; Paula Júnior e Zambolim, 2006). No hipocótilo pode apresentar lesões alongadas, superficiais ou deprimidas, podendo até ocorrer o estrangulamento do mesmo e morte da plântula, conforme a agressividade do patógeno.

No caule e pecíolos as lesões são alongadas (Figura 2), escuras e, às vezes, deprimidas. Nas vagens, geralmente, apresentam-se como lesões circulares e deprimidas, de coloração marrom, com as bordas escuras e salientes, circundadas por um anel pardo-avermelhado e podem também apresentar o centro com coloração mais clara ou rosada, em virtude da esporulação do fungo (Figura 3). As lesões podem evoluir e cobrir parte das vagens (Kimati et al., 2005). As sementes infectadas, geralmente, apresentam-se descoloridas e podem também conter lesões levemente deprimidas e de coloração marrom.

Nas sementes de feijão comum, os sintomas se apresentam por manchas empardecidas e deprimidas e, quando as sementes possuem o tegumento claro, os sintomas são notados com mais facilidade (Kimati et al., 2005; Rey et al., 2009).

Em cultivares resistentes ao *C. lindemuthianum*, pode ocorrer uma hipersensibilidade. A planta passa a produzir lesões de diferentes tamanhos, com

coloração vermelho-acastanhado para delimitar a propagação do fungo patogênico e eliminá-lo (Elliston et al.,1976).



Figura 2 - Sintomas da antracnose no hipocótilo das plântulas do feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.).
Fonte: Nupagri (2014).

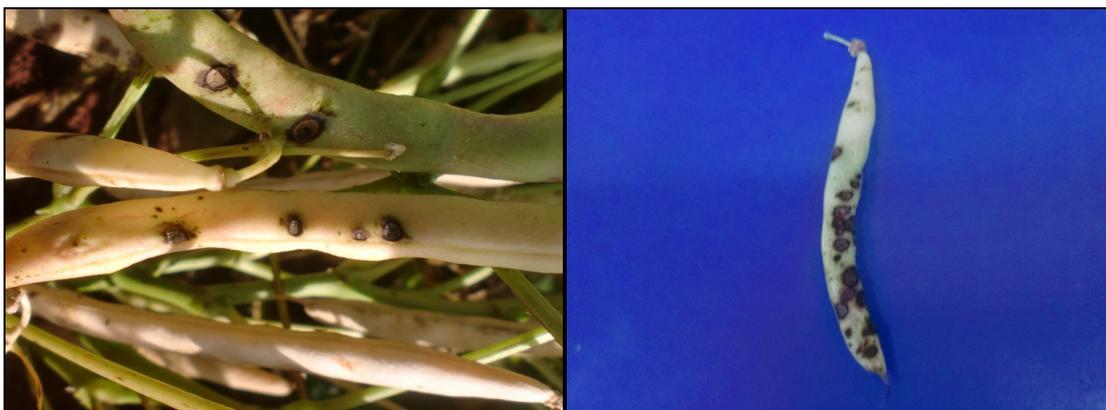


Figura 3 - Sintomas da antracnose na vagem do feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.).
Fonte: Nupagri (2014).

A sobrevivência de *C. lindemuthianum* entre as estações de cultivo do feijão ocorre na forma de micélio dormente em sementes infectadas, nos cotilédones sob a forma de esporos, ou em restos culturais, como micélio ou acérvulos. As sementes contaminadas de cultivares suscetíveis são fontes primárias de inóculo na disseminação da antracnose e chuvas moderadas, acompanhadas por ventos, são fatores que contribuem para a disseminação do patógeno em longa distância e nas gerações seguintes (Vieira, 1983). Na disseminação, à curta distância, destaca-se o

salpico de chuvas sobre os resíduos de colheita junto com o vento que podem levar os esporos do fungo, insetos e animais. O homem é um eficiente meio de transporte das sementes e restos culturais entre lavouras, principalmente quando opera máquinas agrícolas (Zaumeyer e Thomas, 1957; Kimati et al., 1997; Rey et al., 2009).

A utilização de sementes em boas condições sanitárias evita a disseminação do patógeno para outras áreas, dificulta a transmissão de doenças para plantas, além de contribuir para uma maior densidade populacional inicial da lavoura (Sartori et al., 2004). Segundo Canteri et al. (1999), são indicadas para o controle da antracnose a utilização de sementes sadias, livres do patógeno, aplicação de fungicidas, rotação de culturas e o uso de variedades resistentes.

A antracnose tem ampla distribuição. Sua ocorrência já foi relatada em diversos países do mundo, tais como o México (Crispín-Medina e Campos-Ávila, 1976), Costa Rica, Guatemala, Colômbia, Venezuela (Echandi, 1976) Nicarágua (Rava et al., 1993) e outros. No Brasil, ocorre na maioria dos estados produtores de feijão, sobretudo no Paraná (Menezes et al., 1982), Minas Gerais (Del Peloso, 1992), Rio Grande do Sul (Balardin, 1997), Goiás (Damasceno et al., 2007), Santa Catarina, São Paulo, Bahia, Pernambuco, Espírito Santo, Alagoas, Sergipe e Paraíba. Essa ampla abrangência deve-se ao uso de cultivares suscetíveis em regiões com temperaturas amenas, variando de 13 a 26°C e alta umidade (Dalla Pria e Silva, 2010)

2.3. Variabilidade patogênica e denominação de raças de *Colletotrichum lindemuthianum*

O fungo *C. lindemuthianum* possui ampla diversidade de virulência, o que justifica o elevado número de raças fisiológicas existentes e a complexidade no emprego da resistência genética (Rava et al., 1994).

Essa variabilidade é fundamentada na teoria do gene-a-gene, que demonstra a presença de um gene específico de resistência na planta, que é o gene R, e um gene de avirulência correspondente no patógeno (Flor, 1955). Desde o início do século passado, a variação patogênica tem sido relatada entre isolados de *C. lindemuthianum* de diferentes partes do mundo (Menezes e Dianese, 1988; Pastor-Corrales et al., 1995).

Devido à ampla variabilidade do fungo, torna-se essencial o monitoramento constante deste patógeno, para que sejam descobertas novas fontes de resistência ao patógeno e, conseqüentemente, o desenvolvimento de novas cultivares resistentes de feijão comum, visando a controlar a doença (Rava et al., 1994). Pastor-Corrales et al. (1994) mencionam que tal diversidade é função da coevolução patógeno x hospedeiro.

Os primeiros relatos a respeito da variabilidade de *C. lindemuthianum* foram conduzidos por Barrus (1911), ao observar que cultivares de feijão se comportaram de formas diferentes quando foram inoculadas com isolados de diferentes procedências, com base nos resultados apresentados pelas cultivares diferenciadoras americanas: Michelite, Perry Marrow e Dark Red Kidney, revelando a existência de duas raças distintas do patógeno: Alfa e Beta. Posteriormente, tornaram possível a identificação de outras raças. Em 1923, Burkholder identificou uma terceira raça, a qual foi denominada raça Gama, ao passo que Andrus e Wade (1942) relataram a ocorrência de uma quarta raça descoberta na Carolina do Norte, a raça Delta. Blondet (1963) identificou a raça épsilon, Kruger et al. (1977) a raça kappa e Fouilloux (1975) a raça alpha-Brasil.

Relatos de Yerkes Jr. e Ortiz (1956), no México, evidenciaram a ocorrência de dez raças denominadas de MA – 1 a MA – 10. Estas foram divididas em três grupos de reação, denominados grupos Mexicanos I, II e III, com base no caráter patogenicidade, por meio da reação das três cultivares diferenciadoras americanas e cinco mexicanas (Negro 150, Negro 152, Amarillo 155, Bayo 164 e Canário 101), sendo que as seis primeiras raças (MA-1 a MA-6) foram classificadas como pertencentes ao Grupo Mexicano I, MA-7 ao Grupo Mexicano II e MA-8 a MA-10 ao Grupo Mexicano III. Posteriormente, Yerkes Jr. (1958) identificou as raças MA – 11, MA – 12 e MA – 13, pertencentes ao grupo Alfa.

No Brasil, os primeiros estudos para identificação de raças em *C. lindemuthianum* foi realizado por Kimati (1966), a partir de isolados provenientes do estado de São Paulo, identificando-se as raças pertencentes aos grupos Alfa, Mexicano II e Delta. Oliveira et al. (1973) identificaram as raças Brasileiro I, Mexicano I, Alfa (70% de frequência) e Beta, encontradas em isolados do Rio Grande do Sul e de Santa Catarina; a raça Gama em isolados de Santa Catarina. Oliari et al. (1973) identificaram em Minas Gerais o Grupo Brasileiro II.

Paradela Filho e Pompeu (1975) registraram a ocorrência dos grupos Brasileiro I e Alfa em diferentes regiões do estado de São Paulo. Em 1977, duas raças que ainda não tinham sido encontradas na natureza foram identificadas em Ebnet na Alemanha e foram posteriormente denominadas de Capa (Kruger et al., 1977) e Iota (Hubbeling, 1977). Na França, foi identificada por Fouilloux (1976) a primeira raça com a capacidade de “quebrar” a resistência presente na cultivar Cornell 49-242, devido ao gene *ARE*, sendo essa raça denominada de Alfa-Brasil.

Menezes et al. (1982), no estado do Paraná, identificaram as raças Alfa, Delta, Epsilon, Capa e Lambda e um isolado que quebrou a resistência da variedade TO, posteriormente denominado como raça Zeta (Menezes, 1985). Menezes e Dianese (1988) fizeram menção à ocorrência das raças Alfa, Epsilon e Eta, pertencentes ao grupo Alfa, além de Delta, Mu, Teta, Lambda e Capa, pertencentes ao grupo Delta.

Paradela Filho et al. (1991) relataram que a identificação de novos grupos de raças de *C. lindemuthianum* com base na reação de apenas três cultivares diferenciadoras não era mais viável. Era recomendado ampliar o número de cultivares diferenciadoras para a classificação de tantas raças que surgiam em tais estudos (Pastor-Corrales, 1991; Kelly et al., 1994; Pastor-Corrales et al., 1995; González et al., 1998; Mesquita et al., 1998; Balardin e Kelly, 1998; Thomazella et al., 2000).

A adoção de um sistema de identificação de raças com base na definição de uma série de cultivares diferenciadoras internacionais começou com o objetivo de padronizar a nomenclatura. Esse padrão de cultivares diferenciadoras e nomenclatura foi proposto por Pastor-Corrales (1991) que, trabalhando com antracnose na cultura do feijoeiro comum, propôs o sistema binário de Habgood (1970) para nomenclatura das raças fisiológicas do patógeno, com base em cultivares diferenciadoras internacionalmente aceitas em uma ordem pré-estabelecida. O grupo de diferenciadores consta de nove cultivares de origem Mesoamericana e três cultivares de origem Andina, com diferentes tipos de cor de grão (Rodríguez-Guerra et al., 2006).

Cada cultivar da série diferenciadora recebe valores (2^{n-1}). O valor 2 representa o número de classes de reações consideradas (resistente ou suscetível) e n é função da ordem das diferenciadoras (com valor de 0 a 11). A identificação da

raça é denominada pela somatória dos valores determinados de cada cultivar suscetível.

Cada uma das cultivares do conjunto das diferenciadoras possui pelo menos um gene de resistência à antracnose. A cultivar Michelite possui o gene *Co-11*, a cultivar Michigan Dark Red Kidney o gene *Co-1*, a cultivar Perry Marrow o gene *Co-1*³, Cornell 49-242 possui o gene *Co-2*, a cultivar Kaboon o gene *Co-1*², a cultivar México 222 o *Co-3*, a cultivar PI 207262 o gene *Co-4*³ e o gene *Co-3*³, a cultivar TO possui o gene *Co-4*, a cultivar TU o gene *Co-5* e a cultivar diferenciadora AB 136 os genes *Co-6* e *co-8*. Já a cultivar G 2333 possui os genes *Co-4*², *Co-5* e *Co-3*⁵ (Quadro 1).

Quadro 1 - Conjunto das cultivares diferenciadoras utilizadas na caracterização de raças do *C. lindemuthianum* em feijão comum, valores binários, conjuntos gênicos e genes de resistência identificados, respectivamente (Habgood, 1970)

Cultivares diferenciadoras	Valor binário (2 ⁿ⁻¹)	Conjunto gênico	Gene de resistência
Michelite	1	MA	<i>Co-11</i>
Michigan Dark Red Kidney	2	A	<i>Co-1</i>
Perry Marrow;	4	A	<i>Co-1</i> ³
Cornell 49-242	8	MA	<i>Co-2</i>
Widusa	16	A	<i>Co-1</i> ⁵
Kaboon	32	A	<i>Co-1</i> ²
México	64	MA	<i>Co-3</i>
PI 207-262	128	MA	<i>Co-4</i> ³ , <i>Co-3</i> ³
TO	256	MA	<i>Co-4</i>
TU	512	MA	<i>Co-5</i>
AB 136	1024	MA	<i>Co-6</i> , <i>Co-8</i>
G2333	2048	MA	<i>Co-4</i> ² , <i>Co-5</i> , <i>Co-3</i> ⁵

Conjunto gênico: MA – Mesoamericano; A: Andino.

O sistema de identificação de raças facilitou a troca de informações, além da identificação de fontes de resistência de cultivares de diferentes regiões e da dinâmica populacional do patógeno e, conseqüentemente, o intercâmbio de material

genético CIAT (1990). Porém, o conjunto de diferenciadoras ainda não é o ideal, uma vez que algumas cultivares possuem os mesmos alelos de resistência (Davide, 2006). Portanto, dificilmente as cultivares diferenciadoras representam todos os genes do hospedeiro, dificultando a exatidão na classificação das raças (Alzate-Marin et al., 2001). Por exemplo, as cultivares diferenciadoras MDRK (Michigan Dark Red Kidney), Perry Marrow, Widusa e Kaboon possuem o mesmo gene *Co-1*, com alelos diferentes. Já PI 207262, TO e G 2333 compartilham o mesmo *locus Co-4*, com diferentes séries alélicas. As cultivares diferenciadoras TU e G 2333 possuem gene para resistência à antracnose no mesmo *locus Co-5*.

Os isolados são caracterizados numa dada raça da seguinte maneira: utiliza-se as doze cultivares diferenciadoras e seus respectivos valores binários, dispostas na ordem pré-estabelecida de A a L. Num dado exemplo, foi considerado um isolado que resultou na caracterização da raça 351, valor esse que corresponde ao somatório dos valores binários referente às cultivares com as quais o isolado apresentou reação de compatibilidade ($1 + 2 + 4 + 8 + 16 + 64 + 256 = 351$).

A partir de tal metodologia, o sistema binário permitiu a padronização e comparação dos dados de diferentes grupos de pesquisa, bem como a troca de informações sobre fontes de resistência de cultivares para diferentes regiões e a dinâmica populacional do patógeno (Pastor-Corrales, 1991).

Estudos realizados por Pastor-Corrales et al. (1994), no período de 1976 a 1993, utilizando 380 isolados de *C. lindemuthianum*, provenientes de varias regiões geográficas do continente americano, constataram que somente a cultivar diferenciadora G2333 foi resistente a todos os isolados. Entre as raças caracterizadas, pode-se citar a raça 2047, identificada na Costa Rica, destacando a importância da utilização desta cultivar em programas de melhoramento, além de possuir outras qualidades, como grande adaptabilidade, elevada produção de sementes em muitos ambientes e tolerância a solos com baixa fertilidade.

Mahuku e Riascos (2004), ao realizarem um estudo sobre a virulência e diversidade molecular dentro de isolados de *Colletotrichum lindemuthianum* a partir de variedades Andinas e Mesoamericanas, com 200 isolados do CIAT de origens tanto Andina quanto Mesoamericana, representando diversas regiões onde a doença predomina, identificaram 90 raças do patógeno e foi verificado que todas as cultivares diferenciadoras, inclusive a G2333, já tiveram sua resistência superada por isolados de *C. lindemuthianum*.

Vários autores já relataram um grande número de raças distintas. Nunes et al. (2013) realizaram um levantamento baseado na literatura, no período de 1991 a 2013, sobre a incidência do fungo *C. lindemuthianum* em *P. vulgaris* L. encontraram aproximadamente 247 raças distintas citadas em 28 países (Quadro 2).

A análise da ocorrência de raças nos países (Quadro 2), isoladamente, demonstrou que o Brasil (73 raças – 29,6%) foi o país que apresentou maior variabilidade de raças, seguido do México (64 raças – 25,91%) e Índia (41 raças – 16,6%). Atualmente, esses países estão entre os principais produtores mundiais de feijão (FAO, 2013).

No Brasil, já foram identificadas 73 raças distintas de *C. lindemuthianum* (Quadro 2). As raças observadas com mais frequência no país são 65, 73, e 81 (Rava et al., 1994; Balardin et al., 1997; Sartorato, 2002; Talamini et al., 2006; Damasceno e Silva et al., 2007, Thomazella et al., 2002; Sansigolo et al., 2008; Nunes et al., 2013).

O estado do Paraná se destaca por apresentar a maior variabilidade dentre os estados produtores de feijão comum, com 44 raças do patógeno, correspondendo a 60,27% das raças brasileiras (Quadro 3) (Damasceno e Silva et al., 2005; Sansigolo et al., 2008; Bonett et al., 2008). A ampla distribuição da cultura neste estado, aliada às condições climáticas favoráveis, permitem que o patógeno tenha seu hospedeiro disponível em larga escala e em todas as épocas de cultivo (safra das águas, seca e inverno) o que pode favorecer sua adaptação nesta região e elevar o número de raças (Nunes et al., 2013).

Ferreira et al. (2008), no norte da Espanha, caracterizaram as raças 3, 6, 19, 38 e 102 a partir de 55 isolados da coleção de germoplasma, constatando que a raça mais frequente foi a 38, tendo sido avaliadas 246 variedades locais e outras 42 linhas derivadas de programas de melhoramento, em busca de linhagens resistentes. Porém, nenhuma foi resistente para as cinco raças.

Estudos sobre a variabilidade patogênica revelam que a mesma pode se manifestar por mecanismos diferentes (Menezes, 2006). Portanto, é necessário o estudo da variabilidade para compreender a dinâmica entre e dentro das populações do patógeno. Além disso, a determinação das raças predominantes nas principais regiões produtoras permite ampliar a durabilidade da resistência das cultivares de feijão (Rodríguez-Guerra et al., 2003).

Quadro 2 - Raças de *Colletotrichum lindemuthianum* e respectivos países onde foram identificadas

País	Raças de <i>C. lindemuthianum</i>
África do Sul	3, 6, 7, 49, 65, 80, 81, 83, 89, 263, 323, 390, 593
Argentina	0, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 36, 63, 64, 65, 81, 87, 129, 132, 133, 159, 258, 3481, 3993
Bolívia	23, 407, 535
Brasil	0, 1, 2, 5, 7, 8, 9, 10, 11, 17, 23, 24, 26, 27, 31, 52, 55, 64, 65, 66, 67, 69, 71, 72, 73, 75, 77, 79, 81, 83, 85, 86, 87, 89, 91, 93, 95, 96, 97, 101, 102, 103, 105, 109, 111, 114, 117, 119, 121, 123, 125, 127, 137, 193, 217, 249, 320, 321, 329, 337, 339, 343, 453, 475, 479, 513, 529, 535, 581, 585, 593, 1609, 2015
Bulgária	1, 2, 3, 6, 22, 23, 54, 79, 81, 130
Burundi	9, 69, 358, 401
Canadá	23, 55, 65, 73, 89, 1096, 1161
China	81
Colômbia	1, 3, 5, 7, 9, 11, 15, 129, 131, 133, 135, 137, 139, 358, 388, 513, 515, 517, 521, 525, 641, 643, 645, 647, 651, 653, 901, 1033, 1545
Costa Rica	0, 1, 7, 9, 38, 73, 89, 129, 133, 137, 393, 457, 521, 905, 989, 1025, 1033, 1049, 1153, 1161, 1433, 1435, 1481, 1489, 1497, 1545, 1561, 1609, 1929, 1945, 1985, 1993, 2001, 2009, 2047, 3481, 3545, 3977
Equador	0, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 9, 12, 13, 15, 46, 65, 128, 129, 133, 256, 260, 261, 1031, 1153, 1346
Eslovênia	23, 55, 103, 131
Espanha	3, 6, 7, 19, 38, 102, 787
Estados Unidos	3, 7, 23, 65, 73, 89, 102, 130, 1153, 1161
França	4, 6, 7, 87
Grécia	2, 6, 22
Guatemala	0, 8, 9, 520, 521, 648, 1024, 1025, 1097, 1544, 1545, 1549, 1572, 1645
Honduras	0, 1, 7, 9, 73, 129, 137, 201, 393, 521, 523, 1032, 1033, 1217, 1417, 1473, 1481, 1545, 1601, 1673, 1677, 1741, 1929, 1993
Índia	1, 3, 39, 65, 73, 83, 101, 103, 115, 119, 130, 131, 195, 391, 423, 465, 513, 515, 519, 521, 529, 537, 547, 551, 581, 585, 593, 598, 601, 613, 615, 631, 639, 643, 647, 707, 721, 775, 903, 931, 935

Quadro 2, cont.

Japão	81
Quênia	485
México	0, 2, 3, 5, 7, 8, 9, 64, 65, 69, 72, 73, 100, 128, 129, 192, 193, 209, 256, 257, 260, 264, 265, 292, 300, 320, 321, 324, 325, 328, 356, 357, 384, 385, 392, 393, 448, 449, 453, 457, 465, 467, 469, 485, 833, 1024, 1025, 1088, 1089, 1093, 1097, 1165, 1344, 1409, 1431, 1472, 1473, 1600, 1869, 3785, 3993, 3995, 4027, 4077
Nicarágua	7, 649, 713, 1545, 1608, 1609, 1737, 1865
Peru	0, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 23, 128, 129, 131, 132, 133, 136
Porto Rico	73
República Dominicana	2, 3, 9, 19, 38, 39, 47, 55, 290, 295
Tanzânia	0, 2, 12, 38, 192

Fonte: Nunes et al. (2013).

A variabilidade genética, além da observada pela análise da virulência, tem sido sugerida, mesmo quando o arranjo genético não esteja relacionado à região de virulência de cada raça (Balardin et al., 1997; Mesquita et al., 1998). Análise de virulência e uso de marcadores moleculares são metodologias que têm sido sugeridas para interpretação com maior exatidão da variabilidade patogênica em *C. lindemuthianum*.

Quadro 3 - Raças de *Colletotrichum lindemuthianum* identificadas no Brasil e sua distribuição entre os estados brasileiros

Estado	Raças	Referências
Bahia	23, 65, 71, 73, 81, 87, 101, 119, 585	Mesquita et al., (1998); Alzate-Marin e Sartorato (2004); Damasceno e Silva et al., (2005)
Distrito Federal	65, 69, 73, 81, 87, 101, 119	Alzate-Marin e Sartorato (2004); Damasceno e Silva et al. (2005)
Espírito Santo	64, 65, 67, 72, 73, 75, 79, 87, 585	Mesquita et al. (1998); Alzate-Marin e Sartorato (2004)
Goiás	8, 23, 55, 65, 69, 71, 73, 77, 81, 83, 87, 89, 97, 109, 117, 119, 125, 127, 475, 479, 593	Mesquita et al., (1998); Alzate-Marin e Sartorato (2004); Talamini et al., (2004); Damasceno e Silva et al., (2005); Wendland et al. (2011)

Quadro 3, cont.

Mato Grosso	1, 8, 9, 10, 24, 64, 65, 72, 73, 81, 114	Gonçalves-Vidigal et al. (2009); Felipin-Azevedo (2013); Nunes et al., (2013).
Mato Grosso do Sul	65, 73, 81, 89, 339, 343	Damasceno e Silva et al. (2005)
Minas Gerais	0, 1, 8, 55, 64, 65, 66, 69, 73, 77, 81, 83, 85, 87, 89, 96, 105, 109, 111, 119, 123, 125, 127, 193, 321, 337, 593	Abreu et al. (1993); Sartorato, (2002); Talamini et al. (2004); Alzate-Marin e Sartorato (2004); Damasceno e Silva et al. (2005)
Paraíba	65, 73	Mesquita et al. (1998); Alzate-Marin e Sartorato (2004)
Paraná	0, 1, 2, 7, 9, 10, 11, 17, 26, 27, 31, 52, 55, 64, 65, 67, 69, 72, 73, 77, 81, 83, 85, 87, 89, 91, 93, 95, 96, 97, 101, 102, 105, 109, 123, 127, 137, 193, 249, 320, 321, 337, 342, 453,	Rava et al. (1994); Mesquita et al. (1998); Carneiro (1999); Thomazella et al, (2002); Sartorato (2002); Alzate-Marin e Sartorato (2004); Damasceno e Silva et al. (2005); Sansigolo et al. (2008); Bonett et al. (2008); Nunes et al. (2011)
Pernambuco	7, 23, 81, 87, 119	Alzate-Marin e Sartorato (2004)
Rio de Janeiro	73	Alzate-Marin e Sartorato (2004)
Rio Grande do Sul	5, 17, 23, 31, 55, 64, 65, 67, 69, 73, 77, 81, 83, 87, 89, 97, 321, 453	Balardin (1997); Mesquita et al. (1998); Somavilla e Prestes (1999); Talamini et al. (2004); Damasceno e Silva et al. (2005); Alzate-Marin e Sartorato (2004)
Santa Catarina	7, 55, 65, 67, 73, 75, 77, 81, 83, 86, 87, 89, 95, 101, 103, 105, 109, 111, 121, 217, 249, 581	Balardin et al. (1990); Damasceno e Silva (2007); Alzate-Marin e Sartorato (2004); Gonçalves-Vidigal et al. (2008b)
São Paulo	23, 31, 65, 73, 81, 87, 89, 95, 127	Carbonell et al. (1999); Talamini et al. (2004); Damasceno e Silva (2007)
Sergipe	89	Alzate-Marin e Sartorato (2004)
Brasil*	329, 513, 529, 535	Ishikawa et al. (2005); Mahuku e Riascos (2004)

*Raças citadas na literatura como presentes no Brasil, porém sem definir o Estado.
Fonte: Nunes et al. (2013).

2.4. Mecanismos de variabilidade do *C. lindemuthianum*

As espécies de *Colletotrichum* apresentam alta variabilidade, a qual se manifesta pela morfologia da colônia, forma de conídios, presença e forma de setas, apressórios, pigmentação e patogenicidade. A variabilidade ocorre por diferentes mecanismos criados por meio da mutação, ou pelos processos que ampliam a variabilidade, como o ciclo sexual, parassexualidade e anastomose entre hifas (Menezes, 2006) e também um tipo de célula especializada, encontrada em

espécies de *Colletotrichum*, denominada de tubos de anastomoses entre conídios (Conidial Anastomosis Tubes - CATs) (Roca et al., 2005).

O tipo de reprodução da espécie é um mecanismo que amplia a diversidade genética da população. Pode ser sexual (*Glomerella cingulata* f. sp. *faseoli*) ou assexual (*Colletotrichum lindemuthianum*). Provavelmente, o ciclo sexual é acionado em algum estágio de desenvolvimento da população do agente patogênico, resultando na expansão da variabilidade genética. Em seguida, vários ciclos de reprodução assexuada ocorreriam, sendo tal fase responsável pela epidemiologia da infecção (Souza et al., 2010).

O ciclo sexual de fungos caracteriza-se, geralmente, pela existência de um mesmo citoplasma de núcleos haploides com constituições genéticas distintas (dicárions), que se fundem em estruturas apropriadas, produzindo um núcleo diplóide que, quase imediatamente, sofre meiose, restaurando o estado haplóide dos núcleos (Azevedo, 1998). Portanto, a reprodução sexual permite a probabilidade de ocorrência de novas combinações alélicas a cada ciclo de recombinação, conduzindo a elevado nível de diversidade do agente patogênico. Portanto, a ocorrência periódica de reprodução sexual pode explicar grande parte da variabilidade encontrada em populações de *C. lindemuthianum* (Souza et al., 2010).

A fase sexual tem sido observada por indução em condições de laboratório (Kimati e Galli, 1970), porém esta fase é raramente encontrada em campo ou há escassez de estudos sobre esta fase de infecção nas plantas (Camargo Júnior et al., 2007; Damasceno Silva et al., 2007). Ainda não é considerada a principal fonte de geração de variabilidade neste fungo, mas pode explicar parte da variabilidade existente, pois o patógeno *Glomerella cingulata* f. *phaseoli* sp (a fase sexual do fungo *Colletotrichum lindemuthianum*) tem sido identificado em isolados de campo do Brasil (Camargo Júnior et al., 2007).

As estruturas de formação de CATs entre conídios de *C. lindemuthianum* só foram observadas após o final da esporulação. Os CATs parecem ser um fenômeno muito comum em fungos, mas as informações sobre sua importância biológica eram escassas até poucos anos atrás (Roca et al., 2005). Conídios unidos por CATs foram encontrados germinando mais rápido do que conídios individuais (Roca et al., 2003).

Roca et al. (2005) mostraram que os CATs de *Colletotrichum lindemuthianum* eram responsáveis pela fusão entre conídios em corpos de fruto

assexuadas e que os núcleos e organelas eram movidos de um para outro através de conídios CAT fundidos, ou seja, ocorre durante o ciclo assexuado, dando a oportunidade para genótipos diferentes da espécie encontrar-se num complexo formado pelas anastomoses. Assim, segundo Ishikawa et al. (2012), a fusão de CATs é um mecanismo potencial de recombinação não meiótica nesta espécie, gerando variabilidade por meio da transferência horizontal de genes e que a formação de heterocários como consequência da fusão de CATs pode gerar isolados com fenótipos distintos, provavelmente devido à geração de novos genótipos.

Estudos realizados por Ishikawa et al. (2012), a fim de monitorar o destino de núcleos e células heterocarióticas, utilizando fluorescentes vermelhas e verdes, evidenciaram o comportamento nuclear durante a fusão de CATs. A incompatibilidade do heterocáριο foi observada entre as colônias de linhagens vegetativamente incompatíveis, resultando em morte celular. No entanto, a fusão de CATs entre conídios uninucleados destes isolados incompatíveis não causou a reação de incompatibilidade. Os núcleos vermelhos e verdes da combinação destes isolados mostraram migrar de um conídio para outro, formando o heterocáριο e, posteriormente, ocorreu a mitose. A formação de núcleos amarelos resultantes desta combinação, após a fusão, foi observada em 27% dos heterocários formados. Portanto, os resultados obtidos demonstram que a resposta de incompatibilidade vegetativa é suprimida durante a iniciação de colônias em *C. lindemuthianum*. Assim, a fusão CAT pode permitir que fungos assexuados ampliem sua diversidade genética e adquiram novas características patogênicas.

O ciclo parassexual é outro mecanismo que permite a troca de material genético em *C. lindemuthianum* (Roca et al., 2003; Castro-Prado et al., 2007). Este ciclo tem seu início com a formação de pontes de anastomose entre hifas, as quais promovem conexões citoplasmáticas, favorecendo as trocas genéticas entre fungos filamentosos e permitem a formação de heterocários (Saupe, 2000). Dentre as trocas genéticas desse ciclo, pode ocorrer a fusão de dois núcleos haploides diferentes em um heterocáριο e a permuta mitótica ocorre durante a multiplicação do núcleo diploide e haploidização (Pontecorvo, 1956). Esse mecanismo possibilita a ocorrência de recombinação gênica e diploidização, sem passar pelas etapas de reprodução sexual, sendo importante para fungos assexuais (Roca, 1997).

Heterocário é a presença de núcleos distintos no mesmo citoplasma e é conseguida em fungos filamentosos, por meio das anastomoses entre hifas (Glass et al., 2000).

A formação de anastomoses entre hifas de isolados de raças diferentes *C. lindemuthianum* é um importante mecanismo para gerar variabilidade em fungos de reprodução assexuada (Freire et al., 2005).

Segundo Azevedo (1998), para o início do processo parassexual, é necessária a heterocariose, um importante componente do ciclo de vida dos fungos anamórficos e que serve para a transmissão de fatores de hipovirulência, tais como RNAs de fita dupla, diferindo assim os componentes de virulência ou variedade de hospedeiros (Leslie, 1993). Embora sejam óbvios os benefícios da formação do heterocário, existem mecanismos genéticos que restringem a sua formação entre indivíduos geneticamente diferentes (Glass et al., 2000).

Em fungos filamentosos, existem dois tipos de reconhecimento, o sexual, controlado por locos *mat* ("mating types"), e o reconhecimento vegetativo, controlado pelo loco específico *het*. A viabilidade desses heterocariontes é geneticamente controlado por locos *het* denominado específico (por incompatibilidade do heterocário) ou *vic* (por incompatibilidade vegetativa). Quando dois indivíduos diferentes se encontram, ocorre espontaneamente a fusão celular ou anastomose. Se os dois indivíduos tiverem o mesmo genótipo *het*, ocorre a heterocariose e se os dois diferirem em genótipo *het*, as células heterocarióticas são rapidamente destruídas ou têm o seu crescimento severamente inibido (Figura 4). Isso significa que devido ao fato das células heterocarióticas serem formadas pela fusão de isolados que não estão no mesmo grupo de compatibilidade vegetativa, essas células crescem a uma taxa muito reduzida ou sofrem apoptose (Saupe, 2000).

Ainda de acordo com Saupe (2000), a função dos genes *het* é preservar a individualidade genética e funciona como uma importante ferramenta para a análise de populações em fungos. Glass et al. (2000) supõem que a seleção atuaria sobre os locos *het* para manutenção do polimorfismo em populações de fungos.

A compatibilidade vegetativa refere-se à capacidade de uma hifa vegetativa formar anastomose ou heterocário estável, sendo utilizada na análise da diversidade genética e na estrutura de populações naturais (Varzea et al., 2002). Acredita-se que a incompatibilidade vegetativa funcione como um sistema de reconhecimento de genótipos diferentes para limitar a passagem de elementos infecciosos, prevenir a exploração por núcleos mal adaptados e também prevenir que recursos sejam

retirados durante a reprodução sexual, sendo, portanto, um mecanismo de autodefesa em fungos filamentosos (Glass et al., 2000).

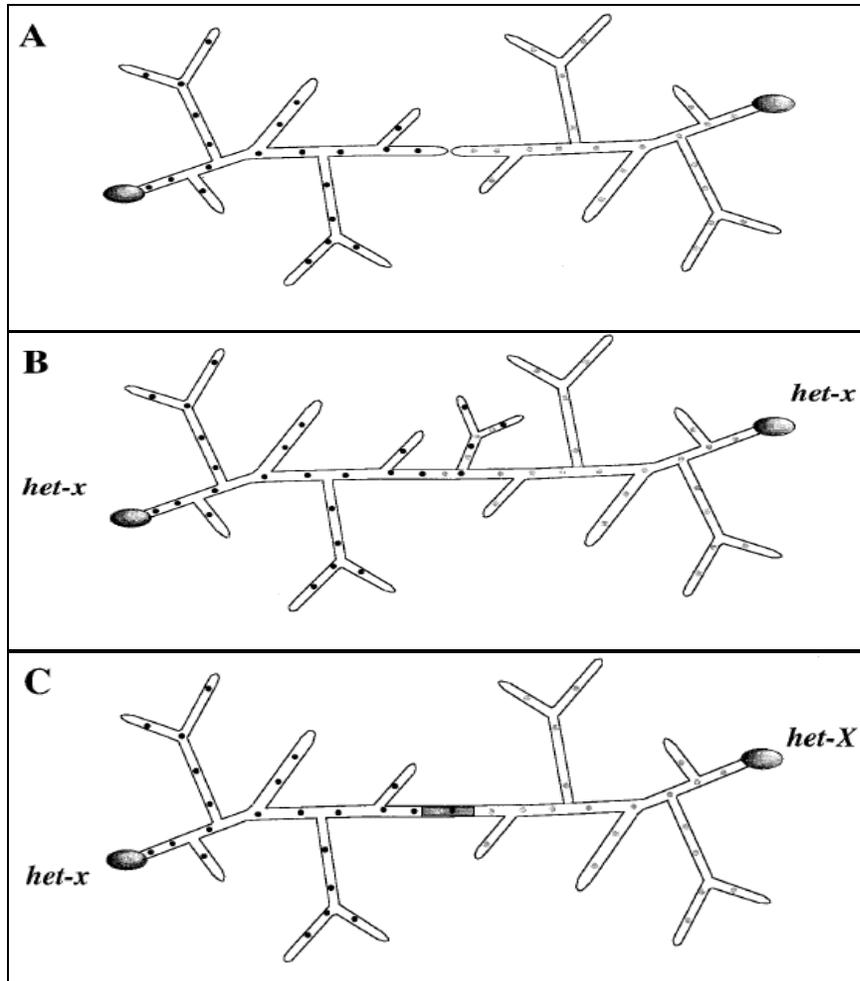


Figura 4 - Representação esquemática do heterocário incompatibilidade. (A) Quando dois indivíduos fúngicos diferentes se encontram, eles passam espontaneamente um evento de fusão celular ou anastomose. (B) Se os dois indivíduos têm o mesmo genótipo *het*, um heterocário é estabelecido. (C) Se as duas estirpes diferem em genótipo *het*, as células heterocarióticas são destruídas ou gravemente inibidas em seu crescimento.

Fonte: Saupe (2000).

Barcelos et al. (2011), trabalhando com 47 isolados pertencentes a diferentes raças de *C. lindemuthianum* para análise de grupos de compatibilidade vegetativa (VCG), observaram a formação de 45 grupos de compatibilidade vegetativa, nos quais 44 isolados foram incompatíveis e em apenas uma combinação foi observada a formação do heterocário. A alta incompatibilidade entre

os isolados utilizados neste estudo pode ser explicada pela autoincompatibilidade, pois a formação de heterocários foi baixa, evidenciando a grande variabilidade existente nesta espécie.

Estudos sobre a estrutura da população de *C. lindemuthianum* demonstraram que, embora processos reprodutivos nessa espécie sejam predominantemente assexuados, os padrões de acasalamento das populações refletem os de espécies aleatórias. Em outras palavras, as populações apresentam equilíbrio gamético, porém, em algum momento durante o ciclo de recombinação, o agente patogênico seja submetido à reprodução sexual (Rodriguez-Guerra et al., 2003).

O sucesso da adoção de resistência, como uma estratégia de controle da doença, depende do conhecimento do nível de variabilidade entre e dentro das populações do patógeno. Informações sobre os processos responsáveis pela alta variabilidade populacional é particularmente importante (Souza et al., 2010). Assim, os programas de melhoramento têm utilizado marcadores moleculares, pois eles permitem análise direta da variação do genoma sem que haja influência do ambiente (Damasceno e Silva et al., 2007)

3. MATERIAL E MÉTODOS

Os experimentos foram conduzidos durante o período de julho de 2013 a fevereiro de 2015, em casa de vegetação e no Laboratório de Melhoramento do Feijão Comum e de Biologia Molecular do Nupagri - Núcleo de Pesquisa Aplicada à Agricultura, latitude 23° 26'8"S e longitude 51° 53'42"), pertencente à Universidade Estadual de Maringá (UEM).

3.1. Coleta das amostras

As amostras de sementes, folhas, caules e vagens com sintomas de antracnose foram coletadas em cultivos de feijão comum, no período compreendido entre julho de 2013 e novembro de 2014, em municípios do estado do Paraná, com repetições de coletas nos mesmos locais, mas em anos diferentes, com exceção do município de Cascavel, cuja coleta ocorreu apenas no ano de 2014. A coleta das amostras foi realizada nos municípios de Cascavel, Guarapuava, Irati, Maringá e Prudentópolis (Figura 5). Tais amostras foram identificadas e acondicionadas em sacolas hermética, fechada com zíper, impedindo a deterioração. Posteriormente, foram levadas ao Nupagri - Núcleo de Pesquisa Aplicada à Agricultura, para realização de todas as etapas posteriores para a obtenção dos resultados e caracterização de raças do fungo *Colletotrichum lindemuthianum*.

Trinta e quatro isolados foram obtidos, a partir de lesões típicas com sintomas de antracnose, contaminados em condições de campo.

As amostras de material com sintomas de antracnose, coletadas no município de Cascavel, foram provenientes de área de cultivo da Coopavel, na Colônia Cachoeira Alta e Colônia Esperança, em cinco áreas diferentes, três na colônia Cachoeira Alta e dois na Colônia Esperança, sendo que cada área de cultivo pertence a um produtor.

Em todas as áreas de cultivo, foram feitas coletas de amostras da cultivar Tangará, com exceção de um cultivo na Colônia Esperança que era a cultivar Uirapuru. Tais coletas foram realizadas apenas uma vez, em abril de 2014. No município de Prudentópolis, foram realizadas três coletas: uma no segundo semestre de 2013 e as outras no primeiro e no segundo semestre de 2014, todas do

grupo carioca, sem identificação da cultivar. Nos municípios de Guarapuava e Irati, também foram feita três coletas: a primeira, a cultivar era do grupo carioca (Unicentro) e as outras duas do grupo preto. Já em Maringá foram feitas duas coletas na mesma área: a primeira no final de 2013 e a segunda no segundo semestre de 2014, com amostras dos grupos carioca e preto (cultivares Pérola, Juriti, LEC 01-11, LP145, VCU-T19 e Crioulo).

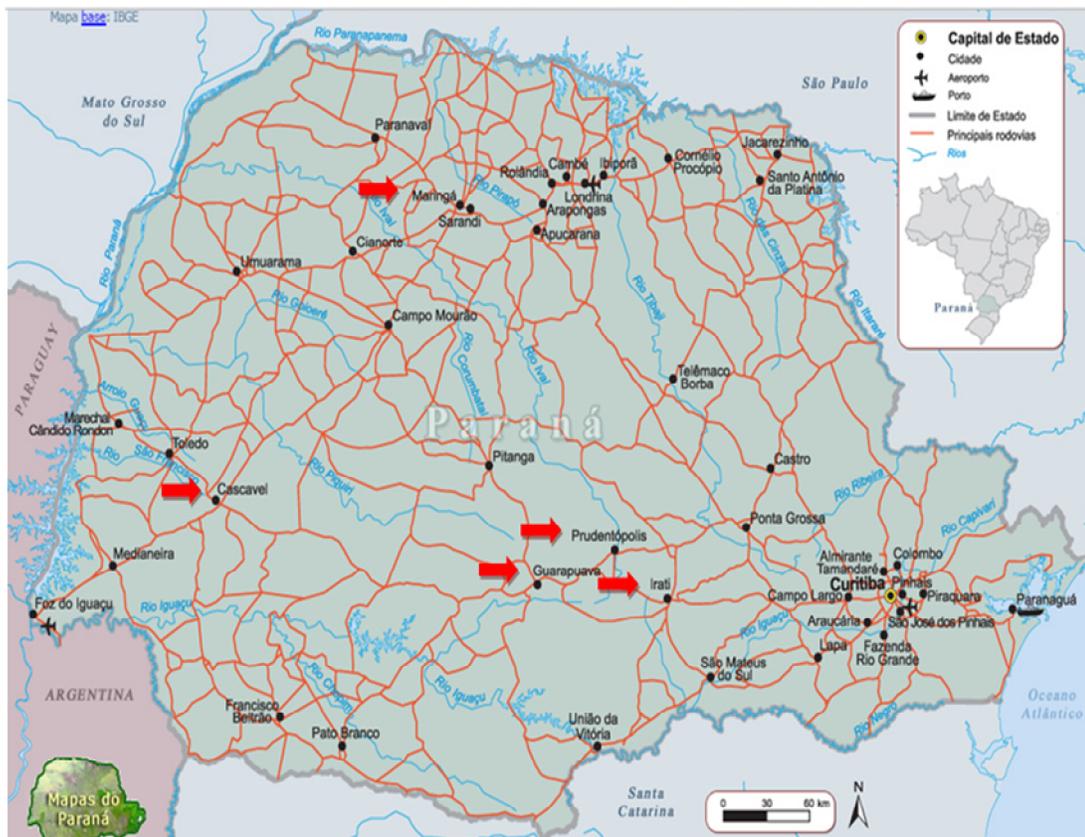


Figura 5 - Municípios de coleta do material infectado com sintomas de antracnose no estado do Paraná: Cascavel, Guarapuava, Irati, Maringá e Prudentópolis.
Fonte: <http://www.parana-turismo.com/mapa-parana.htm>.

Para este estudo, padronizou-se que os isolados CL01, CL02, CL03, CL04, CL05 e CL06 foram provenientes de material coletado no município de Cascavel (cultivar Tangará). Os isolados provenientes do município de Guarapuava (CL07 e CL08) eram de lavoura com sementes do grupo carioca, sem identificação da cultivar. Os isolados CL09, CL10 e CL12 foram coletados de plantas da cultivar BRS Campeiro e o isolado CL11 coletado de plantas do grupo preto. Os isolados CL13, CL14 e CL15, coletados no município de Irati, vieram de lavoura com grãos do grupo

preto, enquanto o isolado CL16 foi proveniente de lavoura com sementes do tipo carioca. Os isolados provenientes do município de Maringá foram: CL17 (grupo crioulo), CL18, CL22 e CL28 (Juriti), CL19, CL24 e CL025 (LEC - 01 10), CL20 (Crioulo), CL21 e CL23 (Pérola), CL26 e CL27 (LP 145) e CL29 (VCU - T19). Os isolados CL30, CL31, CL32 e CL33 provenientes do município de Prudentópolis originaram-se de lesões de plantas com genótipos do grupo carioca e CL34 da cultivar BRS Esplendor.

3.2. Isolamento de *C. lindemuthianum*

Os isolamentos foram realizados em câmara de fluxo laminar Telstar Bio HA a partir de lesões com sintomas de antracnose infectados naturalmente, presentes no material vegetal (folhas, caules, hastes e vagens), coletados em condições de campo. Procedeu-se à desinfecção prévia dos fragmentos imersos em solução de hipoclorito de sódio comercial (contendo 12,5% de cloro ativo), diluída na proporção de uma parte do produto para quatro partes de água esterilizada (1:4), e posteriormente imersão em álcool 70%. Em seguida, recorreu-se à assepsia duas vezes, por dois minutos, em água destilada e esterilizada. Posteriormente, os fragmentos foram secos em papel filtro e transferidos para placas de Petri, contendo meio BDA (batata-dextrose-agar), metodologia adaptada de Mathur et al. (1950).

As placas contendo os fragmentos assim tratados foram vedadas com plástico insufilm e mantidas em câmara de crescimento (BOD), na ausência de luz e com temperatura de $22 \pm 2^{\circ}\text{C}$, induzindo o crescimento do patógeno sobre as lesões em meio BDA.

Após o período de incubação, as placas foram examinadas para verificação do crescimento micelial (Figura 6). Os micélios provenientes dos fragmentos foram transferidos em pequenos discos com diâmetro aproximado de 0,44 cm para novas placas de Petri, contendo meio de cultura BDA + antibiótico (batata-dextrose-agar + estreptomicina a 250 mg kg^{-1}) por meio de agulha histológica flambada, em câmara de fluxo contínuo, previamente esterilizada com hipoclorito de sódio e álcool. As placas repicadas foram vedadas e incubadas novamente em câmara tipo BOD, a $20 \pm 2^{\circ}\text{C}$, para desenvolvimento do fungo.

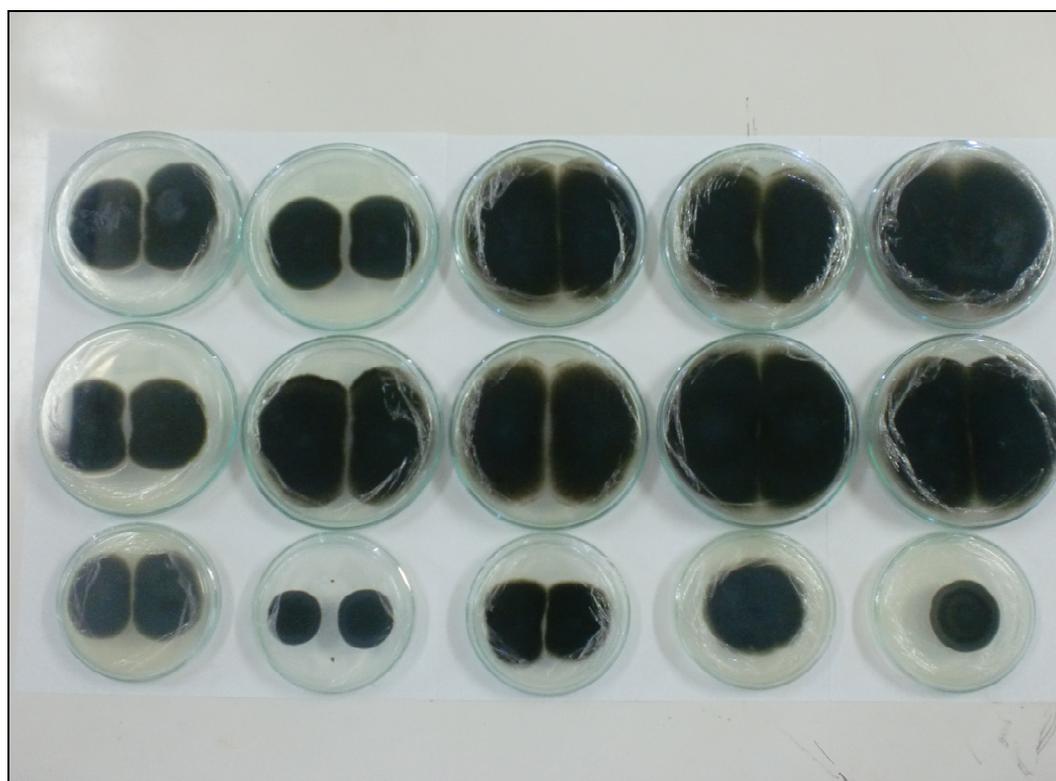


Figura 6 - Isolados de *C. lindemuthianum* obtidos no estado do Paraná: Cascavel, Guarapuava, Irati, Maringá e Prudentópolis.
Fonte: Nupagri (2014).

3.3. Multiplicação do inóculo

O preparo do inóculo seguiu a metodologia proposta por Cárdenas et al. (1964), multiplicando-se os esporos de cada isolado de *C. lindemuthianum* em tubos de ensaio contendo vagens (8 a 10 cm), parcialmente imersas (1 a 2 cm) em meio ágar-água esterilizadas em autoclave por 40 minutos a 120°C. Após a repicagem do

isolado para as vagens, as mesmas foram incubadas por 15 dias, a $20 \pm 2^\circ\text{C}$, em câmara de crescimento (BOD), para esporulação do patógeno (Figura 7).

Decorrido o período necessário para o desenvolvimento do fungo (aproximadamente 15 dias), procedeu-se à retirada das vagens dos tubos. A seguir, com o auxílio de uma pinça, as vagens foram colocadas em um becker, contendo água destilada esterilizada, sendo, na sequência, filtrada por meio de uma dupla camada de gaze, obtendo-se, assim, a suspensão de esporos.

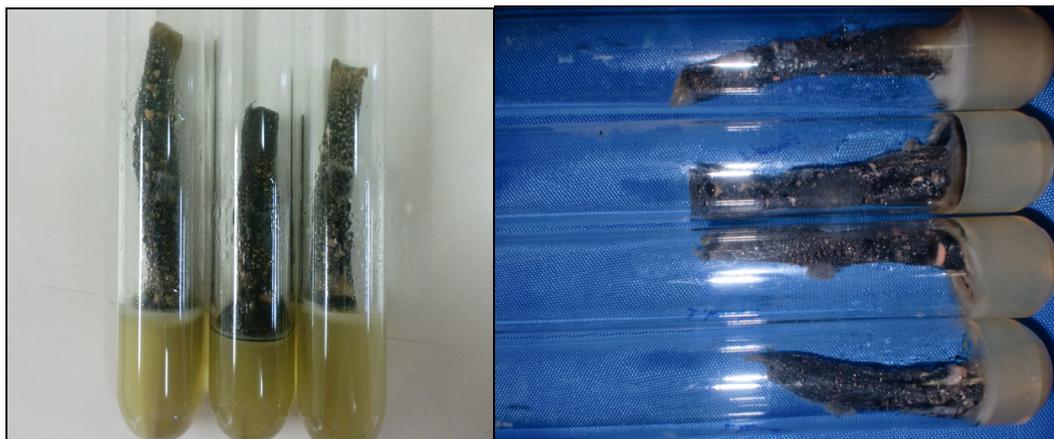


Figura 7 - Esporos de *C. lindemuthianum* na vagem do feijão comum.
Fonte: Nupagri (2014).

3.4. Inoculação e incubação

Na determinação da concentração de esporos de cada isolado do patógeno, foram efetuadas cinco contagens em microscópio, com o auxílio de hematocítmetro (câmara de Neubauer-Preciss) (Figura 8). Após a contagem, a suspensão de esporos foi ajustada à concentração aproximada de $1,2 \times 10^6$ esporos mL^{-1} de água destilada esterilizada.

Posteriormente, os isolados monospóricos foram separadamente inoculados, nas 12 cultivares diferenciadoras do *C. lindemuthianum*, com o objetivo de obter os fenótipos de virulência dos isolados (Pastor-Corrales, 1988; Mahuku e Riascos, 2004). Esse processo foi realizado por meio de um atomizador De Vilbiss (número 15), adaptado com um reservatório para a suspensão de esporos. A inoculação foi conduzida tanto na face abaxial quanto adaxial das folhas.

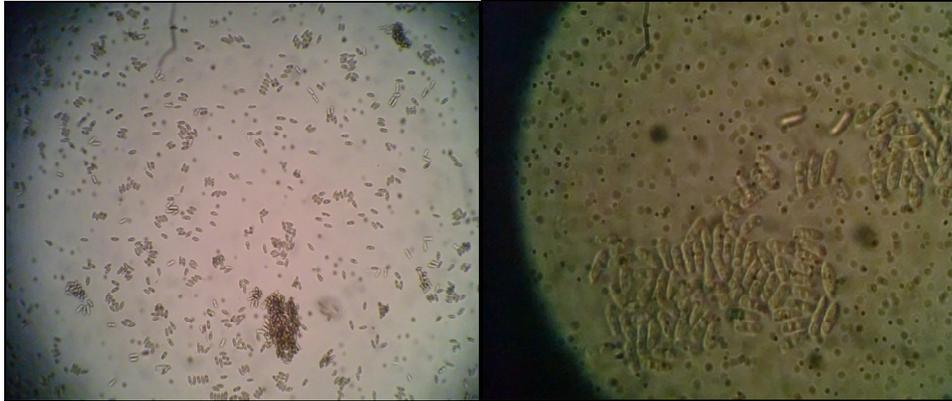


Figura 8 - Esporos de *C. lindemuthianum* na lâmina da câmara de Neubauer-Preciss para ajuste da concentração da suspensão de esporos.
Fonte: Nupagri (2014).

Após a inoculação, as plântulas foram mantidas na câmara de nebulização por 72 horas, controlando-se a luminosidade (12 h de iluminação de 680 lux / 12 h de escuro), com aproximadamente 100% de umidade relativa. Posterior ao período de incubação, as plantas foram transferidas para bancadas, em ambiente apropriado, com temperatura de $20 \pm 2^{\circ}\text{C}$, sob luz artificial, onde permaneceram até a realização das avaliações (7 dias).

3.5. Semeadura das cultivares diferenciadoras

O conjunto das 12 cultivares diferenciadoras foi semeado lado a lado em bandejas plásticas para germinação com dimensões de 48 x 30 x 11 cm, (10 sementes de cada cultivar), contendo substrato à base de turfa. Essas bandejas foram mantidas em condições de casa de vegetação até o desenvolvimento da primeira folha trifoliolada da plântula, que ocorreu aproximadamente aos 14 dias após a semeadura. Decorrido este período, as bandejas contendo as plântulas foram transferidas para câmara de nevoeiro com temperatura de $20 \pm 2^{\circ}\text{C}$ para posterior teste de patogenicidade dos isolados de *C. lindemuthianum* (CIAT, 1990).

3.6. Avaliação dos sintomas

A avaliação fenotípica dos sintomas em cada plântula foi realizada aproximadamente 10 dias após a inoculação, utilizando-se a escala de severidade

proposta por Pastor-Corrales (1991), com valores que variaram de 1 a 9, em plantas individuais, conforme descrito a seguir:

1 - Ausência de sintomas.

2 – Quando até 1% da nervura apresentou manchas necróticas, perceptíveis somente na face inferior das folhas.

3 – Quando ocorreu maior frequência de sintomas foliares descrita no grau anterior, até 3% das nervuras afetadas.

4 – Quando até 1% das nervuras apresentando manchas necróticas foram perceptíveis em ambas as faces das folhas.

5 – Quando observou-se maior frequência dos sintomas foliares descrita no grau anterior, até 3% das nervuras afetadas.

6 - Manchas necróticas nas nervuras, perceptíveis em ambas as faces das folhas, e presença de algumas lesões em talos, ramos e pecíolos.

7 - Manchas necróticas na maioria das nervuras e em grande parte do tecido mesofílico adjacente, que se romperam. Presença de abundantes lesões no talo, ramos e pecíolos;

8 - Manchas necróticas em quase todas as nervuras, muito abundantes em talos, ramos, pecíolos, ocasionando rupturas, desfolhação e redução do crescimento das plantas.

9 - Maioria das plantas mortas.

As plantas que receberam notas de 1 a 3 foram consideradas resistentes (R), enquanto aquelas com notas de 4 a 9 foram consideradas suscetíveis (S). Com o objetivo de determinar as raças de *C. lindemuthianum*, utilizou-se a escala de valores binários proposta por Pastor-Corrales (1991).

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Raças de *C. lindemuthianum* identificadas nos municípios paranaenses

Os 34 isolados de *C. lindemuthianum* avaliados neste estudo apresentaram diferentes padrões de virulência e permitiram a identificação de 25 raças fisiológicas distintas: 2, 3, 10, 11, 15, 27, 31, 63, 64, 73, 75, 79, 81, 82, 83, 90, 91, 93, 95, 259, 283, 287, 339, 346, 351 (Quadro 4).

A raça 3 apresentou a maior frequência de ocorrência (14,7%), corroborando resultados publicados na literatura. Tal raça apresenta expressiva distribuição geográfica no mundo, tendo sido já constatada em países como África do Sul, Argentina, Bulgária, Colômbia, Equador, Espanha, Estados Unidos, Índia, México, Peru e República Dominicana (Pastor-Corrales et al., 1995; Koch, 1996; Balardin et al., 1997; Falconí et al., 2003; Mohammed, 2003; Ansari et al., 2004; Kiryakov e Genchev, 2004; Mahuku e Riascos, 2004; Sharma et al., 2007; Ferreira et al., 2008; Muth e Liebenberg, 2009; Mwesigwa, 2009; Padder et al., 2010). Porém, destaca-se que este é o primeiro relato da ocorrência dessa raça no Brasil. A raça 3 foi caracterizada a partir de cinco isolados: três coletados no município de Cascavel, e dois coletados no município de Maringá, ambos os municípios do estado do Paraná.

As raças 15, 63, e 339 também foram identificadas pela primeira vez no estado do Paraná. No entanto, as raças 75 e 339 já haviam sido relatadas em outros dois estados brasileiros, Santa Catarina e Mato Grosso do Sul, respectivamente, (Alzate-Marin e Sartorato, 2004). As raças 15 e 63 apresentam baixa frequência, porém, a raça 15 já foi encontrada em países como Colômbia e Equador (Pastor-Corrales et al., 1995; Balardin e Kelly, 1998; Mahuku e Riascos, 2004; Genchev et al., 2010), enquanto a raça 63 foi reportada apenas na Argentina (Sicard et al., 1997). No Brasil, é o primeiro relato da ocorrência dessa raça. As raças 2, 64, 91, 95 e 351 apresentaram frequência de ocorrência de 5,9% no presente trabalho.

A raça 2, compatível apenas com a cultivar diferenciadora Andina Michigan Dark Red Kidney, foi identificada no município de Cascavel (um isolado). Caracteriza-se por ser uma raça com distribuição geográfica ampla (Quadro 2) e sua ocorrência já foi reportada na Argentina, Brasil, Bulgária, Equador, Grécia, México, Peru, Quênia, República Dominicana, Tanzânia e Uganda (Pastor-Corrales et al.,

1995; Balardin et al., 1997; Sicard et al., 1997; Ombiri et al., 2002; Mahuku e Riascos, 2004; Gonzáles-Chavira et al., 2004; Ansari et al., 2004; Sharma et al., 2007; Bardas et al., 2007; Kiryakov e Genchev, 2009; Mwesigwa, 2009; Padder et al., 2010; Nunes et al., 2011). Porém, apesar de ser uma raça amplamente distribuída, sua ocorrência foi reportada no Brasil recentemente por (Nunes et al., 2011).

A raça 64 foi caracterizada a partir de dois isolados provenientes dos municípios de Maringá e Irati. Caracteriza-se por ser uma das raças mais difundidas e incidentes nas regiões produtoras de feijão comum, corroborando resultados de Ishikawa et al. (2005); Sansigolo et al. (2008) e Felipin-Azevedo et al. (2013).

As raças 64 e 73 apresentaram reações de compatibilidade apenas com cultivares de origem Mesoamericana. Por outro lado, as raças 3, 10, 11, 15, 27, 31, 63, 75, 79, 81, 82, 83, 90, 91, 93, 95, 259, 283, 287, 339, 346 e 351 apresentaram reações de compatibilidade com ambas as cultivares Andinas e Mesoamericanas. Todas as cultivares diferenciadoras Andinas apresentaram reação de compatibilidade com os isolados, com exceção da cultivar Kaboon, incompatível com praticamente todos os isolados e compatível apenas com a raça 63. Por outro lado, todos os isolados foram incompatíveis com as cultivares PI 207262, TU, AB 136 e G 2333, tornando-se importantes fontes de resistência para uso em programas de melhoramento genético de feijoeiro, visando ao controle da antracnose no estado do Paraná.

A cultivar mesoamericana TO é considerada uma importante fonte de resistência. Entretanto, teve sua resistência superada pelas raças 259, 283, 287, 339, 346 e 351. Os isolados foram provenientes dos municípios de Cascavel (um isolado), Irati (um isolado), Maringá (quatro isolados) e Prudentópolis (um isolado), respectivamente (Quadro 4).

As raças 2, 10, 27, 31, 64, 73, 75, 79, 81, 83, 91, 93 e 339 já haviam sido descritas no Brasil, a maioria no estado do Paraná, o qual demonstrou ser o principal estado com a maior variabilidade genética do patógeno, conforme apontou a revisão de literatura realizada por Nunes et al. (2013). As raças 82, 90, 259, 283, 287, 346 e 351 de *C. lindemuthianum* estão sendo descritas pela primeira vez no cenário mundial, demonstrando a variabilidade genética do patógeno e a importância da realização do presente trabalho.

Quadro 4 - Identificação das raças fisiológicas de 34 isolados de *Colletotrichum lindemuthianum* coletados no estado do Paraná de acordo com a reação das cultivares diferenciadoras (Maringá/PR, 2015)

Isolado	Município	Cultivares Diferenciadoras												Raça
		A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	
CL01	Cascavel	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2
CL02	Cascavel	+	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3
CL03	Cascavel	+	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3
CL04	Cascavel	+	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3
CL05	Cascavel	+	+	-	+	+	-	-	-	-	-	-	-	27
CL06	Cascavel	+	+	-	+	+	-	-	-	+	-	-	-	283
CL07	Guarapuava	-	+	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	10
CL08	Guarapuava	+	+	+	+	-	-	-	-	-	-	-	-	15
CL09	Guarapuava	+	-	-	+	-	-	+	-	-	-	-	-	73
CL10	Guarapuava	+	-	-	-	+	-	+	-	-	-	-	-	81
CL11	Guarapuava	-	+	-	-	+	-	+	-	-	-	-	-	82
CL12	Guarapuava	+	-	+	+	+	-	+	-	-	-	-	-	93
CL13	Irati	+	+	+	+	+	+	-	-	-	-	-	-	63
CL14	Irati	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	64
CL15	Irati	+	+	-	-	+	-	+	-	-	-	-	-	83
CL16	Irati	+	+	+	+	+	-	+	-	+	-	-	-	351
CL17	Maringá	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2
CL18	Maringá	+	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3
CL19	Maringá	+	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3
CL20	Maringá	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	64
CL21	Maringá	+	+	-	+	-	-	+	-	-	-	-	-	75
CL22	Maringá	+	+	+	+	-	-	+	-	-	-	-	-	79
CL23	Maringá	-	+	-	+	+	-	+	-	-	-	-	-	90
CL24	Maringá	+	+	-	+	+	-	+	-	-	-	-	-	91
CL25	Maringá	+	+	+	+	+	-	+	-	-	-	-	-	95
CL26	Maringá	+	+	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	259
CL27	Maringá	+	+	+	+	+	-	-	-	+	-	-	-	287
CL28	Maringá	+	+	-	-	+	-	+	-	+	-	-	-	339
CL29	Maringá	+	+	+	+	+	-	+	-	+	-	-	-	351
CL30	Prudentópolis	+	+	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	11
CL31	Prudentópolis	+	+	+	+	+	-	-	-	-	-	-	-	31
CL32	Prudentópolis	+	+	-	+	+	-	+	-	-	-	-	-	91
CL33	Prudentópolis	+	+	+	+	+	-	+	-	-	-	-	-	95
CL34	Prudentópolis	-	+	-	+	+	-	+	-	+	-	-	-	346

*Cultivares diferenciadoras utilizadas para a caracterização de raças de *C. lindemuthianum*, seguidas de seus respectivos valores binários (Pastor-Corrales, 1991): A- Michelite (1); B- Michigan Dark Red Kidney (2); C- Perry Marrow (4); D- Cornell 49-242 (8); E- Widusa (16); F- Kaboon (32); G- Mexico 222 (64); H- PI 207262 (128); I- TO (256); J- TU (512); K- AB 136 (1024); L- G2333 (2048).

A raça 73 foi caracterizada em material coletado no município de Guarapuava (um isolado). A mesma encontra-se entre as raças de maior ocorrência no mundo, sendo amplamente disseminada nos países produtores de feijão comum

das Américas do Norte, Central e do Sul (Balardin et al., 1997). No Brasil, essa raça também ocorre com frequência (Rava et al., 1994; Balardin et al., 1997; Carbonell et al., 1999; Sartorato, 2002; Gonçalves-Vidigal et al., 2008a) e no estado do Paraná destaca-se como uma das raças mais incidentes (Carneiro, 1999; Rava et al., 1994; Thomazella et al., 2002).

A raça 75 apresentou frequência de aproximadamente 3%, tendo sido encontrada no município de Maringá (um isolado). Essa raça é pouco disseminada no mundo, mas foi encontrada no Brasil, um dos países com a maior variabilidade patogênica do fungo, nos estados do Espírito Santo, Paraná e Santa Catarina (Rava et al., 1994; Thomazella et al., 2002; Gonçalves-Vidigal et al., 2008b). Destaca-se que sua primeira ocorrência no estado do Paraná, no ano de 2008, foi reportada por Sansigolo et al. (2008).

As raças 10, 11, 15, 27, 31, 63, 79, 81, 82, 83, 90, 93, 259, 283, 287, 339 e 346 apresentaram frequência de ocorrência inferior (17 isolados). As raças 10, 15, 81, 82 e 93 foram encontradas no município de Guarapuava (cinco isolados). As outras raças foram encontradas nos municípios de Prudentópolis (raças 11, 31 e 346 - três isolados, em Cascavel (raças 27 e 283 - dois isolados), Irati (raças 63 e 83 - dois isolados) e Maringá (raças 79, 90, 259, 287 e 339 - cinco isolados). As raças 10, 11, 27, 81 e 83 já foram reportadas no Brasil e, mais especificamente, no estado do Paraná (Mahuku e Riascos 2004; Sansigolo et al., 2008). A raça 79 foi reportada por Mesquita et al. (1998), com relatos de ocorrência no estado do Espírito Santo. A raça 83 foi observada nos estados do Espírito Santo (Rava et al., 1994), Santa Catarina (Thomazella et al., 2002; Gonçalves-Vidigal et al., 2008a), Minas Gerais (Talamini et al., 2004; Damasceno e Silva, 2007) e Paraná (Sansigolo et al., 2008). A raça 31 até o momento foi reportada apenas no Brasil, nas regiões produtoras de feijão comum, estados do Rio Grande do Sul (Balardin et al., 1997), São Paulo (Carbonell et al., 1999) e Paraná (Thomazella et al., 2002). A raça 81 foi encontrada no município de Guarapuava (um isolado) e corresponde a aproximadamente 3% do total de isolados analisados (Figura 9). Essa raça também apresenta ampla disseminação geográfica, sendo reportada na Argentina, África do Sul, Brasil, Bulgária, China e Japão (Rava et al., 1994; Koch, 1996; Balardin et al., 1997; Balardin e Kelly, 1998; Thomazella et al., 2000; Thomazella et al., 2002; Mohammed, 2003; Mahuku e Riascos, 2004; Kiryakov e Genchev, 2009; Talamini et al., 2004; Alzate-Marin e Sartorato (2004); Bonett et al., 2008; Gonçalves-Vidigal et al., 2008a;

Sansigolo et al., 2008, Wang, et al., 2008; Muth e Liebenberg, 2009; Gonçalves-Vidigal et al., 2009; Pinto et al., 2010). No Brasil, esta raça já foi relatada nos estados da Bahia (Rava et al., 1994), Pernambuco (Alzate-Marin et al., 1999), São Paulo (Carbonell et al., 1999), Minas Gerais (Talamini et al., 2004), Paraná (Sansigolo et al., 2008) e no estado de Santa Catarina (Gonçalves-Vidigal et al., 2008a). É uma das raças que apresentam maior ocorrência no estado do Paraná, encontrando-se amplamente disseminada por várias regiões de cultivo do feijão comum, como uma das mais frequentes. As raças 91 e 95 foram encontradas nos município de Maringá (dois isolados) e Prudentópolis (dois isolados). Com um isolado de cada raça, as mesmas apresentaram frequência de aproximadamente 3%. A raça 95 foi reportada por Balardin et al. (1997), quando caracterizavam raças de *C. lindemuthianum* no estado do Rio Grande do Sul, e por Gonçalves-Vidigal et al. (2008a), num estudo de identificação de raças em Santa Catarina.

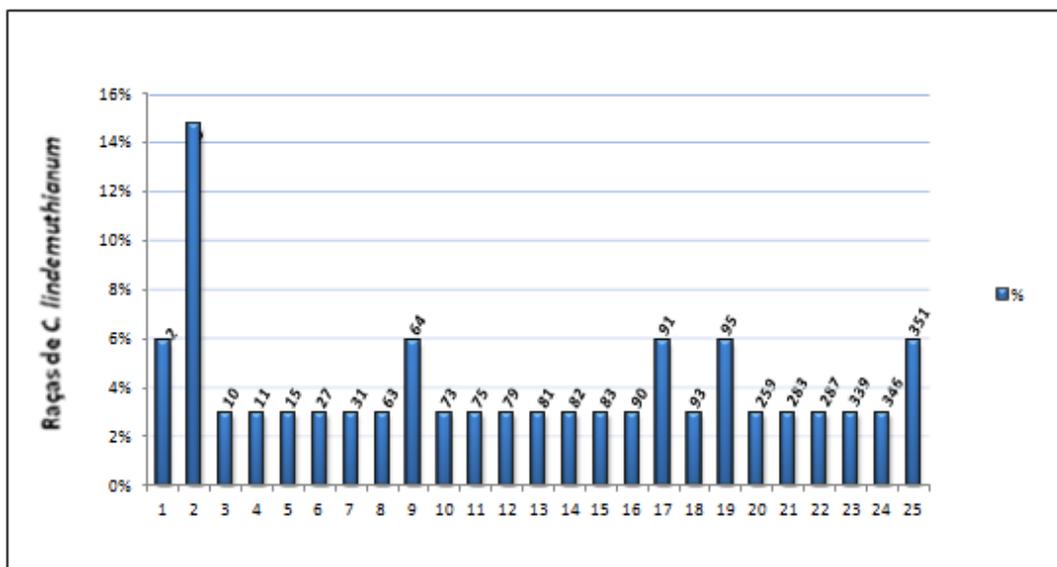


Figura 9 - Vinte e cinco raças distintas de *Colletotrichum lindemuthianum* obtidas a partir de 34 isolados coletados em municípios do estado do Paraná e suas respectivas frequências (Maringá, PR/2015).

As cultivares diferenciadoras Mesoamericanas PI 207262, TU, AB136 e G2333 apresentaram reação de resistência a todas as raças fisiológicas, enquanto a cultivar Mesoamericana Michelite e a Andina Michigan Dark Red Kidney se mostraram suscetíveis à maioria das raças. A cultivar diferenciadora mesoamericana TO, caracterizada como uma das principais fontes de resistência apresentou padrão

de suscetibilidade às raças 259, 283, 287, 339, 346 e 351. A cultivar andina Kaboon, portadora do gene *Co-1²*, teve sua resistência “quebrada” apenas pela raça 63, sendo a mesma incompatível com todos os outros isolados, caracterizando-se como uma das principais fontes de resistência à antracnose (Quadro 4).

Este estudo de caracterização de isolados de *C. lindemuthianum* revelou que as raças 73, 75 e 81, consideradas as mais frequentes no estado do Paraná, ainda apresentam o mesmo padrão de comportamento nas regiões produtoras de feijão comum no estado, onde as coletas foram realizadas (Rava et al., 1994; Carneiro, 1999; Damasceno e Silva, 2005). Segundo Talamini et al. (2004), a predominância da raça 81 ao longo dos anos nas regiões produtoras de feijão comum nos estados Brasileiros demonstra sua ampla adaptação a diferentes regiões, facilitada pelo livre comércio de grãos utilizados como sementes entre os estados corroborando com os resultados anteriores.

Os resultados obtidos demonstram a importância da realização de levantamentos periódicos para monitorar a variabilidade das raças fisiológicas dentro de cada região de cultivo, pois cada uma apresenta suas particularidades em termos de manejo adotado, condições ambientais e preferência de cultivares. Segundo Talamini et al. (2004), a disseminação do *C. lindemuthianum* para novos locais também é favorecida pelo potencial de inóculo do patógeno entre safras que tende a aumentar, pelo fato de que os produtores reutilizam seus grãos como sementes, para cultivos na mesma área.

De acordo com os resultados obtidos, observa-se que a raça 3 foi a que apresentou maior frequência de ocorrência dentre os municípios onde houve coleta dos isolados. A diversidade do patógeno é bastante variável na América do Sul, contrastando com resultados obtidos por Balardin et al. (1997), os quais demonstraram que as raças de *C. lindemuthianum* são mais variáveis na América Central que na América do Sul ou do Norte. Da mesma forma, houve contraste dos resultados obtidos com o trabalho desenvolvido por Pastor-Corrales (1996) o qual relatou que a população de *C. lindemuthianum* na América Central foi mais diversificada do que em regiões Andinas.

A frequência das raças de *C. lindemuthianum* nas diversas regiões, em que a cultura do feijoeiro comum é afetada pelo patógeno no mundo varia. Ao comparar-se as raças brasileiras mais frequentes com as de outros países, como, Nicarágua, México e Estados Unidos é possível verificar expressiva diferença entre as

frequências das raças identificadas. Nos países citados, é comum encontrar raças mais virulentas, como, por exemplo, as raças 264, 320, 1608 e 1545 (González et al., 1998). Entretanto, no Brasil, há predomínio de raças menos virulentas (Thomazella et al., 2002). Este comportamento reflete nas diferenças dos germoplasmas utilizados e nas práticas agrícolas de cada região (González et al., 1998).

4.2. Reação de compatibilidade das cultivares diferenciadoras

A reação de compatibilidade no conjunto das cultivares diferenciadoras revelou que a cultivar Andina Michigan Dark Red Kidney foi a mais suscetível a todos os isolados analisados, apresentado padrões fenotípicos de 85%, seguida das cultivares Michelite (76%), Cornell 49-242 (58%), Widusa (52%), México 222 (52%), Perry Marrow (29%), TO (17,6%), Kaboon (2,9%). As cultivares diferenciadoras PI 207262, TU, AB 136 e G2333 apresentaram (100%) de resistência, ou seja, foram incompatíveis a todos os isolados analisados neste estudo (Figura 10).

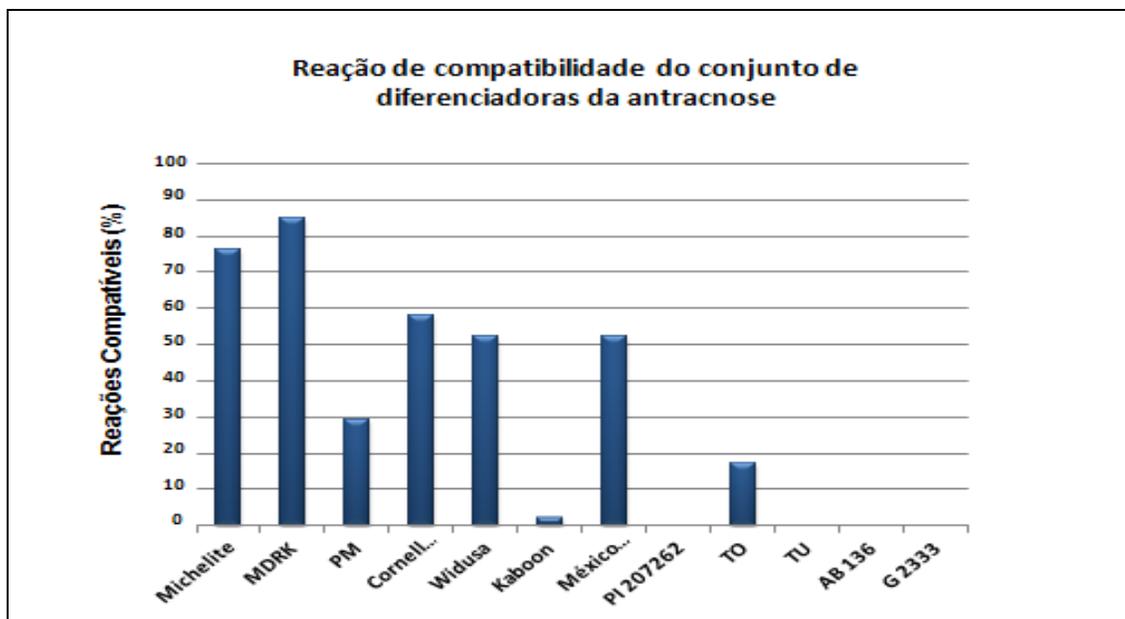


Figura 10 – Reações compatíveis entre as cultivares diferenciadoras e os isolados provenientes de municípios do estado do Paraná (Maringá/PR, 2015).

A resistência das cultivares mesoamericanas PI 207262, TU, AB 136 e G2333 corroboram resultados revisados por Nunes et al. (2013), com exceção da cultivar

TO, portadora do gene *Co-4*, que teve sua resistência superada. As demais cultivares confirmaram serem importantes fontes de resistência, podendo ser utilizadas nos programas de melhoramento do feijão comum visando resistência à antracnose.

Os resultados apresentados apresentaram padrões de resistência/suscetibilidade discordantes daqueles obtidos por Rava et al. (1994); Carneiro (1999); Thomazella et al. (2002); Alzate-Marin e Sartorato (2004); Talamini et al. (2004) e Damasceno e Silva (2005). Os estudos em que as cultivares apresentaram maior suscetibilidade foram de Michelite (84,4%), México 222 (81,2%), Cornell 49-242 (46,9%), Perry Marrow (43,7%), Widusa (34,4%), Michigan Dark Red Kidney (31,2%), Kaboon (31,2%), PI 207262 (12,5%) e TO (9,4%), sendo as cultivares diferenciadoras TU, AB 136 e G2333 resistentes a todos os isolados analisados no Paraná (Sansigolo et al., 2008).

As raças 3, 10, 11, 15, 27, 31, 63, 75, 79, 81, 82, 83, 90, 91, 93, 95, 259, 283, 287, 339, 346 e 351 apresentaram reações de compatibilidade com ambas as cultivares Andinas e Mesoamericanas. Resultados similares foram encontrados por Gonçalves-Vidigal et al. (2007).

Comparando os dados obtidos com os previamente descritos na literatura, percebe-se que houve certas mudanças nos padrões de infecção observados nas cultivares diferenciadoras. Damasceno e Silva et al. (2007) caracterizaram isolados de *C. lindemuthianum* no estado de Minas Gerais e Sansigolo et al. (2008) identificaram raças de *C. lindemuthianum* na cultura do feijão comum no estado do Paraná. Citam-se também os trabalhos conduzidos por Felipin-Azevedo et al. (2013), caracterizando isolados provenientes do estado do Mato Grosso, e de Nunes et al. (2013), cujo foco foi a virulência e a variabilidade molecular do fungo em feijão comum.

A análise do padrão de reação das cultivares diferenciadoras aos isolados de *C. lindemuthianum*, neste trabalho, demonstra alta variabilidade das raças do patógeno e a expressiva disseminação em regiões produtoras do estado do Paraná. Contudo, os resultados revelam a importância do monitoramento constante da ocorrência de raças do *C. lindemuthianum* para que haja controle eficaz da doença, procedendo à inserção da resistência genética.

5. CONCLUSÕES

Os resultados obtidos permitiram a caracterização de 25 raças distintas de *C. lindemuthianum*, identificadas em municípios produtores de feijão comum no estado do Paraná.

Este é o primeiro relato das raças 82, 90, 259, 283, 287, 346 e 351, em nível mundial, e das raças 15, 63 e 339 no estado do Paraná.

A raça 3 apresentou a maior frequência de ocorrência (14,7%) entre as raças caracterizadas.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ABAWI, G.S. Root rots. In: SCHWARTZ, H.F.; PASTOR-CORRALES, M.A. (eds.). **Bean production problems in the tropics**. Cali: CIAT, 1989. p. 105-157.
- ABREU, A.F.B.; RAMALHO, M.A.P.; MENU, H.M.R. Identificação de raças de *Colletotrichum lindemuthianum* do Sul e Alto Paranaíba de Minas Gerais. In: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA DE FEIJÃO. **Resumos...** Londrina, 1993. Viçosa: IAPAR, 1993, p. 4-45.
- ACOSTA-GALLEGOS, J.A.; KELLY, J.D.; GEPTS, P. Prebreeding in common bean and use of genetic diversity from wild germplasm. **Crop Science Society of America**, 47:45-59, 2007.
- ALZATE-MARIN, A.L.; COSTA, M.R.; MENARIM, H.; MOREIRA, M.A.; BARROS, E.G. Herança da resistência à antracnose na cultivar de feijoeiro comum Cornell 49-242. **Fitopatologia Brasileira**, 28:302-306, 2003.
- ALZATE-MARIN, A.L.; MENARIM, H.; ARRUDA, M.C.C.; CHAGAS, J.M.; BARROS, E.G.; MOREIRA, M.A. Backcross assisted by RAPD markers for the introgression of *Co-4* and *Co-6* anthracnose resistant genes in common bean cultivars. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, 42:15-16, 1999.
- ALZATE-MARIN, A.L.; NIETSCHKE, S.; COSTA, M.R.; SOUZA, K.A. Análises do DNA de isolados de *Colletotrichum lindemuthianum* e *Phaeoisariopsis griseola* visando identificação de patótipos. **Summa Phytopathologica**, 27:197-203, 2001.
- ALZATE-MARIN, A.L.; SARTORATO, A. Analysis of the pathogenic variability of *Colletotrichum lindemuthianum* in Brazil. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, 47:241-242, 2004.
- ANDRUS, C.F.; WADE, B.L. **The factorial interpretation of anthracnose resistance in beans**. Washington: Technical Bulletin. 310. Department of Agriculture, 1942. 29p.

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.

AZEVEDO, J.L. **Genética de microrganismo**. Goiânia: UFG, 1998. 490p.

BAILEY, J.A.; JEGER, M.J. **Colletotrichum: biology, pathology and control**. Wallingford: CAB International/British Society for Plant Pathology, 1992. 388p.

BALARDIN, R.S. Identificação de raças fisiológicas de *Colletotrichum lindemuthianum* no Rio Grande do Sul. **Fitopatologia Brasileira**, 22:50-53, 1997.

BALARDIN, R.S.; JAROSZ, A.M.; KELLY, J.D. Virulence and molecular diversity in *Colletotrichum lindemuthianum* from South, Central and North America. **Phytopathology**, 87:1184-1191, 1997.

BALARDIN, R.S.; KELLY, J.D. Interaction between *Colletotrichum lindemuthianum* races and gene pool diversity in *Phaseolus vulgaris*. **Journal of the American Society Horticulture Science**, 123:1038-1047, 1998.

BALARDIN, R.S.; PASTOR-CORRALES, M.A.; OTOYA, M.M. Variabilidade patogênica de *Colletotrichum lindemuthianum* no Estado de Santa Catarina. **Fitopatologia Brasileira**, 15:243-245, 1990.

BARBOSA, F.B.; GONZAGA, A.C.O. **Informações técnicas para o cultivo do feijoeiro-comum na Região Central-Brasileira: 2012-2014**. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2012. 247p.

BARCELOS, Q.L.; SOUZA, E.A.; VAILLANCOURT, L. Morphological and phylogenetic analysis of *Glomerella* and *C. lindemuthianum* strains isolated from common bean anthracnose lesions. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, 54:224-225, 2011.

BARDAS, G.A.; KOUTITA, O.; TZAVELLA-KLONARI, K. Geographical distribution, pathotype characterization, and molecular diversity of *Colletotrichum lindemuthianum* in Greece and resistance of Greek bean cultivars. **Plant Disease**, 1379-1385, 2007.

BARRUS, M.F. Variation of varieties of beans in their susceptibility to anthracnose. **Phytopathology**, 1:190-199, 1911.

BIANCHINI, A.; MARINGONI, A.C.; CARNEIRO, S.M.T.P.G. Doenças do feijoeiro. In: KIMATI, H.; AMORIM L.; BERGAMIN-FILHO A.; CAMARGO, L.E.A.; REZENDE, J.A.M. (eds.). **Manual de fitopatologia: doenças das plantas cultivadas**. São Paulo: Agronômica Ceres, 2005. 663p.

BLONDET, A. **L'antracnose du haricot: Etudé des races physiologiques du *Colletotrichum lindemuthianum***. Paris: Faculté de Science, 1963. Thesis (Ph.D).

BONETT, L.P.; SCHEWE, I.; SILVA, L.I. Variabilidade de *Colletotrichum lindemuthianum* em feijoeiro comum no Oeste do Estado do Paraná. **Scientia Agraria**, 9:207-210, 2008.

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.

BURATTO, J.S.; MODA-CIRINO, V.; FONSECA-JÚNIOR, N.S.; PRETE, C.E.C.; FARIA, R.T. Adaptabilidade e estabilidade produtiva em genótipos precoces de feijão no estado do Paraná. **Revista Ciências Agrárias**, 28:373-380, 2007.

BURKHOLDER, W.H. The gamma strain of *Colletotrichum lindemuthianum* (Sacc. et Magn.). **Phytopathology**, 13:316-323, 1923.

CAMARGO JUNIOR, O.A.; SOUZA, E.A.; MENDES-COSTA, M.C.; SANTOS, J.B.; SOARES, M.A. Identification of *Glomerella cingulata* f. sp. *phaseoli* recombinants by RAPD markers. **Genetics and Molecular Research**, 6:607-615, 2007.

CANTERI, M.G.; PRIA, M.D.; SILVA, O.C. **Principais doenças fúngicas para manejo econômico e ecológico**. Ponta Grossa: UEPG, 1999. 178p.

CARBONELL, S.M.; ITO, M.F.; POMPEU, A.S.; FRANCISCO, F.; RAVAGNANI, S.; ALMEIDA, A.L.L. Raças fisiológicas de *Colletotrichum lindemuthianum* e reação de cultivares e linhagens de feijoeiro no Estado de São Paulo. **Fitopatologia Brasileira**, 24:60-65, 1999.

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**, 13:78-186, 1964.

CARNEIRO, S.M.T.P.G. Raças fisiológicas de *Colletotrichum lindemuthianum* no Estado do Paraná. **Summa Phytopathologica**, 25:275-278, 1999.

CASTRO-PRADO, M.A.A.; QUEROL, C.B.; SAN'T ANNA, J.R.; MIYAMOTO, C.T.; FRANCO, C.C.S.; MANGOLIN, C.A.; MACHADO, M.F.P.S. Vegetative compatibility and parasexual segregation in *Colletotrichum lindemuthianum* a fungal pathogen of the common bean. **Genetics and Molecular Research**, 6:634-642, 2007.

CENTRO INTERNACIONAL DE AGRICULTURA TROPICAL – CIAT, **Annual Report of the Bean Program**. Cali: CIAT, 1990. 125p.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO – CONAB. **ACOMPANHAMENTO DA SAFRA BRASILEIRA – Sétimo levantamento safra 2012/13**. Disponível em: <http://www.conab.gov.br>. Acesso em: 22, novembro, 2013.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO – CONAB. **ACOMPANHAMENTO DA SAFRA BRASILEIRA – Nono levantamento safra 2013/14**. Disponível em: <http://www.conab.gov.br>. Acesso em: 22, fevereiro, 2015.

COSTA, I.F.D.; BALARDIN, R.S.; MEDEIROS, L.A; BAYER, T.M. Resistência de seis cultivares de soja ao *Colletotrichum truncatum* (Schwein) em dois estádios fenológicos. **Ciência Rural**, 36:1684-1688, 2006.

COSTA, J.G.C.; RAVA, C.A. Introgressão da resistência da cultivar G2333 ao patótipo 2047 de *Colletotrichum lindemuthianum* na linhagem CNFC 9563. **Revista Ceres**, 56:591-594, 2009.

CRISPÍN-MEDINA, M.A.; CAMPOS-ÁVILA, J. Bean disease of importance in Mexico in 1975. **Plant Disease Report**, 60: 534-535, 1976.

DALLA PRIA, M.; AMORIM, L.; BERGAMIN FILHO, A. Quantificação dos componentes monocíclicos da antracnose do feijoeiro. **Fitopatologia Brasileira**, 28:401-407, 2003.

DALLA PRIA, M.; SILVA, O.C. Antracnose. In: DALLA PRIA, M.; SILVA, O.C. (eds.) **Cultura do feijão: doenças e controle**. Ponta Grossa: UEPG, 2010, p.49-56.

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.

DAMASCENO E SILVA, K.J.; SOUZA, E.A.; SARTORATO, A.; ISHIKAWA, F.H. Variabilidade Patogênica e molecular entre isolados de *Colletotrichum lindemuthianum* oriundos de diferentes regiões produtoras do Brasil. In: VIII CONGRESSO NACIONAL DE PESQUISA DE FEIJÃO. **Resumos...** Goiânia – GO: CONAFE, 2005, p. 601-604.

DAVIDE, L.M.C. **Comparação da variedade patogênica dentro da raça 65 de *Colletotrichum lindemuthianum***. Lavras: Universidade Federal de Lavras, 2006. 65p. Dissertação (Mestrado em Agronomia).

DEAN, R.; KAN, J.A.L.V.; PRETORIUS, Z.A.; HAMMOND-KOSACK, K.E.; DI PIETRO, A.; SPANU, P.D.; RUDD, J.J.; DICKMAN, M.; KAHMANN, R.; ELLIS, J.; FOSTER, G.D. The Top 10 fungal pathogens in molecular plant pathology. **Molecular Plant Pathology**, 13:414-430, 2012.

DEL PELOSO, M.J. Antracnose do feijoeiro no Estado de Minas Gerais-Brasil. In: PASTOR-CORRALES, M.A. **La antracnosis del frijól comum, *Phaseolus vulgaris*, en América Latina**. Cali: CIAT, 1992. p. 86-108.

DUFRESNE, M.; PERFECT, S.; PELLER, A.; BALLEY, J.; LANGIN, T. A GAL4-like protein is involved in the switch between biotrophic and necrotrophic phases of the infection process of *Colletotrichum lindemuthianum* on common bean. **The Plant Cell**, 12:1579-1589, 2000.

ECHANDI, E. Principales enfermedades de hongo del frijol (*Phaseolus vulgaris*) en los trópicos americanos em diferentes zonas ecológicas. **Phytopathology**, 8:171-177, 1976.

ELLISTON, J.; KUC, J. WILLIAMS, E.B. Protection of *Phaseolus vulgaris* against anthracnose by *Colletotrichum* species nonpathogenic to bean. **Phytopathology**, 86:117-126, 1976.

EMBRAPA ARROZ E FEIJÃO. **Cultivo do Feijão da Primeira e Segunda Safras na Região Sul de Minas Gerais: Doenças e métodos de controle**. Sistemas de produção, nº 6. Goiânia: Embrapa, 2005. 32p.

FALCONI, E.; OCHOA, J.; PERALTA, E.; DANIAL, D. Virulence patterns of *Colletotrichum lindemuthianum* in common bean in Ecuador. **Annual Report of Bean Improvement Cooperative**, 46:167-168, 2003.

FAO. **Faostat database gateway**. 2013. Disponível em: <<http://www.fao.org>>. Acesso em: 23, novembro, 2013.

FAO. **Faostat database gateway**. 2015. Disponível em: <<http://www.fao.org>>. Acesso em: 16, setembro, 2015.

FELIPIN-AZEVEDO, R.; GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; LACANALLO, G.F.; SOUZA, M.C.M.; CASTRO, S.A.L.; CAIXETA, M.P.; VIDIGAL FILHO, P.S. Analysis of diverse *Colletotrichum lindemuthianum* isolates of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) from Mato Grosso State, Brazil. In: BIENNIAL MEETING OF THE BEAN IMPROVEMENT COOPERATIVE. Portland, 2013. **Resumos...** Portland, Oregon, USA: Bean Improvement Cooperative. 2013. p. 143-144.

FERREIRA, J.J.; CAMPA, A.; PÉREZ-VEJA, E. Reaction of a bean germplasm collection against five races of *Colletotrichum lindemuthianum* Identified in Northern Spain and implications for breeding. **Plant Disease**, 92:705-708, 2008.

FERREIRA, M.C.; DEL PELOSO, M.J.; FARIA, L.C. **Feijão na economia Nacional**. Santo Antônio de Goiás: EMBRAPA, 2002. 47p.

FLOR, H.H. Host-parasite interaction in flax rust – its genetics and other implications. **Phytopathology**. 45:680-685, 1955.

FOUILLOUX, G. L'antracnose du haricot: etude des relations entre les pathotypes anciens et nouveaux. Etude de nouvelles sources de resistance totale. In:

REUNION EUCARPIA HARICOT. Versailles, 1975. **Resumos...** Versailles: Centre National de Recherches Agronomiques, 1975. 37p.

FOUILLOUX, G.L. Anthracnose du haricot (*Colletotrichum lindemuthianum* Sacc. et Magn.): Nouvelles sources de résistance et nouvelles races physiologiques. **Annales De L'Amélioration des Plantes**, 26:443-453, 1976.

FREEMAM, S.; KATAN, T.; SHABI, E. Characterization of *Colletotrichum* species responsible for anthracnose diseases of various fruits. **Plant Disease**, 82:596-605, 1998.

FREIRE, C.N.S.; SILVA, K.J.D.; SOUZA, E.A. Formação de anastomoses entre isolados do agente causal da antracnose do feijoeiro comum. In: CONGRESSO NACIONAL DE PESQUISA DE FEIJÃO. Goiânia, 2005. **Resumos...** Goiânia: EMBRAPA, 2005, p.193-196.

FREYTAG, G.F.; DEBOUCK, D.G. Taxonomy, distribution and ecology of the genus *Phaseolus* (Leguminosae-Papilionoideae) in North America, Mexico and Central America. **SIDA Botany Miscel**, 23:1-300, 2002.

GENCHEV, D.; CHRISTOVA,P.; KIRYAKOV, I.; BELEVA,M.; BATCHVAROVA, R. Breeding of common bean for resistance to the physiological races of anthracnose identified in Bulgaria. **Biotechnology and Biotechnology Equipment**, 24:1814-1823, 2010.

GEPTS, P. Origin and evolution of common bean: past events and recent trends. **HortScience**, 33:1124-1130, 1998.

GEPTS, P.; ARAGÃO, F.J.L.; BARROS, E.DE; BLAIR, M.W.;BRONDANI, R.; BROUGHTON, W.; GALASSO, I.; HERNÁNDEZ, G.; KAMI, J.; LARIGUET, P.; MCCLEAN, P.; MELOTTO, M.; MIKLAS, P.; PAULS, P.; PEDROSA-HARAND, A.; PORCH, T.; SÁNCHEZ, F.; SPARVOLI, F.; YU, K. Genomics of *Phaseolus* beans, a major source of dietary protein and micronutrients in the tropics. In: MOORE, P.H.; MING, R. (eds). **Genomics of tropical crop plants**. Davis: Springer, 2008, p.113-143.

GEPTS, P.; BLISS, F.A. Phaseolin variability among wild and cultivated common beans (*Phaseolus vulgaris*) from Colombia. **Economic Botany**, 40:469-478, 1986.

GLASS, N.L.; JACOBSEN, D.; SHIU, P.K. The genetics of hyphal fusion and vegetative incompatibility in filamentous ascomycetes. **Annual Review of Genetics**, 34:165-186, 2000.

GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; BONETT, L.P.; VIDIGAL-FILHO, P.S.; GONELA, A.; RIBEIRO, A.S. Genetic control on the performance of common bean differential cultivars to *Colletotrichum lindemuthianum* races. **Brazilian Archives of Biology and Technology**, 50:579-586, 2007.

GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; NUNES, M.P.; CRUZ, A.S.; SOUSA L.L.; VIDIGAL FILHO, P.S. Characterization of *Colletotrichum lindemuthianum* isolates from Mato Grosso state, Brazil. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, 52:52-53, 2009.

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.; VIDIGAL FILHO, P.S.; KVITSCHAL, M.V.; GONELA, A.; LACANALLO, G.F. Genetic variability within *Colletotrichum lindemuthianum* race 65 assessed by RAPD markers. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, 51:70-71, 2008b.

GONZÁLES-CHAVIRA, M.; RODRÍGUEZ GUERRA, R.; HERNÁNDEZ-GODÍNEZ, F.; ACOSTA-GALLEGOS, J.A.; DE LA VEGA, O.M.; SIMPSON, J. Analysis of pathotypes of *Colletotrichum lindemuthianum* found in the central region of Mexico and resistance in elite germplasm of *Phaseolus vulgaris*. **Plant Disease**, 88:152-156, 2004.

GONZÁLEZ, M.; RODRÍGUEZ GUERRA, R.; ZAVALA, M.E.; JACOBO, J.L.; HERNÁNDEZ, F.; ACOSTA J.; MARTÍNEZ, O.; SIMPSON, J. Characterization of Mexican isolates of *Colletotrichum lindemuthianum* by using differential cultivars and molecular markers. **Phytopathology**, 88:292-299, 1998.

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

HUBBELING, N. The new iota race of *Colletotrichum lindemuthianum*. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, 20:58, 1977.

ISHIKAWA, F.H.; SILVA, K.J.D.; SOUZA, E.A.; DAVIDE, L.M.C.; FREIRE, C.N.S. Levantamento de raças de *Colletotrichum lindemuthianum* de regiões produtoras de feijão. In: 8º CONGRESSO NACIONAL DE PESQUISA DE FEIJÃO. Goiânia, 2005. **Resumos Expandidos...** Goiânia: Embrapa, 2005. p. 501-504.

ISHIKAWA, F.H.; SOUZA, E.A.; SHOJI, J.; CONNOLLY, L.; FREITAG, M.; READ, N. D.; ROCA, M.G. Heterokaryon Incompatibility is suppressed following conidial anastomosis tube fusion in a fungal plant pathogen. **PLOS ONE**, 7:31175, 2012.

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.

KIMATI, H. **Algumas raças fisiológicas de *Colletotrichum lindemuthianum* (Sacc. et. Magn.) Scrib. que ocorrem no Estado de São Paulo**. Piracicaba: Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 1966. 28p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).

KIMATI, H.; AMORIM, L.; BERGAMIN FILHO, A.; CAMARGO, L.E.A.; REZENDE, J.A.M. **Manual de fitopatologia – Doenças das plantas cultivadas**. 4. ed. São Paulo: Editora Agronômica Ceres Ltda, 1997. 774p.

KIMATI, H.; AMORIM, L.; REZENDE, J.A.M.; BERGAMIN FILHO, A.; CAMARGO, L.E.A. **Manual de fitopatologia – Doenças de plantas cultivadas**. São Paulo: Editora Agronômica Ceres Ltda, 2005. 663p.

KIMATI, H.; GALLI, F. *Glomerella cingulata* (Stonem.) Spauld e Scherenk. f. sp. phaseoli, fase ascógena do agente causal da antracnose no feijoeiro, **Escola Superior de Agronomia Luiz De Queiroz**, 27:411-437, 1970.

KIRYAKOV, L.; GENCHEV, D. New anthracnose races of bean in Bulgaria. **Field Crop Studies**, 2:336-341, 2004.

KIRYAKOV, I.; GENCHEV, D. Races of *Colletotrichum lindemuthianum* in Rhodoppi Mountains, Bulgaria and landraces resistance. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, 52:34-35, 2009.

KOCH, S. ***Colletotrichum* spp. on dry beans and Lupines in South Africa**. University of Pretoria, South Africa, 1996. 56p. (Ph.D. thesis).

KRUGER, J.; HOFFMANN, G.M.; HUBBELING, N. The kappa race of *Colletotrichum lindemuthianum* and sources of resistance to anthracnose in *Phaseolus* beans. **Euphytica**, 26:23-25, 1977.

LATUNDE-DADA, A.O. *Colletotrichum*: tales of forcible entry, stealth, transiente confinement and breakout. **Molecular Plant Pathology**, 2:187-198, 2001.

LESLIE, J.F. Fungal vegetative compatibility. **Annual Review Phytopathology**, 31:2336-2342, 1993.

MAHUKU, G.S.; RIASCOS, J.J. Virulence and molecular diversity within *Colletotrichum lindemuthianum* isolates from andean and mesoamerican bean varieties and regions. **European Journal of Plant Pathology**, 110:253-263, 2004.

MARTÍNEZ-PACHECO, M.M.; SAUCEDO-LUNA, J.; FLORES-GARCÍA, A.; MARTÍNEZ-MUÑOZ, R.E.; CAMPOS-GARCÍA, J. *Colletotrichum lindemuthianum* (Sacc. e Magn.) Scrib. is a potential cellulases producer microorganism. **Review of Latino America Microbiology**, 51:23-31, 2009.

MATHUR, R.S.; BARNETT H.L. LILLY, V.G. Sporulation of *Colletotrichum lindemuthianum* in culture. **Phytopathology**, 40:104-114, 1950.

MENDÉZ-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.

MENEZES, J.R. **Variabilidade patogênica de *Colletotrichum lindemuthianum* (Sacc. et Magn.) Scrib. em *Phaseolus vulgaris* L.** Brasília: Universidade de Brasília, 1985. 65p. Dissertação (Mestrado em Fitopatologia).

MENEZES, J.R.; DIANESE, J.C. Race characterization of Brazilian isolates of *Colletotrichum lindemuthianum* and detection of resistance to anthracnose in *Phaseolus vulgaris*. **Phytopathology**, 78:650-655, 1988.

MENEZES, J.R.; MOHAN, S.K.; BIANCHINI, A. Identificação de raças fisiológicas de *Colletotrichum lindemuthianum* (Sacc. et Magn.) Scrib. no Estado do Paraná. In: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA DE FEIJÃO, 1, 1982, Goiânia. **Resumos...** Goiânia: CNPAF, 1982. p. 297-299.

MENEZES, M. Aspectos biológicos e taxonômicos de espécies do gênero *Colletotrichum*. **Academia Pernambucana de Ciência Agronômica**, 3:170-179, 2006.

MERCADO-RUARO, P.; DELGADO-SALINAS, A.; CHIANG, F. Taxonomic re-assessment of *Phaseolus dasycarpus* (Leguminosae): Systematic position, chromosome studies and re-description. **Brittonia**, 61:8-13, 2009.

MESQUITA, A.G.G.; PAULA JR, T.J.; MOREIRA, M.A.; BARROS, E.G. Identification of races of *Colletotrichum lindemuthianum* with the aid of PCR based molecular markers. **Plant Disease**, 82:1084-1087, 1998.

MESQUITA, F.R.; CORRÊA, A.D.; ABREU, C.M.P.; LIMA, R.A.Z.; ABREU, A.F.B. Linhagens de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.): composição química e digestibilidade protéica. **Ciência e Agrotecnologia**, 31:1114-1121, 2007.

MIKLAS, P.; KELLY, J.D.; BEEBE, S.E.; BLAIR, M.W. Common bean breeding for resistance against biotic and abiotic stresses: From classical to MAS breeding. **Euphytica**, 147:105-131, 2006.

MOHAMMED. **Biology and Control of Bean Anthracnose in Ethiopia**. Department of Plant sciences. University of the Free State, South Africa, 2003. 76p. (Ph.D. Thesis).

MUNCH, S.; LINGNER, U.; FLOSS, D.S.; LUDWIG, N.; SAUER, N.; DEISING, H.B. The hemibiotrophic lifestyle of *Colletotrichum* species. **Journal of Plant Physiology**, 165:41-51, 2008.

MUTH, P.; LIEBENBERG, M.M. Resistance of dry bean to south African races of *Colletotrichum lindemuthianum*. **Annual Report of Bean Improvement Cooperative**, 52:40-41, 2009.

MWESIGWA, J.B. **Diversity of *Colletotrichum lindemuthianum* and reaction of common bean germplasm to anthracnose disease**. Makerere University, 2009. 108p. Thesis (Master of Science).

NUNES, M.P.; GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; LACANALLO, G.F.; COIMBRA, G.K. Comprehension of Genetic Variability and Virulence of *Colletotrichum lindemuthianum* in Common Bean. In: BIENNIAL MEETING OF THE BEAN IMPROVEMENT COOPERATIVE, Portland, 2013. **Resumos...** Oregon, USA: Bean Improvement Cooperative, 2013.

NUNES, M.P.; GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; LACANALLO, G.F.; PEDROSO, J.; COIMBRA, G.K.; VIDIGAL FILHO, P.S.; SOUSA, L.L. Caracterização de Isolados de *Colletotrichum lindemuthianum* oriundos do estado do Paraná. In: 6º CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS, Búzios, 2011. **Resumos...** Búzios: SBG, 2011.

O'CONNELL, R.J. Absence of a specialized interface between intracellular hyphae of *Colletotrichum lindemuthianum* and cells of *Phaseolus vulgaris*. **New Phytopathology**, 107:725-734, 1987.

O'CONNELL, R.J.; THON, M.R.; HACQUARD, S.; AMYOTTE, S.G.; KEEMANN, J.; TORRES, M.F.; DAMM, U.; BUIATE, E.A.; EPSTEIN, L.; ALKAN, N.; ALTÜLLER, J. ALVARADO-BALDERRAMA, L. Lifestyle transitions in plant pathogenic *Colletotrichum* fungi deciphered by genome and transcriptome analyses. **Nature Genetics**, 44:1060-1067, 2012.

O'CONNELL, R.J.; BAILEY, J.A.; RICHMOND, D.V. Cytology and physiology of infection of *Phaseolus vulgaris* by *Colletotrichum lindemuthianum*. **Physiological Plant Pathology**, 27:75-98, 1985.

OLIARI, L.; VIEIRA, C.; WILKINSON, R.E. Physiologic races of *Colletotrichum lindemuthianum* in the state of Minas Gerais, Brazil. **Plant Disease Reporter**, 57:870-872, 1973.

OLIVEIRA, E.A.; ANTUNES, I.F.; COSTA, J.G.C. Bean anthracnose race survey in South Brazil. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, 16:42-43, 1973.

OMBIRI, J.; ZINKERNAGEL, V.; GATHURU, E. M.; ACHWANYA, O. First report of race 485 of *Colletotrichum lindemuthianum* in Kenya and its implication in bean resistance breeding. **Gartenbauwissenschaft**, 67:81–85, 2002.

PADDER, B.A.; SHARMA, P.N.; SHARMA, O.P. Distribution of *Colletotrichum lindemuthianum* Race Flora and its Implication in Deployment of Resistant Sources across Himachal Pradesh. **Research Journal of Agricultural Sciences**, 1:1-6, 2010.

PARADELA FILHO, O.; ITO, M.F.; POMPEU, A.S. Raças fisiológicas de *Colletotrichum lindemuthianum* no Estado de São Paulo. **Summa Phytopathologica**, 17:181-187, 1991.

PARADELA FILHO, O.; POMPEU, A.S. Ocorrência do Grupo Brasileiro I de *Colletotrichum lindemuthianum* da antracnose do feijoeiro no Estado de São Paulo. **Summa Phytopathologica**, 1:195-198, 1975.

PASTOR-CORRALES, M.A. Enfermedades del frijol causadas por hongos. In: LÓPEZ, M.; FERNÁNDEZ, F.; SCHOONHOVEN, A. (eds.). **Frijol: Investigación y Producción**. Cali: PNUD-CIAT, 1985. p. 172-180.

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

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. Variación patogênica de *Colletotrichum lindemuthianum*, el agente causal de la antracnosis del frijol y una propuesta para su estandarización. In: PASTOR-CORRALES, M.A. (eds.). **La antracnosis del frijol común, Phaseolus vulgaris, en América Latina**. Cali: CIAT, 1988. p. 212- 239.

PASTOR-CORRALES, M.A.; ERAZO, O.A.; ESTRADA, E.I.; SINGH, S.P. Inheritance of anthracnose in common bean accession G2333. **Plant Disease**, 78:959-962, 1994.

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.; TU, J.C. Anthracnose. In: SCHWARTZ, H.F.; PASTOR-CORRALES, M.A. **Bean production problems in the tropics**. Cali: CIAT, 1989. p. 77-104.

PAULA JR, T.J.; ZAMBOLIM, L. Doenças. In: VIEIRA, C.; PAULA JÚNIOR, T.J.; BORÉM, A. (eds.). **Feijão: aspectos gerais e cultura no Estado de Minas**. Viçosa: UFV, 2006, 596p.

PEREIRA, H.S.; MELO, L.C.; FARIA, L.C.; PELOSO, M.J.D.; COSTA, J.G.C.; RAVA, C.A.; WENDELAND, A. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de feijoeiro-comum com grãos tipo carioca na Região Central do Brasil **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 44:29-37, 2009.

PERFECT, S.E.; HUGLES, H.B.; O'CONNELL, R.J.; GREEN, J.R. *Colletotrichum* - A model genus for studies on pathology and fungal-plant interactions. **Fungal Genetics and Biology**, 27:186-198, 1999.

PINTO, J.M.A.; PEREIRA, R.; ISHIKAWA, F.H.; SOUZA, E.A. Pathogenicity and virulence structure of *Colletotrichum lindemuthianum* isolates. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, 53:228-229, 2010.

PONTECORVO, G. The parasexual cycle in fungi. **Annual Review of Microbiology**, 10: 393-400, 1956.

QUINTANA-RODRIGUEZ, E.; MORALES-VARGAS, A.T.; MOLINA-TORRES, J.; ÁDAME-ALVAREZ, R.M.; ACOSTA-GALLEGOS, J.A.; HEIL, M. Plant volatiles cause direct, induced and associational resistance in common bean to the fungal pathogen *Colletotrichum lindemuthianum*. **Journal of Ecology**, 103:250–260, 2015.

RAVA, C.A.; MOLINA, J.; KAUFFMAN, M.; BRIONES, I. Determinación de Razas Fisiológicas de *Colletotrichum lindemuthianum* en Nicaragua. **Fitopatologia Brasileira**, 18:388-391, 1993.

RAVA, C.A.; 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.

REY, M.S.; LIMA, N.B.; SANTOS, J.; PIEROBOM, C.R. Transmissão semente-plântula de *Colletotrichum lindemuthianum* em feijão (*Phaseolus vulgaris*). **Arquivos do Instituto Biológico**, 76: 465-470, 2009.

ROCA, M.M.G. **Aspectos citológicos da variabilidade genética em *Glomerella cingulata* (Stonem.) Spauld & Schrenck f. sp. Phaseoli *Colletotrichum lindemuthianum* (Sac & Man) Scriber)**. 1997, 82p. Lavras: Universidade Federal de Lavras, Lavras. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).

ROCA, M.M.G. **Recombinação genética em *Colletotrichum lindemuthianum* por meio de anastomoses entre conídios**. 2002. 138p. Tese Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).

ROCA, M.M.G.; ARLT, J.; JEFFREE, C.E.; READ, N.D. Cell biology of conidial anastomosis tubes in *Neurospora crassa*. **Eukaryotic Cell**, 4:911-919, 2005.

ROCA, M.M.G.; DAVIDE, L.C.; MENDES-COSTA, M.C. Cytogenetics of *Colletotrichum lindemuthianum* (*Glomerella cingulata* f. sp. *phaseoli*). **Fitopatologia Brasileira**, 28:367-373, 2003.

RODRIGUEZ, R.J.; REDMAN, R.S. Molecular transformation and genome analysis of *Colletotrichum* species. In: BAILEY, A.; JEGGER, M.J. (eds.) **Colletotrichum: Biology. Pathology and Control**. Oxford: CAB, 1992. p. 47–76.

RODRÍGUEZ-GUERRA, R.; ACOSTA-GALLEGOS, J.A.; GONZÁLEZ-CHAVIRA, M.M.; SIMPSON, J. Patotipos de *Colletotrichum lindemuthianum* y su implicación en la generación de cultivares resistentes de frijol. **Agricultura Técnica en México**, 32:101-114, 2006.

RODRÍGUEZ-GUERRA, R.; RAMÍREZ-RUEDA, M.T.; MARTÍNEZ DE LA VEGA, O.; SIMPSON, J. Variation in genotype, pathotype and anastomosis groups of *Colletotrichum lindemuthianum* isolates from México. **Plant Pathology**, 52:228-235, 2003.

SALVADOR, C.A. **Feijão - Análise da conjuntura agropecuária**. Secretaria de Estado da Agricultura e do Abastecimento - SEAB. Departamento de Economia Rural DERAL, 2012. 42p.

SANSIGOLO, A.; GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; VIDIGAL FILHO, P.S.; GONELA, A.; KVITSCHAL, M.V. New races of *Colletotrichum lindemuthianum* in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) in Paraná state, Brazil. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, 51:192-193, 2008.

SARTORATO, A. Determinação da variabilidade patogênica do fungo *Colletotrichum lindemuthianum* (Sacc.) Scrib. In: 7º CONGRESSO NACIONAL DE PESQUISA DE FEIJÃO. Viçosa, 2002. **Resumos Expandidos...** Viçosa: CNPAF, 2002. p.114-116.

SARTORI, A.F.; REIS, E.M.; CASA, R.T. Quantificação da transmissão de *Fusarium moniliforme* de sementes para plântulas de milho. **Fitopatologia Brasileira**, 4:456-458, 2004.

SAUPE, S.J. Molecular genetics of heterokaryon incompatibility in filamentous ascomycetes. **Microbiology and Molecular Biology Reviews**, 64:489-502, 2000.

SCHWARTZ, H.F.; GALVEZ, G.E. **Beans production problems: disease, insect, soil and climatic constrains of *Phaseolus vulgaris***. Colombia: CIAT, 1980. 422p.

SHARMA, P.N.; PADDER, B.A.; SHARMA, O.P.; PATHANIA, A.; SHARMA, P. Pathological and molecular diversity in *Colletotrichum lindemuthianum* (bean anthracnose) across Himachal Pradesh, a north-western Himalayan State of India. **Australian Plant Pathology**, 36:191-197, 2007.

SICARD, D.; MICHALAKIS, Y.; DRON, M.; NEEMA, C. Genetic diversity and pathogenic variation of *Colletotrichum lindemuthianum* in the three centers of diversity of its host, *Phaseolus vulgaris*. **Phytopathology**, 87:807-813, 1997.

SINGH, S.P.; GEPTS, P.; DEBOUCK, D.G. Races of common bean (*Phaseolus vulgaris*, Fabaceae). **Economy Botanic**, 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.

SOMAVILLA, L.; PRESTES, A.M. Identificação de patótipos de *Colletotrichum lindemuthianum* de algumas regiões produtoras de feijão do Rio Grande do Sul. **Fitopatologia Brasileira**, 24:416-421, 1999.

SOUZA, E.A.; CAMARGO JR, O.A.; PINTO, J.M.A. Sexual recombination in *Colletotrichum lindemuthianum* occurs on a fine scale. **Genetics and Molecular Research**, 9:1759-1769, 2010.

SOUZA, T.L.P.O.; RAGAGNIN, V.A.; DESSAUNE, S.N.; SANGLARD, D.A.; CARNEIRO, J.E.S.; MOREIRA, M.A.; BARROS, E.G. DNA marker-assisted selection to pyramid rust resistance genes in “carioca” seeded common bean lines. **Euphytica**, 199:303-316, 2014.

SUTTON, B.C. The genus *Glomerella* and Anamorph *Colletotrichum*. In: BAILEY, J.A.; JEGER, M.J. **Colletotrichum**: biology, pathology and control. Wallingford: CAB International/British Society for Plant Pathology, 1992. 388p.

TALAMINI, V.; SOUZA, E.A.; POZZA, E.A.; CARRIJO, F.R.F. Identificação de raças patogênicas de *Colletotrichum lindemuthianum* a partir de isolados provenientes de regiões produtoras de feijão comum. **Summa Phytopathologica**, 30:371-375, 2004.

TALAMINI, V.; SOUZA, E.A.; POZZA, E.A.; SILVA, G.F. Genetic divergence among and within *Colletotrichum lindemuthianum* races assessed by RAPD. **Fitopatologia Brasileira**, 31: 545-550, 2006.

TAVERNIER, V.; CADIOU, S.; PAGEAU, K.; LAUGÉ, R.; REISDORF-CREN, M.; LANGIN, T.; MASCLAUX-DAUBRESSE, C. The plant nitrogen mobilization promoted

by *Colletotrichum lindemuthianum* in *Phaseolus* leaves depends on fungus pathogenicity. **Journal of Experimental Botany**, 58: 3351-3360, 2007.

THAN, P.P.; PRIHASTUTI, H.; PHOULIVONG, S.; TAYLOR, P.W.J.; HYDE, K.D. Chilli Anthracnose disease caused by *Colletotrichum* species. **Journal of Zhejiang University Science B**, 9:764-778, 2008.

THOMAZELLA, C.; GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; VIDA, J.B.; VIDIGAL FILHO, P.S.; RIMOLDI, F. Identification of *Colletotrichum lindemuthianum* races in *Phaseolus vulgaris* L. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, 43:82-83, 2000.

THOMAZELLA, C.; GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; VIDIGAL FILHO, P.S.; SAKIYAMA, N.S.; BARELLI, M.A.A.; SILVÉRIO, L. Genetic variability among *Colletotrichum lindemuthianum* races using RAPD markers. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, 45:44-45, 2002.

VARZEA, V.M.P.; RODRIGUES JUNIOR, C.J.; LEWIS, B.G. Distinguishing characteristics and vegetative compatibility of *Colletotrichum caraway* in comparison with other related species from coffee. **Plant Pathology**, 51:202-207, 2002.

VIEIRA, C. **Doenças e pragas do feijoeiro**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 1983. 231p.

VIEIRA, C.; PAULA JÚNIOR, T.J.; BORÉM, A. **Feijão**: aspectos gerais e cultura no estado de Minas Gerais. Viçosa: UFV, 1998. 596p.

VON ARX, J.A. Die Arten der Gattung *Colletotrichum*. **Phytopathologische Zeitschrift**, 29:413-468. 1957.

WANG, W.; TANG, J.H.; WANG, Y.C. Molecular detection of *Colletotrichum lindemuthianum* by duplex PCR. **Journal of Phytopathology**, 156:431-437, 2008.

WENDLAND, A.; ABUD, R.O.G.; MELO, L.C.; PEREIRA, H.S.; DÍAZ, J.L.C. Intraspecific variability of *Colletotrichum lindemuthianum*. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, 54:108-109, 2011.

YERKES Jr., W.D. Additional new races of *Colletotrichum lindemuthianum* in Mexico. **Plant Disease Reporter**, 42:329-329, 1958.

YERKES Jr., W.D.; ORTIZ, M.T. New races of *Colletotrichum lindemuthianum* in Mexico. **Phytopathology**, 46:564-567, 1956.

ZAMBOLIM, L.; CHAVES, G.M. Doenças do feijoeiro e seu controle. **Informe Agropecuário**, 4:50-52, 1978.

ZAUMEYER, W.J.; THOMAS, H.R. **A monographic study of bean diseases and methods for their control**. Agricultural Technical Bulletin. Washington: USDA, 1957. 255p.