



UNIVERSIDADE FEDERAL DE ALAGOAS – UFAL
INSTITUTO DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS E DA SAÚDE – ICBS

KRISTHIAN BISMARCK FERREIRA DA SILVA

GENES DE RESISTÊNCIA À ANTRACNOSE EM *Phaseolus vulgaris* L.

MACEIÓ,
Agosto 2022

KRISTHIAN BISMARCK FERREIRA DA SILVA

GENES DE RESISTÊNCIA À ANTRACNOSE EM *Phaseolus vulgaris* L.

Trabalho de conclusão de curso, apresentado ao Curso de Licenciatura em Ciências Biológicas, como requisito parcial para obtenção do título de licenciado em Ciências Biológicas.

Orientador: Prof. Dr. Jorge Portella Bezerra.

Maceió,
Agosto 2022

Catálogo na Fonte
Universidade Federal de Alagoas
Biblioteca Central
Divisão de Tratamento

Bibliotecário: Marcelino de Carvalho Freitas Neto – CRB-4 – 1767

S586g

Silva, Kristhian Bismarck Ferreira da.

Genes de resistência à antracnose em *Phaseolus vulgaris* L. / Kristhian
Bismarck Ferreira da Silva. – Maceió, 2022.

39 f. : il.

Orientador: Jorge Portella Bezerra.

Monografia (Trabalho de Conclusão de Curso em Ciências Biológicas:
licenciatura) – Universidade Federal de Alagoas. Instituto de Ciências
Biológicas e da Saúde. Maceió, 2022.

Bibliografia: f. 29-36.

Anexos: f. 37-39.

1. Gene co-1. 2. Gene co-4. 3. Gene co-5. 4. *Phaseolus*. 5. Antracnose. 6.

Colletotrichum. I. Título.

CDU: 575.113

I
Dedicatória

“Em algum lugar, alguma coisa incrível está esperando para ser descoberta.”

Carl Sagan

II

Agradeimentos

A Universidade Federal de Alagoas – (UFAL) e ao Instituto de Ciências Biológicas e da Saúde – (ICBS), pela aquisição de conhecimento pelo corpo docente fundamental para a minha construção profissional e pessoal.

Ao meu orientador Dr. Jorge Portella Bezerra pela confiança e paciência.

A minha Família pela compreensão e incentivo.

Aos meus amigos mais caros e antigos da Távola de Vidro, Allan K. Correia, Danilo B. Pinto, Érico Campos, Kristhofee F. Ferreira e Sérvulo R. B. Rolim. Obrigado pelo apoio e incentivo desde época da escola, conselhos e pelas histórias compartilhadas.

Aos meus amigos da Exile, Allan C. Felix, Artur A. Melo, Elvis M. Xavier, J. Fernando Barbosa, obrigado pelas ajudas quando precisei e oportunidades de projetos e eventos, e todos outros do ônibus da faculdade pelas ótimas conversas que sempre tornou as viagens mais leves e divertidas.

Aos Amigos, colegas e professores do Curso de Licenciatura em Ciências Biológicas, alguns que vou levar para vida toda obrigado pela ajuda em todos os trabalhos, indicações e conselhos, José Alysson, Camila R. Bezerra, Luana A. Campos, J. Jackson Vilela. E o Prof. Saulo Nicássio que me acompanhou em quase todas as disciplinas pedagógicas desde o primeiro período.

Aos meus colegas de trabalho da escola municipal Ana Neri Malheiros, Prof. Edylma Santos, José Alves, Vice-diretora Rosilene, Susane Vasconcelos, obrigado pelas assistências, confiança e suporte no trabalho.

E a aos meus alunos do nono ano, em especial Ana Roberta Santos, Aylla C. Firmino, Bruno N. Santos, Erik dos Reis Santos, M. Luysa Leite, Ruan G. Sabino, Sabrina R. Santos e Yan R. Guimarães que são meus orientandos de iniciação científica e me inspiram a ser um professor cada vez melhor, e me faz ter certeza da carreira que escolhi.

III

Resumo

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é a leguminosa mais consumida no mundo e o Brasil é o maior produtor desse grão. Apesar da importância econômica e social, a cultura apresenta perdas significativas em sua cadeia produtiva, dentre as principais, a mais impactante é a baixa capacidade produtiva por área plantada, além disso, os produtores enfrentam rotineiramente o dilema do uso de agroquímicos em excesso versus o ataque de pragas e doenças. Dentre os agressores dessa planta, destacamos o fungo *Colletotrichum lindemuthianum* (Sacc. e Magnus) Lams.-Scrib., Agente etiológico que causa a doença antracnose e que pode gerar perdas de até 100% nas lavouras do feijoeiro. A forma mais eficiente de lidar com essa doença é a prevenção do seu estabelecimento e isso pode ser conseguido através da incorporação de genes de resistência, nos programas de melhoramento genético, com a incorporação desses genes às linhagens de elite, visando aliar produtividade com saúde fitossanitária. Existem cerca de quatorze genes que conferem resistência ao patógeno, são os chamados genes “Co” (de *Colletotrichum*). Neste trabalho, selecionaram-se três genes “Co”, Co-1, Co-4 e Co-5, e realizou-se uma revisão narrativa dos últimos 20 anos, para analisar o potencial de gerar resistência à antracnose em feijoeiro de cada um dos três genes. A escolha foi baseada na importância e potencial dos genes para os programas de melhoramento do feijoeiro, particularmente no Brasil. Obtivemos pouco mais de 70 artigos e teses; após as rodadas de seleção, nos textos, observamos que há uma grande diferença de potencial de resistência em cada gene e que cada um deles tem seus próprios alelos, que ampliam ainda mais a sua eficiência nos programas de melhoramento. Verificou-se também que os três genes são importantes na promoção de resistência do feijoeiro à antracnose e que a combinação dos três, ou de dois deles, desde que Co-1 seja um dos componentes, é muito promissora em programas de melhoramento que utilizam piramidização de genes.

Palavras-chave: Gene co-1; gene co-4; gene co-5; *phaseolus*; *antracnose*; e *Colletotrichum lindemuthianum*.

IV ABSTRACT

Common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) is the most consumed legume in the world and Brazil is the largest producer of this grain. Despite the economic and social importance, the crop presents significant losses in its production chain, among the main ones, the most impacting is the low productive capacity per planted area, in addition, producers routinely face the dilemma of using agrochemicals in excess versus attack by pests and diseases. Among the aggressors of this plant, we highlight the fungus *Colletotrichum lindemuthianum* (Sacc. and Magnus) Lams.-Scrib., a pathogen that produces anthracnose and can generate losses of up to 100% in bean crops. The most efficient way to deal with this disease is to prevent its establishment and this can be achieved through the incorporation of resistance genes in genetic improvement programs with the incorporation of resistance genes to elite strains, aiming to combine productivity with health. phytosanitary. There are about fourteen genes that confer resistance to the pathogen, they are the so-called “Co” genes (from *Colletotrichum*). In this work, we selected three “Co” genes (Co-1, Co-4 and Co-5) and carried out a narrative review of the last 20 years to analyze the potential to generate resistance to anthracnose in common bean from each of the three genes. The choice was based on the importance and potential of genes in common bean breeding programs, particularly in Brazil. We obtained just over 70 articles and theses after the selection rounds, in which we observed that there is a large difference in resistance potential between them and that each of them has its own alleles that further increase its efficiency in breeding programs. It was found that the three genes are important in the promotion of bean resistance to anthracnose and that the combination of the three, or two of them, provided that Co-1 is one of the components, is very promising in breeding programs that use gene pyramiding.

Key words: Gene co-1; gene co-4; gene co-5; *phaseolus*; *antracnose*; and *Colletotrichum lindemuthianum*.

V
SÚMARIO

Resumo.	5.
1. Introdução	9.
2. Objetivo geral	9.
2.1 Objetivos específicos	9.
3. Revisão da literatura	10.
3.1 Cultura do feijoeiro	10.
3.2 O Patógeno	12.
3.3 Melhoramento Genético	14.
4. Método	15.
5. Desenvolvimento	17.
5.1 Gene Co-1	17.
5.2 Gene Co-4	21.
5.3 Gene Co-5	25.
6. Considerações finais	28.
Referências	29.
Anexos	37.

VI
Lista de Figuras

Figura 1 Mapa de ligação de Co-01 e de Co-0437.

VII
Lista de Tabelas

Tabela 1, Pesquisa Bibliografica 16.
Tabela 2, Gene e *Pool* Gênico 38.
Tabela 3 Reação à antracnose.....39.

1 INTRODUÇÃO

A humanidade abandonou a vida nômade e se dedicou a criar e manipular a vida de outras espécies de animais e plantas há cerca de 10 mil anos atrás. A partir daí, começamos o processo de seleção das plantas que seriam cultivadas; do amanhecer ao entardecer, os humanos espalhavam sementes, arrancavam ervas daninhas e aguardavam as plantas crescerem, esse período ficou conhecido como revolução agrícola (HARARI, 2015). De lá para cá, a agricultura evoluiu bastante, até chegar aos dias de hoje, onde temos dezenas de culturas diferentes e algumas delas, sendo produzidas aos milhões de toneladas. Nesse cenário, a cultura do feijoeiro se destaca e o Brasil assume um importante papel dentre as nações produtoras, ostentando o título de maior produtor mundial dessa leguminosa, estando a safra 2021/2022, estimada em cerca de três milhões de toneladas (CONAB – Companhia Nacional de Abastecimento, 2022). Por ser cultivado durante todo o ano, muitos fatores podem limitar a produção de feijão, principalmente os aspectos fitossanitários. O crescimento do agronegócio e a demanda por tecnologia têm impulsionado profissionais a se unirem em esforços contínuos para desenvolver e propor alternativas para o manejo das doenças da cultura (DALLA PRIA e SILVA, 2018). O feijão é uma importante fonte de carboidratos e proteínas (PEREIRA et al., 2014), sendo a principal fonte proteica com grande acessibilidade social (AIDAR, 2003). O grão, possui ainda significativa quantidade de minerais e de outros nutrientes (SINGH e SINGH, 1992), como vitaminas essenciais, a exemplo da tiamina (vitamina B1), que ajuda num bom funcionamento do sistema nervoso, coração e músculos (RIVERA et al., 2016). Ou seja, é uma planta de alta relevância para a alimentação humana, tanto no aspecto nutricional como no aspecto econômico e cultural do Brasil, pois é um dos alimentos básicos na dieta brasileira com diversos pratos típicos presentes no país. O presente trabalho teve como objetivo principal analisar a importância de três genes de resistência a antracnose em feijoeiro e as suas utilizações no melhoramento genético dessa cultura.

2 OBJETIVO GERAL

Revisar os principais genes de resistência à antracnose em feijoeiro, com ênfase nos genes Co-01, Co-04 e Co-05.

2.1 OBJETIVOS ESPECÍFICOS

Descrever a importância relativa dos genes Co-01, Co-04 e Co-05 nos programas de melhoramento de *Phaseolus vulgaris*, citar os marcadores moleculares utilizados na identificação desses genes e, quando possível, relatar a localização cromossômica de cada um

dos três genes, elencando os marcadores dos genes para resistência de *P. vulgaris* L., focando nos genes Co-1, Co-4 e Co-5.

3 REVISÃO DE LITERATURA

3.1 Cultura do feijoeiro

O feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma planta originária das Américas que há vários séculos foi domesticada por povos indígenas (MENSACK et al., 2010). Acredita-se que o *P. vulgaris* selvagem, se originou na Mesoamérica e está distribuído, desde o norte do México, até o noroeste da Argentina (BELLUCCI et al., 2014). Há dois centros primários de diversidade genética ou *pools* gênicos (*Pool* gênico é o conjunto de todos os alelos de uma determinada população ou espécie que, num dado momento, ocupa uma determinada área geográfica, em que seus indivíduos trocam livremente entre si os seus genes, e que formarão a base para o fundo genético da geração seguinte), o Andino e o Mesoamericano, sugeridos por SINGH (1991). No centro primário Andino, os feijões apresentam, como características, a grande diversidade de cores, formatos e grãos de tamanho grande, similares à cultivar Jalo (VIEIRA et al., 2006). Segundo Bellucci e colaboradores (2014), os dois *pools* gênicos se formaram antes da domesticação da espécie ocorrer.

Como o feijão é um elemento importante na autossuficiência das populações rurais, a variação nas formas de cultivo, uso e formas de preparo para consumo é grande.

As espécies do gênero *Phaseolus* estão entre as mais cultivadas no mundo e dentre as espécies do gênero, cinco são cultivadas (*Phaseolus acutifolius*, *Phaseolus dumosus*, *Phaseolus lunatus* L., *Phaseolus mungo* L., e *Phaseolus vulgaris* L.) (AIDAR, 2003).

Apesar de o Brasil não ser um centro primário de diversidade genética, os marcadores moleculares indicam que há uma ampla variabilidade genética da espécie no país, que pode ser justificada pela introdução da cultura no período anterior e posterior à colonização europeia. Portanto, de acordo com BURLE (2010) o país pode ser considerado um centro secundário de diversidade dessa espécie.

O feijoeiro é uma leguminosa que pertence à família Fabaceae; a planta é diploide ($2n = 22$) é autógama e também pode realizar fecundação cruzada numa taxa de cerca de até 5% (BURLE et al., 2010). *P. vulgaris* é uma herbácea trepadeira, cujo ciclo de vida varia de 65 a 120 dias, conforme as características das cultivares e as condições da época de cultivo. Apresenta dois tipos de hábito de crescimento: determinado ou indeterminado.

- Plantas de crescimento determinado após o início do florescimento, a planta cresce pouco e não mais se ramifica. O florescimento ocorre praticamente ao mesmo tempo, em toda a extensão da planta. Desenvolve vagens e grãos no topo e na base da planta. As folhas do topo da planta são praticamente iguais às demais em tamanho. E apresenta um racemo longo e com muitas vagens no nó terminal.
- As plantas de crescimento indeterminado, até o início do florescimento, apenas cerca de metade da estatura final das plantas é atingida, portanto, após esse estágio, a planta ainda apresenta grande crescimento, podendo dobrar sua estatura até a maturação, o florescimento ocorre de forma escalonada, de baixo para cima na planta. Assim, pode-se ter vagens bem desenvolvidas na base e, ao mesmo tempo, flores no topo da planta. O desenvolvimento das vagens e dos grãos ocorre de baixo para cima. As vagens e os grãos da metade inferior das plantas são mais adiantados do que os de cima. As plantas crescem e se ramificam, mesmo durante o florescimento, a formação das vagens e o enchimento dos grãos. As folhas do topo são menores que as folhas das demais partes da planta (DALLA PRIA e SILVA, 2018) Nestes últimos anos, houve uma crescente evolução tecnológica da cultura com a adoção de várias práticas de manejo com o intuito de aumentar o potencial produtivo, principalmente, pela utilização de novas cultivares que apresentam características de estabilidade e adaptabilidade às variações das condições fitossanitárias e ambientais (GUARNIEI et al., 2009).

No Brasil, dentre as cultivares mais plantadas, destaca-se a BRS FC104, cultivar de feijão tipo carioca super precoce (MELO et al., 2017), apesar disso, a produtividade nacional ainda é considerada baixa, porque a cultura é afetada por várias doenças (MARCONDES, SANTOS e PEREIRA, 2010), são mais de 45 tipos de doenças que incidem sobre o feijoeiro-comum podendo restringir à sua produção (PAULA JÚNIOR e ZAMBOLIM, 1998).

Dentre essas doenças destaca-se a antracnose, que acomete a cultura e é causada pelo fungo ascomiceto *Colletotrichum lindemuthianum* (Sacc. e Magnus) Lams-Scrib. (MARCONDES, SANTOS e PEREIRA, 2010). A antracnose se caracteriza pela presença de lesões necróticas de coloração marrom-escura nas nervuras da face inferior da folha, mas o patógeno pode atacar todas as partes aéreas do feijoeiro, incluindo sementes, vagens, folhas e caule (CAMPA et al., 2014).

3.2. O patógeno

Ano após ano, surgem perdas de produtividade na cultura do feijoeiro, geralmente, por conta da vulnerabilidade da cultivar empregada, que é susceptível a uma determinada doença ou praga local.

No Brasil, as doenças mais presentes são a mancha angular (*Xanthomonas campestris* pv.), a ferrugem (fungos da ordem *Pucciniales*), o mofo branco (*Sclerotinia sclerotiorum*), a murcha de fusarium (*Fusarium oxysporum* f.sp.), o mosaico dourado (*Bean Golden Mosaic Virus*), o crestamento bacteriano (*Pseudomonas savastanoi* pv. *phaseoli*) e a antracnose (*Colletotrichum lindemuthianum*) (VIEIRA, 2015).

A antracnose é uma doença muito comum em nosso país e todos os anos ocorrem pequenos surtos. Conhecida pelos agricultores pelo seu nome mais popular “ferrugem”, é causada pelo fungo *Colletotrichum lindemuthianum* (Sacc. e Magnus) Lams-Scrib. Esse fungo foi descrito pela primeira vez por Saccardo e Magnus, em 1878, como *Gloeosporium lindemuthianum*. Scribner modificou o gênero para *Colletotrichum*, sendo o agente etiológico conhecido como *Colletotrichum lindemuthianum* (Sacc. e Magn.) Lams-Scrib (VIEIRA, 2015).

A antracnose, causada por espécies do gênero *Colletotrichum*, é considerada uma das doenças mais graves que atingem a cultura do feijão no Brasil (DALLA PRIA e SILVA, 2018). Sendo a principal cultivar, BRS FC104, moderadamente susceptível à antracnose (MELO et al., 2017). A caracterização e hierarquização das medidas adotadas no controle do patógeno constituem informações importantes na diminuição dos prejuízos causados por esse fungo.

No Brasil, temos registros de sua ocorrência nos estados de Alagoas, Sergipe, Pernambuco, Bahia, Paraíba, Rio Grande do Sul, Santa Catarina, Paraná, São Paulo, Minas Gerais, e Espírito Santo (Embrapa, 2020). 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, 2018). As perdas geradas pelo ataque de *C. lindemuthianum*, podem chegar a até 100% em locais onde há condições favoráveis ao desenvolvimento da doença (SINGH e SCHWARTZ, 2010). Com isso, é importante a adoção de métodos integrados de controle da doença, como a utilização de sementes saudáveis, rotação de cultura, eliminação de restos culturais e, principalmente, a adoção de cultivares resistentes, sendo esta última, considerada uma estratégia eficiente e acessível aos produtores (SUTTON, 1992; DILLARD e COBB, 1993).

Para se alcançar uma melhor produção, é importante que sejam desenvolvidas cultivares mais resistentes e para isso é necessário um investimento em técnicas de melhoramento. Segundo Vieira (2015):

Em programas de melhoramento genético, que visam a resistência a doenças, a obtenção de cultivares resistentes se torna um dos objetivos primordiais, uma vez que o patógeno que provoca a doença apresenta alta variabilidade patogênica. Para tal, a utilização de marcadores moleculares, para a identificação de alelos de resistência, possibilita a seleção em várias etapas no melhoramento de plantas.

O investimento no melhoramento genético vegetal é, em geral a melhor estratégia de controle de patógenos de plantas, por possibilitar uma proteção de longo prazo, gerar uma economia nos custos de produção e um aumento na produtividade, além de trazer benefícios indiretos para o meio ambiente e para a saúde do agricultor, pois gera uma menor necessidade do uso de agroquímicos nas diversas etapas do cultivo (ROVARIS et. al, 2019).

3.3. Melhoramento Genético

O melhoramento genético visando a resistência a doenças é uma estratégia viável economicamente, porém, tem como desafio, considerar no seu planejamento e execução, a ampla variabilidade dos patógenos. Isso representa um dos obstáculos aos programas que visam obter genótipos com resistência a um amplo espectro de patógenos e, ainda, que essa resistência seja durável (RAGAGNIN, 2001). Os programas de melhoramento, que visam estabelecer resistência, buscam gerar uma interação incompatível entre a cultura vegetal e um determinado patógeno. Interações incompatíveis significam resistência da planta ao patógeno (CORDEIRO e SÁ, 1999).

Atualmente conhecemos 14 *loci* de resistência à antracnose que já foram caracterizados e descritos na literatura, os quais são denominados Co (iniciais do nome do patógeno *Colletotrichum lindemuthianum*), conforme nomenclatura proposta por Young e Kelly (1996): Co-1, Co-2, Co-3, Co-4, Co-5, Co-6, Co-8, Co-11, Co-12, Co-13, Co-14, Co-15, Co-16, Co-17. Os *loci* inicialmente identificados como Co-7, Co-9 e Co-10 foram posteriormente considerados como alelos de Co-3 (Co-3⁵, Co-3³, e Co-3⁴), bem como foram identificadas séries alélicas para quatro destes *loci*: Co-1, Co-3, Co-4 e Co-5 (VIEIRA, 2015).

Dentre os genes de resistência, focamos este trabalho em três deles, Co-1, Co-4 e o Co-5 que estão entre os mais importantes, pois conferem proteção contra a maioria das raças presentes nas principais regiões produtoras (ISHIKAWA et al., 2005). Dessa forma, uma pirâmide (piramidização é uma técnica que tem como objetivo, a acumulação de genes em uma linhagem ou cultivar, através de cruzamentos entre indivíduos portadores dos genes desejados), com esses genes é altamente desejável, pois a cultivar obterá resistência a praticamente todas as raças do patógeno, e por esse motivo nossa revisão é voltada ao estudo desses três genes de resistência.

4 MÉTODO

Este trabalho contempla uma pesquisa bibliográfica que teve o intuito de produzir uma revisão narrativa que buscou fazer uma análise meticulosa e ampla das publicações correntes na área, com o objetivo de esclarecer as características de cada um dos três genes abordados e o seu uso no melhoramento genético das cultivares de feijoeiro, correlacionando-as com os respectivos marcadores genéticos.

O projeto seguiu alguns critérios, sendo o primeiro deles, a seleção de artigos, a priori, dos últimos 20 anos (2000-2020).

Foi usado para seleção de artigos nas bases de dados as plataformas Google Acadêmico, Scielo e Periódicos Capes. Além de repositórios de universidades como os da USP, UFPE, UFMG onde consultamos algumas teses e dissertações.

Fizemos duas rodadas de seleção bibliográfica, a primeira mais abrangente, usando as palavras chaves: *phaseolus and antracnose*; feijoeiro e antracnose; genes de resistência a antracnose em feijoeiro, *Colletotrichum lindemuthianum*, melhoramento genético do feijoeiro, anthracnose bean; *Colletotrichum lindemuthianum* and *Phaseolus*; anthracnose resistance genes in common bean; bean genetic improvement. De cada obra obtida na busca, foi analisado o seu resumo ou abstract, para decidir se seria incluída na revisão. E a segunda, mais específica, usando os descritores apresentados na tabela 1, na plataforma Periódicos Capes, incluindo artigos publicados nos últimos cinco anos.

Tabela 1, resultados da pesquisa bibliografica.

Local de pesquisa	Palavras-chave	Resultados	Selecionados
Scielo	<i>Phaseolus and antracnose</i>	106	8
Scielo	Genes de resistência a	45	8
Google acadêmico	<i>Colletotrichum lindemuthianum and Phaseolus</i>	2214	12
Google acadêmico	Melhoramento genético do feijoeiro	7522	11
Scielo	<i>Anthracnose resistance genes in common bean</i>	82	8
Google acadêmico	<i>Anthracnose resistance genes in common bean</i>	3200	10
Periódicos Capes	Co-1 gene <i>Phaseolus vulgaris</i>	27 resultados	5
Periódicos Capes	Co-4 gene <i>Phaseolus vulgaris</i>	23 resultados	5
Periódicos Capes	Co-5 gene <i>Phaseolus vulgaris</i>	20 resultados	4

F

oram selecionados alguns autores com publicação fora desse corte temporal devido a sua ampla

experiência com o cultivo e melhoramento de *P. vulgaris*, como os autores Carneiro e Singh, que possuem trabalhos dentro e fora desse corte de 20 anos e outros que também são considerados referências, pois, sobre cada gene foi mencionada a primeira citação. Também foram incluídos trabalhos referentes às instituições nacionais que trabalham e tem relação direta ou indireta com a cultura do feijoeiro, tanto no melhoramento genético quanto no monitoramento, como a Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa), a Companhia Nacional de Abastecimento (Conab) e o Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (IBGE), com o intuito de formar texto base o mais fiel possível ao cenário atual da cultura do feijoeiro no Brasil.

Os critérios eliminatórios usados na seleção de artigos foram basicamente os mesmos em ambas as fases de seleção, o primeiro parâmetro foi o corte temporal de 2000 a 2020, o segundo a existência de texto completo disponível, o terceiro ser sobre a interação patógeno-hospedeiro entre *C. lindemuthianum* e *P. vulgaris*; o último critério, que foi usado apenas na segunda etapa, foi tratar especificamente dos genes Co-1, Co-4 e Co-5.

5 Desenvolvimento

Esta revisão está organizada em tópicos sobre os três *loci* de resistência à antracnose em feijão comum, com informações atualizadas disponíveis para os genes de cada *locus* apresentado, sobre a origem, alelos, marcadores e localização., disposta em um formato que se configure útil para futuras revisões e consultas de estudantes, fitopatologistas e geneticistas.

5.1 *Locus* Co-1

Origem: O gene Co-1, originalmente chamado de gene A, foi descrito pela primeira vez há mais de cem anos por Barrus, em seu trabalho “Well's Red Rim” (1915). O gene Co-1 foi o primeiro gene de resistência a doença descrito em feijão comum e o primeiro genótipo associado a uma raça de patógeno, pois foi possível observar a interação demonstrada entre este gene e isolados do agente causal da antracnose, como ficou evidenciado em trabalhos realizados no início do século XX e, portanto, mesmo antes dos métodos modernos de análise (BARRUS, 1911, 1915, 1918; BURKHOLDER, 1918, 1923; McROSTIE, 1919).

O gene Co-1 representa o único *locus* originário no *pool* gênico andino dentre os genes do grupo “Co” de *P. vulgaris* (KELLY e VALLEJO, 2004). Dentre todos os *loci* caracterizados como de resistência à antracnose, várias pesquisas buscaram outras fontes de resistência de origem andina, esses estudos avançaram bastante e em muitos desses trabalhos, os pesquisadores obtiveram sucesso em descrever outros genes da região andina, no entanto, nem todos foram denominados como genes Co (MARCON et al, 2020).

Diacol Calima, uma cultivar de origem andina, exibiu os mesmos espectros de resistência que MDRK (*Michigan Dark Red Kidney*) à inoculação com mais de 30 isolados do patógeno da Europa e Colômbia, sugerindo que também possui genes de resistência (SCHWARTZ et al., 1982).

O genótipo andino Jalo EEP558, usado como parental para construir o mapa de ligação integrado do feijão, demonstrou carregar um gene principal no *locus* Co-1 (KELLY e VALLEJO, 2004).

Vallejo e colaboradores (2003), utilizaram dez diferentes raças de *C. lindemuthianum*, em diversos experimentos e, dos alelos relatados, a grande maioria apresentou susceptibilidade ao patógeno, exceto o alelo transportado por MDRK (Co-1), levando a conclusão de que a cultivar também possui o mesmo alelo no *locus* Co-1 como MDRK. Outras cultivares andinas altamente resistentes, como 'PC 50', têm um padrão de resistência semelhante ao da cultivar Kaboon (BALARDIN e KELLY, 1998), mas a presença do *locus* Co-1 na 'PC 50' não pôde ser confirmada em estudos de herança (KELLY e VALLEJO, 2004).

Em um estudo mais recente foram utilizadas outras cultivares mais populares no cenário atual, a cultivar “rosinha” e a “cometa”, foram cruzadas e as frequências fenotípicas das plantas resistentes e suscetíveis foram observadas nas populações segregantes e submetidas ao teste do qui-quadrado (χ^2), para complementar a análise, foram obtidos dados fenotípicos, do cruzamento da geração F2 e F2:3 (cruzamento Rosinha G2 \times BRS Cometa) e as segregações obtidas foram de 3R_: 1rr e 1RR: 2Rr: 1rr, respectivamente, para aferir se o gene de resistência é dominante (MORAIS, 2018).

Alelos: do gene Co-1: Três cultivares de feijoeiro andinas; MDRK, Perry Medula e Kaboon carregam alelos diferentes no *locus* Co-1 (MORAES, 2018). Além do alelo Co-1 em MDRK, dois outros alelos Co-1² e Co-1³, presentes nas cultivares diferenciais Kaboon (Corrida Nueva Granada), Perry Medula, respectivamente, foram relatados no *locus* Co-1 (MELOTTO e KELLY, 2000). Um quarto alelo, Co-1⁴, foi relatado na cultivar andina AND 277 (Alzate-Marin et al., 2003); Dessa forma, considera-se que elas se destacaram como potenciais fontes de resistência à antracnose na região andina (KELLY e VALLEJO, 2004).

Um quinto alelo experimental, Co-1⁵, na cultivar MA Widusa, foi proposto por Gonçalves-Vidigal e colaboradores em 2003, tendo sido descrito como ligado ao *locus* de resistência presente no cromossomo Pv01, esse alelo foi, também, alinhado no genoma de *P. vulgaris* no citado cromossomo da variedade Andina G19833, versão 2.0 dessa cultivar (SCHMUTZ et al., 2014), e também no genoma da variedade Mesoamericana BAT 93, disponível no NCBI (*National Center for Biotechnology Information*) (VLASOVA et al., 2016), com o intuito de obter informações sobre a posição física dos marcadores e, conseqüentemente, a construção do mapa físico.

Recentemente, posições genéticas e físicas dos genes que conferem resistência às raças 6, 38, 39, 357, 65 e 73 do patógeno, bem como as relações entre os genes de resistência identificados e os co-genes descritos anteriormente, foram localizadas nas regiões teloméricas do cromossomo Pv01. A análise de ligação usando um mapa genético de 497 SNPs (*Single nucleotide polymorphism*, as SNP são um tipo de variação genética comum em animais e plantas; cada SNP representa uma diferença em um único nucleotídeo), da população de linhagens recombinantes das cultivares Xana/BAT93 revelou que o gene que confere resistência à raça 65 na cultivar Xana (Co-165- X) estava localizado no *cluster* Co-1 (*Cluster* é um agrupamento de genes geralmente relacionados entre si), na região distal da extremidade do cromossomo Pv01 (MURUBE, CAMPA e FERREIRA, 2019).

Kelly e Vallejo (2004), consideraram que, provavelmente, existem no germoplasma andino, outros alelos a serem descritos e, também, consideraram que os genes dominantes são os principais condicionantes da resistência à antracnose. A ocorrência de resistência recessiva padrão em um genótipo previamente identificado como sendo controlado por genes de resistência dominantes, resulta da presença de uma série multi-alélica no *locus* de resistência, onde uma ordem de dominância foi estabelecida entre os alelos do *locus* (MELOTTO e KELLY, 2000; MIKLAS *et al.*, 2000). Esses autores optaram por evocar uma interpretação tradicional (relação entre recessivo e dominante) de uma série alélica em um *locus*, como no caso dos 10 alelos descritos no *locus* Co-1. Provavelmente, existem no germoplasma andino, outros alelos a serem descritos, considerando-se que os genes dominantes são os principais condicionantes da resistência à antracnose (KELLY e VALLEJO, 2004).

Segundo os estudos de Kelly e Vallejo (2004):

A inversão da dominância pode ser observada em populações segregantes inoculadas com a raça 130 e pode ser explicada como uma série multialélica que reside no *locus* Co-1 com diferentes graus de dominância entre os alelos. A reversão da dominância é observada na mesma cultivar resistente devido às relações de dominância que existem entre os alelos segregantes na população, após a inoculação com diferentes raças do patógeno. Como resultado, resistência recessiva é relatada desde que o alelo ativo confira resistência à uma raça em particular do patógeno ao qual o alelo dominante é suscetível. Nos cruzamentos de complementação, a questão do alélismo versus ligação em um *locus* sempre existirá em pequenas populações segregantes (<200 indivíduos).

Marcadores moleculares: são utilizados como ferramentas que auxiliam na seleção indireta de genes R (genes de resistência), eles nos possibilitam a identificação e caracterização de fontes de resistência, através da seleção de genótipos que contenham regiões associadas à resistência ou regiões específicas de interesse, pois, geralmente, os genótipos que vieram dos processos de melhoramento tendem a ser semelhantes fenotipicamente (BERALDO et al., 2009). Apesar da singularidade do *locus* Co-1 como o único representante de resistência à antracnose oriundo do *pool* gênico andino, marcadores ligados a esse *locus* foram difíceis de serem encontrados (MELOTTO et al., 2000).

Dois marcadores em arranjo de repulsão (quando os marcadores não estão localizados no mesmo membro do par de cromossomos homólogos) foram relatados (MENDOZA et al., 2001) e um marcador STS (*Sequence Tagged Site*) codominante, SEACT/MCCA, foi identificado como estando ligado ao *locus* Co-1.

Localização no mapa: O *locus* andino Co-1 foi mapeado para o grupo de ligação B1 usando SEACT/MCCA (Figura 1), e os dados confirmaram a localização de Co-1 em B1 (MENDEZ de VIGO 2001), que utilizaram o SEACT/MCCA como marcador de repulsão para mapear Co-1 (YOUNG e KELLY, 1997). Evidência indireta vem do posicionamento de dois *loci* investigados provisoriamente chamados de Co-x e Co-w para B1, ambos os *loci* vêm da cultivar Jalo EEP558, utilizada como parental na população de mapeamento (KELLY e VALLEJO, 2004).

O *locus* Co-1 está localizado perto da região telomérica. O gene de resistência localizado nas proximidades do Co-1 é o gene Andino Ur-9 na cultivar ‘PC 50’ que condiciona a resistência à ferrugem do feijão (causada pelo patógeno *Uromyces appendiculatus*) (KELLY et al., 2003). Recentemente, em 2019, os resultados obtidos em análise com SNPs, nas cultivares Xana, Cornell49242, AND277 e Ouro Negro, indicaram que o gene de resistência estava localizado no final do cromossomo Pv01, intimamente ligado ao marcador CV542014 (em uma frequência de recombinação de 2,1 cM), que foi posicionado fisicamente em 49,79 MB. Este gene está posicionado em torno dos marcadores 49, 46-49, 76 Mb do genoma do feijoeiro. Esta posição genética corrobora com a localização encontrada na população resultante do cruzamento RIL Xana × Cornell49242 para o gene Co-1. Este mesmo marcador, CV542014 está próximo ao alelo Co-1⁴ (0,7 cM) na população resultante do cruzamento AND277 × Ouro Negro (MURUBE, CAMPA e FERREIRA, 2019).

Valor Genético: O *locus* Co-1 está presente na maioria das cultivares oriundas da região andina pesquisadas, com diferenças alélicas existentes entre as cultivares. Esse *locus*, no entanto, é muito valioso no melhoramento de variedades de feijoeiro de origem mesoamericana, particularmente naqueles países onde as cultivares mesoamericanas predominam e são vulneráveis ao patógeno (BALARDIN et al., 1997; BALARDIN e KELLY, 1998). O *locus* Co-1 é único em importância para os melhoristas desenvolverem pirâmides de genes com genes de ambos os *pools* gênicos de *P. vulgaris*. Entre os quatro alelos confirmados descritos no *locus* Co-1, o alelo Co-1² oferece uma base mais ampla de resistência, mas parece ter sido menos usado pelos melhoristas (KELLY e VALLEJO, 2004). Cultivares provenientes de fora da região andina e oriundas de países como a República Dominicana, por exemplo (PASTOR-CORRALES et al., 1995; BALARDIN e KELLY, 1998) e, também, em cultivares do norte da Espanha, possuem alto nível de susceptibilidade (FERREIRA et al., 1998). Os melhoristas desses países devem ter cuidado ao escolher alelos de resistência no *locus* Co-1, pois há diferenças alélicas em relação às raças locais do fungo. Pela sua eficácia contra a raça mesoamericana 73 de *C. lindemuthianum* prevalente na América do Norte, o gene Co-1 foi introduzido com sucesso na cultivar MA Black de feijão e também na Jaguar, Phantom e Raven, e em cultivares de feijão comercializadas na América do Norte, como a Newport e a Marítimo (BEAVER et al., 2003).

5.2 *Locus Co-4*

Origem: O gene Co-4, anteriormente conhecido pelo nome de Mexique 2, foi descrito por Fouilloux em 1979 no genótipo TO de *P. vulgaris*. O alelo deste gene, denominado Co-4², foi observado na cultivar SEL 1308 e, na cultivar PI 207262, foi encontrado o alelo Co-4³ (KELLY; e VALLEJO, 2004; ALZATE-MARIN et al., 2007). A cultivar TO é muito importante no melhoramento, uma vez que é resistente a 44 das 50 raças de *C. lindemuthianum* descritas no Brasil até o ano 2000 (ARRUDA et al., 2000).

Alelos do *Locus* Co-4: Os genes presentes na cultivar PI 207262 são independentes dos *loci* Co-1 e Co-2 (Gonçalves, et al., 1997). Testes adicionais de alelismo entre PI 207262, TO, G 2333, e SEL1308 confirmaram que há outro alelo no *locus* Co-4 que está presente na linhagem PI 207262, o Co-4³ (ALZATE, et al., 2001, 2002). Evidências indiretas para presença de outros alelos do *locus* Co-4 em PI 207262 foram encontradas num estudo de marcadores realizados com essa cultivar (YOUNG et al., 1998).

Durante os diversos estudos sobre o gene Co-4 foram encontrados novos alelos. O segundo alelo, Co-4², presente no genótipo SEL 1308, derivado da cultivar G 2333 e resistente a antracnose, foi relatado como estando presente no *locus* Co-4 (YOUNG et al., 1998). O segundo alelo fornece maior resistência do que o Co-4 original e é reconhecido dentre os mais importantes genes de resistência descritos em feijão comum (BALARDIN e KELLY, 1998; SILVERIO et al., 2002). Alelos adicionais do *locus* Co-4 foram identificados na cultivar PI 207262, usando o marcador SAS13 (CACGGACCGAATAAGCCACCAACA), que é caracterizado como muito eficaz na identificação do alelo Co-4² (MOTA, 2015). Ao amplificar o DNA das linhagens SEL 1308 (Co-4²) e PI 207262 (Co-4³), ficou demonstrada a correlação entre esses alelos, que são de grande relevância e que fornecem resistência da mesma forma que o Co-4, nos referidos genótipos de feijoeiro (VIEIRA, 2015).

As pesquisas têm revelado diferentes reações de resistência/susceptibilidade na caracterização fenotípica das cultivares e isso mostra a importância da caracterização genotípica para auxiliar nas tomadas de decisão nos programas de melhoramento genético do feijoeiro (MOTA, 2015). Por exemplo, a proporção de segregação do gene de resistência apresentado pela cultivar BRS Cometa em relação as raças 73 (isolado CI 1143) e 81 (CI 1164) apresentou diferenças em relação aos apresentados por 11 linhagens de Widusa (Co-1⁵), Cornell 49-242 (Co-2), México 222 (Co-3), BAT 93 (Co-3⁵), H1 (Co-3²), SEL 1360 (Co-5²), Michelite (Co-11), Jalo Listras Pretas (Co-1³), Jalo Vermelho (Co-1²), Pitanga (Co-1⁴) e Corinthiano (Co-1⁵), Como mostrado na Tabela 3 (MORAIS, 2018).

O alelo Co-4³ presente em PI 207262 deve ter um uso menos amplo do que o Co-4 original em TO, ou Co-4² em SEL 1308, pois o alelo Co-4³ fornece resistência a poucas raças do patógeno (KELLY e VALLEJO, 2004). O alelo Co-4³ foi proposto para ser um componente da série alélica do gene Co-4 a partir de análises feitas na cultivar PI 207262 (Alzate, et al., 2002). Adicionalmente, análises de laboratório, usando marcadores moleculares, evidenciaram que existem outros genótipos altamente resistentes, como o da cultivar G 2338,

originária do México (Chiapas) e a cultivar G 2333, ambas, possuem uma pirâmide de resistência dos 3 genes que inclui os outros alelos no *locus* Co-4 (Co-4² e Co-4³) (KELLY e VALLEJO, 2004).

Marcadores: vários marcadores têm sido desenvolvidos para permitir a identificação e o mapeamento dos diferentes alelos do *locus* Co-4, dentre eles, marcadores RAPD (*Randomly amplified polymorphic DNA*), ligados em acoplamento e repulsão na cultivar TO (CASTANHEIRA et al., 1999; ARRUDA et al., 2000). Um marcador SCAR (*Sequence Characterized Amplified Region*), bem utilizado é o SAS13, que se mostrou fortemente ligado ao alelo Co-4² e que foi testado na cultivar SEL 1308 (YOUNG et al., 1998). Alguns anos mais tarde sua eficácia foi confirmada por ALZATE-MARIN e colaboradores (2001). Uma fase de leitura aberta do gene COK-4, que codifica uma serina-treonina quinase, foi clonada e mostrou estar fortemente ligada, 0,39 cM (centimorgan) de distância ao gene de resistência Co-4² (MELOTTO e KELLY, 2001). Marcadores de polimorfismo de nucleotídeo único (*single nucleotide polymorphism* - SNP) e marcadores de sequências polimórficas clivadas (*Cleaved Amplified Polymorphic Sequence*, CAPS) para diferentes alelos do *locus* Co-4 foram identificados e provaram ser mais eficazes do que o marcador SCAR na identificação de alelos do *locus* Co-4 do feijoeiro (MELOTTO e KELLY, 2001). Posteriormente, foram testadas as sensibilidades de tais marcadores na identificação dos alelos de Co-4, Co-4² e Co-4³ e foi descoberto que o marcador molecular SAS 13, que amplifica também o alelo Co-4² foi específico, porém, não se mostrou alelo-específico ao amplificar o alelo Co-4³ quando a cultivar PI 207262 foi testada (VIEIRA, 2015). Segundo AWALE e KELLY, (2001) e ALZATE-MARIN *et al.* (2007), o marcador SAS13 amplifica diferentes alelos do Co-4, inclusive, o alelo Co-4³ presente na cultivar “PI 207262”, mas, para detectar o alelo Co-4², seria ideal a utilização de outro marcador o SH18 (VIEIRA, 2015).

Localização no mapa: Evidências adicionais, de mapeamento, vieram do trabalho de MENDEZ de VIGO (2001) que mapeou *locus* Co-4 usando o marcador SAS13 como sonda molecular. O *locus* Co-4 foi mapeado para o grupo de ligação B8 no mapa integrado usando SSR (*Simple Sequence Repeats*) (figura 1), também conhecidos como microssatélites, são marcadores com alto nível de polimorfismo e são formados por curtas sequências de nucleotídeos, normalmente de 1 a 6, repetidos, com marcadores desenvolvidos por CAIXETA et al. (2003). A presença do alelo Co-4 na SEL 1308, foi detectada por meio do marcador SCAR, amplificado pelo *primer* SAS 13 (CACGGACCGAATAAGCCACCAACA) construído por Young et al. (1998), o produto de amplificação do *primer* SAS13, se encontra a

0,39 cM do alelo Co-4² e também do alelo Co-4 (MARCONDES, SANTOS e PEREIRA, 2010).

Os resultados das análises moleculares posteriores utilizando os marcadores, SY20 (Co-4), SAS13 (Co-4²), SH18 (Co-4²), SAB3 (Co-5), mostraram a especificidade desses marcadores, para os seus *loci* específicos, porém, não discriminaram os alelos (VIEIRA, 2015). Somente o marcador SH18 mostrou-se, ainda, alelo-específico, discriminando Co-4² (MORAES, 2018). No caso do Co-4, Oblessuc e colaboradores (2015) propuseram que o *locus* esteja localizado próximo a uma região de 325 kb no cromossomo Pv08. Em outro artigo, foi sugerido, que essa região é a mais provável para conter o gene Co-4 (PADDER et al., 2016).

Anteriormente, o *locus* Co-4 foi mapeado fisicamente usando hibridização fluorescente *in situ* (FISH - *Fluorescent in situ hybridization*) localizando-o no braço curto do cromossomo 8 do feijoeiro que corresponde ao grupo de ligação B8 (MELOTTO et al., 2004).

Em trabalho publicado em 2007, Rodríguez-Suárez e colaboradores, analisaram o padrão de resistência à seis raças de *C. lindemuthianum* (6, 31, 38, 39, 65 e 357) na descendência (F3) do cruzamento da cultivar espanhola Andecha (de origem andina) com o genótipo mesoamericano A252, com o intuito de mapear os genes de resistência e, assim, conseguiram posicionar Co-4 no grupo de ligação B8 de *P. vulgaris*, confirmando os dados obtidos por Miklas e colaboradores (2000), Kelly e colaboradores (2003) e, Melloto e colaboradores (2004), (Figura 1).

Valor genético: Co-4 é um *locus* complexo muito valioso dependendo de qual alelo é escolhido no melhoramento de resistência à antracnose (KELLY e VALLEJO, 2004). Nos programas de melhoramento do feijoeiro desenvolvidos no México, o gene Co-4 é muito fraco para ser valioso na medida em que o alelo é superado por muitas raças comuns do patógeno (BALARDIN et al., 1997; GONZALEZ et al., 1998; KELLY, 2000). Por outro lado, o alelo Co-4³ na cultivar PI 207262 é potencialmente útil no Brasil (ALZATE, et al., 2002, 2003; GONÇALVES, et al., 1999).

Os melhoristas devem concentrar sua atenção no alelo Co-4² como a melhor fonte de resistência disponível no *locus* Co-4 (BALARDIN e KELLY, 1998). O Co-4² foi confirmado como o único gene na pirâmide de 3 genes no genótipo G 2333 a oferecer resistência à raça altamente virulenta 2047 do patógeno (SILVERIO et al., 2002).

Segundo Miklas e Kelly (2002), o marcador SAS13 provou ser muito útil para detectar

resistência à antracnose, esses autores, também verificaram, que este marcador, caracterizado como ligado ao alelo Co-4² de resistência à antracnose, amplificou o DNA das linhagens SEL 1308 (Co-4²) e PI 207262 (Co-4³). Um segundo marcador foi usado nesse estudo o marcador SH18 (Co-4²) que apresentou amplificação apenas para a linhagem SEL 1308, assim foi específico para o alelo Co-4² (VARGAS-VÁZQUEZ, 2019). Com isso, os marcadores SAS13 e SH18, se mostraram boas ferramentas nos programas de melhoramento (MORAIS, 2018). O marcador SAS13, desenvolvido por Young e colaboradores (1998), está ligado por acoplamento ao alelo Co-4², contudo, esse marcador está posicionado mais distante do alelo de resistência (2,93 cM), discordando de estimativas relatadas anteriormente na literatura (MOTA, 2015). Nos trabalhos de Young e colaboradores (1998) e Oblessuc e colaboradores (2015), o SCAR SAS13 ficou posicionado, respectivamente, a 0,39 e 0,70 cM do alelo Co-4². De forma similar ao SAS13, o SCAR SH18 também está ligado em fase de acoplamento a Co-4², corroborando resultados apresentados por Awale e Kelly (2001), Oblessuc e colaboradores (2015) e Trabanco e colaboradores (2015).

5.3 Locus Co-5

Origem: O gene Co-5, anteriormente nomeado como Mexique 3, foi descrito, primeiramente, na cultivar TU originária do cruzamento entre as cultivares Tenderette x México. Este gene também está presente nas cultivares SEL 1360 e G 2333 (VIEIRA, 2015).

Alelos: O *locus* Co-5 contém um segundo alelo o Co-5². O mapeamento desses alelos revelou que eles estão organizados em aglomerados complexos onde *loci* ligados conferem resistência a raças específicas (raças 6, 31, 39 e 40 do patógeno) (COSTA *et al.*, 2017). A resistência conferida pelo gene Co-5, mostrou se dever à sua presença nas linhagens de reprodução TV derivadas das cultivares ('Tenderette' x Cozumel), TX ('Tenderette' x Taxco I), TY ('Tenderette' x Taxco II) e TW (KELLY e VALLEJO, 2004) e SEL 1360 derivadas de G 2333 (YOUNG e KELLY, 1996). O mesmo alelo no *locus* Co-5 parece estar presente em TU, SEL 1360 e G 2333 (YOUNG e KELLY, 1996). As linhagens mexicanas, acima descritas, servem como referencial de fontes de resistência, em especial as que apresentam os genes Co-3, Co-4 e Co-5 (KELLY e VALLEJO, 2004).

Em 2004 Kelly e Vallejo, não conseguiram discriminar TU e SEL 1360 usando diferentes raças do patógeno, eles supuseram que ambos os genótipos carregam o mesmo alelo Co-5.

Dentre os *loci* de resistência podemos destacar os alelos Co-4 e o Co-5 que estão entre os mais importantes, pois conferem proteção contra a maioria das raças presentes nas principais regiões produtoras de feijão (ISHIKAWA et al., 2006). Dessa forma, uma pirâmide de genes Co-4/Co-5 é altamente desejável, pois a cultivar obterá resistência a praticamente todas as raças do patógeno, nas principais regiões produtoras (MARCONDES, SANTOS e PEREIRA, 2010).

Marcadores: Um grande número de marcadores moleculares está disponível para a cultura do feijoeiro visando a resistência a doenças, utilizados por universidades, empresas públicas e privadas na seleção assistida (BARROS e SOUZA, 2012). Marcadores ligados ao *locus* Co-5 foram relatados anteriormente por Young e Kelly (1997).

O marcador SAB3 (Co-5) apresentou amplificação para as linhagens TU e SEL 1360, linhagens essas que possuem o alelo Co-5, mostrando, assim, que se trata de um marcador específico (VIEIRA, 2015). Resultados esses, que corroboram os obtidos por Campa e colaboradores (2009) que utilizaram esse marcador para verificar a resistência genética nas linhagens TU e MDRK, confirmando a eficiência desse marcador (MORAIS, 2018).

Localização no mapa: a localização exata é desconhecida, pois a falta de polimorfismos para o marcador SAB3 em BAT 93 e Jalo EEP558 para ter uma maior precisão (MORAES, 2018). Kelly e Vallejo, em 2004, já afirmavam não ser possível localizar a posição física do gene, e nem em obras mais recentes, como mostrado por Moraes em seu trabalho de 2018, a presença desse gene nas linhagens foi detectada por testes moleculares que permitiram ao autor afirmar apenas sua presença e o cromossomo onde está o gene:

A caracterização molecular das linhagens fontes de resistência foi realizada com oito marcadores caracterizados ligados a *locus* de resistência, que foram sete marcadores SCAR SB12 (Co-3³), SF10 (Co-3⁴), SY20 (Co-4), SAS13 (Co-4²), SH18 (Co-4²), SAB3 (Co-5) e SAZ20 (Co-6), e marcador STS g2303 (Co-3⁴). O loco de resistência à antracnose Co-3 está presente no cromossomo Pv04 do feijoeiro-comum, Co-4 está presente no cromossomo Pv08, e Co-5 e Co-6 estão no Pv07.

Valor genético: O gene Co-5 não parece ter sido amplamente implantado no cultivo, embora esteja entre os genes mais eficazes em um levantamento sobre resistência às raças de *C. lindemuthianum* da América Central e México (BALARDIN et al., 1997). De acordo com Marcondes, Santos e Pereira (2010), se for considerada a produtividade, tipo de grãos e a presença da pirâmide dos alelos Co-4/Co-5, as linhagens que os possuem destacam-se das que não tem tal combinação. O uso limitado de Co-5 na reprodução torna o gene ainda mais valioso para melhoristas interessados em piramidização de genes de resistência independente (KELLY e VALLEJO, 2004).

6 Considerações Finais

A presente revisão demonstra que há uma variação na capacidade de resistência à antracnose em *P. vulgaris* e que alguns genes apresentam um espectro de resistência mais amplo, em relação ao grande número de raças do patógeno, do que outros que têm um alcance mais limitado. Na verdade, muitos genes de resistência são membros de uma série alélica “Co”, como foi demonstrado no caso dos *loci* abordados neste trabalho, Co-1, Co-4 e Co-5, ou se apresentam organizados como *clusters* de genes de resistência localizados num determinado grupo de ligação, como, por exemplo, em B8. O mapeamento genético de *P. vulgaris* confirmou a localização da maioria dos genes de resistência à antracnose e proporcionou oportunidades para criação de pirâmides de genes e, assim, pôde capacitar os melhoristas a desenvolverem cultivares com resistências mais duradouras ao patógeno. Porém, mesmo em pesquisas recentes, ainda não se conseguiu localizar a posição exata do gene Co-5, apenas posicioná-lo em relação ao cromossomo Pv07. É interessante notar que, dos genes analisados, o único proveniente do *pool* gênico andino de *P. vulgaris* é o gene Co-1 e a sua série alélica; os outros dois *loci* abordados neste trabalho, Co-4 e Co-5, são de origem mesoamericana, assim como os outros genes da série “Co-“. Há várias pesquisas recentes que visam identificar novos genes de resistência presentes no *pool* gênico andino e que têm por objetivo, gerar mais opções de piramidização de genes. Ao longo deste trabalho, verificou-se que os programas de melhoramento bem-sucedidos buscam incorporar, a um mesmo genótipo de elite, mais de um gene de resistência à antracnose e que os melhoristas tentam agregar um gene de resistência proveniente do *pool* andino (Co-1 e seus alelos) e, pelo menos, mais um ou dois genes do *pool* mesoamericano. Neste cenário, Co-4 e Co-5 se apresentam como boas alternativas para conferir resistência à antracnose nos programas de melhoramento do Brasil. É bom lembrar, que a cultivar altamente plantada no Brasil, BRS FC104, apenas possui resistência moderada à antracnose, e, por isso, carece da incorporação dos melhores genes de resistência ao seu patrimônio genético. Este trabalho visou contribuir com informações atualizadas sobre genes de resistência à antracnose e, assim, possibilitar o seu uso em programas de melhoramento genético, para, com isso, viabilizar a diminuição das perdas nessa cultura de enorme importância nutricional, econômica e cultural, para o Brasil e para a segurança alimentar do planeta.

Referências

- ALZATE-MARIN, A.L., K.S. de Almeida, E.G. de Barros, and M.A. Moreira. **Preliminary results of allelism studies for anthracnose resistance genes of common bean cultivar PI 207262.** Annu. Rpt. Bean Improv. Coop. 44:113–114. 2001
- ALZATE-MARIN, A.L., M.A. de Morais Silva, M.A. Moreira, and E.G. de Barros. **Inheritance of anthracnose resistance genes of common bean cultivar PI 207.262.** Annu. Rpt. Bean Improv. Coop. 45:112–113. 2002.
- ALZATE-MARIN, A.L., M.A. de Morais silva, E.J. de Oliveira, M.A. Moreira, and e.g. de Barros. **Identification of the second anthracnose resistance gene present in the common bean cultivar PI 207.262.** Annu. Rpt. Bean Improv. Coop. 46:177–178. 2003.
- ALZATE-MARIN, A. L., DE SOUZA, K. A., DE MORAIS SILVA, M.G., DE OLIVEIRA, E. J.; MOREIRA, M. A., DE BARROS, E. G. **Genetic characterization of anthracnose resistance genes Co-43 and Co-9 in common bean cultivar tlanepantla 64 (PI 207262).** Euphytica, Dordrecht, v. 154, n. 1-2, p. 1-8, 2007.
- ANGIOI, S.A., RAU, D., ATTENE, G., NANNI, L., BELLUCCI, E., LOGOZZO, G., NEGRI, V., SPAGNOLETTI ZEULI, P.L., PAPA, R. Beans in Europe: origin and structure of the European landraces of *Phaseolus vulgaris* L. **Theoretical and Applied Genetics**, v.121, p.829-843, 2010.
- AWALE, H.E. AND J.D. KELLY. **Development of SCAR markers linked to Co-42 gene in common bean.** Annu Rpt. Bean Improv. Coop. 44:119–120. 2001.
- BALARDIN, R.S., A. JAROSZ, AND J.D. KELLY. **Virulence and molecular diversity in *Colletotrichum lindemuthianum* from South, Central and North America.** Phytopathology 87:1184–1191. 1997.
- BALARDIN, R.S. AND J.D. KELLY. **Interaction among races of *Colletotrichum lindemuthianum* and diversity in *Phaseolus vulgaris*.** J. Amer. Soc. Hort. Sci. 123:1038–1047. 1998.

BANOO A, nabi a, rasool rs, mahiya-farooq, shah md, ahmad m, sofi pa, aasiya-nabi, itoo h, sharma pn and padder ba. North-Western Himalayan Common Beans: Population Structure and Mapping of Quantitative Anthracnose Resistance Through Genome Wide Association Study. **Front. Plant Sci.** 11:571618. doi: 10.3389/fpls.2020.571618.(2020).

BARBIERI, Rosa L. e CARVALHO, Fernando I. F. **Coevolução de Plantas e Fungos Patogênicos** Dept. de Fitotecnia, FAEM/UFPEL. Campus Universitário s/n Caixa Postal 354, Pelotas – RS 2001.

BASSETT, M.J. **A new recessive allele at the C locus for seed coat color in common bean.** J. Amer.Soc. Hort. Sci. 120:896–899. 1995.

BASSETT, M.J. **A complex C region genotype [R] that with GBvlae produces dark seal-brown seedcoat color in common bean.** J. Amer. Soc. Hort. Sci. 121:594–598. 1996.

BASSETT, J.M. **A test cross protocol for determining the genotype of dark red seedcoat colors in common bean.** J. Amer. Soc. Hort. Sci.123:1048–1052. 1998.

BEAVER, J.S., J.C. ROSAS, J. MYERS, J. ACOSTA, J.D. KELLY, S. NCHIMBI-MSOLLA, R. MISANGU, J. BOKOSI, S. TEMPLE, D.P. COYNE. Contributions of the Bean/Cowpea CRSP to cultivar and germplasm development in common bean. **Field Crops Res.** 82:87–102. 2003.

BELLUCCI, E., BITOCCHI, E., RAU, D., RODRIGUES, M., BIAGETTI, E., GIARDINI, A., ATENE, G., NANI, L., PAPA, R. **Genomics of Origin, Domestication and Evolution of Phaseolus vulgaris.** In: Tuberosa, R., Graner, A., Frison, E. (eds) *Genomics of Plant Genetic Resources*. Springer, Dordrecht. https://doi.org/10.1007/978-94-007-7572-5_20 2014

BERALDO, A. L. A., COLOMBO, C. A., CHIORATO, A. F., ITO, M. F., CARBONELL, S. A. M. **Aplicação de marcadores SCARs para seleção de linhagens resistentes à antracnose em feijoeiro.** *Bragantia*, Campinas, v. 68, n. 1, p. 53-61, 2009.

BURLE, M.L., FONSECA, J.R., KAMI, J.A., GEPTS, P. Microsatellite diversity and genetic structure among common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) landraces in Brazil, a secondary center of diversity. **Theoretical and Applied Genetics**, v.121, p.801-813, 2010.

CAIXETA, E.T., A. BORÉM, and J.D. KELLY. **Microsatellite markers for common bean.** *Annu. Rpt. Bean Improv. Coop.* V.46, p.158–159. 2003.

CAMACHO, c., Coulouris, g., Avagyan, v., ma, n., Papadopoulos, j., Bealer, k., Madden, t. l.blast+: **Architecture and Applications. BMC Bioinformatics**, v. 10, n. 1, p. 421, 2009.

CAMPA, A., GIRALDEZ, R., FERREIRA, J. J. Genetic dissection of the resistance to nine anthracnose races in the common bean differential cultivars MDRK and TU. **Theoretical and applied genetics**, v. 119, n. 1, p. 1-11, 2009.

CAMPA, Rodriguez-Soarez, Giraldez, Ferreira. Genetic analysis of the response to eleven *Colletotrichum lindemuthianum* races in a RIL population of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **BMC Plant Biology**, 14:115 <http://www.biomedcentral.com/1471-2229/14/115>. 2014.

CARNEIRO, J. E. de S. **Alternativas parra obtenção e escolha de populações segregantes no feijoeiro**. Tese (Doutorado) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG, 134 p., 2002.

CONAB – companhia nacional de abastecimento – **estimativa de produção de grão de 2021-2022**.

Disponível em: <https://www.conab.gov.br/ultimas-noticias/4494-nova-estimativa-aponta-para-uma-producao-de-graos-na-safra-2021-22-em-268-2-milhoes-de-toneladas#:~:text=A%20produ%C3%A7%C3%A3o%20de%20feij%C3%A3o%20deve,%C3%A1rea%20cultivada%20quanto%20de%20produtividade>. CONSULTADA EM 23/06/2022.

COSTA LC, NALIN RS, RAMALHO MAP, DE SOUZA EA. Are duplicated genes responsible for anthracnose resistance in common bean?. **PLoS ONE 12(3)**: e0173789. 2017.

CRUZ, C.D. **Genes: a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics**. Acta Scientiarum Agronomy, Maringá, v. 35, n. 3, p. 271-276, 2013.

CHEN M, WU J, WANG L, MANTRI N, ZHANG X, ZHU Z, et al. (Mapping and Genetic Structure Analysis of the Anthracnose Resistance Locus Co-1HYin the Common Bean (*Phaseolus vulgaris* L.)). **PLoS ONE 12(1)**: e0169954. doi:10.1371/journal.pone.0169954. 2017.

CHOUDHARY N, BAWA V, PALIWAL R, SINGH B, BHAT M.A, MIR JI, et al. Gene/QTL discovery for Anthracnose in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) from North-western Himalayas. **PLoS ONE 13(2)**: e0191700. 2018.

DALLA PRIA E SILVA, **Cultura do feijão: doenças e controle**. Organizado por E82e Maristella Dalla Pria e Olavo Corrêa da Silva. Ponta Grossa: Editora UEPG, 2018.

FAOSTAT. (Food and Agriculture Organization statistics). Site do Banco de Dados Estatísticos Corporativos da Organização para Agricultura e Alimentação, divulga dados estatísticos. Disponível em: <https://www.fao.org/faostat/en/>. Acessado em 26/06/2022

FERREIRA, J.J., FUEYO M.A., GONZALEZ A.J., AND GIRALDEZ R. Incorporation of genetic resistance to anthracnose in the bean variety “Faba Granja Asturiana” (*Phaseolus vulgaris* L.), p. 143–144. In: **International symposium on breeding of protein and oil crops**. Eucarpia Pontevedra, Spain. 1998.

GADAGA S.J.C., SIQUEIRA C.S. e MACHADO J.C., **Transmission potential of *Colletotrichum lindemuthianum* (race 65) in association with bean seeds under controlled Conditions**. Departamento de Fitopatologia, Universidade Federal de Lavras - UFLA, Caixa Postal 3037, 37200-000, Lavras, MG, Brasil. 2020.

GEPTS, P. **Development of an integrated linkage map, p. 53–91**. In: S.P. Singh (ed.). *Developments in Plant Breeding*. vol. 7. Common bean improvement in the twenty-first century. Kluwer Acad. Publ. Dordrecht, The Netherlands. 1999.

GONZALEZ, M., R. RODRIGUEZ, M.E. ZAVALA, J.L. JACOBO, F. HERNADEZ, J. ACOSTA, O. MARTINEZ, AND J. SIMPSON. **Characterization of Mexican isolates of *Colletotrichum lindemuthianum* by using differential cultivars and molecular markers**. *Phytopathology* 88:292–299. 1998.

GONÇALVES-VIDIGAL, M.C., V. VALLEJO, and J.D. KELLY. **Characterization of the anthracnose resistance in the differential cultivar Widusa**. *Annu. Rpt. Bean Improv. Coop.* 46:175–176. 2003.

GUARNIEI, C.C.O., LEMOS, L.B, FARINELLI, R. Desempenho Produtivo, Nutricional e Tecnológico de Genótipos de Feijão Cultivados na época de inverno-primavera em Jaboticaba (SP). In: **Congresso de Iniciação Científica da UNESP**, Rio Preto. Jaboticabal: UNESP, 2009.

HARARI, Y.N. *Sapiens - Uma breve história da humanidade*. / Yuval Noah Harari; tradução Janaína Marco Antonio – 16º ed. – Porto Alegre RS: **L&PM**, 2016, Brasil. 1º ed. 2015.

ISHIKAWA, F. H. **Variabilidade genética de isolados da raça 65 de *Colletotrichum lindemuthianum* por meio de marcadores RAPD e Grupos de anastomoses**. 52f. (Mestrado em Genética e melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2006.

- KELLY, J.D. **Anthracoze races present on both wild and cultivated *Phaseolus vulgaris* in Mexico.** Annu. Rpt. Bean Improv. Coop. 43:184–185. 2000.
- KELLY, J.D., GEPTS P., MIKLAS P.N., and COYNE D.P. **Tagging and mapping of genes and QTL and molecular marker-assisted selection for traits of economic importance in bean and cowpea.** Field Crops Res. 82:135–154. 2003.
- KELLY, J.D., VALLEJO, A. V. A comprehensive review of the major genes conditions resistance to anthracnose in common bean. **HortScience**, v. **39**, n. **6**, p. 1196-1207, 2004.
- MARCONDES E.H.K., SANTOS J.B. e PEREIRA H.S. **Selection of common bean strains with carioca grain type, and with the alleles co-4 and co-5 for anthracnose resistance/** Eduardo Henrique Keller Marcondes, João Bosco dos Santos, Helton Santos Pereira, Cascavel, PR, Universidade Federal de Lavras/UFLA – Departamento de Biologia/DBI – Lavras, MG – Embrapa Arroz e Feijão – Santo Antonio de Goiás, GO -2010.
- MELO, et al. **BRS FC104: Cultivar de Feijão-Comum Carioca Superprecoce.** EMBRAPA Arroz e Feijão. Comunicado Técnico. Santo Antônio de Goiás, GO Dezembro, 2017.
- MELOTTO, M. and J.D. KELLY. **SCAR markers linked to major disease resistance genes in common bean.** Annu. Rpt. Bean Improv. Coop. 41:64–65.1998.
- MELOTTO, M., M.F. COELHO, A. PEDROSA-HARAND, J.D. KELLY, and L.E.A. CAMARGO. **The anthracnose resistance locus Co-4 of common bean is located on chromosome 3 and contains putative disease resistance-related genes.** Theor. Appl. Genet. 109:(Online: 10.1007/s00122-004-1697-6). 2004.
- MENDOZA, A., F. HERNANDEZ, S. HERNANDEZ, D.RUIZ, O. MARTINEZ DE LA VEGA, G. DE LA MORA, J. ACOSTA, AND J. SIMPSON. **Identification of Co-1anthracnose resistance and linked molecular markers in common bean line A193.** Plant Dis.85:252–255. 2001.
- MÉNDEZ DE VIGO, B. **Mapa genético de *Phaseolus vulgaris* L. y resistencia a antracnosis em faba granja asturiana.** PhD thesis. Univ. Oviedo, Oviedo, Spain. 2001.
- MENSACK, M.M., FITZGERALD, V.K., RYAN, E.P., LEWIS, M.R., THOMPSON, H.J., BRICK, M.A. Evaluation of diversity among common beans (*Phaseolus vulgaris* L.) from two centers of domestication using comics technologies. **BMC Genomics**, v.11, p.1-33, 2010.

MIKLAS, P.N., R. DELMORE V. STONE, M.J. DALY, J.R. STAVELY, J.R. STEADMAN, M.J. BASSETT, and J.S. Beaver. **Bacterial, fungal, and viral disease resistance loci mapped in a recombinant inbred common bean population ('Dorado'/XAN 176).** J. Amer. Soc. Hort. Sci.125:476–481. 2000.

MOTA, Ana Paula Simplício. **VALIDAÇÃO DE MARCADORES SSR E STS LIGADOS AO GENE Co-4 DE RESISTÊNCIA À ANTRACNOSE DO FEIJOEIRO-COMUM.**

Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2015.

MORAES, Samanta Rayane Pereira de. **Herança e mapeamento da resistência à antraquinose na cultura de feijão carioca BRs Cometa.** Goania, Go, UFG, Escola de Agronomia e engenhara de Alimentos – 2018.

MURUBE E., CAMPA A., FERREIRA J.J., Integrating genetic and physical positions of the anthracnose resistance genes described in bean chromosomes Pv01 and Pv04. **PLoS ONE 14(2):** e0212298. 2019.

MCCLEAN P.E., LEE R.K., OTTO C., GEPTS P., and BASSETT M. J., Molecular and Phenotypic Mapping of Genes Controlling Seed Coat Pattern and Color in Common Bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **The Journal of Heredity** 2002:93(2). 2002.

NCBI (National Center for Biotechnology Information). Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov>. Acesso em: 26 mai. 2022.

PADDER BA, KAMFWA K, AWALE HE, KELLY JD. Transcriptome Profiling of the *Phaseolus vulgaris* - *Colletotrichum lindemuthianum* Pathosystem. **PLoS ONE 11(11):** e0165823. doi:10.1371/journal.pone.0165823. (2016).

PASTOR-CORRALES, M.A., M.M. OTOYA, A. MOLINA, and S.P. SINGH. **Resistance to *Colletotrichum lindemuthianum* from Middle America and Andean South America in different common bean races.** Plant Dis. 79:63–67. 1995.

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

RAGAGNIN, V.A. **Seleção, Caracterização e Comportamento de isolinhas de feijoeiro-comum resistentes à ferrugem, antracnose e mancha angular.** (Dissertação, Mestrado em Genética e Melhoramento), Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG. 2001.

ROVARIS S.R.S., ESTEVES J.A.F., CARBONELL S.A.M e CHIORATO A.F, **Selection of common bean lines obtained by the genealogical and bulk methods for disease resistance and agronomic traits**, Instituto Agronômico (IAC), Caixa postal 28, 13001-970 Campinas, São Paulo, Brasil. 2019.

RUAS, João Figueiredo. **Análise Mensal Feijão.** Conab, Brasília, 01. 2019, 2019.

RUIZ-SALAZAR, R. Vargas-Vázquez, M. L. P. Hernández-Delgado, S. Muruaga-Martínez, J. S. Mayek-Pérez, N. Detección de marcadores genéticos asociados a la resistencia a patógenos en frijol ayocote de Puebla, México. **Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas**; volumen 10; número 7. 2019.

SÁNCHEZ-GARCÍA, Flores-Olivas, Fraire-Velásquez, et. al. ***Colletotrichum lindemuthianum* PATHOTYPES IN OAXACA AND SAN LUIS POTOSI, MEXICO, AND RESISTANCE IN COMMON BEAN**, Departamento de Parasitología Agrícola, A. P. 342, Buenavista, Saltillo, Coahuila, México. *Agric. Téc. Méx.* Vol. 35 Núm. 1 Enero-Marzo, 2009.

SARTORI, Lays. **Variabilidade Genética entre Genótipos de *Phaseolus vulgaris* L.** Universidade Federal de Santa Catarina (trabalho de conclusão de curso), Bacharel em Agronomia. Orientadora: Prof^ª. Dra. Ana Carolina da Costa Lara Fioreze, Santa Catarina, 2016.

SILVERIO, L., Goncalves-Vidigal, M.C., Filho, P.S.V., Barelli, M.A.A., Thomazella, C., and Nunes, W.M.C. **Genetic resistance to *Colletotrichum lindemuthianum* race 2047 in G 2333.** *Annu. Rpt. Bean Improv. Coop.* 45:74–75. 2002.

SINGH, S.P.; GEPTS, P.; DEBOUCK, D.G. Races of common bean (*Phaseolus vulgaris*, Fabacea). ***Economic Botany***, v.45, n.3, p.379-396, 1991.

SINGH, U., SINGH, B. **Tropical grain legumes as important human foodes.** ***Economic Botany***, v.46, p. 310-321, 1992.

SINGH, S.P., SCHWARTZ, H.F. **Breeding common bean for resistance to diseases: a review.** ***Crop Science***. 50: 2199–2223, 2010.

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

TRABANCO, N., CAMPA, A., FERREIRA, J. J. Identification of a new chromosomal region involved in the genetic control of resistance to anthracnose in common bean. **The Plant Genome**, Madison, v. 8, n. 2, p. 1-11, 2015.

VARGAS-VÁZQUEZ, MURUAGA-MARTÍNEZ e MAYEK-PÉREZ, Detección de marcadores genéticos asociados a la resistencia a patógenos en frijol ayocote de Puebla, **Revista Mexicana de Ciências Agrícolas**, volume 10, número 7- México, 2019.

VALLEJO, V.A., H.E. AWALE, and J.D. KELLY. **Characterization of the anthracnose resistance in the Andean bean cultivar Jalo EEP558**. Annu. Rpt. Bean Improv. Coop. 46:179–180. 2003.

VIEIRA, C, PAULA JÚNIOR, T.J., BORÉM, A. **Feijão**. Viçosa, MG, 600p., 2 ed. Atual (Dissertação, Mestrado em Genética e Melhoramento), Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2013.

VIEIRA, Ariadna Faria. **Caracterização fenotípica e molecular de feijoeiro-comum quanto à resistência à antracnose e estudo de herança**. Ariadna Faria Vieira. Montes Claros, MG: Instituto de Ciências Agrárias/UFGM, 76 p.: il. 2015.

VLASOVA, A, CAPELLA-GUTIÉRREZ, S., RENDÓN-ANAYA, et Al. **Genome and transcriptome analysis of the Mesoamerican common bean and the role of gene duplications in establishing tissue and temporal specialization of genes**. Genome biology, United Kingdom, v. 17, n. 1, p. 32, 2016.

YOUNG, R.A. and J.D. KELLY. Characterization of the genetic resistance to Colletotrichum lindemuthianum in common bean differential cultivars. **Plant Dis**. 80:650–654. 1996.ejo

YOUNG, R.A. and J.D. KELLY. RAPD markers linked to three major anthracnose resistance genes in common bean. **Crop Sci**. 37:940–946. 1997a.

YOUNG, R.A., M. MELOTTO, R.O. Nodari, and J.D. Kelly. **Marker assisted dissection of oligogenic anthracnose resistance in the common bean cultivar, G2333**. Theor. Appl. Genet. 96:87–94. 1998.

Anexos

FIGURA 1. Posições dos genes de resistência à antracnose Co-1 e Co-4 no mapa de ligação de *Phaseolus vulgaris*. Modificado de Rodríguez-Suárez et al., (2007).

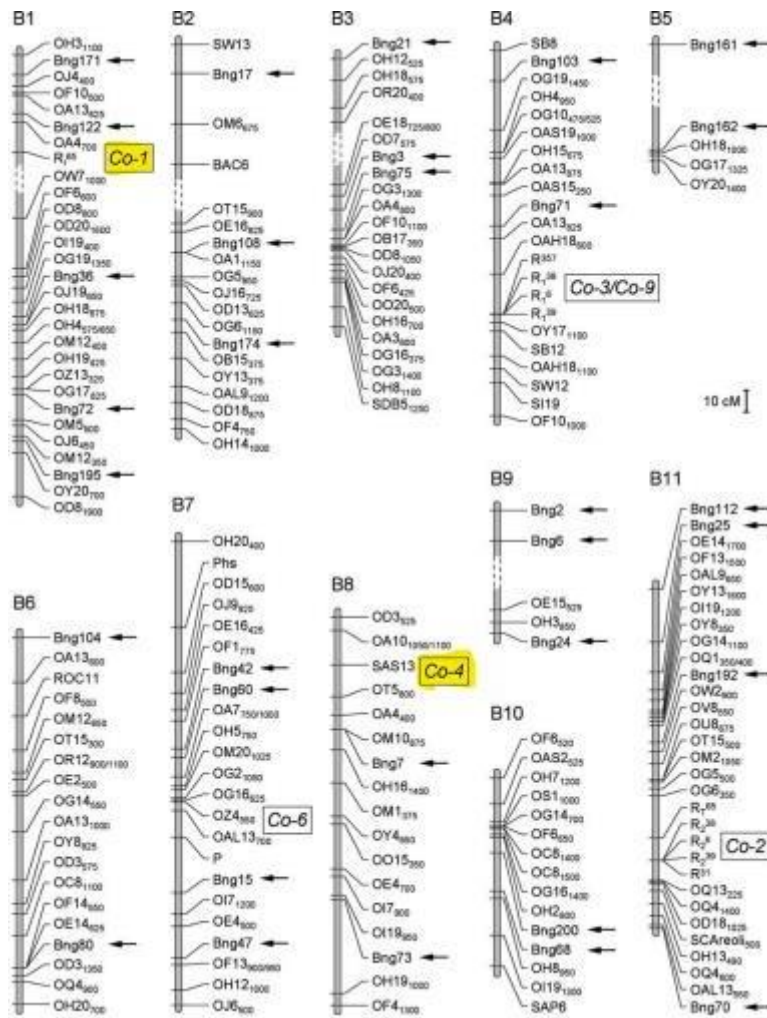


Tabela 2. Relação entre resistência a antracnose, genes de resistência, *pool* gênico da cultivar de feijoeiro e raças de *Colletotrichum lindemuthianum*. Modificado de KELLY e VALLEJO, (2004).

Diferencial Cultivar	Gene de resistência	Pool Gênico
Michelite	Co-11	MA
Michigan DarkRed Kidney	Co-1	A
Perry Marrow	Co-1³	A
Cornell 49242	Co-2	MA
Widusa	Co-15	A
Kaboon	Co-12	A
Mexico 222	Co-3	MA
PI 207262	Co-4³, Co-9	MA
TO	Co-4	MA
TU	Co-5	MA
AB 136	Co-6, co-8	MA
G 2333	Co-4², Co-5, Co-7	MA

MA = pool gênico da América Central; **A** = pool gênico andino.

Tabela 3. Reação à antracnose (*C. lindemuthianum*) de linhagens de feijoeiro-comum em ensaios conduzidos em ambiente controlado e caracterização molecular usando marcadores moleculares SCAR e STS ligados ao *locus* de resistência à antracnose. Modificado de Moraes (2018).

Linhagem	Pool gênico	Locus /alelo de resistência	Cromossomo	Patótipo de <i>C. lindemuthianum</i>	
				73	81
MDRK	Andino	<i>Co-1</i>	Pv01	R	R
Kaboon	Andino	<i>Co-1.2</i>	Pv01	R	R
Perry Marrow	Andino	<i>Co-1.3</i>	Pv01	R	R
AND 277	Andino	<i>Co-1.4</i>	Pv01	R	R
Widusa	Andino	<i>Co-1.5</i>	Pv01	R	S
TO	Mesoamericano	<i>Co-4</i>	Pv08	R	R
SEL 1308	Mesoamericano	<i>Co-4.2</i>	Pv08	R	R
PI 207262	Mesoamericano	<i>Co-4.3 e Co-3.3</i>	Pv08 e Pv04	R	R
TU	Mesoamericano	<i>Co-5</i>	Pv07	R	R
SEL 1360	Mesoamericano	<i>Co-5.2</i>	Pv07	R	S
BRS Cometa	Mesoamericano	<i>Co-?a</i>	ND	R	R
BRS Horizonte	Mesoamericano	<i>Co-?a</i>	ND	R	R
Rosinha G2	Mesoamericano	TSb	-	S	S
Rudá	Mesoamericano	TSb	-	S	S

(a) *Locus* não caracterizado; (tsb) Testemunha suscetível; (ND) Informação não disponível; R- Plantas resistentes; S- Plantas suscetíveis.

