

**UNIVERSIDADE FEDERAL DE ALAGOAS
CAMPUS DE ENGENHARIA E CIÊNCIAS AGRÁRIAS
CURSO DE GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA**

WILLIAM ACIOLY DE GOUVEIA

**AVALIAÇÃO DE LINHAGENS DE FEIJÃO-CAUPI
PARA RESISTÊNCIA A *Rhizoctonia solani* E *Agroathelia rolfsii***

**Rio Largo – AL
2026**

WILLIAM ACIOLY DE GOUVEIA

**AVALIAÇÃO DE LINHAGENS DE FEIJÃO-CAUPI
PARA RESISTÊNCIA A *Rhizoctonia solani* E *Agroathelia rolfsii***

Trabalho de Conclusão de Curso
apresentado ao Curso de Agronomia da
Universidade Federal de Alagoas -
Campus de Engenharia e Ciências
Agrárias, como parte dos requisitos para
obtenção do título de Engenheiro
Agrônomo.

**Orientadora: Profa Dra. Maria de Fátima
Silva Muniz.**

**Coorientadora: Dra. Marissônia de
Araujo Noronha**

**Rio Largo – AL
2026.**

Catlogação na Fonte
Universidade Federal de Alagoas
Biblioteca Campus de Engenharias Ciências Agrárias
Bibliotecário Responsável: Stefano João dos Santos

G586a Gouveia, William Acioly

Avaliação de linhagens de Feijão-Caupi para resistência a *Rhizoctonia solani* e *Agroathelia rolfsii* / William Acioly Gouveia. – Rio Largo - Al, 2026.

36 f. : il.

Trabalho de Conclusão de Curso (Graduação em Agronomia) Universidade Federal de Alagoas, Campus Ceca – Rio largo, 2026.

Orientadora: Profa. Dra. Maria de Fátima Silva Muniz.

1 Vigna unguiculata; patógenos radiculares; germoplasma.

CDU: 631.95

FOLHA DE APROVAÇÃO

WILLIAM ACIOLY DE GOVEIA

AVALIAÇÃO DE LINHAGENS DE FEIJÃO-CAUPI PARA RESISTÊNCIA A *Rhizoctonia solani* e *Agroathelia rolfsii*

Trabalho de Conclusão de Curso
apresentado ao curso de Engenharia
Agrônoma da Universidade Federal de
Alagoas, como parte dos requisitos para
obtenção do título de Engenheiro
Agrônomo.

Aprovação em: 08/06/2026.

Banca examinadora:

Documento assinado digitalmente
 **MARIA DE FATIMA SILVA MUNIZ**
Data: 28/06/2026 22:27:22-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Orientadora – Prof^a Dra. Maria de Fátima Silva Muniz
(Universidade Federal de Alagoas)

Documento assinado digitalmente
 **MARCELO DE MENEZES CRUZ**
Data: 28/06/2026 20:07:31-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Examinador Interno – Prof.Dr. Marcelo de Menezes Cruz
(Universidade Federal de Alagoas)

Examinadora - Prof^a Dra. Tânia Marta Carvalho dos Santos
(Universidade Federal de Alagoas)

Dedico esta conquista à minha bisavó-mãe, Cícera Maria da Conceição (1925-2016), que já partiu deste mundo, mas permanece viva em minhas lembranças. Esta vitória é fruto de tudo o que ela me ensinou, e sua sabedoria continuará a guiar meus caminhos.

AGRADESCIMENTO

Primeiramente, agradeço a Deus, por não me deixar desistir e por me conceder força e sabedoria para continuar minha jornada.

Agradeço a toda a minha família por serem a minha base de tudo. Especialmente à minha bisavó, Cícera Maria da Conceição, pois seus esforços e dedicação que me fizeram chegar até aqui.

À minha orientadora de Iniciação Científica (PIBIC), a pesquisadora Dra. Marissônia de Araujo Noronha, agradeço imensamente por toda dedicação e ensinamento. Sua valiosa contribuição ao longo da minha graduação tornou todo processo mais leve.

À minha orientadora, Professora Dra Maria de Fátima Silva Muniz, e ao técnico de laboratorio Samário, agradeço por toda dedicação, ensinamento e contribuição.

Aos meus amigos e integrantes dos projetos de pesquisas, Rafaela Araújo, Alex Araújo, Suelen Espindola e Luiz Lins, agradeço por toda ajuda, dedicação e parceria.

Aos meus amigos de infância, agradeço por fazerem parte de todo meu desenvolvimento pessoal.

Aos meus amigos da graduação Larissa Silva, Kemuel Cardoso, Jonata de Carvalho, Fernanda Cavalcante, João Rafafel, Kaique Modesto, Paulo Lima, Cassio Peixoto, Geovanna Letícia, Luan Senna, Denise Lopes, Gabriela Lira, agradeço por toda parceria.

E agradeço a todos que, de alguma forma, contribuíram e continuam a colaborar em toda minha jornada.

RESUMO

Durante o seu cultivo o feijão-caupi é infectado por diversos patógenos, sendo os fungos *Rhizoctonia solani* e *Agroathelia rolfsii* causadores de doenças radiculares responsáveis por reduções na produtividade da cultura. A adoção de cultivares de feijão-caupi com resistência a esses fungos constitui-se em uma das principais medidas de manejo. Este trabalho teve o objetivo de avaliar linhagens de feijão-caupi para resistência a *R. solani* e *A. rolfsii*. Os experimentos foram conduzidos em laboratório e em telado utilizando solo esterilizado mantido em vasos. Para avaliar a resistência de 21 germoplasmas de feijão-caupi a *R. solani*, o solo foi previamente infestado com 0,25 g de inóculo do isolado CMM-2666, e em seguida, se procedeu à semeadura dos genótipos. Na avaliação da reação dos 21 genótipos de feijão-caupi a *A. rolfsii*, a inoculação ocorreu pela deposição de dois escleródios do isolado SR 01 sobre a semente de cada genótipo. Os quatro genótipos mais promissores foram cultivados em solo infestado com três isolados de *R. solani* (CMM-1062, RS-01 e RS-02). As avaliações das doenças ocorreram 20 dias após a semeadura com o auxílio de duas escalas de notas distintas para cada patógeno. Os delineamentos foram inteiramente casualizados e em arranjo fatorial (3 x 4), com cinco repetições. As testemunhas corresponderam ao plantio de genótipos em solo não infestado com os patógenos. Os resultados indicaram que 13 genótipos se comportaram como medianamente resistentes, sete foram suscetíveis e um genótipo foi altamente suscetível ao isolado de *R. solani* CMM-2666. A análise de variância foi significativa ($P \leq 0,05$), resultando na formação de três grupos de genótipos, com severidade da doença variando de 30,5% a 81,5%. Os genótipos BRS Verdejante, MNC11-1019E-46, MNC11-1026E-19, MNC11-1018E-17, anteriormente classificados como medianamente resistentes ao isolado CMM-2666, foram altamente suscetíveis aos isolados CMM-1062, RS-01 e RS-02. Com relação aos 21 genótipos de feijão-caupi inoculados com *A. rolfsii*, oito genótipos foram suscetíveis e 13 genótipos se comportaram como altamente suscetíveis ao patógeno. Os resultados indicam que não foi possível encontrar fontes de resistência aos fungos *R. solani* e *A. rolfsii*. Portanto, faz-se necessário continuar os ensaios de avaliação visando a obtenção de genótipos resistentes a esses patógenos.

Palavra-chave: *Vigna unguiculata*; patógenos radiculares; germoplasma.

ABSTRACT

Cowpea is susceptible to several pathogens during cultivation, including the fungi *Rhizoctonia solani* and *Agroathelia rolfsii*, known to cause root diseases that can significantly reduce crop productivity. The use of resistant cultivars is one of the most effective strategies for managing these pathogens. In this scenario, this study aimed to evaluate cowpea lines for resistance to *R. solani* and *A. rolfsii*. Experiments were conducted under laboratory and screenhouse conditions using sterilized soil maintained in pots. To assess the resistance of 21 cowpea genotypes to *R. solani*, the soil was artificially infested with 0.25 g of inoculum from isolate CMM-2666 prior to sowing. For the evaluation of resistance to *A. rolfsii*, two sclerotia of isolate SR-01 were placed in contact with the seed of each genotype at sowing. The four most promising genotypes identified in the initial screening were further evaluated in soil infested with three *R. solani* isolates (CMM-1062, RS-01, and RS-02). Disease severity was assessed 20 days after sowing using pathogen-specific rating scales. Experiments were arranged in a completely randomized design, and evaluations involving the four selected genotypes and three *R. solani* isolates followed a 3 × 4 factorial design with five replications. Non-infested soil served as the control treatment. Among the 21 genotypes evaluated against *R. solani* isolate CMM-2666, 13 were classified as moderately resistant, seven as susceptible, and one as highly susceptible. Analysis of variance revealed significant differences among genotypes ($P \leq 0.05$), resulting in the formation of three groups, with disease severity ranging from 30.5% to 81.5%. However, genotypes BRS Verdejante, MNC11-1019E-46, MNC11-1026E-19, and MNC11-1018E-17, previously classified as moderately resistant to isolate CMM-2666, were highly susceptible to isolates CMM-1062, RS-01, and RS-02. For *A. rolfsii*, eight genotypes were classified as susceptible and 13 as highly susceptible. No sources of resistance to either *R. solani* or *A. rolfsii* were identified among the germplasm evaluated. These findings highlight the need for continued screening efforts to identify cowpea genotypes with resistance to these economically important pathogens.

Keywords: *Vigna unguiculata*; root pathogens; germplasm.

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Reação de 21 genótipos de feijão-caupi ao isolado CMM-2666 de <i>Rhizoctonia solani</i>	23
Tabela 2 - Reação de quatro genótipos de feijão-caupi a três isolados de <i>Rhizoctonia solani</i>	24
Tabela 3 - Severidade da prodrisão radicular causada por três isolados de <i>Rhizoctonia solani</i> em quatro genótipos de feijão-caupi.	24
Tabela 4 - Avaliação da resistência de 21 genótipos de feijão-caupi a <i>Agroathelia rolfsii</i>	26

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	9
2	REVISÃO DE LITERATURA.....	10
2.1	O feijão-caupi	10
2.2	Importância socioeconômica do feijão-caupi	11
2.3	Melhoramento genético.....	11
2.4	Fungos causadores de podridões radiculares em feijão-caupi	12
2.5	O fungo <i>Rhizoctonia solani</i>	13
2.5.1	Taxonomia e biologia	13
2.5.2	Mecanismos de infecção e interação patógeno-hospedeiro	14
2.6	<i>Agroathelia rolfsii</i>	15
2.6.1	Taxonomia e biologia	15
2.6.2	Mecanismos de infecção e interação patógeno-hospedeiro	16
2.7	Manejo dos patógenos	17
3	MATERIAL E MÉTODO	18
3.1	Avaliação da reação de genótipos de feijão-caupi a <i>Rhizoctonia solani</i> 18	
3.2	Avaliação da resistência de quatro genótipos de feijão-caupi a três isolados de <i>Rhizoctonia solani</i>	19
3.3	Avaliação da reação de genótipos de feijão-caupi a <i>Agroathelia rolfsii</i> ..	20
3.4	Análise dos dados	20
4	RESULTADOS E DISCUSSÃO	21
5	CONCLUSÃO.....	27
6	REFERÊNCIAS	28

1 INTRODUÇÃO

O feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) é uma espécie muito associada aos cultivos tradicionais das regiões Norte e Nordeste do Brasil, sendo um dos alimentos que compõem a base alimentar de suas populações. É uma leguminosa que apresenta diversas vantagens agronômicas, grande variabilidade genética, excelente adaptabilidade e alto valor nutritivo (SILVA *et al.*, 2019), sendo fonte de proteínas, minerais, fibras alimentares e compostos bioativos, que auxiliam na prevenção de várias doenças (DUARTE *et al.*, 2024).

No Brasil, a produtividade média estimada para o feijão-caupi na safra 2025/2026 foi de 529 kg ha⁻¹ (CONAB, 2026). Entretanto, estudos com linhagens e cultivares de feijão-caupi apresentaram produtividades variando de 1.595 kg ha⁻¹ a 1.805 kg ha⁻¹ (HOOGERHEIDE *et al.*, 2026), o que demonstra um desafio a ser enfrentando junto aos produtores de feijão-caupi do país.

As doenças causadas por fungos habitantes do solo estão generalizadas nas áreas de produção do feijão-caupi em todo o mundo e constituem um grande entrave à produção, especialmente nos ambientes tropicais e subtropicais (MBEYAGALA *et al.*, 2022). Dentre esses *Rhizoctonia solani* Kühn e *Agroathelia rolfsii* (Sacc.) Redhead & Mullineux são responsáveis por infecções que ocorrem em vários estádios de desenvolvimento da cultura. Os sintomas incitados por esses patógenos envolvem as podridões de sementes e raízes, lesões no caule e hipocótilo, tombamento de plântulas e plantas cloróticas ou murchas (FLORINI, 1997; SRI *et al.*, 2021; DELL'OLMO; TIBERINI; SIGILLO, 2023).

Ambos, *R. solani* e *A. rolfsii* são patógenos com ampla gama de hospedeiros e sobrevivem como saprófitas, colonizando a matéria orgânica do solo, bem como por meio dos seus micélios e de suas estruturas altamente resistentes, os escleródios, capazes de persistir no solo por vários anos. Estas estruturas constituem a principal fonte de infecção (ABBAS *et al.*, 2019; PANDE; MISHRA, 2021). Devido às características que estes fungos apresentam, as medidas de manejo para as doenças causadas por eles, se tornam muito limitadas.

A resistência do hospedeiro ou o plantio de cultivares tolerantes, é a abordagem mais eficaz, econômica e ambientalmente correta para o manejo de doenças radiculares em feijão-caupi (MBEYAGALA *et al.*, 2022). Deste modo, objetivou-se avaliar a resistência de genótipos de feijão-caupi a *R. solani* e *A. rolfsii*

sob condições de telado.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 O feijão-caupi

O feijão-caupi é uma planta Dicotyledonea, da ordem Fabales, família Fabaceae, subfamília Faboideae, tribo Phaseoleae, subtribo Phaseolineae, gênero *Vigna*, seção Catiang, espécie *V. unguiculata* (L.) Walp e subespécie *unguiculata* (PADULOSI; NG, 1997; BOUKAR *et al.*, 2019), sendo uma das leguminosas mais importantes para alimentação humana e animal nos trópicos semiáridos e áridos (ZULUAGA *et al.*, 2021).

Vigna unguiculata subsp. *unguiculata*, é dividido em cinco cultigrupos, com base nas características das sementes e vagens: *Unguiculata*, *Sesquipedalis*, *Biflora* e *Textilis* e *Melanophthalmus*. O cultigrupo *Unguiculata* é composto pelo feijão-caupi, cultivado como leguminosa e como hortaliça, enquanto o *Sesquipedalis* compreende o feijão-de-metro, mais comumente cultivado nos estados do Amazonas e Pará. O cultigrupo *Biflora* é cultivado principalmente como forragem, já o *Textilis* possui longos pedúnculos fibrosos, que são utilizados em regiões do norte da Nigéria para fazer cordas a partir da fibra. *Melanophthalmus* apresenta tegumento rugoso e a característica do hilo de cor preta, sendo um grupo muito próximo do *Unguiculata* (FREIRE FILHO *et al.*, 2011; BOUKAR *et al.*, 2019; LIOI *et al.*, 2019; CARVALHO *et al.*, 2025; PEARSON *et al.*, 2026). O progenitor imediato do feijão-caupi é a espécie *V. unguiculata* subsp. *dekindtiana* var. *dekindtiana*, sendo esta a mais compatível para cruzamentos com o feijão-caupi (BOUKAR *et al.*, 2019).

Sugere-se que o centro de origem do feijão-caupi seja as sub-regiões da África Ocidental e Central, uma vez que é nessas regiões que se encontra a maior quantidade de germoplasma. Com relação a dispersão do feijão-caupi para outras partes do mundo, como a Europa, Ásia e Américas, especula-se que teria ocorrido por rotas diferentes (BOUKAR *et al.*, 2019). No Brasil, o feijão-caupi foi introduzido na segunda metade do século XVI pelos colonizadores portugueses no Estado da Bahia (FREIRE FILHO, 1988). Provavelmente, a partir desse estado houve uma intensa disseminação da cultura para a região Nordeste e desta para todo o país (FREIRE FILHO *et al.*, 2011).

2.2 Importância socioeconômica do feijão-caupi

A produção mundial de feijão-caupi está concentrada no continente africano, que responde por aproximadamente 96,86% da produção, sendo Nigéria (4,3 milhões de toneladas), Níger (2,8 milhões de toneladas), Burkina Faso (736 mil toneladas), Tanzânia (221 mil toneladas) e Mianmar (114 mil toneladas) os cinco maiores produtores de feijão-caupi (FAO, 2024). A segunda maior área de produção depois da África é o Brasil, onde a cultura está bem adaptada à precipitação relativamente baixa e aos solos pobres da região Nordeste do país (DESHPANDE *et al.*, 2023). No Brasil, a estimativa da área plantada com feijão-caupi na safra 2025/2026 foi de 1.227.700 ha, com uma produção média de 648,8 mil toneladas, considerando as três épocas distintas de plantio (CONAB, 2026).

A região Nordeste destaca-se como a maior produtora e consumidora de feijão-caupi no Brasil, sendo os principais estados produtores Ceará, Bahia, Piauí, Pernambuco, Paraíba, Rio Grande do Norte e Maranhão (FREITAS, 2021). O estado de Mato Grosso, embora não apresente a maior área colhida atinge a maior produção, devido a maior produtividade, resultado direto do emprego de tecnologias adequadas no sistema de cultivo. Em contraste, estados como Ceará e Piauí, maiores consumidores desta leguminosa no Brasil, alcançam baixíssimos níveis de produtividade, em função do baixo emprego de tecnologia, irregularidades pluviométricas, dentre outros fatores (SILVA; ROCHA; MENEZES JÚNIOR, 2016).

O feijão-caupi é uma das espécies leguminosas mais importantes do mundo, conhecida pela segurança alimentar e sustentabilidade agrícola, sendo adaptada a diversos agroecossistemas. A cultura tem um uso multifacetado, incluindo alimentação humana, animal e manejo da fertilidade do solo. É um alimento básico, especialmente na África e em partes da Ásia e das Américas, onde é valorizado por seu rico conteúdo nutricional. Embora o feijão-caupi seja uma leguminosa resiliente ao clima, o grau de adaptação ambiental e seu valor de mercado variam consideravelmente entre as diferentes regiões de produção (KIM *et al.*, 2025).

2.3 Melhoramento genético

Cada região de cultivo tem condições únicas, incluindo variações de clima, tipos de solo e pressões de pragas e patógenos. Dada essa natureza versátil e diversa dos ambientes de cultivo, diferentes cultivares são necessárias para enfrentar todos

os desafios regionais. Os esforços do melhoramento genético geralmente priorizam a produção de uma gama de variedades com diferentes tipos de plantas, hábitos de crescimento e períodos de maturação, a fim de maximizar os rendimentos e aumentar a resiliência ambiental, além de atender às necessidades específicas de cada região (KIM *et al.*, 2025).

O melhoramento genético do feijão-caupi tem sido executado considerando os interesses de agricultores familiares e empresariais e com foco no sistema formado pelo produtor, comerciante, agroindustrial, distribuidor e consumidor, e, nos últimos anos, no exportador. O resultado desse trabalho tem sido a obtenção e indicação de cultivares de feijão-caupi melhoradas para todos os tipos de produtores e regiões com potencial no Brasil. Já foram lançadas 73 cultivares de feijão-caupi por meio do melhoramento genético, sendo desenvolvidas por diferentes programas de instituições públicas e empresas privadas, sendo a sua grande maioria pela Embrapa (ROCHA *et al.*, 2016).

A resistência a doenças pode ser governada tanto por herança poligênica quanto monogênica. É muito mais provável que a resistência a doenças esteja sob controle de um único gene ou herança simples, embora os genes R do feijão-caupi não sejam bem estudados. Além da triagem na coleção internacional do IITA, a EMBRAPA (Brasil), o NBPGR (Índia) e o USDA (Estados Unidos) são exemplos de grandes bancos de germoplasma nacionais com extensas coleções de feijão-caupi para trabalhar na identificação de germoplasma com resistência a doenças. O pré-melhoramento, bem como o melhoramento de linhagens de elite, respectivamente, têm sido usados para ampliar a base genética do feijão-caupi e incorporar a tolerância a doenças (DESHPANDE *et al.*, 2023).

Considerando as restrições bióticas, como as doenças, que são um fator limitante a produção do feijão-caupi, um dos objetivos do Programa de Melhoramento é obter cultivares com resistência as principais doenças da cultura. Para isso, se faz necessário estabelecer uma caracterização padronizada, quando se considera a avaliação da resistência de genótipos de feijão-caupi a patógenos.

2.4 Fungos causadores de podridões radiculares em feijão-caupi

Em um estudo realizado por Zhu *et al.* (2023) constatou-se que a infecção causada por patógenos causadores de podridão radicular teve impactos significativos, com redução na biomassa de plantas feijão-caupi doentes, alterações no pH do solo

e nos níveis de nutrientes (menor disponibilidade de fósforo, maior disponibilidade de amônio (nitrogênio amoniacal (NH_4^+ - N) e nitrogênio nítrico (NO_3^- - N)).

O feijão-caupi é suscetível à infecção por vários fungos habitantes do solo que infectam as sementes antes e depois da germinação, causando apodrecimento e decomposição das sementes, morte das plântulas antes e depois da emergência e podridão radicular (QASSIM; MOHAMED; HAMDOON, 2023). Dentre os principais agentes causais desses sintomas destacam-se *R. solani* e *A. rolfsii*.

2.5 O fungo *Rhizoctonia solani*

2.5.1 Taxonomia e biologia

O fungo fitopatogênico *Rhizoctonia solani* Kühn, cujo teleomorfo corresponde ao *Thanatephorus cucumeris* (Frank) Donk, faz parte do filo Basidiomycota, ordem Cantharellales, família Ceratobasidiaceae e gênero *Rhizoctonia*. Esse patógeno habita nas camadas mais superficiais do solo, associado a restos vegetais e possui uma ampla gama de hospedeiro, responsável por infectar mais de 260 espécies de plantas de importância econômica. Por ser um fungo cosmopolita, ocupa nichos em quase todas as regiões agrícolas do mundo em função da sua facilidade de se adaptar as condições edafoclimáticas (UMER *et al.*, 2023; SUN *et al.*, 2024; MOHANAN *et al.*, 2025).

Rhizoctonia solani, é classificado em diferentes grupos de anastomose (AGs), definidos pela capacidade de fusão entre hifas de diferentes isolados (XIA *et al.*, 2025). Quando as hifas se atraem e conseguem se fundir, o conteúdo celular de ambas se junta e ocorre a troca de material genético, indicando que faz parte do mesmo grupo. Atualmente, existem de 13 a 14 Grupos de anastomose descritos para *R. solani* (AG-1 a AG-13 e AG-BI), os quais são subdivididos com base em critérios morfológicos da colônia, patogenicidade e marcadores moleculares (SUN *et al.*, 2024; SPERSCHNEIDER *et al.*, 2025).

A identificação de cada um dos grupos e seus subgrupos pode ser feita pelo método tradicional de observação da fusão de hifas ou pelo sequenciamento da região do espaçador transcrito interno do rDNA, que atualmente tornou-se o método mais recomendado para esta finalidade (YI *et al.*, 2025; LIMA *et al.*, 2024; NIZAMANI *et al.*, 2025).

Quanto a morfologia, *R. solani* é caracterizado por possuir hifas septadas,

hialinas quando jovens e com o passar do tempo tornam-se amarronzadas. As ramificações das hifas ocorrem em ângulos de aproximadamente (90°), na base da ramificação é notável a presença de uma leve constrição característica, e um septo próximo ao seu ponto de origem (YI *et al.*, 2025).

Este fungo não apresenta conídios e depende primordialmente do crescimento vegetativo do micélio e da formação de escleródios para a sua sobrevivência. Os escleródios são estruturas de resistência, formadas a partir de uma massa de hifas, de formato irregular e cor escura, e que permite que o patógeno persista no solo e em restos de culturas por vários anos, mesmo em condições de ambientes desfavoráveis (SUN *et al.*, 2024; XIA *et al.*, 2025).

2.5.2 Mecanismos de infecção e interação patógeno-hospedeiro

O fungo *R. solani*, quando em condições ideais, inicia o crescimento micelial para parasitar um hospedeiro, antes mesmo do contato direto. Para superar as defesas da planta nessa aproximação, o fungo adapta de maneira estrategicamente as suas estruturas, o que resulta em seu mecanismo de patogenicidade, focando em causar a morte celular do tecido do hospedeiro para extrair e absorver nutrientes. E toda essa dinâmica tem início quando as hifas são atraídas pelos exsudatos radiculares liberados pelo hospedeiro (SUN *et al.*, 2024; NIZAMANI *et al.*, 2025).

A partir do momento em que o patógeno se adere a superfície do hospedeiro, desenvolve estruturas de infecção especializada, como as denominadas almofadas de infecção, que são agrupamentos de hifas, e os apressórios lobados que funcionam como mecanismos de fixação para poder iniciar a pressão mecânica e as atividades enzimáticas necessárias para romper as barreiras físicas externas da planta, como a cutícula e a parede celular (YANG *et al.*, 2024; NIZAMANI *et al.*, 2025).

No parasitismo propriamente dito, para ocorrer a penetração e a colonização interna no tecido do hospedeiro, o patógeno precisa secretar enzimas como as celulasas, hemicelulasas e pectinases, visto que, é por meio da ação dessas enzimas que as estruturas da planta, como a parede celular, são degradadas, facilitando a entrada do patógeno no interior do hospedeiro. Além das enzimas o patógeno secreta fitotoxinas que induzem necrose dos tecidos, o que contribui para a manifestação dos sintomas (NIZAMANI *et al.*, 2025). Para que o parasitismo seja mais fácil e favorável, o patógeno secreta proteínas efetoras que manipulam o metabolismo e a imunidade

da planta hospedeira (SUN *et al.*, 2024).

Os sintomas causados por *Rhizoctonia solani* em feijão-caupi envolvem a podridão de raiz e do colo, com lesões deprimidas, encharcadas de coloração marrom-avermelhadas, que podem resultar no tombamento de pré e pós-emergência das plântulas (AKBER *et al.*, 2023).

Para conter o avanço micelial do fungo, a planta hospedeira ativa suas barreiras físicas via deposição de celulose, lignina e suberina para fortalecer a parede celular e a cutícula, além de ativar respostas fisiológicas como a via dos fenilpropanoides (YANG *et al.*, 2024). O sucesso dessa interação, no entanto, é condicionado pela agressividade do patógeno, genética do hospedeiro e fatores ambientais, como a temperatura e umidade. Caso a planta hospedeira seja suscetível ao patógeno ela apresentará sintomas de tombamento, podridão radicular, cancos no caule ou manchas foliares (AKBER; FANG, 2024).

2.6 *Agroathelia rolfsii*

2.6.1 Taxonomia e biologia

O fungo *Agroathelia rolfsii* (Sacc) Redhead e Mullineux (2023), pertencente ao reino Fungi, filo Basidiomycota, ordem Amylocorticiales, família Amylocorticiaceae. Anteriormente classificado como *Sclerotium rolfsii*, mas como resultado de uma revisão taxonômica validada em 2023, a espécie passou a fazer parte do gênero *Agroathelia* (SAMPATHKUMAR *et al.*, 2026).

Diversas culturas são acometidas pela podridão-do-colo, doença causada por este patógeno, e apresentam redução de produtividade. Este patógeno é fungo necrotrófico habitante do solo, altamente virulento e a sua ocorrência é registrada em várias áreas do mundo, em diferentes zonas climáticas, como as regiões tropicais, subtropicais e temperadas (SOUZA *et al.*, 2026; SAMPATHKUMAR *et al.*, 2026). Diante da sua gama de hospedeiros, o feijão-caupi destaca-se como uma das culturas que é acometida pela podridão-do-colo causada por este patógeno.

A morfologia de *A. rolfsii* é caracterizada pela produção de estruturas de resistência, denominadas de escleródios. Essas estruturas apresentam um formato de globoso a elipsóide e coloração branca, quando imaturos, tornando-se marrom escuro ou até mesmo preto, quando atingem a maturidade. São formados a partir do micélio, que por sua vez, apresentam coloração branca e aspecto cotonoso. Em

observações microscópicas o fungo possui hifas hialinas, septadas, relativamente largas e conexões em forma de grampo. Os escleródios são a principal fonte de inóculo para novas infecções, podendo ser facilmente disseminados para novas áreas por meio de materiais contaminados como o solo, restos de culturas, água de irrigação e equipamentos agrícolas (MAHADEVAKUMAR *et al.*, 2025; ANGEL_SALAZAR *et al.*, 2025; SAMPATHKUMAR *et al.*, 2026).

Inicialmente, a infecção de *A. rolfsii* resulta na decomposição do caule da planta de feijão-caupi nos 2 cm acima do solo. Os primeiros sintomas observados são geralmente um murchamento generalizado, com as folhas amareladas, que logo é seguido pelo ressecamento da folhagem e morte da planta (FERY; DUQUES, 2002). Na base da planta observa-se um crescimento micelial branco do fungo, que com o desenvolvimento da doença resultará na formação de numerosos escleródios na base da planta (NECHET; HALFELD VIEIRA, 2006).

2.6.2 Mecanismos de infecção e interação patógeno-hospedeiro

A coexistência do patógeno e do hospedeiro em condições de ambiente favoráveis, principalmente sob temperaturas na faixa de 27°C a 35°C, e na presença de umidade, permite o início do processo de infecção (ABLORMET *et al.*, 2025). O escleródio, que é a fonte primária de infecção deste patógeno, germina e produz um conjunto de micélios brancos e cotonosos que crescem em direção ao hospedeiro. Uma vez a estrutura do patógeno entra em contato com a superfície do hospedeiro, forma estruturas especializadas denominada de apressórios. Essa estrutura vai permitir que o patógeno se fixe no hospedeiro, pressionando a superfície do mesmo até executar a penetração direta (WANG *et al.*, 2026).

A partir da fixação na superfície do hospedeiro, *A. rolfsii* passa a secretar compostos químicos e enzimáticos para poder degradar os tecidos do hospedeiro. Inicialmente vai amolecer as estruturas das células e neutralizar as defesas iniciais da planta com a ação do ácido oxálico, reduzindo o pH do tecido vegetal em níveis entre 3,0 e 4,0. Em seguida, inicia a liberação de enzimas degradadoras, como as celulasas e hemicelulasas que contribui para a desintegração das estruturas físicas da planta. E para garantir sua fonte de alimento, o fungo secreta proteínas efetores que atua diretamente na morte da célula e induz a necrose do tecido vegetal (ANGEL_SALAZAR *et al.*, 2025; WANG *et al.*, 2026).

A resposta das plantas se dá pela ativação do sistema de defesa e produção

de fitoalexinas. Por sua vez, o patógeno para sobreviver reage a ação do hospedeiro, utilizando proteínas transportadoras de membrana que atuam como uma bomba e permite expelir as toxinas vegetais de dentro das células fúngicas (WANG *et al.*, 2026). As plantas reagem por meio de outros mecanismos, que envolve as defesas físicas, químicas e fisiológicas. Incluindo o reforço da parede celular com lignina e a produção de enzimas antioxidantes como a peroxidase e a catalase. A defesa da planta também se dá por meio de receptores, que atuam para detectar padrões moleculares do fungo (VERMA *et al.*, 2025; THAIPARAMBIL *et al.*, 2026).

2.7 Manejo dos patógenos

Considerando que *R. solani* e *A. rolfsii* possuem uma ampla gama de hospedeiros e mecanismos de sobrevivência sob condições ambientais adversas, o manejo desses patógenos é complexo e torna-se mais difícil, sendo recomendado uma abordagem que combine diferentes métodos, como o cultural, o genético, o biológico e o químico (NIZAMANI *et al.*, 2025; SPERSCHNEIDER *et al.*, 2025).

A rotação de culturas faz parte das práticas culturais, é importante no manejo de *R. solani* e *A. rolfsii*, utilizando espécies não hospedeira para alternar com a cultura principal, mas, devido a polifagia destes fungos esse recurso é limitado. Além disso, a destruição de restos culturais e o ajuste da densidade do plantio auxiliam na redução da quantidade de inóculo presente na aérea (EL-ABEID *et al.*, 2025; YI *et al.*, 2025).

Embora vários estudos tenham sido realizados visando o controle biológico de *R. solani* (QASSIM; MOHAMED; HAMDOON, 2023; DUBEY, 2025) e *A. rolfsii* (SUNIL; THARA, 2022; VIJAYAKUMAR; APPUSAMI, 2025), até o momento não há recomendação de produtos formulados para esses patógenos para a cultura do feijão-caupi. Com relação ao manejo químico da podridão-radicular e da podridão-do-colo, não há registro no Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento de princípios ativo para o feijão-caupi (AGROFIT, 2026).

Dentre as práticas de manejo de *R. solani* e *A. rolfsii* a resistência genética é a estratégia mais sustentável, econômica e promissora no longo prazo. Essas vantagens advêm da capacidade da planta em mobilizar seu sistema de defesa, como o fortalecimento da parede celular com a deposição de lignina, celulose e suberina, além da ativação de rotas bioquímicas como a dos fenilpropanóides, para resistir aos ataques do patógeno (MOHANAN *et al.*, 2025; NIZAMANI *et al.*, 2025).

3 MATERIAL E MÉTODO

Os ensaios foram conduzidos no Laboratório de Fitopatologia e no telado localizados na Unidade de Execução de Pesquisas de Rio Largo da Embrapa Tabuleiros, Alagoas (9°27'59.4"S 35°49'37.5"W). Os germoplasmas de feijão-caupi avaliados foram disponibilizados pelo Banco Ativo de Germoplasmas da Embrapa Meio-Norte (Teresina, PI).

Em todos os ensaios utilizou-se solo previamente esterilizado em autoclave (120°C, 1 atm, 1h30min.) e acondicionado em vasos plásticos (13,5x11 cm; 1,5 kg de capacidade). A desinfestação das sementes de todos os genótipos de feijão-caupi foi realizada em solução de hipoclorito de sódio (NaOCl) 1% por dois minutos, com lavagem em água corrente e secagem durante 45 minutos em câmara asséptica.

3.1 Avaliação da reação de genótipos de feijão-caupi a *Rhizoctonia solani*

O isolado de *Rhizoctonia solani* CMM-2666 oriundo da Coleção de Fungos Fitopatogênicos “Profa. Maria Menezes” da Universidade Federal Rural de Pernambuco foi previamente cultivado por sete dias em placas de Petri contendo meio de cultura batata-dextrose-água (BDA).

O preparo do inóculo foi realizado em Erlenmeyers contendo 40 g de substrato constituído de arroz integral, com adição de 40 mL de água destilada, previamente autoclavado (120°C, 1 atm, 30min.) e infestado com fragmentos de meio de cultura constituído de micélios de *R. solani*. Após 15 dias de incubação à temperatura ambiente e alternância luminosa (12h claro/12h escuro), o substrato colonizado pelo patógeno foi distribuído em sacos de papel e colocado para secar por 48 horas à temperatura ambiente. Em seguida, foi triturado em liquidificador, peneirado em 16 mesh e pesado em alíquotas de 0,025g.

Para avaliar a reação de 21 genótipos de feijão-caupi a *R. solani* o método de inoculação adotado consistiu na infestação do solo com 0,25 g de inóculo distribuídos em cinco covas de plantio. Em seguida, se procedeu à semeadura de cada genótipo. O delineamento utilizado foi inteiramente casualizado, com 21 tratamentos, representados pelos genótipos de feijão-caupi e cinco repetições, sendo cada repetição constituída por um vaso com cinco plantas. As testemunhas foram constituídas pelo plantio das sementes de cada genótipo em solo não infestado com o fungo.

As plantas foram mantidas sob condições de telado e a avaliação da rizoctoniose foi efetuada 20 dias após a semeadura utilizando uma adaptação da escala de notas proposta por Peña *et al.* (2013), com notas variando de zero a oito, onde plantas sem sintomas teve nota 0 e plantas mortas e/ou com podridão de sementes obteve nota oito.

A determinação da reação da resistência dos 21 genótipos de feijão-caupi a *R. solani* foi obtida pela soma das notas de cada planta e divisão pelo número total de plantas avaliadas. Esse valor foi utilizado para discriminar os genótipos em cinco classes de reação: 0 = semelhante a imune (SI); 0,1-2,0 = altamente resistente (AR); 2,1-4,0 = medianamente resistente (MR); 4,1-6,0 = suscetível (SU); 6,1-8,0 = altamente suscetível (AS).

3.2 Avaliação da resistência de quatro genótipos de feijão-caupi a três isolados de *Rhizoctonia solani*

A partir dos resultados obtidos no ensaio de avaliação da reação de genótipos de feijão-caupi a *R. solani*, selecionou-se os genótipos BRS Verdejante, MNC11-1019E-46, MNC11-1026E-19 e MNC11-1018E-17, por apresentarem resistência mediana a um isolado do patógeno. Os outros nove genótipos não foram avaliados por indisponibilidade de sementes. Para obtenção do inóculo, três isolados de *R. solani* CMM-2666, CMM-1062 e RS01, foram multiplicados em arroz integral previamente autoclado.

Após a desinfestação e secagem, as sementes dos genótipos BRS Verdejante, MNC11-1019E-46, MNC11-1026E-19 e MNC11-1018E-17 foram semeadas em solo infestado com cada isolado de *R. solani*, sendo o inóculo constituído de 0,25 g distribuídos em cinco covas de plantio.

O delineamento adotado foi inteiramente casualizado, em fatorial 3 x 4 (três isolados do patógeno e quatro genótipos de feijão-caupi), com cinco repetições, onde cada repetição foi composta por um vaso com cinco plantas. A testemunha consistiu no plantio dos genótipos de feijão-caupi em solo não infestado com os isolados do patógeno. A avaliação da podridão radicular foi realizada 20 dias após a semeadura com o auxílio de uma escala de notas de zero a oito.

3.3 Avaliação da reação de genótipos de feijão-caupi a *Agroathelia rolfsii*

Para obtenção do inóculo de *A. rolfsii*, o isolado SR 01 foi cultivado em placas de Petri contendo o meio de cultura batata-dextrose-ágar (BDA), incubado à temperatura ambiente e alternância luminosa durante 45 dias, visando a formação de escleródios (PUNJA, 1985). Após esse período, os escleródios maduros foram retirados da superfície do meio de cultura e transferidos para tubos criogênicos de 5 mL, os quais ficaram semi-abertos e foram mantidos em dessecador contendo sílica-gel por sete dias.

A semeadura dos 21 genótipos de feijão-caupi ocorreu em covas de plantio feitas em solo mantido em vasos. Em seguida, se procedeu a inoculação do fungo por meio da deposição de dois escleródios secos sobre a semente de cada genótipo.

O delineamento adotado foi inteiramente casualizado, com 21 tratamentos, representados pelos genótipos de feijão-caupi e cinco repetições, sendo cada repetição constituída por um vaso com cinco plantas. A testemunha de cada genótipo foi cultivada em solo não infestado pelo patógeno. As plantas foram mantidas sob condições de telado e a avaliação da podridão-do-colo foi efetuada 20 dias após a semeadura com o auxílio de uma escala de notas, variando de zero a quatro, adaptada de Frey e Dukes (2011), onde zero representou plantas com ausência de sintomas e quatro correspondeu a plantas mortas e/ou sementes não germinadas.

A reação média de cada genótipo foi calculada pela soma das notas de cada planta e divisão pelo número total de plantas avaliadas. Esse valor será utilizado para discriminar os genótipos em cinco classes de reação, onde: 0 = semelhante à imune (SI); 0,1-1,0 = altamente resistente (AR); 1,1-2,0 = medianamente resistente (MR); 2,1-3,0 = suscetível (SU); 3,1-4,0 = altamente suscetível (AS).

3.4 Análise dos dados

Com os dados obtidos para cada ensaio, foi estimada a severidade da doença (SEV) de acordo com o índice de McKinney (1923), pela expressão:

$$SEV = \left[\frac{\sum (\text{grau da escala} \times \text{frequência})}{(\text{número total de unidades} \times \text{grau máximo da escala})} \right] \times 100 \quad (1)$$

A partir da severidade estimada os dados foram submetidos à análise de variância e aos testes de Tukey e Scott-Knott ($P \leq 0,05$), sendo também investigada a existência de interação entre genótipos e isolados de *R. solani*, com o auxílio do programa SISVAR, versão 5.8 (FERREIRA, 2019).

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Ao avaliar a resistência de 21 genótipos de feijão-caupi ao isolado CMM-2666 de *R. solani*, observou-se que nenhum genótipo apresentou reação de imunidade ou resistência. Enquanto 13 genótipos foram medianamente resistentes, sete genótipos se comportaram como suscetíveis e um genótipo foi altamente suscetível ao patógeno (Tabela 1).

A análise de variância realizada para os dados de estimativa de severidade da doença (SEV) foi significativa ($P \leq 0,05$) e permitiu diferenciar os genótipos em três grupos, conforme o teste de de Scott-Knott ($P < 0,05$). O primeiro grupo foi formado por 13 genótipos, com SEV variando de 30,5% a 50%; o segundo grupo foi composto por seis genótipos, com SEV entre 53% a 65,5%, e dois genótipos representaram o terceiro grupo com intensidade da doença variando de 69,5% e 81,5% (Tabela 1). Ao comparar a reação dos genótipos de feijão-caupi e a severidade da doença, verifica-se que há uma correspondência entre os agrupamentos e as classes de reação, com exceção do genótipo MNC11-1031E-11, que foi agrupado junto com a cv. BRS Exuberante.

Quando os genótipos BRS Verdejante, MNC11-1019E-46, MNC11-1026E-19, MNC11-1018E-17), classificados como medianamente resistentes ao isolado CMM-2666 de *R. solani*, foram submetidos ao cultivo em solo infestado com os isolados CMM-1062, RS-01 e RS-02 de *R. solani*, todos os genótipos apresentaram reação de alta suscetibilidade aos três isolados do fungo (Tabela 2). O genótipo MNC11-1018E-17 que teve uma nota média de reação da doença de 2,84 ao isolado CMM-2666, quando avaliado com os outros três isolados do patógeno, obteve médias acima de 7, sendo classificado como altamente suscetível. Deste modo, fica evidente que o comportamento da resistência e/ou suscetibilidade dos genótipos de feijão-caupi pode variar em função da variabilidade do patógeno.

Wang *et al.* (2025) destacam que a dependência de um único isolado de *R. solani* em estudos sob condições controladas, provavelmente reflete apenas um

subconjunto da diversidade do patógeno e da influência ambiental. E ressaltam a importância de se realizar uma validação mais ampla com múltiplos isolados do fungo e em ambientes de produção. De acordo com Taboada *et al.* (2022) a seleção de resistência a *R. solani* é desafiadora, uma vez que fatores ambientais podem afetar significativamente as respostas fenotípicas.

A dificuldade de detecção de fontes de resistência a este patógeno também foi relatada para culturas como algodão (*Gossypium hirsutum*) (GARCIA *et al.*, 2025), grão-de-bico e feijão-mungo (*V. radiata*) (BASHYAL *et al.*, 2021). Em um estudo que avaliou 310 acessos de germoplasma de soja (*Glycine max*) a *R. solani*, apenas 2,26% apresentaram alta resistência (WANG *et al.*, 2025).

Tabela 1 - Reação de 21 genótipos de feijão-caupi ao isolado CMM-2666 de *Rhizoctonia solani*.

Genótipos	Classe de doença		
	Severidade (%) ¹	Média ²	Reação ³
BRS exuberante	81,50 a	6,52	Altamente suscetível
MNC11-1031E-11	69,50 a	5,56	Suscetível
BRS Olho Negro	65,50 b	5,24	Suscetível
MNC11-1019E-8	62,00 b	4,96	Suscetível
MNC11-1013E-35	60,00 b	4,80	Suscetível
BRS Inhuma	56,00 b	4,48	Suscetível
MNC11-1020E-16	55,50 b	4,44	Suscetível
MNC11-1034E-2	53,00 b	4,24	Suscetível
MNC11-1019E-46	50,00 c	4,00	Medianamente Resistente
MNC11-1019E-12	49,00 c	3,92	Medianamente Resistente
BRS Verdejante	46,50 c	3,72	Medianamente Resistente
MNC11-1026E-15	45,50 c	3,64	Medianamente Resistente
MNC11-1013E-16	45,50 c	3,64	Medianamente Resistente
MNC11-1026E-19	43,50 c	3,48	Medianamente Resistente
MNC11-1052E-2	43,00 c	3,44	Medianamente Resistente
MNC11-1022E-58	42,00 c	3,36	Medianamente Resistente
MNC11-1013E-33	39,50 c	3,16	Medianamente Resistente
MNC11-1024E-1	37,00 c	2,96	Medianamente Resistente
MNC11-1013-15	36,50 c	2,92	Medianamente Resistente
MNC11-1018E-17	35,50 c	2,84	Medianamente Resistente
MNC11-1031E-5	30,50 c	2,44	Medianamente Resistente
C.V. (%):	25,94		

¹Severidade da doença, calculada pelo índice de McKinney (1923), considerando escala de notas de 0 a 8

²Média original de cinco repetições.

³Reação da doença de acordo com escala de notas de 0-8, onde 0 = imune; 0,1-2,0 = Resistente (R); 2,1-4,0 = Medianamente Resistente (MR); 4,1-6,0 = Suscetível (S); 6,1-8,0 = Altamente Suscetível (AS).

⁴Médias seguidas pela mesma letra nas colunas não diferem significativamente entre si pelo teste de Scott-Knott (P < 0,05).

Tabela 2 - Reação de quatro genótipos de feijão-caupi a três isolados de *Rhizoctonia solani*.

Genótipos	Isolados					
	CMM-1062		RS-01		RS-02	
	Média ¹	Reação ²	Média	Reação	Média	Reação
BRS Verdejante	6,80	AS	7,52	AS	7,40	AS
MNC11-1019E-46	6,96	AS	7,76	AS	7,32	AS
MNC11-1026E-19	7,08	AS	7,52	AS	7,40	AS
MNC11-1018E-17	7,24	AS	7,64	AS	7,28	AS

¹Média original de cinco repetições.

²Reação da doença de acordo com escala de notas de 0-8, onde 0 = imune; 0,1-2,0 = Resistente (R); 2,1-4,0 = Medianamente Resistente (MR); 4,1-6,0 = Suscetível (S); 6,1-8,0 = Altamente Suscetível (AS).

A análise de variância demonstrou que não houve interação ($P>0,05$) entre genótipos e isolados de *R. solani*, mas o isolado CMM-1062 diferiu ($P\leq 0,05$) dos isolados RS-01 e RS-02, resultando numa menor severidade média da doença nos genótipos feijão-caupi (Tabela 3).

Tabela 3 - Severidade da prodrisão radicular causada por três isolados de *Rhizoctonia solani* em quatro genótipos de feijão-caupi.

Genótipo	Severidade da doença (%) [*]		
	CMM-1062	RS-02	RS-01
BRS Verdejante	85,0	92,5	94,0
MNC11-1019E-46	87,0	91,5	97,0
MNC11-1026E-19	88,5	92,5	94,0
MNC11-1018E-17	90,5	91,0	95,5
Méda	87,74 b ¹	91,87 a	95,12 a
C.V. (%) = 4,71			

^{*}Severidade da doença (%) calculada pelo índice de McKinney (1923), com a utilização das frequências de classes de doença, considerando uma escala de notas de 0 a 8.

¹Médias seguidas pelas mesma letra minúscula na linha (isolados) não diferem entre si pelo teste de Tukey ($P\leq 0,05$).

Quanto a investigação da resistência dos 21 genótipos de feijão-caupi a *A. rolfsii*, também não foi possível identificar genótipos com reação de imunidade ou resistência, sendo oito genótipos classificados como suscetíveis e 13 genótipos se comportaram como altamente suscetíveis ao isolado SR-01 do patógeno (Tabela 4). Esses resultados demonstram a agressividade desse fungo ao feijão-caupi. SILVA *et al* (2021), que ao avaliarem a reação de 16 genótipos de feijão-caupi a *A. rolfsii* também não detectaram fontes de resistência.

A análise de variância executada com os dados de estimativa de severidade da doença foi significativa ($P \leq 0,05$) e resultou na formação de dois grupos de genótipos ($P \leq 0,05$), sendo o primeiro composto por oito genótipos, cuja SEV variou de 65% e 77% e o segundo grupo representado por 13 genótipos, que tiveram níveis de severidade da podridão-do-colo entre 81% e 96% (Tabela 4). Ambas as variáveis, reação da cultivar e severidade da doença, possibilitaram a mesma caracterização dos genótipos, ou seja, os genótipos classificados como suscetíveis e altamente suscetíveis, compuseram os mesmos grupos de severidade da doença.

Embora nesse estudo não tenha sido possível detectar resistência a *S. rolfsii* entre os 21 genótipos de feijão-caupi avaliados. Tanimu *et al.* (2018) ao avaliarem cinco cultivares de feijão-caupi quanto à resistência a *A. rolfsii* verificaram que as L-25, IT89-KD e IT86-D-715 eram imunes à infecção pelo patógeno.

Em estudos com 20 variedades de feijão-comum (*Phaseolus vulgaris*) (SILVA *et al.*, 2025), 50 genótipos de feijão-fava (*P. lunatus*) (SILVA *et al.*, 2014) e 180 genótipos de grão-de-bico (*Cicer arietinum*) (MARTÍNEZ-MARTÍNEZ *et al.*, 2024), foram detectados três variedades de feijão-comum e dois genótipos de feijão-fava como altamente resistentes, e cinco genótipos de grão-de-bico como moderadamente resistentes a *A. rolfsii*. Isto sugere a importância de se avaliar um maior número de genótipos de feijão-caupi na busca por resistência a este fungo.

Tabela 4 - Avaliação da resistência de 21 genótipos de feijão-caupi a *Agroathelia rolfsii*.

Genótipos	Classe de doença		
	Severidade (%) ¹	Média ²	Reação ³
MNC11-1034E-2	96,00 a	3,84	Altamente Suscetível
BRS Exuberante	95,00 a	3,80	Altamente Suscetível
BRS Olho Negro	95,00 a	3,80	Altamente Suscetível
MNC11-1031E-11	93,00 a	3,72	Altamente Suscetível
BRS Inhumana	91,00 a	3,64	Altamente Suscetível
MNC11-1026E-15	91,00 a	3,64	Altamente Suscetível
MNC11-1013E-35	91,00 a	3,64	Altamente Suscetível
BRS Verdejante	90,00 a	3,60	Altamente Suscetível
MNC11-1026E-19	88,00 a	3,52	Altamente Suscetível
MNC11-1020E-16	87,00 a	3,48	Altamente Suscetível
MNC11-1024E-1	85,00 a	3,40	Altamente Suscetível
MNC11-1031E-5	84,00 a	3,36	Altamente Suscetível
MNC11-1052E-2	81,00 a	3,24	Altamente Suscetível
MNC11-1022E-58	77,00 b	3,08	Suscetível
MNC11-1019E-8	76,00 b	3,04	Suscetível
MNC11-1013-15	74,00 b	2,96	Suscetível
MNC11-1019E-12	72,00 b	2,88	Suscetível
MNC11-1019E-46	70,00 b	2,80	Suscetível
MNC11-1013E-33	67,00 b	2,68	Suscetível
MNC11-1013E-16	65,00 b	2,60	Suscetível
MNC11-1018E-17	65,00 b	2,60	Suscetível
C.V. (%):	12,18		

¹Severidade da doença, calculada pelo índice de McKinney (1923), considerando escala de notas de 0 a 8

²Média original de cinco repetições.

³Reação da doença de acordo com escala de notas de 0-4, onde 0 = imune; 0,1-1,0 = Resistente (R); 1,1-2,0 = Medianamente Resistente (MR); 2,1-3,0 = Suscetível (S); 3,1-4,0 = Altamente Suscetível (AS).

⁴Médias seguidas pela mesma letra nas colunas não diferem significativamente entre si pelo teste de Scott-Knott ($P < 0,05$).

não diferem significativamente entre si pelo teste de Scott-Knott ($P < 0,05$).

5 CONCLUSÃO

Dentre os 21 genótipos de feijão-caupi avaliados, não foram encontradas fontes de resistência a *R. solani* e a *A. rolfsii*, o que caracteriza a agressividade desses fungos aos genótipos de feijão-caupi estudados. Assim, a busca por fontes de resistência a esses patógenos deve ser continuada por meio da avaliação de mais genótipos.

6 REFERÊNCIAS

- ABBAS, A.; KHAN, S.U.; KHAN, W.U.; SALEH, T.A; KHAN, M.H.U.; ULLAH, S.; ALI, A.; IKRAM, M. Antagonist effects of strains of *Bacillus* spp. against *Rhizoctonia solani* for their protection against several plant diseases: Alternatives to chemical pesticides. **Comptes Rendus Biologies**, v.342, p.124-135, 2019.
- ABLORMETI, F. K.; SOUZA, P. G. C.; AWUAH, R. T.; KWOSEH, C. K.; AGBETIAMEH, D.; KENA, A. W.; AIDOO, K. A. S.; LUTUF, H.; SOSSAH, F. L.; SILVA, R. S.; AIDOO, O. F. Modeling global habitat suitability of *Agroathelia rolfsii* causing *Sclerotium* wilt disease of tomato with emphasis on Ghana. **Scientific Reports**, v. 15, 34034, 30 sept. 2025. DOI: 10.1038/s41598-025-12259-1.
- AGROFIT. Sistemas de agrotóxicos fitossanitários. Disponível em: https://agrofit.agricultura.gov.br/agrofit_cons/principal_agrofit_cons. Acesso em 29 mai. 2026.
- ANGEL-SALAZAR, L. M.; ZUÑIGA-PEREZ, L. F.; MESTIZO-GARZÓN, Y. A.; ORTEGA-SOTO, C. S.; GARCIA-RUIZ, D. A.; MEDINA-CÁRDENAS, H. C.; PADILLA, J. L.; VARGAS-MEDINA, L. E.; MORALES-RODRÍGUEZ, A.; SARRIA, G. A. First Report of *Agroathelia rolfsii* Causing White Fruit Rot in Oil Palm Hybrid OxG in Colombia. **Journal of Fungi**, v. 12, art. 31, 31 dec. 2025.
- AKBER, M. A.; MUBEEN, M.; SOHAIL, M. A.; KHAN, S. W.; SOLANKI, M. K.; KHALID, R.; ABBAS, A.; DIVVELA, P. K.; ZHOU, L. Global distribution, traditional and modern detection, diagnostic, and management approaches of *Rhizoctonia solani* associated with legume crops. **Frontiers in Microbiology**, v. 13, p. 1091288, 2023.
- AKBER, M. A.; FANG, X. Research Progress on Diseases Caused by the Soil-Borne Fungal Pathogen *Rhizoctonia solani* in Alfalfa. **Agronomy**, v. 14, n. 7, 1483, p. 1-25, 9 jul. 2024. DOI: <https://doi.org/10.3390/agronomy14071483>.
- BASHYAL, B. M.; KHARAYAT, B. S.; PARMAR, P.; GUPTA, A. K.; DUBEY, S. C.; AGGARWAL, R. Influence of temperature on the pathogenesis and gene expression of *Rhizoctonia solani* causing web blight/wet root rot disease in mungbean. **Legume Research - An International Journal**, v. 45, n. 1, p. 104-109, 2022. Doi: 10.18805/LR-4342.
- BOUKAR, O.; TOGOLA, A.; CHAMARTHI, S.; BELKO, N.; ISHIKAWA, H.; SUZUKI, K.; FATOKUN, C. Cowpea [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] breeding. In: AL-KHAYRI, J. M.; JAIN, S. M.; JOHNSON, D. V. (Ed.). **Advances in Plant Breeding Strategies: Legumes**: v. 7. Cham: Springer International Publishing, 2019. p. 201-243.
- CARVALHO, L. M. S.; LUZ, M. S.; FRANCO, L. J. D.; SILVA, K. J. D.; ROCHA, M. M. Caracterização nutricional antes e após cozimento de vagens imaturas de genótipos de feijão-de-metro (*Vigna unguiculata* ssp. *sesquipedalis*). **Observatorio de la economía latinoamericana**, v. 23, n. 2, p. 1-20, 2025.

CONAB. Companhia Nacional de Abastecimento. Acompanhamento da Safra Brasileira de Grãos, DF, v.13 - safra 2025/2026 – Oitavo levantamento, Brasília, p. 1-131, 2026. Disponível em: https://www.gov.br/conab/pt-br/atuacao/informacoes-agropecuarias/safras/safra-de-graos/boletim-da-safra-de-graos/8o-levantamento-safra-2025-26/e-book_boletim-de-safras-8o-levantamento_2026.pdf. Acesso em: 27 maio 2026.

DELL'OLMO, E.; TIBERINI, A.; SIGILLO, L. Leguminous seedborne pathogens: Seed health and sustainable crop management. *Plants*, v. 12, n. 10, p. 1-42, 2023.

DESHPANDE, S. K.; KAVYASHREE, N. M.; SINGH, K.; RAMYA, K. R.; SHARMA, N.; TRIPATHI, K. Diseases in Cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.): Next Generation Breeding Techniques for Developing Disease-Resistant Cowpea. In: JHA, U. C.; NAYYAR, H.; SHARMA, K. D.; VON WETTBERG, E. J. B.; SINGH, P.; SIDDIQUE, K. H. M (Ed). **Diseases in Legume Crops: Next Generation Breeding Approaches for Resistant Legume Crops**. Singapore: Springer Nature Singapore, 2023. p. 125-139. DOI: https://doi.org/10.1007/978-981-99-3358-7_6.

DUARTE, E. D. S.; MOREIRA-ARAUJO, R. D. R.; FRANCO, L. J. D.; SILVA, K.J.D.; ROCHA, M. D. M. Qualidade nutricional e de cozimento dos grãos de diferentes classes comerciais de feijão-caupi (*Vigna unguiculata* L. Walp.). **Revista Observatorio de la Economía Latinoamericana**, v.22, n.2, p. 01-27, 2024.

DUBEY, S. Diversity, diagnostics, epidemiology and management of diseases in pulse crops caused by *Rhizoctonia solani*. **Indian Phytopathology**. v.78, p. 519–527, 2025. <https://doi.org/10.1007/s42360-025-00869-8>.

EL-ABEID, S. E.; ELSHEWY, E. S.; AHMED, A. Y. Bio-stimulants for plant growth promotion and sustainable management of *Rhizoctonia Solani* causing black scurf of potato tubers. **BMC Plant Biology**, v. 25, art. 1695, 2025. DOI: 10.1186/s12870-025-07689-y.

FAO. Food and Agriculture Organization of the United Nation. **Crops. Cow peas, dry**. Disponível em: <https://www.fao.org/faostat/en/#data/QCL>. Acesso em: 28 maio 2026.

FERREIRA, D. F. Sisvar: a computer analysis system to fixed effects split plot designs. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 43, e007419, p. 1-7, 2019.

FERY, R.L.; DUKES SR, P.D. Southern blight (*Sclerotium rolfsii* Sacc.) of cowpea: yield-loss estimates and sources of resistance. **Crop Protection**, v. 21, n. 5, p. 403-408, 2002.

FERY, R. L.; DUKES, P. D. Southern blight (*Sclerotium rolfsii* Sacc.) of cowpea: genetic characterization of two sources of resistance, **International journal of agronomy**, v. 2011, n. 1, p. 652404, 2011. DOI: 10.1155/2011/652404

FLORINI, D. Nematodes and other soilborne pathogens of cowpea. In: SINGH, B. B.; MOHAN RAJ, D. R.; DASHIELL, K. E.; JACKAI, L. E. N. (eds). **Advances in cowpea**

research. International Institute of Tropical Agriculture, Ibadan, Nigeria and Japan International Research Center for Agricultural Sciences (JIRCAS). IITA, Ibadan, Nigeria. 1997. p. 193-206.

FREIRE FILHO, F. R. Origem, evolução e domesticação do caupi. In: ARAÚJO, J. P. P. de; WATT, E. E. (Org.). **O caupi no Brasil**. Brasília, DF: IITA: EMBRAPA, 1988. p. 26-46.

FREIRE FILHO, F. R.; RIBEIRO, V. Q.; ROCHA, M. M.; DAMASCENO-SILVA, K. J.; NOGUEIRA, M. S. R.; RODRIGUES, E. V. **Feijão-caupi no Brasil: produção, melhoramento genético, avanços e desafios**. Teresina: Embrapa Meio-Norte, 2011. 84p.

FREITAS, A. C. R. **Feijão-caupi: importância socioeconômica**. 2021. Disponível em: <https://www.embrapa.br/agencia-de-informacao-tecnologica/cultivos/feijao-caupi/pre-producao/socioeconomia/importancia-socioeconomica>. Acesso em: 27 mai. 2026.

GARCIA, J.; ULLOA, M.; HUTMACHER, R. B.; ELLIS, M. L. Screening of historical and current Upland and Pima cotton germplasm for resistance to *Rhizoctonia solani*. **BMC Research Notes**, v. 18, n. 1, p. 113, 2025.

HOOGERHEIDE, E. S. S.; MENEZES JÚNIOR, J. Â. N.; PINTO, J. M. A.; NORBERTO, R. L. S.; JESUS, M. S. F.; DE ROCHA, M.M. Seleção de genitores de feijão-caupi com base em marcadores moleculares e produtividade de grãos. **Revista Caatinga**, v. 39, p. e14073-e14073, 2026.

KIM, D. K.; OCHAR, K.; IWAR, K.; HA, B. K.; KIM, S. H. Cowpea (*Vigna unguiculata* L.) production, genetic resources and strategic breeding priorities for sustainable food security: A review. **Frontiers in plant science**, v. 16, p. 1562142, 2025.

LIOI, L.; MORGESE, A.; CIFARELLI, S.; SONNANTE, G. Germplasm collection, genetic diversity and on-farm conservation of cowpea [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] landraces from Apulia region (southern Italy). **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 66, n. 1, p. 165-175, 2019.

LIMA, G. S.; SANTOS, K. M.; BARROS, A. P. O.; REIS, A.; MACHADO, A. R.; SOUZA-MOTTA, C. M.; TOVAR-PEDRAZA, J. M.; CORREIA, K. C.; MICHEREFF, S. J. Diversity and pathogenicity of anastomosis groups of *Rhizoctonia* associated with brassicas in Brazil. **Canadian Journal of Plant Pathology**, p. 1-13, 19 jan. 2024. DOI: 10.1080/07060661.2023.2296098.

MARTÍNEZ-MARTÍNEZ, A.A.; GONZÁLEZ-CHAVIRA, M.M.; ACOSTA-GALLEGOS, J.A.; ORTEGA-MURRIETA, P.F.; FIERROS-LEYVA, G.; GUERRERO-AGUILAR, B.Z. Evaluation of resistance to neck rot by *Sclerotium rolfsii* Sacc. in chickpea genotypes. **Revista mexicana de ciencias agrícolas**, v. 15, n. 4, 3065, jul. 2024. DOI: <https://doi.org/10.29312/remexca.v15i4.3065>.

MAHADEVAKUMAR, S.; SAVITHA, A. S.; DANTESWARI, C.; SARMA, P. V. S. R. N.; RENUKA, M.; AJITHKUMAR, K.; MAHESH, M.; SAMPATH KUMAR, P. T. S.

Morpho-molecular characterization of *Agroathelia rolfsii* causing leaf blight of sacred lotus (*Nelumbo nucifera*) in the Andaman and Nicobar Islands. **Physiological and Molecular Plant Pathology**, v. 140, 102899, 23 aug. 2025. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.pmpp.2025.102899>.

MBEYAGALA, E.K.; PANDEY, A. K.; OBUO, J.P.; ORAWU, M. Challenges, Progress and Prospects for Sustainable Management of Soilborne Diseases of Cowpea. *In*: JIMENEZ-LOPEZ, J.C.; CLEMENTE, A. (editors). **Legumes Research**, v. 1, London: IntechOpen, 2022. p.1-24.

McKINNEY, H. H. Influence of soil temperature and moisture on infection of wheat seedlings by *Helminthosporium sativum*. **Journal of Agricultural Research**, v. 26, n. 5, p. 195-218, 1923.

MOHANAN, A.; PRASHANTHI, S. K.; ARUN, Y. P.; RAGHUNANDANA, A.; KRISHNARAJ, P. U.; NAYAK, S. N.; HEGDE, Y. Quantitative proteomic analysis deciphers mechanisms of sheath blight resistance in novel rice landrace against *Rhizoctonia solani*. **Scientific Reports**, v. 15, 28242, 2 aug. 2025. DOI: 10.1038/s41598-025-85918-y.

NECHET, K. L.; HALFELD VIEIRA, B. A. **Doenças do feijão-caupi em Roraima**. Boa Vista: Embrapa Roraima, p. 16, 2006 (Circular Técnica, 02).

NIZAMANI, M. M.; ZHANG, Q.; ASIF, M.; KHASKHELI, M. A.; WANG, Y.; LI, C. Decoding *Rhizoctonia* spp. in-depth genomic analysis, pathogenic mechanisms, and host interactions. **Phytopathology Research**, v. 7, art. 12, 2025. DOI: 10.1186/s42483-024-00297-y.

PADULOSI, S.; NG, N. Q. Origin taxonomy, and morphology of *Vigna unguiculata* (L.) Walp. *In*: SINGH, B. B.; MOHAN RAJ, D. R.; DASHIELL, K. E.; JACKAI, L. E. N. (Ed.). **Advances in cowpea research**: International Institute of Tropical Agriculture; Tsukuba: Japan International Research Center for Agricultural Sciences, 1997. p. 1-12.

PANDE, S.; MISHRA, A. K. Soil-borne fungal pathogens: characteristics, survival strategies, and management. *In*: PANDE, S.; MISHRA, A. K. **Recent Developments in Applied Microbiology and Biochemistry**: Academic Press, 2021. v. 2, p. 145-158. DOI: 10.1016/B978-0-12-821406-0.00012-3.

PEARSON, S.; HATHORN, A.; SUN, S.; CRUICKSHANK, A.; SHATTE, T.; MUNISSE, P.; WAIRIMU, M. M.; CONNER, J.; KOLTUNOW, A.; VIELLE-CALZADA, J-P.; OZIAS-AKINS, P.; ISHII, T.; DELL'ACQUA, M.; NORTON, S.; TAO, Y.; JORDAN, D.; MACE, E. Scaling up orphan crop research: genebank genetics highlight geographic structure in cultivated cowpea from 10 617 global accessions. **The Plant Journal**, v. 125, n. 6, p. e70777, 2026.

PEÑA, P. A.; STEADMAN, J. R.; ESKRIDGE, K. M.; URREA, C. A. Identification of sources of resistance to damping-off and early root/hypocotyl damage from *Rhizoctonia solani* in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Crop Protection**, v. 54, p. 92-99, 2013.

PUNJA, Z. K. The biology, ecology, and control of *Sclerotium rolfsii*. **Annual Review of Phytopathology**, v. 23, p.97-127, 1985.

QASSIM, W. S.; MOHAMED, A. H.; HAMDOON, Z. K. Biological control of root rot fungi in cowpea. **Sabao Journal of Breeding and Genetics**. v. 56, n. 1, p. 302-309, 2023.

ROCHA, M. M.; SILVA, K. J. D.; MENEZES JÚNIOR, J. A. N.; HASHIMOTO, J. M.; NEVES, A. C.; SOUSA, F. M. **Feijão-caupi: melhoramento genético para o avanço da cultura**. Folder. Embrapa Meio-Norte, Teresina - PI. 2016. Disponível em: <https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/bitstream/doc/1047752/1/FeijaoCaupiAvancoCultura2016.pdf>. Acesso em: 29 maio 2026.

SAMPATHKUMAR, M. R.; MAHADEVAKUMAR, S.; BASAVARAJ, V.; MAHESH, M.; SRIDHAR, K. R.; AMRUTHESH, K. N.; LAKSHMIDEVI, N. Investigations on foot rot disease of muskmelon caused by *Agroathelia rolfsii* – A new record from India. **Physiological and Molecular Plant Pathology**, v. 143, 103162, 18 feb. 2026. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.pmpp.2026.103162>.

SILVA, J.A.; OLIVEIRA, M.G.; SOUZA, L.T.; ASSUNÇÃO, I.P.; LIMA, G.A.; MICHEREFF, S.J. Reação de genótipos de feijão-fava a *Sclerotium rolfsii*. **Horticultura Brasileira**, v. 32, n. 1, p. 98-101, 2014.

SILVA, I.; SILVA, K.J.D.; HASHIMOTO, J.; ROCHA, M. D. M.; CARVALHO, J. L. V. Efeito do processo de extrusão na composição nutricional de extrusados de feijão-caupi BRS Tumucumaque. In: JORNADA CIENTÍFICA DA EMBRAPA MEIO-NORTE, 5, 2019, Teresina, PI. **Anais...** Teresina: Embrapa Meio-Norte, 2022. 96 p. (Embrapa Meio-Norte. Documentos, 285).

SILVA, L. P. P. L.; NORONHA, M. de A.; ROCHA, M. de M. Avaliação da resistência de genótipos de feijão-caupi a *Sclerotium rolfsii*. In: SEMINÁRIO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA E PÓS-GRADUAÇÃO DA EMBRAPA TABULEIROS COSTEIROS, 10., 2021, Rio Largo. **Anais...** Rio Largo: Embrapa Tabuleiros Costeiros, 2021. p. 22-26.

SILVA, R. A. R.; MENDONÇA, A. P. M. S. R.; OLIVEIRA, L. G.; COSTA, A. F.; MENDONÇA JÚNIOR, A. F.; MELO, G. G. Avaliação de resistência de genótipos de feijão-comum a *Agroathelia rolfsii* e *Macrophomina phaseolina*. **Scientia Plena**, v. 21, n. 7, 070201, jul. 2025. DOI: <https://doi.org/10.14808/sci.plena.2025.070201>.

SOUZA, A. B. F.; SANTOS, A. R. A.; OLIVEIRA, M. E. M.; POCZWARDOWSKI, M. E.; BELO, E. S.; LIMA, M. L. P.; RAIMUNDI, M. K.; GUIMARÃES, R. A. Potential of *Lippia sidoides* essential oil in controlling *Agroathelia rolfsii*, the causal agent of sclerotium rot. **Multi-Science Journal**, v. 9, n. 1, p. 37-42, 12 mai. 2026. DOI: 10.33837/msj.v9i1.1788.

SPERSCHNEIDER, J.; DEBOER, K.; SINGH, K. B.; VADAKATTU, G. V. S. R.; ANDERSON, J. The fungal pathogen *Rhizoctonia solani* AG-8 has 2 nuclear haplotypes that differ in abundance. **G3 Genes, Genomes, Genetics**, v. 16, n. 1, art.

jkaf252, 2025. DOI: 10.1093/g3journal/jkaf252.

SRI, P.T.; SAJEENA, A.; JOHNSON, J.M.; JOHN, J.; RADHIKA N.S. Factors influencing the incidence of basal stem rot and blight disease caused by *Sclerotium rolfsii* in vegetable cowpea and its management using botanicals". **Journal of Biological Control**, v. 34, n. 3, p. 215-222, 2021.

SUN, M.; WANG, H.; YE, G.; ZHANG, S.; LI, Z.; CAI, L.; WANG, F. Biological characteristics and metabolic phenotypes of different anastomosis groups of *Rhizoctonia solani* strains. **BMC Microbiology**, v. 24, art. 217, p. 1-16, 2024. DOI: 10.1186/s12866-024-03363-9.

SUNIL, N.; THARA, S. S. Evaluation of biocontrol agents and chemical fungicides against *Sclerotium rolfsii* causing stem rot and foliar blight of cowpea. **Journal of Krishi Vigyan**, v.10, n.2, p. 141-145, 2022.

TABOADA, G.; ABÁN, C. L.; CÁRDENAS, G. M.; SPEDALETI, Y.; GONZÁLEZ, M. A.; MAITA, E.; ORTEGA-BAES, P.; GALVÁN, M. Characterization of fungal pathogens and germplasm screening for disease resistance in the main production area of the common bean in Argentina. **Frontiers in Plant Science**, v.13, p. 986247, 2022. doi: 10.3389/fpls.2022.986247.

TANIMU, M. U.; MOHAMMED, I. U.; MUHAMMAD, A.; KWAIFA, N. M. Response of cowpea varieties to basal stem rot (*Sclerotium rolfsii*) disease in southern guinea savanna, Nigeria. **Equijost**, v. 5, n. 1, p. 1-8, 2018.

THAIPARAMBIL, N. A.; CHEN, C.-H.; CHANG, H.-c.; KATTURAJAN, R.; MAXWELL, L. A. *Trichoderma virens* DM5 Against *Agroathelia rolfsii* in Tomato: A Gateway to Understanding Its Biocontrol–Biostimulant Trade-Off. **Molecular Plant-Microbe Interactions (MPMI)**, v. 39, n. 2, p. 233-243, fev. 2026. DOI: 10.1094/MPMI-07-25-0075-FI.

UMER, M.; MUBEEN, M.; SHAKEEL, Q.; ALI, S.; IFTIKHAR, Y.; BAJWA, R. T.; ANWAR, N.; RAO, M. J.; HE, Y. Mycoviruses: Antagonistic Potential, Fungal Pathogenesis, and Their Interaction with *Rhizoctonia solani*. **Microorganisms**, v. 11, n. 10, 2515, p. 1-16, 9 out. 2023. DOI: 10.3390/microorganisms11102515.

VERMA, P. K.; DAS, A.; OJHA, M.; GHOSE, K.; PATIL, G. B.; SRIPATHI, V. R.; BENNETT, R. S.; PUPPALA, N.; JANGA, M. R. Dissecting resistance mechanisms to *Agroathelia rolfsii* in peanut (*Arachis hypogaea* L.) through comparative RNA-Seq profiling of resistant and susceptible genotypes. **Journal of Plant Pathology**, v. 107, p. 2165-2180, ago. 2025. DOI: 10.1007/s42161-025-01986-z.

VIJAYAKUMAR, P.; APPUSAMI, S. Functional role of *Trichoderma asperellum* in inducing systemic resistance and suppressing southern blight (*Agroathelia rolfsii*) in cowpea. **Physiological and Molecular Plant Pathology**, v. 140, p. 102909, 2025.

WANG, Y.; MENG, X.; HAN, J.; FU, Z.; XU, J.; ZHU, H.; LI, H.; ZHAN, Y.; TENG, W.; LI, Y.; ZHAO, X. Identification of resistance loci and functional markers for *Rhizoctonia solani* root rot in soybean via GWAS. **Agronomy**, v. 15, n. 9, p. 2144,

2025. DOI: 10.3390/agronomy15092144

WANG, Q.; YU, D.; SONG, W.; KANG, Y.; WANG, Z.; HUAI, D.; WANG, X.; CHEN, Y.; LEI, Y.; YAN, L.; LIAO, B. Revealing the early pathogenic mechanisms of *Agroathelia rolfsii* in *Arachis hypogaea* through RNA-seq and identification of ArNIS1-like effectors. **BMC Plant Biology**, v. 26, 278, p. 2-13, 6 jan. 2026. DOI: 10.1186/s12870-025-08085-2.

XIA, H.; LIU, T.; HE, Y.; GUO, Q.; WU, H.; TANG, G. Chromosome-level genome assembly of the *Rhizoctonia solani*. **Scientific Data**, v. 12, 1053, 2025. DOI: 10.1038/s41597-025-05351-8.

YANG, X.; ZHANG, W.; LV, H.; GAO, Y.; KANG, Y.; WU, Y.; WANG, F.; ZHANG, W.; LIANG, H. Lignin synthesis pathway in response to *Rhizoctonia solani* Kühn infection in potato (*Solanum tuberosum* L.). **Chemical and Biological Technologies in Agriculture**, v. 11, art. 135, p. 2-11, 14 set. 2024. DOI: 10.1186/s40538-024-00663-0.

YI, R. H.; ZENG, X. M.; LI, K. Y.; HUANG, Y.; CHEN, X. C. *Rhizoctonia solani* causes okra (*Abelmoschus esculentus*) seedling damping-off in South China with biological characterization and fungicide sensitivity profiling. **Scientific Reports**, v. 15, 34156, 2025. DOI: 10.1038/s41598-025-14836-w.

ZHU, J.; TAN, S. L.; LI, Y. Q.; YANG, L.; WEN, H. X.; SU, X. L.; ZHANG, J.; FENG, P.; WANG, W. J.; CAI, B. W.; FANG, Z. G.; LI, R. Q.; ZHANG, J. Shift in soil microbial community of cowpea due to root rot infection. **Applied Ecology and Environmental Research**, v. 21, n. 6, p. 5533-5548, 2023. Doi: 10.15666/aeer/2106_55335548

ZULUAGA, D.L.; LIOI, L.; DELVENTO, C.; PAVAN, S.; SONNANTE, G. Genotyping-by-sequencing in *Vigna unguiculata* landraces and its utility for assessing taxonomic relationships. **Plants**, v. 10, n. 3, p. 509, 2021. DOI: 10.3390/plants10030509.