



**UNIVERSIDADE FEDERAL DO PIAUÍ
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA
DOUTORADO EM AGRONOMIA**

MARILHA VIEIRA DE BRITO

**PATOMETRIA, PROCESSO INFECCIOSO, HERANÇA GENÉTICA E SELEÇÃO
DE LINHAGENS PARA RESISTÊNCIA À ANTRACNOSE EM FEIJÃO-FAVA**

Teresina-PI

2024

MARILHA VIEIRA DE BRITO

**PATOMETRIA, PROCESSO INFECCIOSO, HERANÇA GENÉTICA E SELEÇÃO
DE LINHAGENS PARA RESISTÊNCIA À ANTRACNOSE EM FEIJÃO-FAVA**

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia da Universidade Federal do Piauí, na área de concentração em Genética e Melhoramento, como requisito à obtenção do título de Doutora em Genética e Melhoramento.

Orientadora: Profa. Dra. Regina Lucia Ferreira Gomes

Coorientadores:
Prof. Dr. Maruzanete Pereira de Melo
Profa. Dra. Ângela Celis de Almeida
Lopes

Teresina-PI

2024

FICHA CATALOGRÁFICA
Universidade Federal do Piauí
Biblioteca Comunitária Jornalista Carlos Castello Branco
Divisão de Representação da Informação

B862p Brito, Marilha Vieira de.

Patometria, processo infeccioso, herança genética e seleção de linhagens para resistência à antracnose em feijão-fava / Marilha Vieira de Brito. -- 2024.

147 f. : il.

Tese (Doutorado) – Universidade Federal do Piauí, Centro de Ciências Agrárias, Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Teresina, 2024.

Orientação: Profa. Dra. Regina Lúcia Ferreira Gomes.

Bibliografia

1. *Colletotrichum truncatum*. 2. Controle genético. 3. Melhoramento de plantas. 4. Escalas diagramáticas. 5. Microscopia. 6. *Phaseolus lunatus* L. I. Gomes, Regina Lúcia Ferreira; Melo, Maruzanete Pereira de; Lopes, Ângela Celis de Almeida. III. Título.

CDD 635.651

Elaborada por Rigoberto Veloso de Carvalho - CRB 3/988

MARILHA VIEIRA DE BRITO

PATOMETRIA, PROCESSO INFECCIOSO, HERANÇA GENÉTICA E SELEÇÃO DE LINHAGENS PARA RESISTÊNCIA À ANTRACNOSE EM FEIJÃO-FAVA

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia da Universidade Federal do Piauí, como requisito à obtenção do título de Doutora em Genética e Melhoramento.

Área de concentração: Genética e Melhoramento.

Orientadora: Profa. Dra. Regina Lucia Ferreira Gomes

Coorientadores:
Prof. Dr. Maruzanete Pereira de Melo
Profa. Dra. Ângela Celis de Almeida Lopes

Aprovada em 23 de fevereiro de 2024

BANCA EXAMINADORA:

	<small>Documento assinado digitalmente</small> VERÔNICA BRITO DA SILVA Data: 21/02/2024 20:59:12-0300 Verifique em: https://validar.jf.gov.br
<hr/>	
Prof.ª. Dr.ª. Verônica Brito da Silva – UFPI	
	<small>Documento assinado digitalmente</small> LEONIDAS LEONI BELAN Data: 26/02/2024 12:22:21-8350 Verifique em: https://validar.jf.gov.br
<hr/>	
Prof. Dr. Leônidas Leoni Belan - UEMASUL	
	<small>Documento assinado digitalmente</small> HERIKSEN HIGASHI PUERARI Data: 26/02/2024 12:33:04-8380 Verifique em: https://validar.jf.gov.br
<hr/>	
Prof. Dr. Heriksen Higashi Puerari – UFPI	
	<small>Documento assinado digitalmente</small> REGINA LUCIA FERREIRA GOMES Data: 27/02/2024 20:51:54-0300 Verifique em: https://validar.jf.gov.br
<hr/>	
Prof.ª. Dr.ª. Regina Lucia Ferreira Gomes – UFPI/Presidente (Orientadora)	

*Dedico este trabalho ao bem mais precioso
que tenho na vida, minha família e aos meus companheiros de vida.*

AGRADECIMENTOS

Em primeiro lugar, ao mestre supremo, Deus de infinita bondade e misericórdia que sempre me deu apoio, proteção, forças para enfrentar as dificuldades, mesmo parecendo impossíveis, e ainda por sempre colocar no meu caminho pessoas maravilhosas que, além de ser fontes de inspiração, estão sempre ao meu lado.

Gostaria de expressar meus sinceros agradecimentos à Universidade Federal do Piauí (UFPI) e à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) por seu apoio fundamental durante todo o meu percurso acadêmico e de pesquisa.

A minha orientadora Dra. Regina Lucia Ferreira Gomes que é um exemplo de profissional que acompanha este trabalho desde o mestrado. A professora Regina idealizou os principais objetivos deste estudo como o estudo do controle genético, avanço de gerações e obtenção de uma escala diagramática. E com sua vasta experiência do campo do melhoramento genético vegetal foi essencial na realização dos estudos. A pesquisadora também promoveu parcerias para que esta pesquisa pudesse ser realizada. Dentre elas, deve ser mencionado o Laboratório de Diversidade Genética e Melhoramento Vegetal da Universidade de São Paulo – USP na pessoa do Prof. Dr. José Baldin Pinheiro que propiciaram a realização das análises moleculares que foram fundamentais no capítulo de controle genético da resistência a antracnose em feijão-fava.

Além de profissional, é preciso ressaltar o aspecto humano da Dra. Regina. No ano de 2022 fui nomeada em concurso, minha orientadora prontamente não só apoiou como também disponibilizou alunos de iniciação científica que puderam acompanhar os experimentos em Teresina – PI. Deve ser mencionada a orientação frente a dúvidas e promoção diálogos que foram essenciais na execução deste trabalho, acredito que, independentemente da área de estudo, a comunicação é essencial para execução de qualquer pesquisa. Agradeço também pelas correções minuciosas em projetos, resumos e artigos que, sem dúvidas, agregaram valor a parte escrita deste estudo. Por fim, não poderia deixar de mencionar seus esforços, enquanto pró-reitora de pesquisa, na disponibilização no novo prédio da pós-graduação em Agronomia no Campus Universitário Ministro Petrônio Portela contribuindo diretamente com a

formação científica de todos dos pós-graduandos do Programa de Agronomia da Universidade Federal do Piauí – PPGA/UFPI.

Aos meus coorientadores. O Professor Maruzanete Pereira Melo que é um pesquisador curioso, que busca de atualizações, essas características propiciaram a realização de estudos desse trabalho. Devo ressaltar a obtenção de parcerias como a do Professor Leônidas Belan da Universidade Estadual da Região Tocantina do Maranhão que atuou frente a obtenção da primeira escala avaliativa da antracnose no feijão-fava. E foi também por intermédio do Dr. Maruzanete a parceria com Laboratório de Microscopia Eletrônica do Departamento de Fitopatologia da Universidade Federal de Lavras junto ao Dr. Silvino Moreira e Dra. Dérica Tavares Gonçalves que atuaram frente aos experimentos de microscopia de varredura e foram essenciais na elaboração desta pesquisa. A minha coorientadora, Profa. Dra. Ângela Celis de Almeida Lopes que além do seu evidenciado lado humano é uma pesquisadora muito competente. A professora Ângela forneceu várias orientações principalmente as voltadas ao estudo do Controle Genético. Em que a partir de sua vasta experiência, foi possível promover da melhor forma possível o experimento, bem como entender e discutir os resultados. Em geral, expressei minha sincera gratidão aos professores Dr. Maruzanete e Dra. Ângela não apenas por suas orientações acadêmicas, mas também por seu apoio, paciência, incentivo e compreensão que foram fontes de inspiração.

Ao grupo Recursos Genéticos e Melhoramento Vegetal de *Phaseolus* – RGMP que sempre atua em conjunto em prol do bem comum de todos que fazem parte da equipe. Em especial, agradeço a João Vitor Morais Sousa, Kathully Karolaine Brito Torres e Giovana Bezerra França que com muita competência, disposição e responsabilidade ajudaram em todas as etapas desse trabalho.

A professora Verônica Brito, pela orientação acadêmica e, sobretudo por sua amizade. Agradeço o seu comprometimento e companheirismo, em muitas ocasiões participou diretamente dos experimentos do campo e laboratório. Ao professor Carlos Humberto Aires Matos que disponibilizou tempo para a realização das análises estatísticas em um curto período. Ao Dr. Willame dos Santos Cândido que a partir dos seus conselhos sábios e direcionamento moldaram este trabalho, principalmente na condução do experimento de avanço de geração. Ao doutorando Guilherme Alexandre

Luz pela amizade e por contribuir diretamente com esse trabalho a partir de análises moleculares e estatísticas.

Ao professor Dr. José Evando Aguiar Bezerra Júnior, pela disponibilização do telado do departamento de fitotecnia em que foram realizadas várias inoculações dos estudos deste trabalho, além do Laboratório de Biologia Molecular localizado também no departamento de fitotecnia. Agradeço ao Professor Paulo da Costa também pela disponibilização de alguns reagentes para realização da Extração de DNA.

Às pessoas mais importantes da minha vida, minha família: minha mãe Francisca Vieira de Brito, meu pai Francisco Alves de Brito e meu irmão Francisco Antônio Vieira de Brito cujo apoio emocional constante foi meu alicerce durante os desafios desta jornada acadêmica. Devo ressaltar também a paciência enquanto eu me dedicava a este projeto. Obrigado por compreenderem as longas horas de estudo e pesquisa, e por serem um porto seguro em todos os momentos. Além disso, minha família forneceu apoio logístico e financeiro essencial, sendo muito importante na realização desta pesquisa. Foram várias viagens Teresina, além disso três experimentos foram realizados em sua residência localizada em Cocal dos Alves no qual tiveram a contribuição direta na condução destes.

Aos companheiros de vida Gisele Holanda e Gérson Ferreira que sempre estiveram ao meu lado, nas dificuldades e alegrias, os quais quero levar para vida toda. Eles também atuaram diretamente nesta pesquisa. Gisele auxiliou na análise de extração de DNA. Gérson promoveu um apoio imensurável, tendo em vista que permitiu a condução de um dos experimentos em sua residência e auxiliou nos cruzamentos artificiais de feijão-fava. Devo agradecer também dispor de sua criatividade para auxiliar na edição de imagens desta tese.

Aos companheiros de vida que fiz em Tianguá, João Clecio Alves Pereira, Dalila Miranda e Natalia Mourão que estiveram ao meu lado, oferecendo apoio em todas as etapas desta jornada acadêmica, suas palavras de incentivo e encorajamento, me impulsionaram nos momentos mais desafiadores. Agradeço também aos meus colegas de curso Ynayanna Nariza Medeiros, Carlos Pedro Menezes, Sebastião Pereira, José Roberto de Oliveira e Laila Andrade que compartilharam comigo as alegrias, desafios e aventuras acadêmicas. Nossa jornada foi feita de risadas, estudos intensos e, acima de tudo, amizades duradouras.

Por fim, a todos que, de alguma forma, contribuíram direta ou indiretamente com esta pesquisa. Cada contribuição foi fundamental para a conclusão deste trabalho.

E tenho comigo pensado, Deus é brasileiro e anda do meu lado (...).

Antônio Carlos Belchior

RESUMO

O feijão-fava, importante leguminosa do gênero *Phaseolus*, tem sido cultivado no Brasil, principalmente na região Nordeste. Oscilação na sua produtividade de grãos pode ocorrer devido à ocorrência de doenças, dentre as quais encontra-se a antracnose. Assim, o objetivo com esse estudo foi elucidar o processo de infecção por *Colletotrichum truncatum* utilizando microscopia de varredura; determinar o padrão de herança da resistência das plantas a este fungo em cruzamentos entre genótipos resistentes e suscetíveis do Banco de Germoplasma de *Phaseolus* da Universidade Federal do Piauí (UFPI); propor escala diagramática para auxiliar na estimativa dos sintomas da antracnose em vagens de feijão-fava; selecionar linhagens F₈ de feijão-fava quanto a resistência à antracnose e realizar avaliação de populações F₅ de feijão-fava quanto a resistência à antracnose e padrão comercial das sementes, em condições de campo. Os experimentos para obtenção do material genético, avaliação e seleção foram conduzidos no Departamento de Fitotecnia do Centro de Ciências Agrárias da UFPI, em Teresina - PI. O estudo de microscopia de varredura possibilitou elucidar as fases de fixação de conídios, germinação e formação de apressórios melanizados, que ocorrem de forma semelhante nos genótipos resistentes e suscetíveis. No entanto, a colonização ocorreu mais rapidamente nos genótipos suscetíveis quando comparados aos resistentes. Quanto ao estudo do manejo genético, constatou-se as seguintes situações: no cruzamento BGP-UFPI 832 x BGP-UFPI 860, a segregação na população F₂ foi ajustada à razão 3R:1S, confirmando que a resistência ao isolado CT4 de *C. truncatum* foi conferida por um gene dominante; já a segregação na população F₂ do cruzamento entre os genótipos BGP-UFPI 1001 e BGP-UFPI 862 foi ajustada à frequência aproximada de 9:7. A estimativa da severidade real da doença em vagens de feijão-fava, em campo, foi realizada com base na escala diagramática proposta, reduzindo a subjetividade na avaliação dos sintomas da antracnose. Na seleção das linhagens F₈ de feijão-fava em campo, identificou-se H25-65, H53 e H72 como resistentes. Na avaliação das populações segregantes foi observado que as populações “BGP-UFPI 1002 x BGP-UFPI 220”, “BGP-UFPI 798 x BGP-UFPI 832” e “BGP-UFPI 1001 x BGP-UFPI 220” apresentam caracteres desejáveis em relação às sementes tais como tamanho grande e coloração clara e resistência ao fungo *C. truncatum*. Essas informações são relevantes para o programa de melhoramento de feijão fava visando resistência à antracnose.

Palavras-chave: *Colletotrichum truncatum*; Controle genético; Melhoramento de plantas; Escalas diagramáticas; Microscopia; *Phaseolus lunatus* L.

ABSTRACT

Fava beans, an important legume of the genus *Phaseolus*, have been cultivated in Brazil, mainly in the Northeast region. Fluctuation in grain productivity may occur due to the occurrence of diseases, including anthracnose. Thus, the objective of this study was to elucidate the infection process by *Colletotrichum truncatum* using scanning microscopy; determine the pattern of inheritance of plant resistance to this fungus in crosses between resistant and susceptible accessions from the Phaseolus Germplasm Bank of the Federal University of Piau  (UFPI); propose a diagrammatic scale to assist in estimating the symptoms of anthracnose in lima bean pods; select F₈ faba bean lines for resistance to anthracnose and carry out evaluation of F₅ faba bean populations for resistance to anthracnose and commercial seed standard, under field conditions. The experiments to obtain genetic material, evaluation and selection were conducted at the Phytotechnics Department of the UFPI Agricultural Sciences Center, in Teresina - PI. The scanning microscopy study made it possible to elucidate the phases of conidial attachment, germination and formation of melanized appressoria, which occur in a similar way in resistant and susceptible genotypes. However, colonization occurred more quickly in susceptible genotypes when compared to resistant ones. Regarding the study of genetic management, the following situations were observed: in the cross BGP-UFPI 832 x BGP-UFPI 860, segregation in the F₂ population was adjusted to the 3R:1S ratio, confirming that resistance to the CT4 isolate of *C. truncatum* was conferred by a dominant gene; Segregation in the F₂ population of the cross between the BGP-UFPI 1001 and BGP-UFPI 862 genotypes was adjusted to a frequency of approximately 9:7. The estimation of the real severity of the disease in lima bean pods, in the field, was carried out based on the proposed diagrammatic scale, reducing subjectivity in the assessment of anthracnose symptoms. When selecting F₈ faba bean lines in the field, H25-65, H53 and H72 were identified as resistant. In the evaluation of the segregating populations, it was observed that the populations "BGP-UFPI 1002 x BGP-UFPI 220", "BGP-UFPI 798 x BGP-UFPI 832" and "BGP-UFPI 1001 x BGP-UFPI 220" present desirable characters in relation to seeds such as large size and light color and resistance to the fungus *C. truncatum*. This information is relevant for the faba bean breeding program aimed at resistance to anthracnose.

Keywords: *Colletotrichum truncatum*; Genetic control; Plant breeding; Diagrammatic scales; Microscopy; *Phaseolus lunatus* L.

LISTA DE FIGURAS

Figura 2.1 - Genótipos de feijão-fava com hábitos de crescimento distintos. (A) Determinado. (B) Indeterminado. Teresina, 2023.....	28
Figura 2.2 - Manifestação dos sintomas da antracnose no feijão-fava. Nas folhas (A) face abaxial e (B e C) face adaxial; (D, E e F) vagens e Sementes (F) Teresina-PI, 2023	32
Figura 3.1 – Cultivo dos genótipos de feijão-fava no Setor de Fitossanidade do Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal do Piauí, em Teresina - PI, 2022. (A) Cultivo em telado. (B) genótipos na câmara de crescimento vegetal. (C) genótipos em câmara úmida.....	50
Figura 3.2 – Imagens do conídio murcho pelo microscópio de varredura às 18 horas após inoculação no genótipo suscetível (A); e resistente (B), em Laboratório de Microscopia Eletrônica e Análise Ultraestrutural da Universidade Federal de Lavras, 2023	51
Figura 3.3 – Imagens de Microscopia eletrônica de varredura caracterizando a formação do apressório de <i>Colletotrichum truncatum</i> na superfície de folhas de feijão-fava às 6 horas após inoculação. No genótipo suscetível BGP-UFPI 860, diretamente do conídio (A) ou a partir do tubo germinativo (B), no genótipo resistente BGP-UFPI 832, diretamente do conídio (C) e a partir do tubo germinativo (D). Setas indicam o local de formação do apressório, Laboratório de Microscopia Eletrônica e Análise Ultraestrutural da Universidade Federal de Lavras, 2023	52
Figura 3.4 – Fixação do apressório vistos pelo microscópio de varredura às 6 horas após infecção (hai) de genótipos de feijão-fava, (A) fixação via estômato e (B) fixação via cutícula. Setas indicam o local de germinação do esporo, em Laboratório de Microscopia Eletrônica e Análise Ultraestrutural da Universidade Federal de Lavras, 2023.....	53
Figura 3.5 – Levantamento da epiderme ocasionado em decorrência da pressão do apressório na superfície foliar de (A) genótipo de feijão-fava resistente (BGP-UFPI 832); e no (B) genótipo suscetível (BGP-UFPI 860), setas indicam elevação da cutícula, em Laboratório de Microscopia Eletrônica e Análise Ultraestrutural da Universidade Federal de Lavras, 2023.....	54

- Figura 3.6 – Imagens da formação de hifas secundárias no genótipo suscetível de feijão-fava, às 66 horas após infecção (A) e no resistente, às 84 horas após infecção (B), em Laboratório de Microscopia Eletrônica e Análise Ultraestrutural da Universidade Federal de Lavras, 2023.....55
- Figura 3.7 – Desenvolvimento de sintomas nas folhas de feijão-fava em (A) 66 horas após infecção, no genótipo suscetível (BGP-UFPI 860) e em (B) 84 horas após infecção no genótipo resistente (BGP-UFPI 832), em Teresina-PI, 2023..... 56
- Figura 3.8 – Imagem de microscopia de varredura da produção de acérvulos no genótipo resistente de feijão-fava (BGP-UFPI 832) inoculado com *Colletotrichum truncatum*, setas indicam a extremidade dos acérvulos, em Laboratório de Microscopia Eletrônica e Análise Ultraestrutural da Universidade Federal de Lavras, 2023.....57
- Figura 3.9 – Imagem de microscopia de varredura da produção de acérvulos no genótipo suscetível (BGP-UFPI 860) inoculado com *Colletotrichum truncatum*, setas indicam a extremidade dos acérvulos, em Laboratório de Microscopia Eletrônica e Análise Ultraestrutural da Universidade Federal de Lavras, 2023.....58
- Figura 4.1 – Escala diagramática construída com fotografias em cores para auxiliar na estimativa da severidade da antracnose (*Colletotrichum truncatum*) em vagens de feijão-fava (*Phaseolus lunatus*). Os números representam o valor do ponto médio de cada nível da escala em percentual da superfície lesionada.....67
- Figura 5.1 – Imagem aérea da área Experimental. Teresina-PI, 2023.....72
- Figura 6.1 – Esquema geral de condução do estudo sobre o controle genético da resistência do feijão-fava ao *Colletotrichum truncatum*, em Teresina – PI, Tianguá – CE e Tianguá – CE, no período de 2021 a 2023.....80
- Figura 6.2 – Cor da asa das flores, contrastante nos genitores utilizados nos cruzamentos para estudo da herança da resistência ao *Colletotrichum truncatum*, realizados em Teresina - PI, Ibiapina e Tianguá – CE, no período de 2021 a 2023. (A) BGP-UFPI 832. (B) BGP-UFPI 1001. (C) BGP-UFPI 860. (D) BGP-UFPI 86282
- Figura 6.3 – Hábito de crescimento determinado (A), e indeterminado (B), contrastante nos genitores utilizados nos cruzamentos para o estudo da herança da resistência ao

<i>Colletotrichum truncatum</i> , realizados em Teresina – PI, Ibiapina e Tianguá – CE, no período de 2021 a 2023	83
Figura 6.4 – Híbridações artificiais entre genótipos de feijão-fava, para o estudo da herança da resistência ao <i>Colletotrichum truncatum</i> . (A) Em Teresina – PI. (B) Em Ibiapina-CE. (C) Em Tianguá-CE, 2021	83
Figura 6.5 – Hibridização artificial em feijão-fava, sem emasculação, conforme Bliss (1980) em Teresina – PI, 2019.....	85
Figura 6.6 – Confirmação dos prováveis híbridos F ₁ 's dos cruzamentos realizados em Teresina – PI e Ibiapina - CE, com base em caracteres dominantes dos genitores masculinos, como cor da asa flor roxa ou hábito de crescimento indeterminado, em Teresina – PI, 2022	85
Figura 6.7 – Extração do DNA genômico total das folhas de feijão-fava da geração F ₁ de cada cruzamento e dos genitores, utilizando o protocolo Doyle e Doyle (1987), em Teresina – PI, 2022	86
Figura 6.8 – Estudo da herança da resistência ao <i>Colletotrichum truncatum</i> em feijão-fava, no período de abril a maio de 2023, em Teresina – PI. (A) Genótipos com 30 dias após emergência. (B) Genótipos com 40 dias após emergência. (C e D) Genótipos inoculados com o isolado do fungo, em câmara úmida, 2023.....	87
Figura 6.9 – Padrão de bandas de DNA obtido em feijão-fava, a partir do protocolo Romano e Brasileiro (1999), observado em gel de agarose, em Teresina-PI, 2023.	91
Figura 6.10 – Gel de agarose obtido com a reação PCR, com uso de primers de microssatélite, para confirmação de híbridos provenientes do (a) cruzamento BGP-UFPI 860 x BGP-UFPI 832 e (b) cruzamento BGP-UFPI 862 x BGP-UFPI 1001, em Piracicaba, 2022.....	92
Figura 6.11 – Plantas F ₁ 's, com cotilédone roxo, resultantes do cruzamento entre os genótipos de feijão-fava BGP-UFPI 832 x BGP-UFPI 860, em Tianguá-CE, 2023...	93
Figura 6.12 – Plantas F ₁ 's, com cotilédone roxo, cor da flor lilás (A e B) e presença de antocianina em ramos (C), resultantes do cruzamento entre os genótipos de feijão-fava BGP-UFPI 832 x BGP-UFPI 860, em Tianguá-CE, 2023	93
Figura 6.13 – Genitores e plantas F ₁ 's, com diferentes padrões de cores nas sementes, envolvendo o cruzamento entre os genótipos de feijão-fava BGP-UFPI 832 x BGP-UFPI 860, em Tianguá-CE, 2023.....	93

Figura 6.14 – Gráfico com os valores de dano observado nos genitores BGP-UFPI 832 e BGP-UFPI 860, evidenciando o contraste fenotípico entre eles, com relação à reação ao <i>Colletotrichum truncatum</i> , em Teresina-PI, 2023	96
Figura 6.15 – Gráfico com os valores de dano observado nos genitores BGP-UFPI 1001 e BGP-UFPI 862, evidenciando o contraste fenotípico entre eles, com relação à reação ao <i>Colletotrichum truncatum</i> , em Teresina-PI, 2023	97
Figura 7.1 – Etapas de condução do estudo, envolvendo cruzamentos e avanço de gerações de F ₁ a F ₅ , nas seis populações avaliadas, no período de 2019 a 2023...	104
Figura 7.2 – Padrão de cor e tamanho das sementes dos genótipos de feijão-fava conservados no Banco Ativo de Germoplasma de <i>Phaseolus</i> da UFPI (BAG-UFPI), utilizados como genitores nos cruzamentos, em Teresina-PI, 2019.....	105
Figura 7.3 – Condução das seis populações F ₂ de feijão-fava, em telado do Departamento de Fitotecnia, com as primeiras folhas definitivas (A), e em fase de florescimento (B), em Teresina - PI, 2021.....	107
Figura 7.4 – Condução das populações de feijão-fava na geração F ₂ , em telado do Setor de Fitossanidade, do Departamento de Fitotecnia, da Universidade Federal do Piauí. (A) Plantas tutoradas com bambu; (B) Plantas em câmara úmida, em Teresina - PI, 2021.....	109
Figura 7.5 – Condução das populações de feijão-fava na geração F ₃ , em telado, no município de Cocal dos Alves -PI, em 2022.....	110
Figura 7.6 – Condução das seis populações de feijão-fava na geração F ₅ , em área experimental com histórico de ocorrência de antracnose, em Teresina – PI, 2023.....	111
Figura 7.7 – Progênies de feijão-fava na geração F ₅ , cultivadas em telado do Setor de Fitossanidade do Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal do Piauí, em Teresina – PI, (A) dez dias após a germinação, (B) tutoradas, vinte dias após a germinação, (C) trinta dias após a germinação, momentos antes da inoculação do fungo <i>Colletotricum truncatum</i> , (D) inoculadas e submetidas a câmara úmida com sacos plásticos, 2023.....	114
Figura 7.8 – Folha de feijão-fava com sintomas de antracnose, enumerada para possibilitar o acompanhamento da progressão da doença, em Teresina - PI, 2023.....	115

Figura 7.9 – Acompanhamento progressivo da evolução dos sintomas da antracnose nas folhas de feijão-fava, dias após a inoculação (DAI), em Teresina - PI, 2023....	115
Figura 7.10 – Confirmação de planta de feijão-fava resultante de hibridação artificial. Genitor receptor (P_1), genitor doador (P_2) e geração F_1 , em Teresina – PI.	116
Figura 7.11 – Confirmação de planta de feijão-fava resultante de hibridação artificial. Foliolo central do genitor receptor (P_1), foliolo central genitor doador (P_2) e foliolo central da geração F_1 (F_1), em Teresina - PI, 2021... ..	117
Figura 7.12 – Comparação das progênes BGP-UFPI 798 x BGP-UFPI 220 e BGP-UFPI 1000 x UBGP- FPI 220 com suas respectivas testemunhas. Teresina-PI, 2021.	120
Figura 7.13 – Comparação das progênes BGP-UFPI 251 x BGP-UFPI 1000 com sua respectiva testemunha. Teresina-PI, 2021.....	121
Figura 7.14 – Comparação das progênes BGP-UFPI 798 x BGP-UFPI 832 e BGP-UFPI 1002 x BGP-UFPI 220 com suas respectivas testemunhas. Teresina-PI, 2021.	121

LISTA DE TABELAS

Tabela 4.1– Distribuição de frequência dos valores de severidade da antracnose (<i>Colletotrichum truncatum</i>) em vagens de feijão-fava (<i>Phaseolus lunatus</i>), em Teresina – PI, 2021.....	65
Tabela 5.1 – Descrição das 40 linhagens de feijão-fava com hábito de crescimento determinado. Teresina – PI, 2023.....	73
Tabela 5.2 – Análise de variância das populações determinadas F ₈ de feijão-fava. Teresina-PI, 2023.....	74
Tabela 5.3– - Médias das notas atribuídas às reações dos genótipos determinados de feijão-fava a <i>Colletotrichum truncatum</i> , avaliadas sob condições de campo. Teresina, PI, 2023.....	75
Tabela 6.1 - Relação dos genótipos utilizados nos cruzamentos do estudo da herança da resistência ao <i>Colletotrichum truncatum</i> , realizados em Teresina – PI, Ibiapina e Tianguá – CE, no período de 2021 a 2023	81
Tabela 6.2 - Porcentagem (%) de cruzamentos realizados entre genótipos de feijão-fava (<i>Phaseolus lunatus</i> L.) e número de vagens e sementes obtidas, em Teresina - PI, 2021	89
Tabela 6.3 – Porcentagem (%) de cruzamentos realizados entre genótipos de feijão-fava (<i>Phaseolus lunatus</i> L.) e número de vagens e sementes obtidas, em Ibiapina-CE, 2021	90
Tabela 6.4 - Porcentagem (%) de cruzamentos realizados entre genótipos de feijão-fava (<i>Phaseolus lunatus</i> L.) e número de vagens e sementes obtidas, em Tianguá-CE, 2022.	92
Tabela 6.5 - Teste χ^2 dos dados obtidos após inoculação dos genótipos de feijão-fava (<i>Phaseolus lunatus</i>), BGP-UFPI 832 e BGP-UFPI 860, e das gerações F ₁ e F ₂ , com o patótipo CT4 de <i>Colletotrichum truncatum</i> , em Teresina – PI, 2023.....	95
Tabela 6.6 – Teste χ^2 dos dados obtidos após inoculação dos genótipos de feijão-fava (<i>Phaseolus lunatus</i>), BGP-UFPI 1001 e BGP-UFPI 862, e das gerações F ₁ e F ₂ , com o patótipo CT4 de <i>Colletotrichum truncatum</i> , em Teresina – PI, 2023.....	96
Tabela 7.1 – Relação dos genótipos de feijão-fava procedentes do Banco Ativo de Germoplasma de <i>Phaseolus</i> da Universidade Federal do Piauí, contrastantes com	

relação a reação à antracnose, hábito de crescimento e padrão comercial de sementes, quanto a cor e o tamanho, utilizados nos cruzamentos realizados em Teresina - PI, 2019.....	105
Tabela 7.2 – Genealogia das seis populações de feijão-fava, com as respectivas progênies F ₁ s avaliadas quanto à reação a antracnose, em Teresina - PI, 2021.....	107
Tabela 7.3 – Genealogia das progênies de feijão-fava pré-selecionadas na geração F ₂ , com resistência à antracnose, em Teresina – PI, 2022	113
Tabela 7.4 – Estimativas dos quadrados médios obtidos na análise de variância da avaliação realizada aos cinco e sete dias quanto a reação à antracnose, em 23 progênies de feijão-fava, provenientes de cruzamentos biparentais, em Teresina - PI, 2021.....	118
Tabela 7.5 – Médias das notas atribuídas às reações dos genótipos de feijão-fava a <i>Colletotrichum truncatum</i> , avaliados aos cinco e sete dias após a inoculação. Teresina - PI, 2021.....	119
Tabela 7.6 – Médias dos caracteres agromorfológicos largura da vagem (LV), comprimento da vagem (CV), espessura da vagem (EV), número de lóculos por vagem (NLC), número de sementes por vagens (NSV), peso de cem grãos (P100), largura da semente (LS), comprimento da semente (CS) espessura da semente (ES) avaliadas em seis populações segregantes de feijão-fava. Teresina-PI, 2023... ..	122
Tabela 7.7 – Análise Deviance (ANADEV) para as características largura da vagem (LV), comprimento da vagem (CV), espessura da vagem (EV), número de lóculos por vagem (NLC), número de sementes por vagens (NSV), peso de 100 grãos (P100), produtividade (PROD), largura da semente (LS), comprimento da semente (CS), espessura da semente (ES), dias para o florescimento (NDF), número de dias para início da formação de vagens (NDV), número de dias para a maturação de vagens (NDM) e número de dias para surgimento de sintomas de antracnose nas plantas (NDA) avaliadas em seis populações segregantes de feijão-fava. Teresina-PI, 2023... ..	123
Tabela 7.8 – Estimativas dos parâmetros genéticos para o número de dias para floração (NDF), dias para formação de vagem (NFV), número de dias para maturação	

da vagem (NDM) e número de dias para o surgimento de sintomas de antracnose nas plantas (NDA) na geração F₅, via metodologia REML/BLUP, em Teresina - PI, 2023

..... 124

Tabela 7.9 – Estimativas dos parâmetros genéticos para largura de vagem (LV), comprimento da vagem (CV), espessura da vagem (EV), número de lóculos por vagem (NLC) e número de sementes por vagem (NSV), avaliados em seis populações de feijão-fava na geração F₅, via metodologia REML/BLUP, em Teresina - PI, 2023....

..... 124

Tabela 7.10 – Estimativas dos parâmetros genéticos para largura da semente (LS), comprimento da semente (CS), espessura da semente (ES), peso de cem grãos (P100) e produtividade, avaliados em seis populações segregantes de feijão-fava, via metodologia REML/BLUP, em Teresina - PI, 2023.....

..... 125

Tabela 7.11 – Ranking, ganhos de seleção e novas médias para número de dias para a floração (NDF), número de dias para o surgimento de vagens (NDV), número de dias para a maturação das vagens (NDM) e número de dias para o surgimento de sintomas de antracnose nas plantas (NDA) avaliadas em seis populações de feijão-fava

F₅, em Teresina-PI, 2023..... 128

Tabela 7.12 – Ranking, ganhos de seleção e novas médias para largura da vagem (LV), comprimento da vagem (CV), espessura da vagem (EV), número de lóculos por vagem (NLC), número de sementes por vagens (NSV), largura da semente (LS), comprimento da semente (CS), espessura da semente (ES), peso de 100 grãos (P100) e produtividade (PROD) avaliadas em seis populações de feijão-fava F₅, em Teresina-PI, 2023.....

..... 130

Tabela 7.13 – Dados referentes à caracterização morfológica qualitativa das sementes de feijão-fava para cor de fundo, cor padrão e segunda cor padrão, avaliadas em seis populações de feijão-fava na geração F₅, em Teresina - PI, 2023.....

..... 131

Tabela 7.14 – Médias das notas atribuídas às reações das populações de feijão-fava a *Colletotrichum truncatum*, avaliados aos cinco e sete dias após a inoculação. Teresina - PI, 2023.....

..... 133

Tabela 7.15 – Autovetores associados a cada variável, obtidos na análise de componentes principais de 16 progênies de feijão fava. Teresina-PI, 2023.....

..... 134

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	23
2 REVISÃO DE LITERATURA	26
2.1 - Origem e distribuição do <i>Phaseolus lunatus</i> L.	26
2.2 – Aspectos botânicos e reprodutivos	27
2.3 - Importância socioeconômica.....	29
2.4 - Doenças em feijão-fava.....	30
2.4.1 - Antracnose em feijão-fava: agentes etiológicos e sintomatologia.	31
2.4.2 - Metodologias para avaliação de antracnose em feijão-fava	33
2.4.3 - Fontes de resistência às doenças.....	34
2.4.4 - Herança da resistência às doenças... ..	35
2.4.5 - Programa de Melhoramento do feijão-fava	36
Referências Bibliográficas	37
3 - PROCESSO INFECCIOSO DE <i>Colletotrichum truncatum</i> EM FOLHAS DE FEIJÃO-FAVA	47
3.1 - Introdução	48
3.2 – Material e Métodos.....	49
3.3 – Resultados e Discussão.....	50
3.4 – Conclusão	59
Referências Bibliográficas	59
4 - ESCALA DIAGRAMÁTICA PARA ANTRACNOSE EM VAGENS DE FEIJÃO-FAVA	62
4.1 - Introdução	63
4.2 – Metodologia.....	64
4.3 – Resultados e Discussão.....	65
4.4 – Conclusão	67
Referências Bibliográficas	68
5 - AVALIAÇÃO DA SEVERIDADE DA ANTRACNOSE EM LINHAGENS F₈ DE FEIJÃO-FAVA DE PORTE DETERMINADO.....	70
5.1 - Introdução	71
5.2 – Metodologia.....	72
5.3 – Resultados e Discussão.....	74
5.4 – Conclusão	76

Referências Bibliográficas	76
6 - ESTUDO DA HERANÇA GENÉTICA DA RESISTÊNCIA DE <i>Phaseolus lunatus</i> L. AO <i>Colletotrichum truncatum</i>	77
6.1 - Introdução	79
6.2 – Material e Métodos	80
6.3 – Resultados e Discussão	88
6.4 – Conclusão	97
Referências Bibliográficas	98
7 - SELEÇÃO DE POPULAÇÕES DE FEIJÃO-FAVA RESISTENTES À ANTRACNOSE E COM PADRÃO COMERCIAL DE SEMENTES.....	100
7.1 - Introdução	102
7.2 – Metodologia.....	103
7.3 – Resultados e Discussão	116
7.4 – Conclusão	134
Referências Bibliográficas	134
CONSIDERAÇÕES FINAIS	139

1 INTRODUÇÃO

O feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.), leguminosa da família Fabaceae, é uma das espécies mais importantes do gênero, fonte alternativa de proteína vegetal. Apresenta alta diversidade genética e elevado potencial de produção (SILVA et al., 2019). No Brasil, é cultivado em quase todo território, apresentando relativa importância econômica em alguns estados, principalmente na região Nordeste (MEDEIROS et al., 2015).

O cultivo do feijão-fava no Nordeste do Brasil é realizado por pequenos agricultores que utilizam variedades com hábito de crescimento indeterminado, sendo o plantio consorciado preferencialmente com o milho (SOUZA, 2019; OLIVEIRA et al., 2004). Nessa região, a leguminosa é adaptada às condições edafoclimáticas, sendo considerada uma das principais alternativas econômicas, fornecendo renda e segurança alimentar (AZANI et al., 2017). Em relação à produtividade da cultura, oscilações podem estar relacionadas a vários fatores, como o baixo uso de tecnologias no cultivo, bem como a presença de doenças.

A antracnose é uma importante doença na cultura do feijão-fava, tendo como principal agente etiológico o fungo *Colletotrichum truncatum* (Schw.) Andrus & More. Esta doença é caracterizada por manchas necróticas nas folhas e pecíolos; nas vagens, as manchas se apresentam em forma de cratera, com coloração marrom-escura e bordas vermelho-arroxeadas. Tais problemas reduzem a produção e a qualidade de vagens e grãos, prejudicando a comercialização (CARMO et al., 2015). Assim, necessário se faz o conhecimento da relação patógeno-hospedeiro.

Na cultura do feijão-fava, não existem trabalhos de microscopia que caracterizam relações patógeno-hospedeiro, o que dificulta o entendimento da manifestação do fungo e a escolha de estratégias de manejo.

O uso de genótipos resistentes tem sido um dos métodos de manejo mais eficientes, pois além de diminuir o custo de produção, reduz os impactos negativos ao ambiente pela aplicação de agrotóxicos. A seleção de tais genótipos deve ser um processo criterioso. A simples observação da ocorrência ou a avaliação da doença utilizando-se critérios subjetivos, na maioria das vezes, induz a erro, seja na avaliação da resistência de cultivares, seja na tomada de decisão de controle, sendo assim

necessária a adoção de critérios precisos na quantificação de doenças (LENZ et al., 2009).

A avaliação da severidade exige a adoção de chaves descritivas, escalas diagramáticas ou a análise de imagens digitalizadas por programas computacionais. A utilização de imagens digitalizadas permite a análise de maior amostragem por genótipo (OLIVEIRA et al., 2013). Não existe na literatura, escalas diagramáticas que possam ser utilizadas na avaliação de sintomas de antracnose em feijão-fava. Tal estratégia seria fundamental para selecionar genótipos resistentes.

Os genótipos resistentes de feijão-fava selecionados, por exemplo de bancos de germoplasma, mesmo não apresentando características agrônômicas desejáveis, relacionadas à cor e tamanho da semente, podem ser usados em hibridações, como fonte de resistência, em programas de pré-melhoramento. Nesta situação, é imprescindível o conhecimento do controle genético do carácter.

A avaliação da herança genética que controla um determinado carácter tem grande importância no processo de seleção e predição do comportamento de gerações híbridas e populações segregantes. Para caracteres com distribuição discreta, as hipóteses de segregação são avaliadas pelo teste do qui-quadrado, que verifica se os desvios entre as frequências observadas e esperadas são significativos, em determinado nível de probabilidade (RAMALHO et al., 2012). Nos casos em que há muitos genes interferindo na resistência e não há padrão de segregação mendeliana, o estudo de herança pode ser realizado por meio dos componentes de média e variância.

Diante do exposto, percebe-se que apesar da importância da antracnose para a cultura do feijão-fava, existem algumas demandas relacionados ao tema que ainda não foram atendidas pela comunidade científica. Nesse sentido, foram testadas as seguintes hipóteses científicas: (I) no Banco de Germoplasma de *Phaseolus* da Universidade Federal do Piauí (BGP – UFPI) existem genótipos de feijão-fava contrastantes quanto à reação ao *Colletotrichum truncatum*, resistentes e suscetíveis, que poderão ser utilizados no estudo de microscopia a fim de identificar a forma de penetração do patógeno; bem como no estudo para determinar o controle da herança genética ligada a resistência à antracnose; (II) nas populações em gerações avançadas, pertencentes ao BGP – UFPI, resultantes de cruzamentos entre genótipos

de feijão-fava resistentes com genótipos apresentando características agronômicas desejáveis, podem ser selecionadas linhagens superiores.

A fim de testar tais hipóteses científicas a presente pesquisa teve como objetivos descrever as formas de penetração do patógeno *C. truncatum* em feijão-fava; desenvolver de escalas diagramáticas que possam auxiliar na seleção de genótipos resistentes; realizar um estudo da herança da resistência do feijão-fava à antracnose e avançar gerações de feijão-fava existentes no Banco de Germoplasma de *Phaseolus* da Universidade Federal do Piauí – UFPI e selecionar linhagens avançadas de feijão-fava quanto a resistência a antracnose.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Origem e distribuição do *Phaseolus lunatus* L.

Existem discussões a respeito do centro de origem do *Phaseolus lunatus* L. Os autores Fornes e Manera (1983), citado por Guimarães et al. (2007), consideram o continente asiático como o centro de origem da variabilidade do *P. lunatus*. Por outro lado, de acordo com a teoria de Mackie (1943), a origem da variabilidade dessa espécie encontra-se na América Central, mais precisamente a Guatemala, de onde se dispersou em três direções, possivelmente seguindo a rota do comércio: a) Ramificação Inca, seguindo para o sul, atingindo a América do Sul pela Colômbia, Equador e Peru; b) Ramificação Hopi, seguindo para o norte, atingindo os Estados Unidos, região de clima frio; c) Ramificação Caribe, seguindo para leste, atingindo as Antilhas e, daí, para o norte da América do Sul, extensão caracterizada por zonas calcárias e secas.

Evidências moleculares recentes indicam que o pool genético primário do feijão fava é composto por três grupos genéticos principais: o grupo andino (AI); o grupo MI mesoamericano e o grupo MII mesoamericano (SERRANO-SERRANO et al.; 2010, 2012, ANDUEZA-NOH et al.; 2013, 2015). Dentro de cada um desses grupos existem populações silvestres e cultivadas, e há evidências de eventos independentes de domesticação em cada um desses grupos (DEBOUCK et al.; 1987, GUTIÉRREZ-SALGADO et al., 1995; FOFANA et al., 1997; MAQUET et al., 1997; CAICEDO et al., 1999; ANDUEZA-NOH et al., 2013).

Para *Phaseolus lunatus* var. *silvester* do México, o grupo MI está distribuído na parte ocidental do país, enquanto o grupo MII é encontrado no Golfo e costa sudeste do México, atravessando a América Central e América do Sul, chegando até a Argentina (SERRANO-SERRANO et al., 2012; ANDUEZA-NOH et al., 2013). Martínez-Castillo et al. (2014) indicaram a existência de dois grupos dentro do MI (MIA e MIB), bem como evidências de que o Istmo de Tehuantepec no sul do México poderia ser a área onde o MI e o MII divergiram.

Embora o centro-oeste do México e a região entre a Guatemala e a Costa Rica sejam áreas potenciais de domesticação para MI e MII, respectivamente, as áreas exatas de domesticação ainda são desconhecidas para ambos os grupos (SERRANO-

SERRANO et al., 2012, ANDUEZA - NOH et al., 2013). Em um trabalho realizado com a técnica de Genotipagem por Sequenciamento (GBS), Chacón-Sánchez e Martín-Castillo (2017), identificaram outro possível centro de domesticação do feijão-fava nas américas, o pool gênico Andino II na Colômbia Central.

No que diz respeito a atual distribuição geográfica e concentração, esta cultura é encontrada principalmente na América do Sul, África, Ásia e Austrália (ADEBO, 2023). Outros registros geográficos incluem Aldabra, Caribe, América Central e Ilha de Comores (ILDIS, 2014). A dificuldade de localização de germoplasmas silvestres em algumas áreas onde o feijão-fava é distribuído tem prejudicado a determinação dos centros de domesticação da espécie (ANDUEZA-NOH et al., 2013).

As sementes do feijão-fava apresentam variação em suas propriedades físicas, como tamanho, esfericidade e volume (BONITA et al., 2020). Assim, três morfotipos foram diferenciados em *P. lunatus*: “Batata” que tem sementes pequenas e arredondadas; “Sieva” com sementes planas médias e “Big Lima” com sementes grandes e planas (PIERGIOVANNI, 2012).

2.2 Aspectos botânicos e reprodutivos

O feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) pertence ao filo Magnoliophyta, à classe Magnoliopsida, ordem Fabales, família Fabaceae, gênero *Phaseolus* e espécie *Phaseolus lunatus* L (CRONQUIST, 1988). Esta é uma das cinco espécies do gênero *Phaseolus* que foi domesticada há pelo menos 6.000 anos (KAPLAN, 1999). Consiste em duas variedades botânicas: *P. lunatus* var. *silvester* Baudet, que compreende apenas populações silvestres; e *P. lunatus* var. *lunatus*, que inclui apenas populações cultivadas (BAUDET, 1977).

De acordo com Maquet et al. (1999), a espécie se adapta a diferentes condições ambientais. Assim, a cultura tolera climas temperados quentes (16 – 27 °C), com faixa de precipitação de 800 – 1500 mm e tende a preferir solos bem drenados com pH > 6 (BAUDOIN, 2004; LONG, 1989; ECOCROP, 2011). No que diz respeito ao hábito de crescimento, as variedades pertencem ao tipo indeterminado trepador (Figura 2.1 A), que se caracteriza pelo desenvolvimento da gema terminal em uma guia, ou ao determinado anão (Figura 2.1 B), que se caracteriza pelo desenvolvimento completo da gema terminal em uma inflorescência, este com pouca variação quanto ao tipo de planta e ciclo biológico (SANTOS et al., 2002).

Figura 2.1 - Genótipos de feijão-fava com hábitos de crescimento distintos. (A) Determinado. (B) Indeterminado. Teresina, 2023



Fonte: Elaborado pela autora (2023).

Em geral, é uma espécie autocompatível, com ciclo anual ou perene, e predominantemente autopolinizadora apresentando um sistema misto de cruzamento, comportando-se alternadamente como autógena ou alógama, com taxa de cruzamento natural variando entre 2% e 48% (ZORO et al., 2005; ZORO et al., 2003; HARDY et al., 1997; ZORO et al., 1994; BAUDOIN, 1988). Ainda sobre esse aspecto, Penha et al. (2016) classificaram a espécie como sendo predominantemente autógena, com sistema reprodutivo intermediário com aproximadamente 38,1% de taxa fecundação cruzada natural.

A germinação é epigea; as folhas são trifolioladas, geralmente mais escuras que em outras espécies do gênero (mesmo depois do amadurecimento das vagens), os folíolos são geralmente ovais, com cerca de 1 – 11 cm de largura e 3 – 20 cm de altura; as bractéolas pequenas e pontiagudas; os frutos são vagens (oblongo-falcadas, achatadas em forma de lua crescente), entre duas e quatro sementes, com duas alturas distintas (ventral e dorsal) (BRITO et al., 2022; TEMEGNE, 2021; DOHLE, 2017; ECOCROP, 2011; BAUDOIN, 2006; BEYRA; ARTILES, 2004; HARDY et al., 1997).

As sementes variam em termos de cor, tamanho e forma, embora seu tamanho seja geralmente menor que o do feijão comum (*Phaseolus vulgaris*) (BRITO et al.,

2022; BRIA, 2019; BEYRA; 2004; AZEVEDO et al., 2003). O peso de cem sementes é cerca de 146 g, com espessura de 0,72 cm, largura de 0,8 a 1,50 cm e comprimento de 1 a 15 cm, dependendo da cultivar (BAUDOIN, 2006; PALUPI, 2022). As formas das sementes tendem a ser esféricas, curvas ou semelhantes a rins. As sementes de feijão-lima são principalmente de cor verde ou creme, embora algumas variedades sejam salpicadas e manchadas de vermelho, preto, roxo, branco, marrom escuro ou claro (ADEBO, 2023).

2.3 Importância socioeconômica

O feijão-fava é uma das quatro espécies do gênero *Phaseolus* exploradas comercialmente, sendo considerada importante economicamente (OLIVEIRA et al., 2011). Apresenta alto valor nutritivo, contendo vitaminas, proteínas e sais minerais, que são elementos essenciais na nutrição humana (GOMES et al., 2016).

Os grãos verdes e secos, as vagens verdes e as folhas do feijão-fava, podem ser consumidas; apresentando potencial para o fornecimento de proteína vegetal à população e diminuição de dependência, quase exclusiva, do feijão-comum do grupo carioca (GUIMARÃES et al., 2007). É fonte alimentar para as populações dos trópicos úmidos da América (SILVA et al., 2015).

Os Estados Unidos destacam-se como um dos maiores produtores mundiais do feijão-fava, cujo consumo ocorre ainda em estado verde, na forma de conserva (grãos enlatados e/ou congelados e empacotados), o que é muito apreciado, superando o consumo na forma de grãos secos (ALVES et al., 2014). É também apreciado no Brasil, principalmente na região Nordeste, constituindo componente da dieta alimentar das populações rurais, sendo consumido na forma de grão seco ou verde (JUNQUEIRA et al., 2010).

O Brasil, no ano de 2021, apresentou produção de 9.554 t, com área plantada de 33.374 ha, tendo produção avaliada em R\$ 61.642,00 (IBGE, 2021). No país, a principal região produtora é o Nordeste, destacando-se o estado do Ceará, com rendimento médio de 315 kg/ha, seguido pelos estados: Paraíba, Pernambuco, Piauí, Alagoas, Rio Grande do Norte, Maranhão, Sergipe, Tocantins e Rio Grande do Sul (IBGE, 2021).

A cultura do feijão-fava apresenta grande adaptabilidade às condições edafoclimáticas do Semiárido, contudo, apresenta flutuações na produtividade de grãos (IBGE, 2021), o que pode estar relacionado ao baixo uso de tecnologias no plantio já que de acordo com Barbosa e Arriel (2019), a produção de feijão-fava no Brasil é conduzida por agricultores familiares que compõem as inúmeras interfaces do rural brasileiro. Além disso, problemas que vão desde os climáticos, fertilidade do solo, até a questões relacionadas às doenças.

2.4 Doenças em feijão-fava

Existe descritos na literatura, uma considerável diversidade de organismos que afetam o feijão-fava a citar: vírus (ABARSHI et al., 2017), micoplasmas (IPGRI, 2001), bactérias (CAFATI et al., 1980) e fungos (DAVIDSON et al. 2002).

Entre as doenças da cultura destacam-se a ferrugem (*Phakopsora pachyrhizi*) causa danos ao feijão-fava promovendo maior número de lesões quando comparado a outras espécies de feijões (LYNCH et al., 2006; BONDE et al., 2008). O míldio causado pelo fungo *Phytophthora phaseoli* (EVANS et al., 2002; 2007; DAVIDSON et al., 2008), a podridão de raiz causada por *Rhizoctonia solani* (DAVIDSON et al., 2002; DAVEY et al., 2008), mela (PAULA JUNIOR et al., 1995). Além destas, as doenças viróticas também são importantes, destacando-se as causadas pelo *Bean golden mosaic virus* (BGMV), pelo *Cowpea severe mosaic virus* (CPSMV) pelo *Bean common mosaic virus* (BCMV) e pelo *Bean common mosaic necrosis virus* (BCMNV) (MELGAREJO et al. 2007). Foram encontrados 21 gêneros de fungos em sementes de feijão-fava naturalmente infectadas, dentre os quais importantes fungos fitopatogênicos como *Fusarium spp.*, *Macrophomina phaseolina*, *Rhizoctonia solani* e *Sclerotium spp.* (MOTA et al., 2017).

De todas estas doenças mencionadas, a antracnose, causada por *C. truncatum*, é a mais comum e representa um dos maiores obstáculos para o incremento da produtividade da fava atacando as folhas, os ramos e as vagens da planta. No Brasil um complexo *Colletotrichum*, tem afetado os plantios da cultura de feijão-fava (CAVALCANTE et al., 2012).

2.4.1 Antracnose em feijão-fava: agentes causais e sintomatologia

A antracnose, está entre as doenças de maior importância para muitas plantas cultivadas (JAYAWARDENA et al., 2016; DIAO et al., 2017), principalmente nas regiões tropicais e subtropicais, predominando em condições de alta umidade (BLACK et al., 1991). O gênero *Colletotrichum*, de acordo com as estimativas, surgiu na terra há 139 milhões de anos, encontrando condições ambientais favoráveis para seu estabelecimento. Por outro lado, o processo de formação de novas espécies do gênero se deu há 54 milhões de anos (KUMAR et al., 2017).

Atualmente, um amplo estudo realizado com base em abordagem polifásica determinou que existem 248 espécies atualmente aceitas, as quais estão distribuídas em 14 espécies complexo e 13 espécies únicas (JAYAWARDENA et al. 2021).

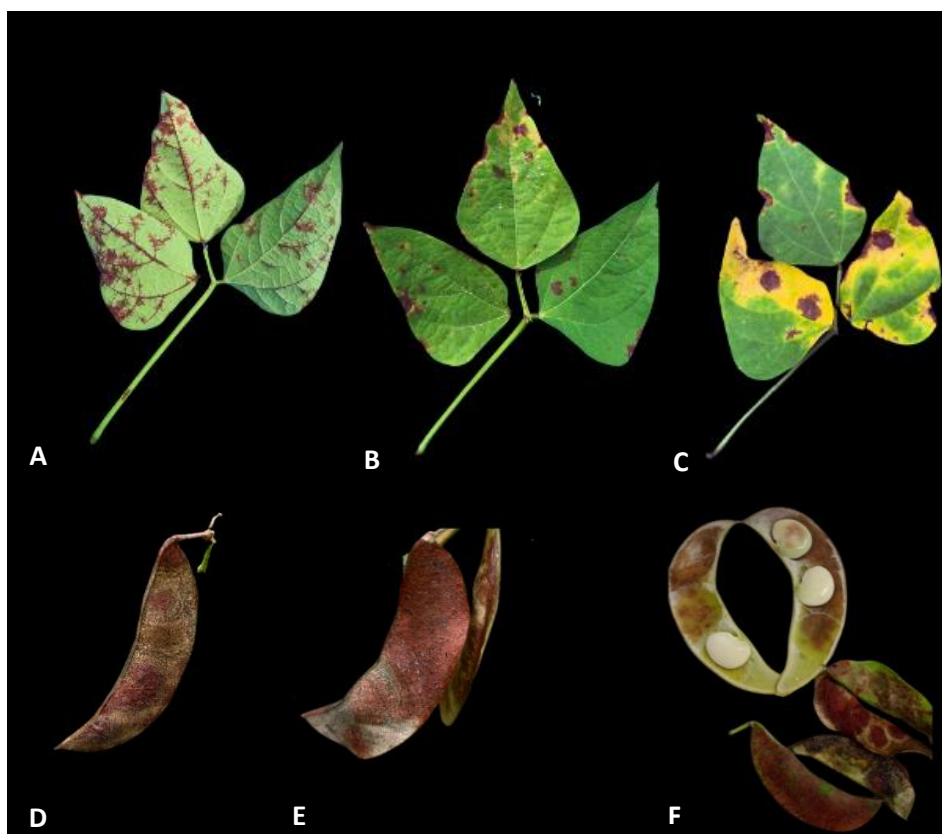
Fungos do gênero *Colletotrichum* são organismos complexos e muito adaptados às plantas (SERFLING; WOHLRAB; DEISING, 2007; O'CONNELL et al. 2012; GAN et al., 2016; MASCARIN et al., 2016; BARONCELLI et al., 2017). Espécies de *Colletotrichum* colonizam grande variedade de plantas e podem obter nutrientes de forma necrotrófica, hemibiotrófica e endofítica, além de poderem se comportar como biotróficos (PRUSKY et al., 2013; HYDE et al., 2014; JAYAWARDENA et al., 2016a).

O ciclo de vida hemibiotrófico das espécies de *Colletotrichum* é o mais comum (AUYONG et al.; 2012; BARIMANI et al., 2013). Muitas espécies do fungo são utilizadas como modelos para estudos do ciclo de vida hemibiotrófico (BERGSTROM; NICHOLSON, 1999; MÜNCH et al., 2008; O'CONNELL et al., 2012; VARGAS et al., 2012).

Fungos hemibiotróficos inicialmente infectam o hospedeiro por meio de uma breve fase biotrófica, a qual está associada com a produção de grande hifa intracelular primária, que pode infectar as células sem causar a sua morte. Após a infecção primária, o fungo sofre transição para a fase necrotrófica, durante a qual pequenas hifas secundárias são produzidas e se espalham pelo tecido do hospedeiro causando lesões necróticas (PERFECT et al., 1999; O'CONNELL et al., 2012). A característica da ação parasítica corresponde à lesão foliar ou podridão de frutos e/ou caule gerando grandes perdas econômicas em culturas, tais como hortaliças, árvores frutíferas em todo o mundo (LIANG et al., 2018), e leguminosas, como o feijão-fava.

No feijão-fava, *Colletotrichum* spp. é considerado o patógeno de maior influência no Brasil (CARVALHO et al., 2015). Os sintomas da antracnose começam com manchas avermelhadas ao longo dos feixes vasculares, folhas e nos ramos jovens e pecíolos (Figura 2.2 A e B). Nas vagens, as lesões são deprimidas, grandes e avermelhadas, com desenvolvimento de acérvulos (Figura 2.2 C). Lesões avermelhadas e necróticas também podem ser vistas no hipocótilo, pecíolo e superfície foliar, resultando em folhas enrugadas (BALLHORN et al., 2010; CARVALHO et al., 2015).

Figura 2.2 - Manifestação dos sintomas da antracnose no feijão-fava. Nas folhas (A) face abaxial e (B e C) face adaxial; (D, E e F) vagens e Sementes (F) Teresina-PI, 2023



Fonte: Elaborado pela autora (2023).

A antracnose do feijão-fava foi atribuída exclusivamente ao *Colletotrichum truncatum* em todo o mundo (CAVALCANTE et al., 2012). Este patógeno, que tem conídios curvos, foi descrito pela primeira vez em associação com a antracnose do feijão-fava nos Estados Unidos (ANDRUS e MOORE, 1935). No Brasil, Cavalcante et al. (2019) realizaram levantamento nas principais regiões produtoras de feijão-fava, e constataram por meio de grande número de isolados (integrando patogenicidade,

virulência e análises filogenéticas) cinco espécies de *Colletotrichum* spp. causando antracnose em feijão-fava: *C. truncatum*, *C. brevisporum*, *C. lobatum*, *C. plurivorum* e *C. musicola*. Destes o fungo *C. truncatum* é o mais prevalente e virulento (CAVALCANTE et al., 2019).

Devido às diferenças existentes entre as espécies de *Colletotrichum*, há grande dificuldade no desenvolvimento de medidas de manejo da antracnose quando esta é causada por mais de uma espécie. Há diferenças na sensibilidade entre algumas espécies do gênero *Colletotrichum* para vários fungicidas sistêmicos e protetores (PERES et al., 2004; CHUNG et al., 2006; GREER et al., 2011), fato que pode prejudicar a eficiência do controle químico. Desta maneira, por se tratar de um patossistema de grande complexidade, o sucesso no controle da antracnose é um desafio e depende da seleção de genótipos superiores tolerantes a antracnose.

2.4.2 Metodologias para avaliação de antracnose em feijão-fava

A técnica das folhas destacadas já é utilizada na avaliação de doenças de plantas há bastante tempo. Utilizam-se folhas destacadas para serem infectadas e mantem-se o agente infeccioso inoculado sobre as mesmas, em condições favoráveis por um tempo determinado (CLINTON e McCORMICK, 1924; KAMIKOGA, 2001). Na caracterização do agente causal da antracnose em feijão-fava, Carvalho (2009) utilizou folhas destacadas para fazer a avaliação da severidade da doença. Carmo et al. (2015), também utilizaram essa metodologia para avaliar 12 genótipos de feijão-fava, em avaliação quanto a resistência da cultura ao *C. truncatum*, na qual foram atribuídas notas em função da severidade dos danos causados pela doença.

Existem várias vantagens que justificam a utilização desse método, como: economia de material e espaço; facilidade de controle e manipulação dos ambientes; economia de inóculo dos patógenos; maior facilidade e precisão nas observações; baixo risco de contaminações; uniformidade da unidade experimental (YARWOOD, 1946; KAMIKOGA, 2001). Apesar dos benefícios, a presente avaliação baseada depende da interpretação subjetiva do observador; que em alguns casos podem não ser sensíveis o suficiente para capturar variações sutis na severidade da doença (CAMPBELL; MADDEN, 1990).

Para superar essas limitações, uma alternativa seria a adoção de métodos mais objetivos, como escalas diagramáticas, que oferecem uma representação visual dos diferentes estágios da doença. As escalas diagramáticas são definidas como ilustrações de várias partes da planta, sejam elas folhas, caules, vagens etc., com sintomas em vários níveis da doença (AMORIM, 1996; ALVES et al., 2015). Essas abordagens buscam minimizar a subjetividade na avaliação, proporcionando base mais consistente e comparável para a pesquisa e monitoramento de doenças em plantas. Podendo constituir uma importante opção para estudo no campo (FEIJÓ et al., 2017). Em *Phaseolus vulgaris* os autores Feijó et al. (2017) elaboraram uma escala diagramática para realizar a avaliação da severidade da antracnose nas vagens.

Ao estabelecer uma linguagem visual compartilhada entre pesquisadores e agricultores, a escala diagramática de vagens de feijão-fava para antracnose pode desempenhar papel fundamental na compreensão da dinâmica da doença e no desenvolvimento de estratégias eficazes de manejo. No entanto não existem na literatura escalas diagramáticas para avaliar sintomas em vagens de feijão-fava.

2.4.3 Fontes de resistência às doenças

A resistência a doenças pode ser classificada em horizontal, que é a resistência efetiva contra todas as raças de um patógeno, também denominada resistência geral, de campo, não específica ou quantitativa e, resistência vertical, sendo está a resistência efetiva contra raças específicas de um patógeno, denominada resistência específica ou qualitativa (BOREM, 2021).

Genes de resistência a doenças podem ser encontrados em linhagens ou cultivares de alta produção e, usadas nos programas de melhoramento como fonte de resistência. Sua grande vantagem é possuir características agrônômicas de interesse, baixa frequência de alelos indesejáveis e já serem adaptadas (DALLAGNOL, 2018).

Em regiões geograficamente isoladas, o processo de seleção natural em espécies silvestres, estabelece situações de coevolução do hospedeiro e patógeno. Esta condição pode favorecer indivíduos com potencialidade para fornecer material de interesse no desenvolvimento de cultivares resistentes (BOREM, 2021). A utilização de espécies silvestres é um pouco limitada por poder apresentar

incompatibilidade, grande quantidade de genes indesejáveis e esterilidade do híbrido (DALLAGNOL, 2018).

Quando outras fontes não apresentam níveis satisfatório de resistência, é necessário recorrer às coleções mundiais nos bancos de germoplasma, para a introgressão de genes de interesse. Ainda assim, não existindo fontes de resistência satisfatório no germoplasma da espécie, pode-se recorrer ao processo de cruzamentos interespecíficos ou mesmo intergenéricos (BOREM, 2021)

2.4.4 Herança da resistência às doenças

O estudo da herança da resistência é importante para inferir sobre o padrão predominante da segregação em uma população, possibilitando concluir sobre o tipo de herança da característica, se é governada por poucos ou muitos genes e o tipo de interação predominante entres estes (BIZARI, 2018).

A resistência a patógenos, comumente se mostra como sendo uma característica de herança simples, com um ou dois genes envolvidos. Essa herança pode ser tanto dominante quanto recessiva, entretanto há predominância de genes de resistência dominantes (BOREM, 2021).

Na cultura do feijão-fava, não há informações sobre a herança da resistência a antracnose. Porém, em feijão comum (*Phaseolus vulgares* L.), a herança do caráter de resistência à maioria das doenças causadas por fungos é simples e controlada por um ou poucos genes, porém, não sendo regra, pode ser, muitas vezes, de caráter quantitativo ou poligênico (ALZATE-MARIN et al., 2005). Segundo Faria Vieira (2015), a herança de resistência do feijão comum “BRS Cometa” a *C. lindemuthianum* é controlada por um único gene com interação intra-alelica de dominância completa. Na cultivar “Michelite”, possuidora do gene Co-11, estudos apontaram para herança monogênica dominante (GONÇALVES-VIDIGAL et al., 2007).

Segundo Gonçalves-Vidigal et al. (2011), a cultivar andina “AND 277” tem o gene Co-1 4 e o alelo Phg-1, que conferem resistência a oito raças do fungo causador da antracnose e, quando realizadas as análises nas populações F₂ de “AND 277” x “Rudá” e nas populações F_{2:3} de “AND 277” x “Ouro Negro”, observou-se que um único gene dominante em “AND 277” confere resistência a várias raças do patógeno.

2.4.5 Programa de Melhoramento do feijão-fava

O melhoramento de plantas desempenha um papel significativo na história da agricultura e da sociedade globalmente, incluindo o Brasil. Ele promoveu o aumento da produtividade ao permitir o cultivo de plantas mais resistentes e tolerantes a pragas e doenças, além de possibilitar o cultivo de espécies em regiões com limitações naturais, onde a produção comercial seria inviável sem tais melhorias (BORÉM; MIRANDA; FRITSCHÉ-NETO, 2021; RAMALHO et al., 2010).

Nesse viés, o processo do melhoramento genético é contínuo e depende de material com variabilidade genética de maneira que sejam buscados genes de interesse a fim de que sejam utilizados em circunstâncias necessárias, de modo a atingir um dos principais objetivos dos programas de melhoramento que é o aumento da produtividade. No entanto, é importante ressaltar que há poucos estudos sobre o melhoramento de feijão-fava (SILVA, 2015).

No Brasil, a Universidade Federal do Piauí (UFPI) desenvolve programa de melhoramento genético do feijão-fava, realizando pesquisas visando contribuir para a segurança alimentar e o sustento de comunidades rurais do Nordeste brasileiro, uma vez que não há cultivar indicada para o cultivo no país. Além disso, diversas pesquisas têm abordado o potencial genético de genótipos de feijão-fava para o uso no melhoramento (LUSTOSA-SILVA et al., 2023; NUNES et al., 2022; ASSUNÇÃO FILHO et al., 2022), bem como a resistência de genótipos de *P. lunatus* à antracnose, e os resultados são promissores em relação à seleção de cultivares resistentes, como demonstrado em estudos realizados por Carmo et al. (2015) e Brito et al. (2022).

O Banco de Germoplasma de *Phaseolus* da UFPI têm seus primeiros registros datados de 2002 e desde então vem desenvolvendo trabalhos de prospecção e coleta, introdução, intercâmbio, caracterização e avaliação do germoplasma conservado. Atualmente, a coleção compreende 1.084 genótipos de feijão-fava, composto por 1,38% de genótipos silvestres (*P. filiformes*, *P. microcarpus* e *P. acutifolius*) e 98,62% cultivados. Além disso, 66,06% dos genótipos são de origem brasileira, sendo a maioria dos estados do Piauí (22,11%), Ceará (15,22%), Paraíba (9,69%) e Minas Gerais (7,66%), 10,79% são originários de outros países e 23,15% de origem desconhecida. Em relação à cor de fundo das sementes 46,77% são de coloração

branca, 10,17% castanhas, 9,09% cinzentos e os 31,33% correspondente às demais colorações (TORRES et al., 2022).

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABARSHI, M. M. et al. Molecular detection and characterisation of Horsegram Yellow Mosaic Virus (HgYMV) infecting Lima bean (*Phaseolus lunatus*) in India. **Nigerian Journal of Biotechnology**, v. 33, n. 1, p. 41-48, 2017.

ADEBO, J. A. A Review on the Potential Food Application of Lima Beans (*Phaseolus lunatus* L.), an Underutilized Crop. **Applied Sciences**, v. 13, n. 3, 2023.

ALVES, A. U. et al. Emergência de plântulas de fava em função de posições e profundidades de semeadura. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 30, n.1, p. 33-42, 2014.

ALVES, G. C. S. et al. Escala diagramática para quantificação da ferrugem da folha do trigo. **MultiScience Journal**, v. 1, n. 1, p.128-133, 2015.

ALZATE MARIN, A.L., CERVIGNI, G.D.L., MOREIRA, M.A. & BARROS, E.G. Seleção assistida por marcadores moleculares visando ao desenvolvimento de plantas resistentes a doenças, com ênfase em feijoeiro e soja. **Fitopatologia Brasileira**, v. 30, p.333-342, 2005.

AMORIM, L. Avaliação de Doenças. In: Bergamin Filho, A., Kimati, H. & Amorim, L. (ed.) **Manual de Fitopatologia: Princípios e conceitos**. São Paulo, Editora Agronômica Ceres Ltda., 1995, v.1, cap. 32, p. 645-671.

ANDRUS; MOORE, W. D. *Colletotrichum truncatum* (Schwein.) **Phytopath.** v. 25, n. 122, 1935.

ANDUEZA-NOH, R. H, et al. Domesticação de variedades crioulas de feijão-fava de sementes pequenas (*Phaseolus lunatus* L.) na Mesoamérica: evidências de marcadores microssatélites. **Genetica**, v. 143, p. 657, 2015.

ANDUEZA-NOH, R. H.; et al. Multiple domestications of the Mesoamerican gene pool of lima bean (*Phaseolus lunatus* L.): evidence from chloroplast DNA sequences. **Genetic Resources and Crop Evolution**. v. 60, n. 3, p.1069-1086, 2013.

ASSUNÇÃO-FILHO, J. R. et al. Selection of superior genotypes of lima bean landraces by multivariate approach. **Revista Caatinga**, Mossoró, v. 35, n. 1, p. 87-95, 2022. DOI: <https://doi.org/10.1590/1983-21252022v35n109rc>

AUYONG, A. S. M.; FORD, R.; TAYLOR, P. W. J. Genetic transformation of *Colletotrichum truncatum* associated with anthracnose disease of chili by random insertional mutagenesis. **Journal of Basic Microbiology**, v. 52, n. 4, p. 372-382, 2012.

AZANI, N.; BABINEAU, M.; BAILEY, C. D. et al. A new subfamily classification of the

Leguminosae based on a taxonomically comprehensive phylogeny. **Taxon**, v. 66, n. 1, p.44-77, 2017.

AZEVEDO, J. N.; FRANCO, L. J. D.; ARAUJO, R. O. C. Composição química de sete variedades de feijão-fava. **Comunicado técnico**. Teresina: Embrapa Meio-Norte, 2003. 4p.

BLACK, L. L. et al. **Pepper diseases: a field guide**. Tainan: AVRDC, p. 98, 1991.

BARBOSA, G. J.; ARRIEL, N. H. C. Feijão-fava e a agricultura familiar de Serraria-PB. **Cadernos de Ciência & Tecnologia**, v. 35, n. 3, p. 387-403, 2019.

BALLHORN, D. J.; PIETROWSKI, A.; LIEBEREI, R. Direct trade-off between cyanogenesis and resistance to a fungal pathogen in lima bean (*Phaseolus lunatus* L.). **Journal of Ecology**, v. 98, n. 1, p. 226-236, 2010.

BARONCELLI, R.; et al. The *Colletotrichum acutatum* Species Complex as a Model System to Study Evolution and Host Specialization in Plant Pathogens. **Frontiers in Microbiology**, v. 8, p. 1-7, 2017.

BARIMANI, M. et al. A new anthracnose disease of pyrethrum caused by *Colletotrichum tanacetii* sp. nov. **Plant Pathology**, v. 62, n. 6, p. 1248-1257, 2013.

BAUDET J. C. The taxonomic status of the cultivated types of lima bean (*Phaseolus lunatus* L.). **Tropical Grain Legume**, Ibadan, v. 7, p. 29–30, 1977.

BAUDOIN, J. P. *Phaseolus lunatus* L. In PROTA 1: **Cereals and Pulses/Céréales et Légumes Secs**; BRINK, M., BELAY, G., Eds.; PROTA: Wageningen, The Netherlands, 2006.

BAUDOIN, J. P. et al. Ecogeography, demography, diversity and conservation of *Phaseolus lunatus* L in the Central Valley of Costa Rica Systematic and ecogeographic studies on crop gene pools 12 International. **Plant Genetic Resources Institute**, Rome, Italy. 2004.

BAUDOIN, J. P. Genetic resources, domestication and evolution of lima bean, *Phaseolus lunatus*. In: **Genetic Resources of Phaseolus Beans: Their maintenance, domestication, evolution and utilization**. Dordrecht: Springer Netherlands, 1988. p. 393-407.

BELIK, W. A heterogeneidade e suas implicações para as políticas públicas no rural brasileiro. **Revista de Economia e Sociologia Rural**, Piracicaba, SP, v. 53, n. 1, p. 9-30, jan./mar. 2015.

BERGSTROM, G. C.; NICHOLSON, R. L. The biology of corn anthracnose: knowledge to exploit for improved management. **Plant Disease**, St. Paul, v. 83, p. 596-608, 1999.

BEYRA, A.; ARTILES, G. R. Revision taxonomica de los gêneros *Phaseolus* Y *Vigna* (*Leguminosae-papilionoideae*) En Cuba. **Anales del Jardín Botánico de Madrid**, v. 61, 135–154, 2004.

BESERRA JR, J. E. A.; BARGUIL, B. M. Feijão-fava: doenças virais e fúngicas. **Revista Anual de Patologias de plantas**, v. 27, p. 138-153, 2021.

BIZARI, Eduardo Henrique. **Estudo de herança genética da resistência à *Macrophomina phaseolina* na cultura da soja**. 2018. 49 f. Tese (Doutorado) - Curso de Agronomia, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2018. Disponível em: <http://hdl.handle.net/11449/153609>. Acesso em: 20 ago. 2022.

BONDE, M. R. et al. Comparative susceptibilities of legume species to infection by *Phakopsora pachyrhizi*. **Plant Disease**, v. 92, n.1, p.30-36, 2008.

BONITA, L. C.; SHANTIBALA DEVI, G. A.; SINGH, B.C.H. Lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) a health perspective. **Int. J. International Journal of Scientific e Technology Research**, v. 9, n.2, p. 5638–5649, 2020.

BORÉM, A., MIRANDA, G. V.; FRITSCH NETO, R. **Melhoramento de plantas**. Viçosa: Editora da UFV, 2021.

BRIA, E. J; SUHARYANTO, E. Variabilidade e classificação intra-específica do feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) da Ilha de Timor com base em caracteres morfológicos. **Journal of Biotechnology and Biodiversity**, v. 4, p. 62–71, 2019.

BRITO, M. V. de et al. Associação entre resistência de *Phaseolus lunatus* a *Colletotrichum truncatum* e caracteres morfoagronômicos. **Summa Phytopathologica**, v. 48, p. 69-77, 2022.

BRITO, M. V. et al. Univariate and multivariate approaches in the characterization of lima bean genotypes. **Revista Caatinga**, Mossoró, v. 33, n. 2, p. 571 –578, abr. – jun., 2020.

CAFATI, C. R.; SAETTLER, A. W. Transmission of *Xanthomonas phaseoli* in seed of resistant and susceptible *Phaseolus* genotypes. **Phytopathology**, v. 70, n. 7, p. 638-640, 1980.

CAICEDO A. L, et al. AFLP fingerprinting of *Phaseolus lunatus* L. and related wild species from South America. **Crop Science**, v. 39, p. 1497–1507, 1999.

CARMO, M.D.S. et al. Avaliação de acessos de feijão-fava, para resistência a *Colletotrichum truncatum*, em condições de folhas destacadas e campo. **Summa Phytopathologica**, v.41, n.4, p.292-297, 2015.

CARVALHO, E. M. S. **Antracnose em feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.): Caracterização do agente causal e reação de genótipos a *Colletotrichum truncatum***. 2009. 53f. Tese (Doutorado em Agronomia) – Curso de Pós-graduação em Agronomia, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal.

CAVALCANTE, G. R. et al. Diversity, prevalence, and virulence of *Colletotrichum* species associated with lima bean in Brazil. **Plant Disease**, 103: 1961-1966, 2019.

CAVALCANTE, G. R. S. et al. Reação de subamostras de feijão-fava à antracnose. **Summa Phytopathologica**, v. 38, p. 329-333, 2012.

CLINTON, G. P.; McCORMICK, F. A. Rust infection of leaves in Petri dishes. New Haven. **Connecticut Agricultural Experiment Station** n.260, p. 475 - 501. 1924.

CHUNG, W. H.; et al. sensitivity and phylogenetic relationship of anthracnose fungi isolated from various fruit crops in Japan. **Plant Disease**, v. 90, n. 4, p. 506-512, 2006.

CRONQUIST, A. **Devolution and classification of flowering plants**. Botanical Garden. New York: New York, 1988. 555p.

DALLAGNOL, R. **Influência da viscosidade do agente de cimentação na resistência de união e no reforço de laminados vitrocerâmicos**. 2018.

DAVIDSON, C.R. et al. Lima bean downy mildew epiphytotics caused by new physiological races of *Phytophthora phaseoli*. **Plant Disease**, v. 92, n. 5, p. 670-674, 2008.

DAVIDSON, C.R. et al. First Report of *Phytophthora capsici* Infecting lima bean (*Phaseolus lunatus*) in the midatlantic region. **Plant Disease**, v.86, n.9, p.1049, 2002.

DAVEY, J.F. et al. First report of mefenoxam-resistant isolates of *Phytophthora capsici* from lima bean pods in the mid-atlantic region. **Plant Disease**, v. 92, n.4, p. 656, 2008.

DEBOUCK D. G, et al. 1987. Observations on the domestication of *Phaseolus lunatus* L. Plant Genetics Resources Newsletter. **Plant Genetics Resources Newsletter**, v. 70, p. 26–32. DOI: 10.1007/s10722-008-9314-1.

DIAO, Y. Z.; et al. *Colletotrichum* species causing anthracnose disease of chili in China. **Persoonia: Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi**, v. 38, p. 20, 2017.

DOHLE, S. **Desenvolvimento de Recursos para Melhoramento e Pesquisa Genética do Feijão Lima (*Phaseolus lunatus*)**. Doutorado Tese, University of California, Los Angeles, CA, EUA, 2017; pág. 99.

ECOCROP. **Banco de Dados Ecocrop**. FAO, Roma. 2011. Disponível online: <http://ecocrop.fao.org/ecocrop/srv/en/home> (acessado em 10 de agosto de 2022).

EVANS, T.A.; et al. Two new races of *Phytophthora phaseoli* from lima bean in Delaware. **Plant Disease**, v.86, n.7, p.813, 2002.

EVANS, T.A. et al. Lima bean downy mildew: impact, etiology, and management strategies for Delaware and the mid-atlantic region, U. S. **Plant Disease**, v.91, n.2, p.128-135, 2007.

FEIJÓ, F. M. et al. Análise de escala diagramática para avaliação da severidade da antracnose das vagens de feijão-fava. **Revista Ciência Agrícola**, v. 15, n. 1, p. 43-51, 2017.

FOFANA, B., VEKEMANS, X., DU JARDIN, P., BAUDOIN J. P. Genetic diversity in Lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) as revealed by RAPD markers **Euphytica**, v. 95, p. 157 – 16, 1997.

FORNES MANERA, J. **Cultivo de habas y guisantes**. Barcelona: Sintes, 1983. 143 p.

GOMES, R. S. S. et al. Eficiência de óleos essenciais na qualidade sanitária e fisiológica em sementes de feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.). **Revista Brasileira de Plantas Mediciniais**, v. 18, p. 279-287, 2016.

GOMES R. L. F, SOARES C. A, GÂNDARA F. C, BURLE M. B. Aspects of crop and socioeconomic management of the lima bean within Northeastern Brazil. In: LOPES A. C. A, GOMES R. L. F, FERREIRA ASA (Ed) **Phaseolus lunatus: Diversity, growth and production**. New York: Nova Science Publishers, 2015 pp. 135–151.

GAN, P. et al. Genus-Wide Comparative Genome Analyses of *Colletotrichum* Species Reveal Specific Gene Family Losses and Gains during Adaptation to Specific Infection Lifestyles. **Genome Biology and Evolution**, v. 8, n. 5, p. 1467–1481, 2016.

GONÇALVES VIDIGAL, M. C et al. Linkage mapping of the Phg-1 and Co-14 genes for resistance to angular leaf spot and anthracnose in the common bean cultivar AND 277. **Theoretical and Applied Genetics**. v.122, p. 893-903. 2011.

GONÇALVES VIDIGAL, M. C. et al. Allelic relationships of anthracnose (*Colletotrichum lindemuthianum*) resistance in the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) cultivar Michelite and the proposal of a new anthracnose resistance gene, Co11. **Genetics and Molecular Biology**, v. 30, p. 589-593, 2007.

GREER, L. A. et al. Ripe rot of south-eastern Australian wine grapes is caused by two species of *Colletotrichum*: *C. acutatum* and *C. gloeosporioides* with differences in infection and fungicide sensitivity. **Australian Journal of Grape and Wine Research**, v. 17, n. 2, p. 123-128, 2011.

GUIMARÃES, W. N. R. et al. Caracterização morfológica e molecular de acessos de feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) **Revista brasileira de engenharia agrícola e ambiental**, v. 11, n. 1, 2007.

GUIMARÃES, W. N. R. **Caracterização morfológica e molecular de acessos de feijão-lima (*Phaseolus lunatus* L., Fabaceae) da coleção de germoplasma do Departamento de Agronomia da UFRPE**. 2005. 73p. Dissertação de Mestrado. Recife, PE: Universidade Federal Rural de Pernambuco

GUTIÉRREZ - SALGADO, A., GEPTS, P., DEBOUCK, D. G, Evidência de dois pools gênicos do feijão-fava, *Phaseolus lunatus* L., nas Américas. *Genet. Recurso. Colheita Evolução*. 42, p. 15 - 28, 1995.

HARDY, O.; DUBOIS, S.; ZORO BI, I.; BAUDOIN, J.P. Gene dispersal and its consequences on the genetic structure of wild populations of Lima bean (*Phaseolus lunatus*) in Costa Rica. **Plant Genetic Resources Newsletter**, n.109, p.1-6, 1997. <https://doi.org/10.3390/app13031996>, disponível em < <https://www.mdpi.com/2076-3417/13/3/1996>> acessado em 28 de março de 2023.

IBGE - **Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística**. Banco de dados agregados: pesquisa: produção agrícola municipal. Rio de Janeiro, 2021. Disponível em:< <https://www.ibge.gov.br/explica/producao-agropecuaria/fava/br>> Acesso em 20 de março de 2023.

ILDIS, banco de dados internacional de leguminosas e serviço de informações. **School of Plant Sciences**, University of Reading: Reading, Reino Unido, 2014. Disponível online: <http://www.ildis.org/> (acessado em 10 de agosto de 2022).

IPGRI, ECP; GR, AVRDC. Descritores para *Phaseolus lunatus* (Feijão-espadinho). **International Plant Genetic Resources Institute**, Rome, Italy, v. 6, 2001.

JUNQUEIRA, S. F.; OLIVEIRA, E. A.; MASCARENHAS, R. J. Caracterização físico-química da fava rajada (*Phaseolus lunatus* L.) cultivada no sertão da Paraíba. In: **Congresso norte-nordeste de pesquisa e inovação**, 2010, Maceió. Anais. Maceió: 2010. p.1-7.

JAYAWARDENA, R. S. et al. What is a species in fungal plant pathogens? **Fungal Diversity**, p. 1-28, 2021.

JAYAWARDENA, R. S. et al. Notes on currently accepted species of *Colletotrichum*. **Mycosphere**, v. 7, p. 1192–1260. 2016.

KAMIKOGA, A. T. M. **Método da folha destacada para avaliar resistência da soja ao oídio**. Tese (doutorado) - Universidade Federal do Paraná, Setor de Ciências Agrárias, Programa de Pós-Graduação em Agronomia. Defesa: Curitiba, 2001.

LENZ, G. et al. Elaboração e validação de escala diagramática para quantificação da mancha de *isariopsis* da videira. **Ciência Rural**, v. 39, n. 8, p. 2301-2308, 2009. Disponível em: <http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0103-84782009000800005>. Acesso em: 15 mar. 2009. doi: 10.1590/S0103-84782009000800005.

KAMIKOGA, A.T.M. **Método da folha destacada para avaliar resistência da soja ao oídio** 2001. 98f. Tese (Doutorado em Agronomia - Produção Vegetal) - Universidade Federal do Paraná, Curitiba.

KUMAR, S. et al. TimeTree: a resource for timelines, timetrees, and divergence times. **Molecular biology and evolution**, v. 34, n. 7, p. 1812-1819, 2017.

KAPLAN, L. Archaeology and domestication in *Phaseolus* (beans). **Economic Botany**, v. 19, p. 358–368, 1965.

LIANG, X. et al. Pathogenic adaptations of *Colletotrichum* fungi revealed by genome wide gene family evolutionary analyses. **PloS one**, v. 13, n. 4, p. e0196303, 2018.

LIOI, L. Relações morfológicas em feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) deduzidas da variação do marcador evolutivo phaseolin. **Recursos Genéticos e Evolução da Cultura**, v. 41, p. 81-85, 1994.

LONG, A., et al. First Direct AMS dates on Early Maize from Tehuacán, Mexico. **Radiocarbon**, v. 31, p. 1035–1040, 1989.

Lynch, T. N. et al. **First report of soybean rust caused by *Phakopsora pachyrhizi* on *Phaseolus***, 2006.

LUSTOSA-SILVA, J. D.; et al. Traditional varieties of lima beans (*Phaseolus Lunatus* L.) in northeastern Brazilian farms: conservation and sustainability. **Genetic Resources and Crop Evolution**, 2023. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10722-023-01553-4>

MACKIE, W.W. Origin dispersal and variability of the Lima bean (*Phaseolus lunatus* L.). **Hilgardia**. 1943. v.15, n.1, p.1-29.

MAQUET A. et al. Estrutura genética de uma coleção básica de feijão Lima usando marcadores aloenzimáticos. **Genética Teórica e Aplicada**, v. 95, p. 980–991, 1997. DOI: 10.1007/s001220050651.

MAQUET, A., VEKEMANS, X., BAUDOIN, J. P. Estudo filogenético de aliados silvestres do feijão-fava, *Phaseolus lunatus* L. (Fabaceae), e implicações sobre sua origem. **Sistema de planta Evolução**, v. 218, p. 43–54, 1999.

MARTÍNEZ-CASTILLO J. et al. Genetic structure within the Mesoamerican gene pool of wild *Phaseolus lunatus* L. (Fabaceae) from Mexico as revealed by microsatellite markers: Implications for conservation and domestication of the species. **American Journal of Botany**, v. 101, p. 851–864, 2014. DOI: doi:10.3732/ajb.1300412.

MASCARIN, G. M. et al. Seasonal prevalence of the insect pathogenic fungus *Colletotrichum nymphaeae* in Brazilian citrus groves under different chemical pesticide regimes. **Fungal Ecology**, v. 22, p. 43–51, 2016.

MELGAREJO, T. A. et al. Strains of BCMV and BCMNV characterized from lima bean plants affected by deforming mosaic disease in Peru. **Archives of Virology**, v. 152, p.1941-1949, 2007.

MEDEIROS, V. S. S. et al. Caracterização morfoagronômica de fava (*Phaseolus lunatus* L.). **Cadernos de Agroecologia**, v. 10, n. 3, 2015.

MOTA, J. M. et al. Fungal diversity in lima bean seeds. **Revista Brasileira de Engenharia de Biosistemas**, v. 11, n. 1, p. 79-87, 2017.

MÜNCH B., GASSER, P. H., FLATT, R. J. HOLZER, L. “FIB-Nanotomography of Particulate Systems—Part II: *Particle Recognition and Effect of Boundary Truncation*”. **Journal of the American Ceramic Society**, n. 89, v. 8, p. 2586–95, 2006.

NUNES, M.C.; GOMES, R.S.S.; NASCIMENTO, L.C. do. Caracterização de sementes crioulas de feijão fava produzidas no estado da Paraíba. **Revista Principia** - Divulgação Científica e Tecnológica do IFPB, João Pessoa, 2022. doi: <http://dx.doi.org/10.18265/1517-0306a2021id6226>.

O’CONNELL, R. J. et al. Lifestyle transitions in plant pathogenic *Colletotrichum* fungi deciphered by genome and transcriptome analyses. **Nature Genetics**, v. 44, p. 1060-1065, 2012.

OLIVEIRA, A. P. et al. Produção de feijão-fava em função do uso de doses de fósforo em um Neossolo Regolítico. **Horticultura Brasileira**, v. 22, n. 3, p.543-546, 2004. <https://doi.org/10.1590/S0102-05362004000300008>.

OLIVEIRA, F. N., TORRES, S. B., & BENEDITO, C. P. Caracterização botânica e agrônômica de acessos de feijão-fava, em Mossoró, RN. **Revista Caatinga**, v. 24, n. 1, p. 143-148, 2011.

OLIVEIRA, E. J. et al. Disease severity from passion fruit to identify sources of resistance in field conditions. **Revista Brasileira Fruticultura**, v. 35, n. 2, p. 485– 492, 2013.

PALUPI, H. T.; ESTIASIH, T.; YUNIANITA; SUTRISNO, A. Physicochemical and protein characterization of lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) seed. **Food Research**. v. 6, p. 168–177, 2022.

PAULA JUNIOR, T. J. et al. Interactions between rhizoctonia root rot and the foliar common bean diseases anthracnose and rust. **Journal of Phytopathology**, v. 163, n. 7-8, p. 642-652, 2015.

PENHA, J. S. et al. Estimation of natural outcrossing rate and genetic diversity in Lima bean (*Phaseolus lunatus* L. var. *lunatus*) from Brazil using SSR markers: implications for conservation and breeding. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 64, p. 1355-1364, 2016.

PERES, N. A. R.; SOUZA, N. L.; PEEVER, T. L.; TIMMER, L. W. Benomyl sensitivity of isolates of *Colletotrichum acutatum* and *C. gloeosporioides* from citrus. **Plant Disease**, v. 88, n. 2, p. 125-130, 2004.

PERFECT, S. E.; HUGHES, H. B.; O’CONNELL, R. J.; GREEN, J. *Colletotrichum*: a model genus for studies on pathology and fungal-plant interactions. **Fungal**

Genectis and Biology, v. 27, n. 2-3, p. 186-198, July 1999. DOI: <https://doi.org/10.1006/fgbi.1999.1143>.

PIERGIOVANNI, A. R.; SPARVOLI, F.; ZACCARDELLI, M. Fagiolo a Formella', an Italian lima bean ecotype: biochemical and nutritional characterisation of dry and processed seeds. **Journal Science Food Agriculture**. v. 92, n.11, p. 2387-2393, 2012.

RAMALHO, M. A. P. et al. **Genética na agropecuária**. 5 ed. Lavras: UFLA. p.576, 2012.

RAMALHO; M.A.P.; et al. **Competências em melhoramento genético de plantas no Brasil**. Viçosa: Editora Arka, 2010. 104 p.

SANTOS D. et al. Produtividade e morfologia de vagens e sementes de variedades de fava no Estado da Paraíba. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 37, n. 10, p. 1407-1412, 2002.

SERFLING, A.; WOHLRAB, J.; DEISING, H. B. Treatment of a clinically relevant plantpathogenic fungus with an agricultural azole causes cross-resistance to medical azoles and potentiates caspofungin efficacy. **Antimicrobial Agents and Chemotherapy**, v. 51, n. 10, p. 3672-3676, 2007.

SERRANO-SERRANO, M. L, et al. Gene pools in wild bean (*Phaseolus lunatus* L.) from the Americas: evidence of Andean origin and past migrations. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, v. 54, p. 76–87, 2010.

SERRANO-SERRANO, M. L. et al. Evolution and domestication of lima bean in Mexico: Evidence from ribosomal DNA. **Crop Science**, p. 1698–1712, 2012.

SILVA, S. I. A. et al. Avaliação dos componentes de produção em variedades crioulas de fava cultivadas no Agreste da Paraíba. **Revista Ciência Agrícola**, v. 42, n. 3, p. 731–742. 2019.

SILVA, V. B. et al. Genetic diversity and promising crosses indication in lima bean (*Phaseolus lunatus*) accessions. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 36, n. 1, p. 683-692, 2015.

SILVA, R. N. O. **Estudos genéticos em feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) Visando o melhoramento genético da cultura**. Tese de doutorado. UENF, campos dos Goytacazes – RJ. MARÇO, 2015.

SOUZA, T. P. et al. Divergência genética e caracterização agrônômica de 14 acessos de feijão-fava. **Revista de Ciências Agro-Ambientais**, v. 17, n. 2, p. 57-65, 2019.

TEMEGNE, C. N. et al. FEIJÃO LIMA. **The Beans and the Peas — From Orphan to Mainstream Crops**. Woodhead Publishing: Duxford, Reino Unido, p. 133–152, 2021.

TORRES, K.K.B.; et al. Banco de germoplasma de *Phaseolus* da UFPI: 20 anos. *In: congresso brasileiro de recursos genéticos*, 7, 2022, Rio Grande do Sul. **Anais [...]**.

Brasília: Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos, 2022. Disponível em: <https://cbrg.com.br/index.html>, acesso em 10 de julho de 2023.

TSOATA, E.; TEMEGNE, C. N; YOUMBI, E. Análise do critério bioquímico inicial para selecionar quatro plantas Fabaceae quanto à sua tolerância ao estresse hídrico. **International Journal of Current Research and Review**, v. 9, p 44568–44575, 2017.

VIEIRA, A. F. **Caracterização fenotípica e molecular de feijoeiro-comum quanto à resistência à antracnose e estudo de herança**. 2015, 77 p. (Dissertação) - Produção Vegetal, do Instituto de Ciências Agrárias da Universidade Federal de Minas Gerais, Minas Gerais-MG, 2015.

YARWOOD, C. E. Detached leaf culture. **The Botanical Review**, Lancaster, n.12, p. 1-56. 1946.

ZORO B. I. I et al. Mating system of wild *Phaseolus lunatus* L. and its relationship to population size. **Heredity**, v. 94, p. 153-158, 2005.

ZORO B. I. I. et al. Population genetic structure of wild *Phaseolus lunatus* (Fabaceae), with special reference to population sizes. **American Journal Botany**, v. 90, n. 6, p. 897-904, 2003.

ZORO B. I. I, MAQUET A., DEGREEF J., WATHELET B. J. P. Baudoin Sample size for collecting seeds in germplasm conservation: the case of the Lima bean (*Phaseolus lunatus* L.). **Theoretical and Applied Genetics**, v. 97, p. 187-94, 1994.

3 PROCESSO INFECCIOSO DE *Colletotrichum truncatum* EM FOLHAS DE FEIJÃO-FAVA

RESUMO

A antracnose, *Colletotrichum truncatum*, pode resultar em perdas de até 100% na produção do feijão-fava. Assim, é importante que o processo de infecção de *C. truncatum* em feijão-fava seja conhecido para propor estratégias de manejo. Nesse sentido, o objetivo com esse estudo foi elucidar o processo de infecção por *C. truncatum* utilizando microscopia de varredura. Foram utilizados para o estudo o genótipo BGP-UFPI 832 resistente ao *C. truncatum*, e o genótipo BGP-UFPI 860 suscetível ao patógeno. Após trinta dias da semeadura, quatro plantas de cada genótipo foram inoculadas com suspensão de esporos e uma planta testemunha, inoculada com água destilada autoclavada, foram mantidas em câmara úmida por 24 horas após a inoculação (hai). Aos setes dias após a inoculação, a cada doze horas foram cortados fragmentos foliares do tecido vegetal (6 h / 18 h / 30 h / 42 h / 66 h / 84 h) foram cortados em torno do ponto de inoculação para observação em microscópio eletrônico de varredura. A sequência geral do processo infeccioso incluiu fixação de conídios, germinação e formação de apressórios melanizados às 6 hai (horas após infecção), que penetraram para formar vesículas de infecção. Já a formação de hifas secundárias ocorreu mais rapidamente nos genótipos suscetíveis (66 hai) quando comparados aos resistentes (84 hai). A formação dos acérvulos se deu às 144 hai sem a formação de conídeos. Essas informações são relevantes para o entendimento da interação do patógeno *C. truncatum* no feijão-fava.

Palavras-chave: Antracnose; Fitopatógeno; Patossistema; *Phaseolus lunatus* L.

ABSTRACT

Anthrachnose, *Colletotrichum truncatum*, can result in losses of up to 100% in faba bean production. Therefore, it is important that the infection process of *C. truncatum* in faba beans is known to propose management strategies. In this sense, the objective of this study was to elucidate the infection process by *C. truncatum* using scanning microscopy. The BGP-UFPI 832 genotype resistant to *C. truncatum*, and the BGP-UFPI 860 genotype susceptible to the pathogen, were used for the study. Thirty days after sowing, four plants of each genotype were inoculated with spore suspension and a control plant, inoculated with autoclaved distilled water, were kept in a humid chamber for 24 hours after inoculation (hai). Seven days after inoculation, fragments of plant tissue were cut every twelve hours (6 h / 18 h / 30 h / 42 h / 66 h / 84 h) around the point of inoculation for observation under an electron microscope. scan. The general sequence of the infectious process included conidial attachment, germination, and formation of melanized appressoria at 6 hai (hours after infection), which penetrated to form infection vesicles. The formation of secondary hyphae occurred more quickly in susceptible genotypes (66 hai) when compared to resistant ones (84 hai). The formation of acervuli occurred at 144 hai without the formation of conidia.

This information is relevant for understanding the interaction of the pathogen *C. truncatum* in lima beans.

Keywords: Anthracnose; Phytopathogen; Pathosystem; *Phaseolus lunatus* L.

3.1 INTRODUÇÃO

O feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) é importante leguminosa do gênero, devido ao teor de proteína de alta qualidade, o que a torna excelente opção alimentar e fonte de renda para pequenos agricultores (SOARES et al., 2010). É cultivada em diferentes estados do Brasil, principalmente na região nordeste, onde tem grande importância socioeconômica. No entanto, sua produção possui oscilações, sendo uma das causas a ocorrência de doenças como a antracnose.

Os sintomas da antracnose no feijão-fava começam com manchas avermelhadas ao longo das nervuras no lado adaxial das folhas e nos caules e pecíolos jovens; nas vagens, as lesões são deprimidas, grandes e avermelhadas, com acérvulos em desenvolvimento (CAVALCANTE et al., 2019). Lesões avermelhadas e necróticas também podem ser observadas no hipocótilo, pecíolo e superfície foliar, resultando em folhas enrugadas (BALLHORN et al., 2010; CARVALHO et al., 2015).

A antracnose no feijão-fava pode causar danos de até 100% na produção e qualidade das vagens, comprometendo a comercialização do produto (DAMM et al., 2009). A doença pode ter como agente etiológico várias espécies do gênero *Colletotrichum*: *C. truncatum*, *C. cliviae*, *C. fructicola*, *C. brevisporum*, *C. lobatum*, *C. plurivorum* e *C. musicola* (SOUSA et al., 2018; CAVALCANTE et al., 2019). Destas espécies, *Colletotrichum truncatum* é o mais prevalente (CAVALCANTE et al., 2019).

Espécies de *Colletotrichum* podem invadir tecidos do hospedeiro para estabelecer invasão hemibiotrófica intracelular, invasão necrotrófica intramural subcuticular ou uma combinação de ambas (BAILEY et al., 1992). A maioria das espécies de *Colletotrichum* apresenta infecção intracelular hemibiotrófica, incluindo *C. lindemuthianum* no feijão, *C. lagenarium* nas cucurbitáceas, *C. gloeosporioides* f. sp. *Malvae* em malva (PERFECT et al., 1999; BAILEY et al., 1992) e *Colletotrichum destructivum* em *Arabidopsis thaliana* (O'CONNELL et al., 2004). Nesse modo, o fungo tem uma fase biotrófica inicial, na qual estabelece a infecção, seguida por uma fase necrotrófica destrutiva, quando o fungo coloniza e degrada as células

hospedeiras causando necrose e sintomas visíveis (MENDGEN; HAHN, 2002). Assim, é relevante a realização de estudos que caracterizem o processo de infecção do fitopatógeno a nível histológico, que podem auxiliar na busca de métodos de manejo.

Pesquisas anteriores demonstraram o processo de infecção de *Colletotrichum* em leguminosas, tais como: feijão-caupi (BAILEY et al., 1992), feijão-fradinho (O'CONNELL et al., 1985), feijão-comum (O'CONNELL, BAILEY, RICHMOND, 1985), dentre outras.

No feijão-fava, não foram encontrados trabalhos que descrevam o processo de infecção de *C. truncatum*. Com base em tais premissas, estabeleceu-se a seguinte hipótese: imagens de alta resolução e amplificação produzidas por microscopia de varredura podem elucidar o processo de infecção e a estratégia adotada por *C. truncatum* em genótipos de feijão-fava, com níveis contrastantes de suscetibilidades. Logo o objetivo foi descrever o processo infeccioso de *C. truncatum* em genótipos de feijão-fava, resistentes e suscetíveis ao patógeno.

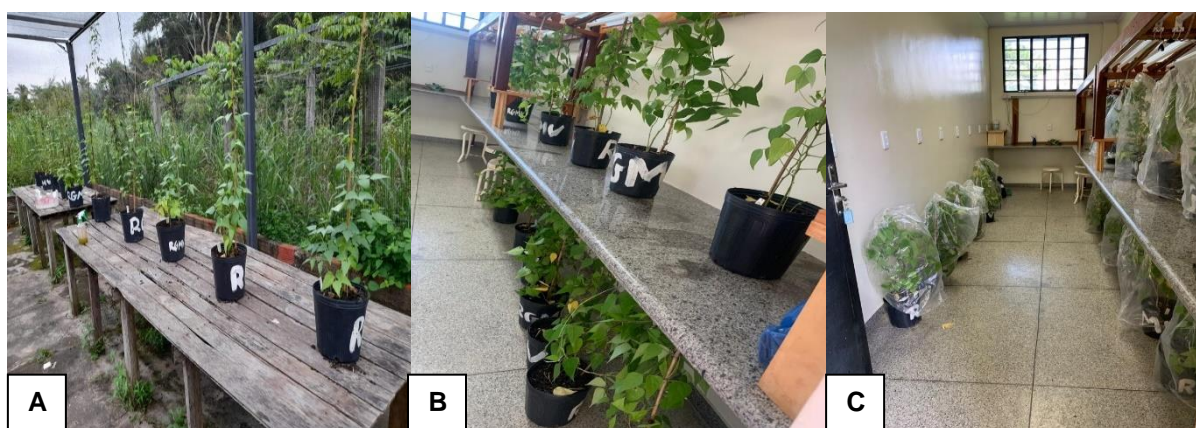
3.2 MATERIAL E MÉTODOS

O material genético consistiu em dois genótipos de feijão-fava, provenientes do Banco Ativo de Germoplasma de *Phaseolus* da Universidade Federal do Piauí (UFPI), sendo um genótipo altamente resistente (BGP-UFPI 832) ao *Colletotrichum truncatum* e o outro, altamente suscetível (BGP-UFPI 860) (BRITO et al., 2022) (Anexo A).

Tais genótipos foram cultivados em telado, no período de janeiro a fevereiro de 2023, colocando-se três sementes em cada vaso, que constituiu a parcela, com cinco repetições (Figura 3.1 A). Após desbaste, deixou-se duas plantas por vaso aos quinze dias da emergência. Aos trinta dias de semeadura, as plantas foram transferidas para uma câmara de crescimento vegetal, no Setor de Fitossanidade do Departamento de Fitotecnia do Centro de Ciências Agrárias (CCA) da UFPI, para a realização do processo de inoculação em que quatro plantas de cada genótipo foi inoculada com suspensão de esporos do isolado CT4 de *C. truncatum* 10^6 esporos/mL e uma planta testemunha, inoculada com água destilada autoclavada (Figura 3.1 B). Posteriormente, foram mantidas em câmara úmida por 24 horas (Figura 3.1 C). Aos setes dias após a inoculação (7 DAI), a cada doze horas foram cortados pequenos fragmentos do tecido foliar vegetal (6 h / 18 h / 30 h / 42 h / 66 h / 84 h) e imediatamente

conservados em solução Karnovsky (2,5% de glutaraldeído, 2,5% de formaldeído em tampão de cacodilato de sódio 0,05 M pH 7,2 e 0,001 M de CaCl₂) por 24 horas, seguidas de lavagem em solução tampão de cacodilato 0,05 M três vezes por 10 minutos cada. Em seguida, foram desidratadas em gradientes de acetona de 30, 50, 70, 90% por 10 min e 100% por 10 min repetido três vezes.

Figura 3.1 – Cultivo dos genótipos de feijão-fava no Setor de Fitossanidade do Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal do Piauí, em Teresina - PI, 2023. (A) Cultivo em telado. (B) genótipos na câmara de crescimento vegetal. (C) genótipos em câmara úmida



Fonte: Elaborado pela autora (2023)

Para observação interna da folha, após a secagem até o ponto crítico, a epiderme foi removida com fita adesiva e em seguida pulverizada com ouro. As imagens foram obtidas em microscópio eletrônico de varredura de alta resolução com uma pistola de emissão de campo, TESCAN CLARA, no Laboratório de Microscopia Eletrônica e Análise Ultraestrutural da Universidade Federal de Lavras. As imagens foram geradas sob condições de trabalho de 15 e 20 Kv e distância de trabalho de 5 e 10 mm, para observação superficial e interna da folha, respectivamente.

3.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Este é o primeiro estudo sobre o processo de infecção de *C. truncatum*. O referido processo é semelhante ao de outros *Colletotrichum* spp. em vários aspectos.

A germinação do fungo foi semelhante nos genótipos resistentes e suscetíveis ocorrendo a 6 hai. No que diz respeito à morfologia dos conídios, observou-se que estes são ligeiramente falcados, mediam aproximadamente 21 × 2 μm, e com

superfície lisa.

Nos genótipos suscetível e resistente foi observado murcha do conídio em esporos já associados a apressórios às 18 horas após inoculação. Este pode ter perdido parte da sua matéria para o apressório (Figura 3.2 A e 3.2 B). Características semelhantes foram encontrados por Ge e Guest (2011), em estudos de microscopia eletrônica de varredura no processo de infecção de folhas de meloeiro por *C. lagenarium*; e por Linset al. (2007), em estudos histopatológicos de *Colletotrichum* spp. em plântulas de cafeeiro.

Figura 3.2 - Imagens do conídio murcho pelo microscópio de varredura às 18 horas após inoculação no genótipo suscetível (A); e resistente (B), em Laboratório de Microscopia Eletrônica e Análise Ultraestrutural da Universidade Federal de Lavras, 2023

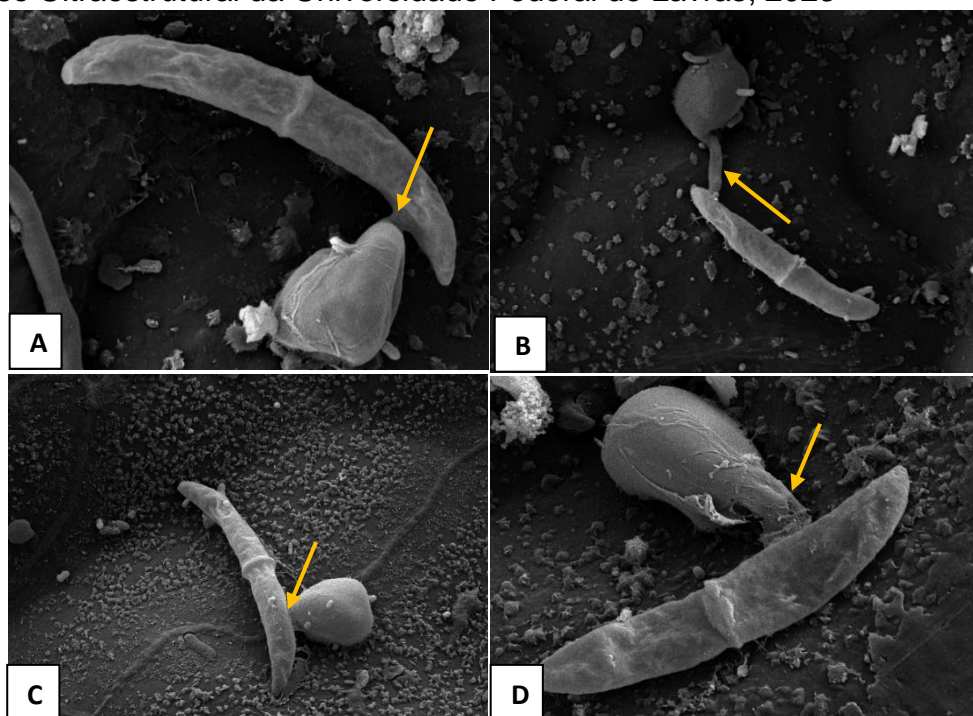


Fonte: Elaborado pela autora (2023)

A formação do apressório diretamente a partir do conídio ou tubo germinativo ocorreu às 6 horas após inoculação (hai) tanto no genótipo suscetível BGP-UFPI 860 como no genótipo resistente BGP-UFPI 832 (Figura 3.3 A e 3.3 C). Os conídios não produziram mais de um tubo germinativo. A partir deste, ou da própria germinação do conídio, foi observado o surgimento de um apressório melanizado, com margens irregulares e variáveis (Figuras 3.3). Na maioria das germinações observadas, tanto nos genótipos suscetível e resistente, o apressório surgiu diretamente da ponta ou na região lateral do conídio (3.3 A e 3.3 C). Características semelhantes foram encontrados por Ge e Guest (2011), em estudos de microscopia eletrônica de varredura no processo de infecção de folhas de meloeiro por *C. lagenarium*; e por

Linset al. (2007), em estudos histopatológicos de *Colletotrichum* spp. em plântulas de cafeeiro. No entanto, nesses estudos não foi relatado a prevalência de uma forma de germinação sobre a outra. Já no presente estudo, a maioria das germinações se deu diretamente do conídio, mais precisamente na lateral deles.

Figura 3.3 - Imagens de Microscopia eletrônica de varredura caracterizando a formação do apressório de *Colletotrichum truncatum* na superfície de folhas de feijão-fava às 6 horas após inoculação. No genótipo suscetível BGP-UFPI 860, diretamente do conídio (A) ou a partir do tubo germinativo (B), no genótipo resistente BGP-UFPI 832, diretamente do conídio (C) e a partir do tubo germinativo (D). Setas indicam o local de formação do apressório, Laboratório de Microscopia Eletrônica e Análise Ultraestrutural da Universidade Federal de Lavras, 2023



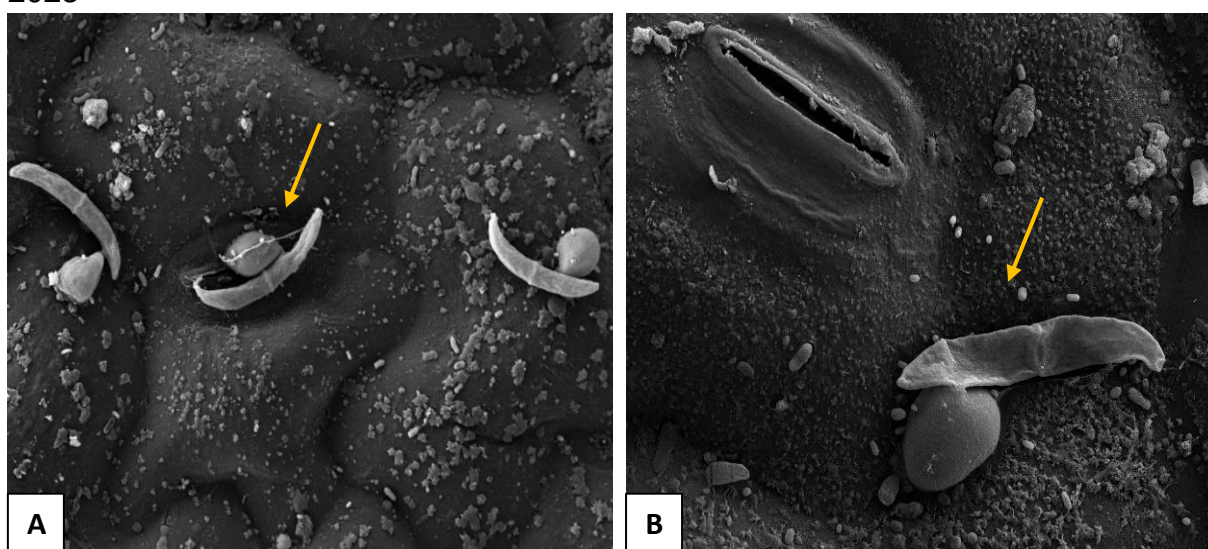
Fonte: Elaborado pela autora (2023)

Em geral, o momento da germinação após inoculação (HAI) de conídios no gênero *Colletotrichum* é bastante variável (BAILEY et al., 1992; KUMAR et al., 2001; PEREIRA et al., 2005): *C. acutatum* em pinheiro (6 hai); *C. truncatum* de *Vicia faba* (LARS 412) 12 hai; *C. lindemuthianum* em feijão-fradinho (12 hai); *C. lindemuthianum* em feijão francês (18 hai), *C. gloeosporioides* em musgo 8 hai. A diferença no percentual de germinação de conídios e formação de apressórios pode ser causada por diferenças na estrutura física e química da cera epicuticular nos dois genótipos (PRUSKY; PLUMBLEY et al., 1992); além disso, outros fatores tais como temperatura

e presenças de compostos químicos(OROZCO, 2003; LIU; KOLATTUKUDY, 1998).

A fixação do apressório no hospedeiro, em ambos os genótipos, ocorreu predominantemente próximo de aberturas estomáticas (Figura 3.4 A e B). No entanto, na maioria dos casos, observou-se que a penetração do fungo na planta se deu por meio da cutícula, ou seja, de forma direta. Em alguns casos, mesmo o esporo estando próximo da abertura estomática, a penetração se deu por meio de uma depressão cuticular (Figura 3.4 B), mostrando que os casos em que a penetração se deu a partir do estômato não podem ser justificados como eventual migração do conídio, mas sim que ele eventualmente foi depositado naquele local. Ou seja, o estômato e/ou eventuais ferimentos não são vias preferenciais de penetração, mas sim de forma direta.

Figura 3.4 - Fixação do apressório vistos pelo microscópio de varredura às 6 horas após infecção (hai) de genótipos de feijão-fava, (A) fixação via estômato e (B) fixação via cutícula. Setas indicam o local de germinação do esporo, em Laboratório de Microscopia Eletrônica e Análise Ultraestrutural da Universidade Federal de Lavras, 2023

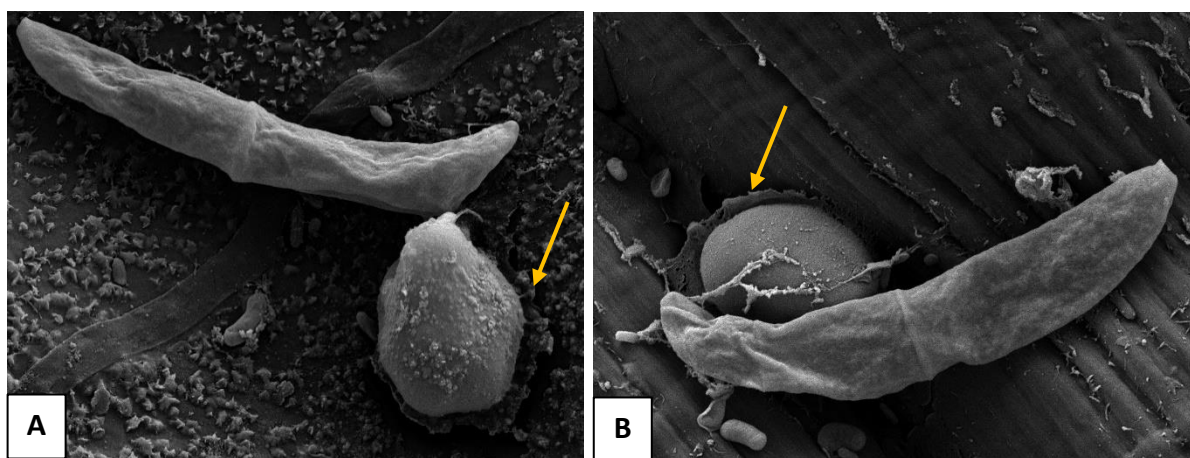


Fonte: Elaborado pela autora (2023)

Nos casos de penetração direta a partir da cutícula, observou-se em algumas imagens tanto no genótipo suscetível (Figura 3.5 A), quanto no resistente (Figura 3.5 B), levantamento da epiderme ocasionado pela pressão do apressório, tal característica foi observada em estudos anteriores (GE; GUEST, 2011; LINS et al. 2007) (Figura 3.5 A e 3.5 B). A adesão do apressório é importante pois permite que o contato por um tempo necessário para que ocorra a infecção da hifa no local. A adesão

dos conídios é relevante para o sucesso do estabelecimento do patógeno (MERCURE et al. 1994). Nesse sentido, Chen et al. (2004) comentam que pressão de turgor do apressório pode ser influenciada por: melanização do apressório e cutinase presente nos conídios.

Figura 3.5 - Levantamento da epiderme ocasionado em decorrência da pressão do apressório na superfície foliar de (A) genótipo de feijão-fava resistente (BGP-UFPI 832); e no (B) genótipo suscetível (BGP-UFPI 860), setas indicam elevação da cutícula, em Laboratório de Microscopia Eletrônica e Análise Ultraestrutural da Universidade Federal de Lavras, 2023

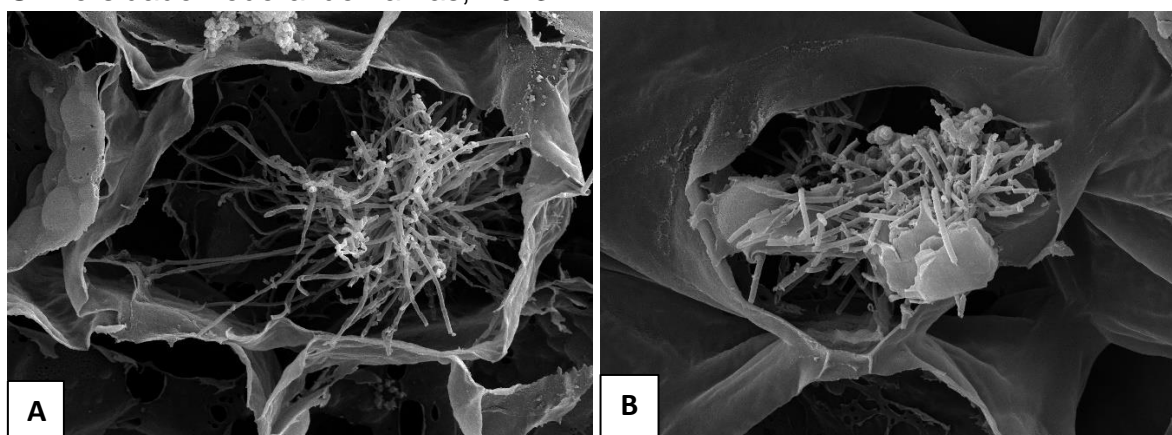


Fonte: Elaborado pela autora (2023)

Observou-se em ambos os genótipos que a penetração se concentrou principalmente nas regiões de depressões foliares. Essa aderência nas depressões foi também observada por Lins, Abreu e Alves (2007), em estudos histopatológicos de *Colletotrichum* spp. em plântulas de cafeeiro. Um dos fatores que pode estar relacionado a esse tipo de adesão é o acúmulo de umidade e da suspensão de inóculo nessas regiões. Tal tipo de penetração também foi observada por Latunde-dada e Lucas (2007), trabalhando com isolados hemibiotróficos de *Colletotrichum linicola* (do linho, *Linum usitatissimum*) e *C. truncatum* (da fava italiana, *Vicia faba* e da lentilha, *Lens culinaris*). Com base nos dados do presente estudo, confirmou-se que o desenvolvimento apressorial é um pré-requisito para a invasão de folhas de feijão-fava por *C. truncatum*. Estudos anteriores mostraram que a diferenciação apressorial e a maturação são necessárias para a adesão do patógeno à superfície do hospedeiro e fornecem a força mecânica necessária para a penetração (KUBO, 2005; TAKANO et al., 2000; YANG; DICKMAN, 1999).

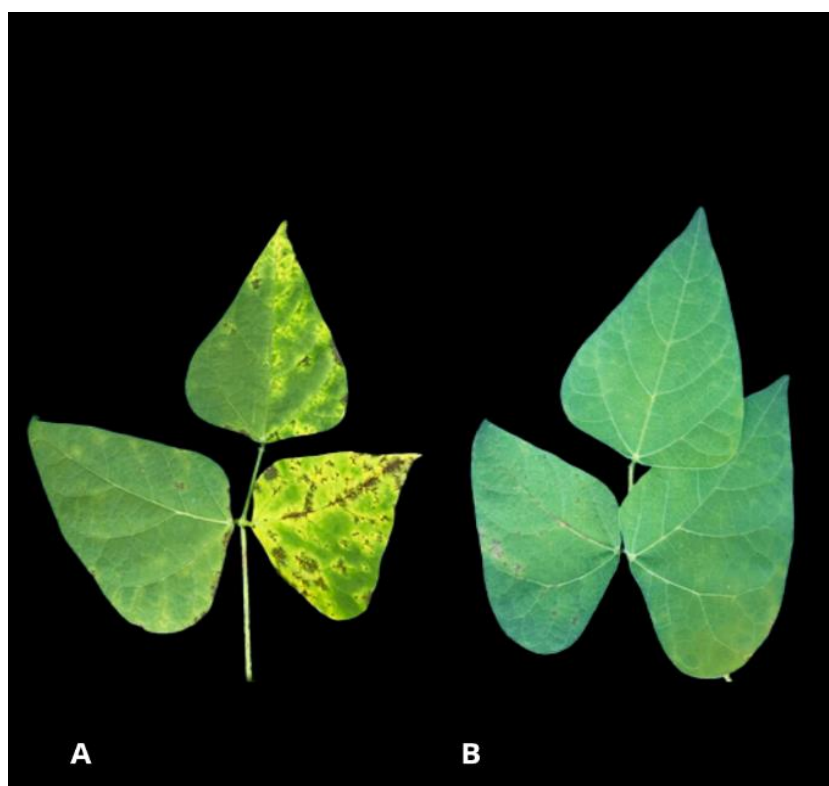
As hifas secundárias se desenvolveram (Figura 3.6 A e B), por volta de 66 hai no genótipo suscetível. Já no genótipo resistente, o processo de formação de hifas secundárias se deu a partir das 84 hai. Tais períodos coincidiram com surgimento de sintomas visíveis de antracnose nas folhas de feijão-fava (Figura 3.7 A e B). A colonização tardia em genótipos resistentes também foi observada por Ge e Guest (2011), em estudos de microscopia eletrônica de varredura no processo de infecção de folhas de meloeiro por *Colletotrichum lagenarium*, para esses autores essas observações sugerem que o patógeno estabelece a fase biotrófica inicial mais rapidamente em folhas suscetíveis, e então coloniza após desenvolver hifas necrotróficas secundárias; eles comentam ainda que mecanismos de resistência inibem a germinação de conídios, reduzem a eficiência de penetração apressorial e, mais significativamente, suprimem a transição para necrotrofia. Barreto et al. (2007) em estudos com feijão-caupi indicaram penetração reduzida de *C. gloeosporioides* no genótipo resistente está associada à liberação reativa de oxigênio, aumento da atividade da fenilalanina amônia-liase e deposição de compostos fenólicos abaixo dos apressórios.

Figura 3.6 - Imagens da formação de hifas secundárias no genótipo suscetível de feijão-fava, às 66 horas após infecção (A) e no resistente, às 84 horas após infecção (B), em Laboratório de Microscopia Eletrônica e Análise Ultraestrutural da Universidade Federal de Lavras, 2023



Fonte: Elaborado pela autora (2023)

Figura 3.7 - Desenvolvimento de sintomas nas folhas de feijão-fava em (A) 66 horas após infecção, no genótipo suscetível (BGP-UFPI 860) e em (B) 84 horas após infecção no genótipo resistente (BGP-UFPI 832), em Teresina-PI, 2023

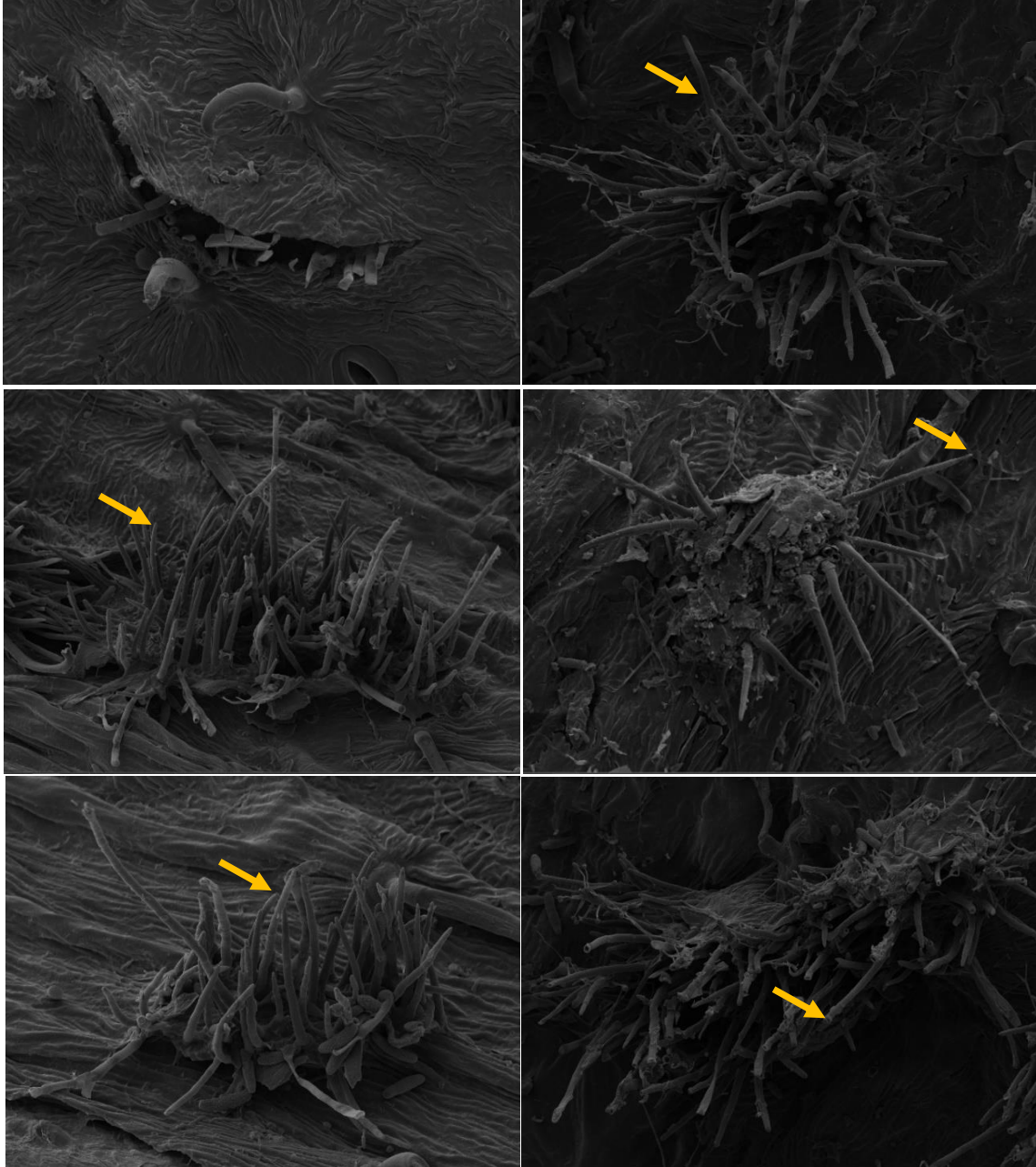


Fonte: Elaborado pela autora (2023).

Com as informações obtidas, contata-se que a sequência geral da infecção incluiu fixação de conídios, germinação e formação de apressórios, que penetraram e posteriormente formaram hifas secundárias, ocorrendo de modo semelhante nos genótipos suscetível e resistente. Todavia, a colonização se deu de forma mais rápida no genótipo suscetível, BGP-UFPI 860. Resultados semelhantes foram observados por Ge e Guest (2011), caracterizando que o patógeno estabelece a fase biotrófica inicial mais rapidamente em folhas de plantas suscetíveis, e então coloniza, após desenvolver hifas necrotróficas secundárias.

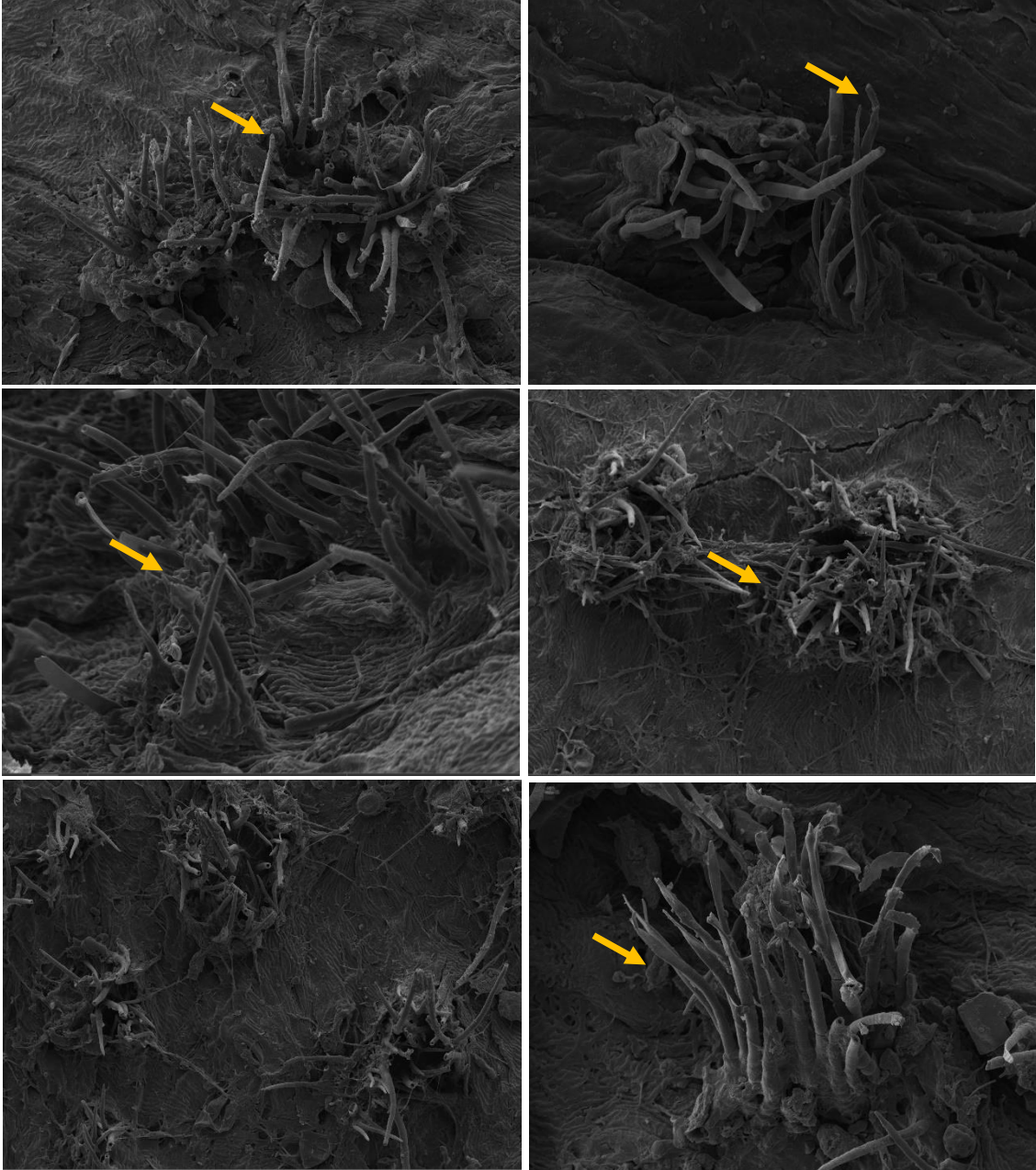
Neste estudo, o isolado de *C. truncatum* utilizado foi eficiente na colonização em tecidos foliares de folhas de feijão-fava, ocorrendo formação de acérvulos tanto no genótipo resistente (Figura 3.8) como no suscetível (Figura 3.9). Em ambos os casos foi observada a formação dos acérvulos às 144 horas após infecção. Não foi observada a formação de conídios nas extremidades de setas. Não foram observadas estruturas do patógeno ou de outro microrganismo na testemunha inoculada com água.

Figura 3.8 - Imagem de microscopia de varredura da produção de acérvulos no genótipo resistente de feijão-fava (BGP-UFPI 832) inoculado com *Colletotrichum truncatum*, setas indicam a extremidade dos acérvulos, em Laboratório de Microscopia Eletrônica e Análise Ultraestrutural da Universidade Federal de Lavras, 2023



Fonte: Elaborado pela autora (2023)

Figura 3.9 - Imagem de microscopia de varredura da produção de acérvulos no genótipo suscetível (BGP-UFPI 860) inoculado com *Colletotrichum truncatum*, setas indicam a extremidade dos acérvulos, em Laboratório de Microscopia Eletrônica e Análise Ultraestrutural da Universidade Federal de Lavras, 2023



Fonte: Elaborado pela autora (2023)

Essas observações sugerem que o patógeno estabelece a fase biotrófica inicial mais rapidamente em folhas suscetíveis, e então coloniza, após o desenvolvimento necrotrófico secundário das hifas. Para o entendimento da interação do patógeno *C. truncatum* com o feijão-fava, as informações obtidas são muito relevantes.

3.4 CONCLUSÃO

A sequência geral da infecção de *Colletotrichum truncatum* inclui fixação de conídios, germinação e formação de apressórios melanizados (6 horas após infecção), que penetram para formar vesículas de infecção e hifas primárias (30 horas após infecção), ocorrendo de forma semelhante nos genótipos resistentes e suscetíveis. No entanto, a colonização ocorre mais rapidamente nos genótipos suscetíveis quando comparados aos resistentes, tendo em vista que a formação de hifas secundárias necrotróficas ocorrem às 66 horas após infecção nos genótipos suscetíveis; enquanto nos resistentes a formação ocorre às 84 horas após infecção. Em ambos os casos foi observada a formação dos acérvulos às 144 horas após infecção. Não foi observada a formação de conídios nas extremidades de setas. Com base nessas informações é possível concluir que o patógeno estabelece a fase biotrófica inicial mais rapidamente em folhas de plantas suscetíveis, e então coloniza, após o desenvolvimento necrotrófico secundário das hifas

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- BAILEY, J. A, NASH, C., O'CONNELL, R. J, SKIPP, R. A. Infection process and host specificity of a *Colletotrichum* species causing anthracnose of cowpea, *Vigna unguiculata*. **Mycological Research**, v. 94, n. 81, 1990.
- BAILEY J. A, O'CONNELL, R. J., PRING, R. J, NASH C. Infection strategies of *Colletotrichum* species. In: BAILEY JA, JEGER MJ, editors. *Colletotrichum: biology, pathology and control*. Wallingford: CAB International; 1992. p. 88e120.
- BALLHORN, D. J.; PIETROWSKI, A.; LIEBEREI, R. Direct trade-off between cyanogenesis and resistance to a fungal pathogen in lima bean (*Phaseolus lunatus* L.). **Journal of Ecology**, v. 98, n. 1, p. 226-236, 2010.
- CARVALHO, E. M. S.; BESERRA, J. R.; BARGUIL, B. M. Lima Bean Diseases. In: FERREIRA, A. S. A.; LOPES, A. C. A.; GOMES, R. L. F. (org.). **Phaseolus lunatus: Diversity, Growth and Production**. New York: Nova Science Publishers. p. 113-133, 2015.
- CAVALCANTE, G. R. S. et al. Diversity, prevalence, and virulence of *Colletotrichum* species associated with lima bean in Brazil. **Plant Disease**, v. 103, p. 1961-1966, 2019.

CHEN, Z., NUNES, M.A. & SILVA, M.C. Appressorium turgor pressure of *Colletotrichum kahawae* might have a role in coffee cuticle penetration. **Mycologia**, v. 96, p. 1199-1208. 2004.

GE, Y.; GUEST, D. I. Light and scanning electron microscopy studies on the infection process of melon leaves by *Colletotrichum lagenarium*. **Physiological and molecular plant pathology**, v. 76, n. 1, p. 67-74, 2011.

KUBO Y. Studies on mechanisms of appressorial penetration by *Colletotrichum lagenarium*. **Journal of General Plant Pathology**, p. 71 – 451, 2005.

KUMAR, V. et al. Surface ultrastructural studies on penetration and infection process of *Colletotrichum gloeosporioides* on mulberry leaf causing black spot disease. **Journal of Phytopathology**, v. 149, n. 11-12, p. 629-633, 2001.

LATUNDE-DADA, A. O.; LUCAS BLACKWELL J. A. Publishing Ltd Localized hemibiotrophy in *Colletotrichum*: cytological and molecular taxonomic similarities among *C. destructivum*, *C. linicola* and *C. truncatum*. **Plant Pathology**, v. 56, 437–447, 2007.

LINS, S. R. O.; ABREU, M. S.; ALVES, E. Estudos histopatológicos de *Colletotrichum* spp. em plântulas de cafeeiro. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 32, n. 6, p. 488-496, 2007.

LIU, Z. M.; KOLATTUKUDY, P. E. Identification of a gene product induced by hard-surface contact of *Colletotrichum gloeosporioides* conidia as an ubiquitin-conjugating enzyme by yeast complementation. **Journal Bacteriology**, v. 180, p. 3592-3597, 1998.

MENDGEN, K.; HAHN, M. Plant infection and the establishment of fungal biotrophy. **Trends in Plant Science**, v. 7, n. 352, 2002.

MERCURE, E. W.; KUNOH, H.; NICHOLSON, R. L. Adhesion of *Colletotrichum graminicola* conidia to corn leaves: a requirement disease development. **Physiological and Molecular Plant Pathology**, London, v. 45, n. 6, p. 407-420, 1994.

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

OROZCO, M. E. F. **Caracterização morfológica, molecular, bioquímica e patogênica de isolados de *Colletotrichum* spp. associados ao cafeeiro em Minas Gerais e Comparação com *Colletotrichum kahawae***. 2003. 147f. Tese (Doutorado em Fitopatologia) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

PEREIRA, I. S.; ABREU, M. S.; ALVES, E.; FERREIRA, J. B. Estudos histopatológicos da interação *Colletotrichum gloeosporioides* - cafeeiro. **Bragantia**, São Paulo, v. 68, p. 53-61, 2009.

PERFECT, S. E. et al. *Colletotrichum*: a model genus for studies on pathology and fungaleplant interactions. **Fungal Genetics and Biology**, v. 27, p. 186-98, 1999.

PRUSKY, D.; PLUMBLEY, R. A. Quiescent infections of *Colletotrichum* in tropical and subtropical fruits. In: BAILEY J. A; JEGER, M. J. **Colletotrichum**: biology, pathology and control. Wallingford: CAB International, p. 289, 1992.

SHEN S., GOODWIN, P., HSIANG, T. Infection of Nicotiana species by the anthracnose fungus *Colletotrichum orbiculare*. **European Journal of Plant Pathology**, v. 107, n. 767, 2001.

SOARES, C. A. et al. Aspectos socioeconômicos. In: LOPES, A.C.A.; GOMES, R.L.F.; ARAÚJO, A.S.F. de (Ed.). **A cultura do feijão-fava no Meio-Norte do Brasil**. Teresina: Ed. da Universidade Federal do Piauí, 2010. p. 237-268.

SOUSA, E. S. et al. *Colletotrichum* species causing anthracnose on lima bean in Brazil. **Tropical plant pathology**, v. 43, p. 78-84, 2018.

TAKANO, Y. et al. The *Colletotrichum lagenarium* MAP kinase gene CMK1 regulates diverse aspects of fungal pathogenesis. **Molecular Plant-Microbe Interactions**, v. 13, n. 374, 2000.

YANG, Z; DICKMAN, M. B. *Colletotrichum trifolii* mutants disrupted in the catalytic subunit of cAMP-dependent protein kinase are nonpathogenic. **Molecular Plant-Microbe Interactions**, v. 12, n. 43, 1999.

4 ESCALA DIAGRAMÁTICA PARA ANTRACNOSE EM VAGENS DE FEIJÃO-FAVA

RESUMO

A antracnose, causada por fungos do gênero *Colletotrichum*, é uma das principais doenças que afetam o feijão-fava. Uma alternativa para avaliar a severidade da doença e assim tomada de decisão quanto ao manejo são as escalas diagramáticas. No entanto, não existe na literatura escalas diagramáticas para avaliar sintomas em vagens de feijão-fava. Assim, o objetivo foi propor uma escala diagramática específica para avaliar a severidade da antracnose em vagens de feijão-fava. Como material biológico, foram utilizadas 155 vagens naturalmente infectadas e com sintomas de antracnose, coletadas de plantas de feijão-fava na área experimental do Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal do Piauí. Com uso de câmera digital, essas vagens foram individualmente fotografadas com fundo branco. A severidade real da doença em cada vagem foi determinada com o auxílio do software Rstudio, package "Pliman", e os valores de severidade real foram utilizados como referência. A área necrosada na superfície da vagem foi considerada como área lesionada (AL). Os valores da severidade real da antracnose na amostra de vagens de feijão-fava variaram de 0 a 96,5 %. De acordo com esses níveis mínimos e máximos de severidade encontrados e a distribuição de frequência dos dados foi elaborada a escala com intervalos aproximadamente lineares. Dessa forma, cada nível da escala representa aproximadamente 17 % das vagens amostradas e intervalos entre níveis da escala de ± 17 pontos percentuais. De acordo com os valores de severidade obtidos, a escala foi dividida em sete níveis. Nível 1, com vagens assintomáticas; nível 2, de 0 a 1,8 %; nível 3, de 1,8 a 9,8 %; nível 4, de 9,8 a 28,5%, nível 5, de 28,5% a 50,4%, nível 6, de 50,4% a 68,7 %, nível 7, de 68,7 a 87,4 % e nível 8, acima de 87,4 %. Depois de estabelecer os intervalos de severidade a serem representados, foram utilizadas fotografias em cores das vagens com lesões de antracnose para construir a escala. Em geral, 42,58% das vagens (66 vagens) tinham lesões que totalizavam mais de 44,78% de severidade. A escala proposta possibilitou realizar estimativa da severidade real da doença em vagens de feijão-fava, em campo, diminuindo a subjetividade na avaliação dos sintomas nas vagens.

Palavras-chave: Antracnose, Avaliação, Escala avaliativa, *Phaseolus lunatus*.

ABSTRACT

Anthrachnose, caused by fungi of the genus *Colletotrichum*, is one of the main diseases that affect lima beans. An alternative for evaluating the severity of the disease and thus making decisions regarding management are diagrammatic scales. However, there are no diagrammatic scales in the literature to evaluate symptoms in faba bean pods. Thus, the objective was to propose a specific diagrammatic scale to assess the severity of anthrachnose in faba bean pods. As biological material, 155 naturally infected pods with symptoms of anthrachnose were used, collected from lima bean plants in the experimental area of the Department of Phytotechnics at the Federal University of

Piauí. Using a digital camera, these pods were individually photographed against a white background. The real severity of the disease in each pod was determined with the aid of the Rstudio software, package “Pliman”, and the real severity values were used as a reference. The necrotic area on the pod surface was considered as the injured area (AL). The actual severity values of anthracnose in the lima bean pod sample ranged from 0 to 96.5%. According to these minimum and maximum levels of severity found and the frequency distribution of the data, the scale was created with approximately linear intervals. Thus, each level of the scale represents approximately 17% of the pods sampled and intervals between levels of the ladder of ± 17 percentage points. According to the severity values obtained, the scale was divided into seven levels. Level 1, with asymptomatic pods; level 2, from 0 to 1.8%; level 3, from 1.8 to 9.8%; level 4, from 9.8 to 28.5%, level 5, from 28.5% to 50.4%, level 6, from 50.4% to 68.7%, level 7, from 68.7 to 87.4% and level 8, above 87.4%. After establishing the severity ranges to be represented, color photographs of the pods with anthracnose lesions were used to construct the scale. Overall, 42.58% of pods (66 pods) had lesions totaling greater than 44.78% in severity. The proposed scale made it possible to estimate the real severity of the disease in lima bean pods, in the field, reducing subjectivity in the evaluation of symptoms in the pods.

Keywords: Anthracnose, Assessment, Evaluative scale, *Phaseolus lunatus*.

4.1 INTRODUÇÃO

O feijão-fava (*Phaseolus lunatus*) é uma leguminosa bianual que apresenta alta variabilidade genética e constitui uma excelente fonte de proteína, contribuindo para a segurança alimentar e a sustentabilidade agrícola (BRITO et al., 2022; AZANI et al., 2017; SOARES et al., 2010).

A cultura do feijão-fava é suscetível a algumas doenças e requer práticas adequadas de manejo para garantir produção satisfatória. Entre tais doenças, a antracnose, causada por fungos do gênero *Colletotrichum*, é uma das principais (BRITO et al., 2022; CAVALCANTE et al., 2012). Esta patologia é conhecida por causar sérios danos às vagens da cultura, formando lesões deprimidas, grandes e avermelhadas, sobre as quais se formam os acérvulos do fungo comprometendo tanto a qualidade quanto a quantidade da colheita (FEIJÓ et al., 2017; NOETZOLD et al., 2014). Dada a tamanha importância da doença para cultura, é essencial a realização de estudos epidemiológicos, que requerem quantificação confiável, precisa e métodos reprodutíveis (GODOY et al., 1997).

Na avaliação da severidade da antracnose em vagens de feijão-fava têm sido utilizadas apenas escalas descritivas (CARVALHO, 2009; CAVALCANTE et al., 2012;

CARMO et al., 2015) que podem ter limitações significativas em termos de precisão e objetividade. A avaliação baseada em escalas descritivas, muitas vezes, depende da interpretação subjetiva do observador; além disso em algumas situações, as escalas descritivas podem não ser sensíveis o suficiente para capturar variações sutis na severidade da doença (CAMPBELL; MADDEN, 1990).

Para superar essas limitações, têm-se adotado métodos mais objetivos, como escalas diagramáticas, que oferecem uma representação visual dos diferentes estágios da doença. Essas abordagens buscam minimizar a subjetividade na avaliação, proporcionando base mais consistente e comparável para a pesquisa e monitoramento de doenças em plantas, podendo constituir uma importante opção para estudo no campo (FEIJÓ et al., 2017). No entanto não existem na literatura escalas diagramáticas para avaliar sintomas em vagens de feijão-fava.

Nesse sentido, o objetivo com esse estudo foi desenvolver uma escala diagramática específica para auxiliar na estimativa da severidade da antracnose em vagens de feijão-fava, a fim de aprimorar a precisão das avaliações epidemiológicas e contribuir para o desenvolvimento sustentável desta importante cultura agrícola.

4.2 METODOLOGIA

O material biológico utilizado foi constituído 155 vagens de feijão-fava, infectadas naturalmente e com sintomas de antracnose, coletadas de plantas na área experimental do Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal do Piauí, semeadas em fevereiro de 2021.

As vagens foram fotografadas individualmente, em fundo branco, com uso de câmera digital. A severidade real da doença em cada vagem foi determinada com o auxílio do software Rstudio, package “Pliman” (OLIVOTO, 2022), e os valores de severidade real foram utilizados como referência. A área necrosada na superfície da vagem de feijão-fava foi considerada como área lesionada (AL).

De acordo com os níveis mínimos e máximos de severidade encontrados foi verificada a distribuição de frequência dos dados. Assim, a escala diagramática foi elaborada com base em intervalos de classe de frequência (BELAN et al., 2014, FREITAS et al., 2015, PAULA et al., 2016, BELAN et al., 2020, PEREIRA et al., 2020,

FIGUEIREDO et al., 2022) e valores de severidade, em escala aproximadamente linear (BOCK et al., 2010; NUTTER JR. e ESKER, 2006).

Após estabelecer os intervalos de severidade a serem representados, foram utilizadas fotografias em cores das vagens, com lesões de antracnose, para construir a escala. As fotos escolhidas para representar cada valor foram selecionados da amostra original com base no valor do ponto médio de cada nível da escala, bem como forma e distribuição das lesões típicas do padrão mais comum para cada nível de severidade.

4.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os valores da severidade real da antracnose nas amostras de 155 vagens de feijão-fava coletadas no campo variou de 0 a 96,5 %. No entanto, 90% das folhas amostradas apresentaram severidade menor que 80% (Tabela 4.1).








Tabela 4.1 - Distribuição de frequência dos valores de severidade da antracnose (*Colletotrichum truncatum*) em vagens de feijão-fava (*Phaseolus lunatus*), em Teresina – PI, 2021

Intervalo (severidade %)	Frequência Absoluta	Frequência Absoluta Acumulada	Frequência Relativa	Frequência Relativa Acumulada
0 - 3,44	25	25	0,16	0,16
3,45 - 10,33	17	42	0,11	0,27
10,34 - 17,22	11	53	0,07	0,34
17,23 - 24,11	12	65	0,08	0,42
24,12 - 31,00	9	74	0,06	0,48
31,01 - 37,89	6	80	0,04	0,52
37,90 - 44,78	9	89	0,06	0,57
44,79 - 51,67	7	96	0,05	0,62
51,68 - 58,56	14	110	0,09	0,71
58,57 - 65,46	3	113	0,02	0,73
65,47 - 72,34	12	125	0,08	0,81
72,35 - 79,24	10	135	0,06	0,87
79,25 - 86,12	11	146	0,07	0,94
86,13 - 93,02	5	151	0,03	0,97
93,03 - 96,5	4	155	0,03	1
TOTAL	155	155	1	1

Com base na análise de frequência e de forma a representar os intervalos de maior frequência dos valores de severidade da antracnose, a escala diagramática foi elaborada com sete níveis: Nível 1, com vagens com 0% de área lesionada; nível 2, de 0,01 a 1,8 %; nível 3, de 1,81 a 9,8 %; nível 4, de 9,81 a 28,5%, nível 5, de 28,51% a 50,4%, nível 6, com 50,41% a 68,7 %, nível 7, de 68,71 a 87,4 % e nível 8, acima de 87,4 % (Figura 4.1). Esse aspecto é relevante pois na elaboração da escala diagramática deve ser considerado o limite máximo da severidade da doença observada no campo (KRANZ,1988; CAMPBELL e MADDEN, 1990; NUTTER JR. e SCHULTZ, 1995). As fotos escolhidas para representar cada valor foram selecionados da amostra original com base no valor do ponto médio de cada nível da escala.

Em geral, 42,58% das vagens (66 vagens) tinham lesões que totalizavam mais de 44,78% de severidade. Esses resultados são superiores aos encontrados por Feijó et al. (2017) em que 27,6% das vagens de feijão comum apresentaram severidade superior a 40%.

Figura 4.1 - Escala diagramática construída com fotografias em cores para auxiliar na estimativa da severidade da antracnose (*Colletotrichum truncatum*) em vagens de feijão-fava (*Phaseolus lunatus*). Os números representam o valor do ponto médio de cada nível da escala em percentual da superfície lesionada.

NÍVEL 1 (0 %)	
NÍVEL 2 (1,8 %)	
NÍVEL 3 (9,8 %)	
NÍVEL 4 (28,5 %)	
NÍVEL 5 (50,4 %)	
NÍVEL 6 (68,7 %)	
NÍVEL 7 (87,4 %)	

Fonte: Elaborado pela autora (2023).

A escala diagramática proposta possibilitou realizar estimativa da severidade real da doença em vagens de feijão-fava, em campo, o que pode diminuir a subjetividade na avaliação dos sintomas nas vagens. Todavia, é essencial que seja realizada validação posterior, sendo a escala testada por diferentes indivíduos, a fim de comprovar sua eficiência na estimativa da severidade.

4.4 CONCLUSÃO

Foi desenvolvida uma escala diagramática com potencial para auxiliar na estimativa visual da severidade da antracnose em vagens de feijão-fava em campo,

com menor subjetividade, ou seja, maior acurácia, precisão, reprodutibilidade e repetibilidade na avaliação da doença.

REFERÊNCIA BIBLIOGRÁFICAS

AZANI, N.; BABINEAU, M.; BAILEY, C. D. et al. A new subfamily classification of the Leguminosae based on a taxonomically comprehensive phylogeny. **Taxon**, v. 66, n. 1, p.44-77, 2017.

BRITO, M. V. de et al. Associação entre resistência de *Phaseolus lunatus* a *Colletotrichum truncatum* e caracteres morfoagronômicos. **Summa Phytopathologica**, v. 48, p. 69-77, 2022.

BELAN, L. L. et al. Standard area diagram with color photographs to estimate the severity of coffee leaf rust in **Coffea canephora**. *Crop Protection*, v. 130, 2020. <https://doi.org/10.1016/j.cropro.2020.105077>

BELAN, L. L. et al. Diagrammatic scale for assessment of bacterial blight in coffee leaves. **Journal of Phytopathology**, v. 162, n. 11, p. 801–810, 2014. <https://doi.org/10.1111/jph.12272>

[BERGAMIN FILHO, A.; AMORIM, L. Doenças de plantas tropicais: epidemiologia e controle econômico. Piracicaba: Agrônômica Ceres, 1996. 299p.](#)

BOCK, C. H., POOLE, G. H., PARKER, P. E., GOTTWALD, T. R. Plant disease severity estimated visually, by digital photography and image analysis, and by hyperspectral imaging. **Critical Reviews in Plant Sciences**, v. 29, n. 2, p. 59–107, 2010. <https://doi.org/10.1080/07352681003617285>.

CAMPBELL, C. L.; MADDEN, L. V. **Introduction to plant disease epidemiology**, New York: John Wiley & Sons, 1990. 532 p.

CARMO, M. D. S. et al. Avaliação de acessos de feijão-fava, para resistência a *Colletotrichum truncatum*, em condições de folhas destacadas e campo. **Summa Phytopathologica**, v. 41, p. 292-297, 2015.

CARVALHO, E. M. S. **Antracnose em feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.): Caracterização do agente causal e reação de genótipos a *Colletotrichum truncatum***. 2009. 53f. Tese (Doutorado em Agronomia) – Curso de Pós-graduação em Agronomia, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal.

CAVALCANTE, G. R. S. et al. Reação de subamostras de feijão-fava à antracnose. **Summa Phytopathologica**, v. 38, p. 329-333, 2012.

CAMPBELL, C. L., MADDEN, L. V. **Introduction to plant disease epidemiology**. John Wiley & Sons, 1990.

FEIJÓ, F. M. et al. Análise de escala diagramática para avaliação da severidade da antracnose das vagens de feijão-fava. **Revista Ciência Agrícola**, v. 15, n. 1, p. 43-51, 2017.

FIGUEIREDO, Y. F. et al. Coffee leaf rust assessment: comparison and validation of diagrammatic scales for *Coffea arabica*. **European Journal of Plant Pathology**, v. 164, p. 411–427, 2022. <https://doi.org/10.1007/s10658-022-02570-2>

[GAUNT, R. E. The relationship between plant disease severity and yield. **Annual Review of Phytopathology**, v.33, p. 119-144, 1995.](#)

GODOY, C. V. et al. Diagrammatic scales for bean diseases: Development and validation. **Journal of Plant Disease and Protection**, v. 104, n. 4, p.336-345, 1997.

KRANZ, J.: A study on the maximum severity in plant diseases. -Travaux dédiés a G. Viennot-Bourgin, p. 169-173, 1977. KRANZ, J.: Measuring plant disease. - In: KRANZ, J., J. ROTEM (eds.): **Experimental techniques in plant disease epidemiology**, pp. 35-50. Springer, Berlin, 1988.

NOETZOLD, R.; ALVES, M. C.; CASSETARI-NETO, D.; MACHADO, A. Q. Variabilidade espacial de *Colletotrichum truncatum* em campo de soja sob três níveis de sanidade de sementes. **Summa Phytopathologica**, v. 40, n. 1, p. 16-23, 2014. <http://www.scielo.br/pdf/sp/v40n1/v40n1a02.pdf>

NUTTER JUNIOR, F. W.; SCHULTZ, P. M. Improving the accuracy and precision of disease assessments: selection of methods and use of computer-aided training programs. **Canadian Journal of plant pathology**, v. 17, 1995.

NUTTER, F.W., JR.; ESKER, P. D. The role of psychophysics in phytopathology: The Weber-Fechner law revisited. **European Journal of Plant Pathology**, v. 114, n. 2, p. 199–213, 2006. <https://doi.org/10.1007/s10658-005-4732-9>.

OLIVOTO T Lights, camera, pliman an R package for plant image analysis. **Methods in Ecology and Evolution**, n. 13, v. 4, p. 789-798, 2022.

PAULA, P. V. A. A. et al. Diagrammatic scales for assessing Brown eye spot (*Cercospora coffeicola*) in red and yellow coffee cherries. **Journal of Phytopathology**, v. 164, n. 10, p. 791–800, 2016. <https://doi.org/10.1111/jph.12499>

PEREIRA, R. C. M., DE OLIVEIRA, L. M., TASSONE, G. A. T. et al. Diagrammatic scale for *phyllachora* in Australian red cedar. **Australasian Plant Pathol**, v. 50, p. 81–90, p. 2021. <https://doi.org/10.1007/s13313-020-00749-x>

R CORE TEAM. **R: A Language and Environment for Statistical Computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria, 2023. <<https://www.R-project.org/>>.

SOARES, C. A. et al. Aspectos socioeconômicos. In: LOPES, A.C.A.; GOMES, R.L.F.; ARAÚJO, A.S.F. de (Ed.). **A cultura do feijão-fava no Meio-Norte do Brasil**. Teresina: Ed. da Universidade Federal do Piauí, 2010. p. 237-268.

5 AVALIAÇÃO DA SEVERIDADE DA ANTRACNOSE EM LINHAGENS F₈ DE FEIJÃO-FAVA DE PORTE DETERMINADO

RESUMO

O feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) possui significativa importância socioeconômica na região Nordeste do Brasil. No entanto, um dos principais desafios que afeta a cultura é a antracnose, doença encontrada frequentemente nos campos de produção, que causa redução significativa na produtividade, principalmente devido à inexistência de cultivares resistentes. Com este estudo, o objetivo foi avaliar linhagens F₈ de feijão-fava, de hábito de crescimento determinado, quanto a resistência à antracnose, em condições de campo. O experimento foi conduzido no Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal do Piauí, em Teresina - PI. Aos 70 dias após a semeadura, as plantas foram avaliadas por três avaliadores com auxílio de escala de notas. Com base nas médias das notas atribuídas, as linhagens foram classificadas em cinco categorias, após análises dos dados. Com base nas médias das notas atribuídas, as linhagens foram classificadas em cinco categorias. A linhagem H25-65 foi classificada como altamente resistente, portanto, promissora para utilização em programas de melhoramento do feijão-fava.

Palavras-chave: Avaliação; *Colletotrichum truncatum*, Escala visual, *Phaseolus lunatus*.

ABSTRACT

Fava beans (*Phaseolus lunatus* L.) have significant socioeconomic importance in the Northeast region of Brazil. However, one of the main challenges affecting the crop is anthracnose, a disease frequently found in production fields, which causes a significant reduction in productivity, mainly due to the lack of resistant cultivars. With this study, the objective was to evaluate F₈ faba bean lines, with a determined growth habit, for resistance to anthracnose, under field conditions. The experiment was conducted at the Department of Plant Science at the Federal University of Piauí, in Teresina - PI. At 70 days after sowing, the plants were evaluated by three evaluators using a rating scale. Based on the average scores assigned, the lines were classified into five categories, after data analysis. Based on the average scores assigned, the strains were classified into five categories. The H25-65 line was classified as highly resistant, therefore promising for use in faba bean improvement programs.

Keywords: Assessment; *Colletotrichum truncatum*; *Phaseolus lunatus*; Visual scale.

5.1 INTRODUÇÃO

O feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.), é uma das principais espécies domesticadas do gênero *Phaseolus*, sendo uma das cinco mais cultivadas (GUIMARÃES, 2005). Trata-se de uma cultura que possui vasta gama de adaptações ecológicas ao longo de sua distribuição, principalmente em países de toda a América Latina, além de estar presente em outros continentes (ASSUNÇÃO NETO et al., 2022). Esta ampla adaptação ambiental a tornam uma cultura promissora para melhorar a segurança alimentar sob condições adversas.

A cultura do feijão-fava tem sido explorada no Brasil há muitos anos, especialmente na região Nordeste, por agricultores familiares (CARVALHO et al., 2022). É uma leguminosa que se adaptada às condições edafoclimáticas do Semiárido, possuindo considerável importância social e econômica. Contudo, a produtividade do feijão-fava é afetada por vários fatores, dentre os quais encontram-se os problemas fitossanitários, sendo a antracnose uma das mais importantes doenças, que tem como agentes causais os fungos do gênero *Colletotrichum* (CAVALCANTE et al., 2012).

Neste contexto, a ampla variabilidade observada no gênero *Colletotrichum*, juntamente com a recorrente incidência de antracnose no cultivo do feijão-fava, ressalta a necessidade de estudos mais detalhados sobre a doença (CARMO et al., 2015). A identificação de genótipos resistentes representa uma das estratégias mais eficazes para o controle de doenças em plantas. Tal abordagem é vantajosa devido ao seu baixo custo, facilidade de implementação e contribuição positiva para o meio ambiente, uma vez que reduz ou mesmo elimina a necessidade de defensivos agrícolas indiscriminados. No entanto são poucos os trabalhos na literatura que têm como objetivo a avaliação da resistência à antracnose, principalmente em condições de campo.

Considerando a importância da antracnose para cultura do feijão-fava e a carência de trabalhos que visem avaliação e seleção de genótipos resistentes a antracnose; o objetivo com esse estudo foi avaliar em campo 40 linhagens F₈ de feijão-fava de hábito de crescimento determinado, quanto a resistência à antracnose.

5.2 METODOLOGIA

A reação das linhagens F₈ de feijão-fava à antracnose foi avaliada em condições de campo, sem inoculação, no Departamento de Fitotecnia, no Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Piauí (UFPI), em Teresina - Piauí, com localização a 05°02'45"S e 42°46'57"W (Figura 5.1).

Figura 5.1 - Imagem aérea da área Experimental. Teresina-PI, 2023



Fonte: Elaborado pela autora (2023).

Tabela 5.1 – Descrição das 40 linhagens de feijão-fava com hábito de crescimento determinado, avaliadas em Teresina – PI, 2023

Nº	Identificação	Nº	Identificação
1	H94-29	21	H46-49
2	H94-30	22	H46-50
3	H94-31	23	H46-51
4	H81-32	24	H46-52
5	H81-33	25	H25-53
6	H81-34	26	H25-54
7	H50/86-35	27	H25-55
8	H50/86-36	28	H25-56
9	H50/86-37	29	H25-57
10	H50/86-38	30	H25-58
11	H46-39	31	H25-59
12	H46-40	32	H25-60
13	H46-41	33	H25-61
14	H46-42	34	H25-62
15	H46-43	35	H25-63
16	H46-44	36	H25-64
17	H46-45	37	H25-65
18	H46-46	38	H25-66
19	H46-47	39	H25-67
20	H46-48	40	H25-68

O material genético consistiu em 40 linhagens F_8 de feijão-fava, de hábito de crescimento determinado, cultivadas em área experimental com histórico de ocorrência da doença. Foram avaliadas 40 progênies originadas de cruzamentos biparentais entre genótipos oriundos da Argentina, Brasil e Estados Unidos, pertencentes ao Banco de Germoplasma de *Phaseolus* da Universidade Federal do Piauí (Tabelas 5.1). O delineamento experimental utilizado foi blocos casualizados, com três repetições, sendo a parcela útil constituída de 20 plantas, no espaçamento 0,5 m entre plantas e 1,0 m entre fileiras.

Aos 70 dias após o plantio, cinco plantas da fileira útil de cada parcela, previamente identificadas, foram avaliadas visualmente, por três avaliadores. Utilizou-se escala de notas semelhante à das avaliações de folha destacada (BELMINO, 2004), com adaptação para avaliação da planta inteira, da seguinte forma: nota 0 = ausência de sintomas de antracnose na planta; nota 1 = de 1 a 10% da planta com sintomas; nota 2 = de 11 a 25% da planta com sintomas; nota 3 = de 26 a 50% da

planta com sintomas; nota 4 = de 51 a 75% da planta com sintomas; nota 5 = de 76 a 100% da planta com sintomas.

Foram obtidas as médias das notas dadas pelos avaliadores para cada planta e, em seguida, a média das plantas avaliadas, por parcela, que representou a média da repetição. Com base na média das três repetições, as linhagens foram classificadas em cinco categorias quanto à reação ao *C. truncatum*, segundo os mesmos critérios usados para folha destacada e estabelecidos por Belmino (2004) para o feijão-caupi, em: Imune (IM) = 0; Altamente resistente (AR) = 0,1 - 1,4; Moderadamente resistente (MR) = 1,5 - 2,4; Moderadamente suscetível (MS) = 2,5 - 3,0; Altamente suscetível (AS) = acima de 3,0.

Os dados das médias das linhagens por repetição foram submetidos à análise de variância, seguindo-se à comparação entre as médias pelo teste de Scoot e Knott ($P < 0,05$), com o auxílio do software R (R CORE TEAM, 2018).

5.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

As linhagens F₈ de feijão-fava, de hábito de crescimento determinado, diferiram significativamente entre si quanto às notas atribuídas aos sintomas da antracnose (Tabela 5.2).

Tabela 5.2 – Quadrados médios obtidos na análise de variância das notas atribuídas aos sintomas da antracnose às linhagens F₈ de feijão-fava, de hábito de crescimento determinado, em Teresina - PI, 2023

Fontes de variação	Graus de liberdade	Quadrados médios	Teste F
Linhagens	39	0,5492	2,5761**
Repetição	2	3,3678	15,7983
Resíduo	78	0,2132	

Coeficiente de variação = 21,66%

Foi possível a formação de dois grupos (A e B) e as reações das linhagens variaram de altamente resistente (AR) a altamente suscetível (AS). No grupo A foram alocadas 29 linhagens, sendo 28 moderadamente resistentes, com severidade de 1,50 a 2,27; e uma altamente resistente (H25-65), com severidade de 1,4. No grupo B foram alocadas 11 linhagens, sendo quatro moderadamente resistentes, com severidade de 2,37 a 2,41; seis moderadamente suscetíveis, com severidade de 2,63

a 2,92; e uma altamente suscetível (H81-34), com severidade de 3,37 (Tabela 5.3). Cavalcante et al. (2012) em estudos de avaliação da severidade de sintomas em feijão-fava, também encontraram a formação dos quatro grupos quanto a severidade à antracnose. Carmo et al. (2015), avaliando feijão-fava de porte determinado, identificaram genótipos com semelhante severidade. Neste estudo, as linhagens que se comportaram como altamente resistente são promissoras para utilização em programas de melhoramento genético, com vistas à obtenção de cultivares.

Tabela 5.3 – Médias* das notas atribuídas aos sintomas da antracnose em linhagens de feijão-fava de hábito de crescimento determinado, aos 70 dias após a semeadura, sob condições de campo, em Teresina - PI, 2023

Linhagens	Médias	Sintomas	Linhagens	Médias	Sintomas
H81-34	3.37 b	AS	H50/86-37	2.04 a	MR
H25-66	2.92 b	MS	H46-40	2.02 a	MR
H25-64	2.88 b	MS	H25-59	2.02 a	MR
H25-53	2.69 b	MS	H46-48	2.00 a	MR
H25-62	2.64 b	MS	H25-60	1.96 a	MR
H50/86-35	2.63 b	MS	H46-39	1.96 a	MR
H25-67	2.63 b	MS	H50/86-36	1.95 a	MR
H25-56	2.41 b	MR	H46-46	1.93 a	MR
H25-58	2.37 b	MR	H46-51	1.90 a	MR
H25-57	2.37 b	MR	H46-41	1.90 a	MR
H46-42	2.37 b	MR	H46-43	1.86 a	MR
H25-61	2.27 a	MR	H50/86-38	1.83 a	MR
H94-29	2.26 a	MR	H25-68	1.82 a	MR
H94-30	2.18 a	MR	H46-45	1.81 a	MR
H46-49	2.18 a	MR	H81-34	1.79 a	MR
H25-55	2.17 a	MR	H81-32	1.78 a	MR
H46-51	2.16 a	MR	H46-44	1.75 a	MR
H25-54	2.08 a	MR	H25-63	1.54 a	MR
H94-31	2.08 a	MR	H46-50	1.50 a	MR
H46-47	2.04 a	MR	H25-65	1.48 a	AR
Média geral	2,14				

*Médias seguidas da mesma letra, na coluna, não diferem estatisticamente pelo teste Scoot e Knott ($P < 0,05$). Notas: 0 = ausência de sintomas; 1 = traços a 10% da área foliar infectada; 2 = de 11 a 25% da área foliar infectada; 3 = de 26 a 50% da área foliar infectada, sem queda de folíolo; 4 = de 51 a 75% da área foliar infectada, sem ou com queda de um dos folíolos; 5 = de 76 a 100% da área foliar infectada, sem ou com queda de dois ou três folíolos. Reações: AR = altamente resistente; MR = moderadamente resistente; MS = moderadamente suscetível; AS = altamente suscetível.

5.4 CONCLUSÃO

A linhagem de feijão-fava H25-65, de hábito de crescimento determinado, mostrou-se altamente resistente, portanto promissora para utilização em programas de melhoramento do feijão-fava.

REFERÊNCIA BIBLIOGRÁFICAS

ASSUNÇÃO NETO, W. V. A. et al. Selection of landraces of lima bean for Family agriculture. **Revista Caatinga**, Mossoró, v. 35, n. 1, p. 137–147, 2022.

BELMINO, C. S. **Resistência do feijão-caupi a *Colletotrichum truncatum***. 2004. 64f. Tese (Doutorado em Fitopatologia) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

CARMO, M.D.S. et al. Avaliação de acessos de feijão-fava, para resistência a *Colletotrichum truncatum*, em condições de folhas destacadas e campo. **Summa Phytopathologica**, v.41, n.4, p.292-297, 2015.

CARVALHO, E. M. S.; BESERRA JR., J. E. A.; BARGUIL, B. M. Lima Bean Diseases. In: FERREIRA, A.S.A.; LOPES, A.C.A.; GOMES, R.L.F. (org.). ***Phaseolus lunatus*: Diversity, Growth and Production**. New York: Nova Science Publishers, 2015.

CARVALHO, J. L. R. et al. Lima bean populations assessments via REML/BLUP methodology. **Revista Caatinga**, v. 35, n. 4, p. 783 – 790, 2022.

CAVALCANTE, G.R.S. et al. Reação de subamostras de feijão-fava à antracnose **Summa Phytopathologica**, v.38, n.4, p.329-333, 2012.

GUIMARÃES, W. N. R. **Caracterização morfológica e molecular de acessos de feijão-lima (*Phaseolus lunatus* L., Fabaceae) da coleção de germoplasma do Departamento de Agronomia da UFRPE**. 2005. 73p. Dissertação de Mestrado. Recife, PE: Universidade Federal Rural de Pernambuco.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. Produção de Feijão-fava no Brasil em 2022. Disponível em: <https://www.ibge.gov.br/explica/producao-agropecuaria/fava/br>. Acesso em: 15, setembro, 2023.

R CORE TEAM. **R: a language and environment for statistical computing** Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2018.

6 ESTUDO DA HERANÇA GENÉTICA DA RESISTÊNCIA DE *Phaseolus lunatus* L. AO *Colletotrichum truncatum*

RESUMO

A antracnose pode ser considerada a doença mais importante do feijão-fava, sendo o fungo *Colletotrichum truncatum* o agente etiológico. Na literatura, inexistem estudos sobre o controle genético da antracnose provocada por *C. truncatum* em feijão-fava. Assim, objetivou-se determinar o padrão de herança da resistência ao *C. truncatum*, utilizando quatro genótipos (BGP-UFPI 832, BGP-UFPI 860, BGP-UFPI 1001 e BGP-UFPI 862) provenientes do Banco Ativo de Germoplasma de *Phaseolus* da Universidade Federal do Piauí, contrastantes quanto à resistência ao fungo e aos caracteres hábito de crescimento e cor da asa da flor. Tais cruzamentos foram realizados nos seguintes períodos: janeiro a junho de 2021, em Teresina – Piauí, no qual realizou-se 226 cruzamentos com uma taxa de formação de vagens de 1,32%; agosto de 2021 a fevereiro de 2022, em Ibiapina – CE, com 211 cruzamentos e uma taxa de formação de vagens de 2,36%; e junho de 2022 a abril de 2023, em Tianguá – CE, com 221 cruzamentos com uma taxa de formação de vagens de 8,59%. Em março de 2022, os prováveis híbridos obtidos nos dois períodos iniciais foram semeados, para confirmação das plantas F₁'s e obtenção das gerações F₂. Nos genótipos em que não foi possível realizar a confirmação via marcadores morfológicos, foi realizada análise com marcador molecular microssatélite, 20 sementes dos genitores, 10 das gerações F₁'s e 48 das F₂'s, para cada cruzamento, foram postas a germinar com substrato composto por terra e matéria orgânica (3:1). Aos 30 dias da semeadura, realizou-se inoculação com suspensão de esporos do isolado CT4 de *C. truncatum* 10⁶ esporos/mL, para o estudo da herança. Com base nos resultados obtidos, constatou-se duas situações: (1) no cruzamento entre os genótipos BGP-UFPI 832 x BGP-UFPI 860, a segregação na população F₂ foi ajustada à razão 3R:1S, confirmando que a resistência ao isolado CT4 de *C. truncatum* é conferida por um gene dominante; (2) na população F₂ do cruzamento entre BGP-UFPI 1001 e BGP-UFPI 862, a segregação foi ajustada à razão aproximada de 9:7. Isso pode ser explicado pelo fato dos genitores do cruzamento BGP-UFPI 1001 x BGP-UFPI 832 não serem tão contrastantes, como os utilizados no cruzamento BGP-UFPI 832 x BGP-UFPI 860. Assim, conclui-se que é necessário realizar estudos envolvendo outros genitores resistentes, bem como utilizar outras variantes do gênero do *Colletotrichum*, para auxiliar na descrição mais detalhada da herança genética da resistência à antracnose no feijão-fava.

Palavras-chave: Antracnose; Controle Genético; Feijão-fava.

ABSTRACT

Anthrachnose can be considered the most important disease of lima beans, with the fungus *Colletotrichum truncatum* being the etiological agent. In the literature, there are no studies on the genetic control of anthracnose caused by *C. truncatum* in faba beans. Thus, the objective was to determine the pattern of inheritance of resistance to *C. truncatum*, using four genotypes (BGP-UFPI 832, BGP-UFPI 860, BGP-UFPI 1001 and BGP-UFPI 862) from the Active Germplasm Bank of *Phaseolus* of Federal University of Piauí, contrasting in terms of resistance to the fungus and the characters growth habit and color of the flower wing. Such crossings were carried out in the following periods: January to June 2021, in Teresina – Piauí, in which 226 crossings were carried out with a pod formation rate of 1.32%; August 2021 to February 2022, in Ibiapina – CE, with 211 crossings and a pod formation rate of 2.36%; and June 2022 to April 2023, in Tianguá – CE, with 221 crosses with a pod formation rate of 8.59%. In March 2022, the probable hybrids obtained in the two initial periods were sown, to confirm the F₁ plants and obtain the F₂ generations. In the genotypes in which it was not possible to confirm via morphological markers, analysis was carried out with a microsatellite molecular marker. 20 seeds from the parents, 10 from the F₁'s and 48 from the F₂'s generations, for each crossing, were put to germinate with a substrate composed of soil and organic matter (3:1). At 30 days after sowing, inoculation was carried out with spore suspension of the CT4 isolate of *C. truncatum*, 10⁶ spores/mL, to study inheritance. Based on the results obtained, two situations were observed: (1) in the cross between the genotypes BGP-UFPI 832 x BGP-UFPI 860, segregation in the F₂ population was adjusted to the 3R:1S ratio, confirming that resistance to the CT4 isolate of *C. truncatum* is conferred by a dominant gene; (2) in the F₂ population of the cross between BGP-UFPI 1001 and BGP-UFPI 862, segregation was adjusted to an approximate ratio of 9:7. This can be explained by the fact that the parents of the BGP-UFPI 1001 x BGP-UFPI 832 cross are not as contrasting as those used in the BGP-UFPI 832 x BGP-UFPI 860 cross. Thus, it is concluded that it is necessary to carry out studies involving other resistant parents, as well as using other variants of the *Colletotrichum* genus, to assist in a more detailed description of the genetic inheritance of resistance to anthracnose in lima beans.

Keywords: Anthracnose; Genetic Control; Lima bean.

6.1 INTRODUÇÃO

A antracnose é considerada a doença mais importante do feijão-fava (FEIJÓ et al., 2017; PAULA JÚNIOR et al., 2015), sendo ocasionada por fungos do gênero *Colletotrichum* spp. tais como: *C. cliviae* e *C. fructicola* (SOUSA et al., 2018), *C. brevisporum*, *C. lobatum*, *C. musicola* e *C. plurivorum*. O fungo *Colletotrichum truncatum*, principal agente etiológico, apresenta a maior prevalência (58%), em propriedades de quatro estados do nordeste brasileiro (CAVALCANTE et al., 2019).

A identificação e uso de genótipos resistentes é uma das estratégias mais eficientes de controle de doenças de plantas, por apresentar baixo custo, facilidade de uso, além de ser ecologicamente desejável, diminuindo, ou até mesmo evitando, o uso indiscriminado de defensivos agrícolas (BRITO et al., 2022). Na literatura, existem trabalhos que identificaram genótipos de feijão-fava como altos níveis de resistência (BRITO et al., 2022; GOMES et al., 2022; CARMO et al., 2015; SANTOS et al., 2015; CAVALCANTE et al., 2012), genótipos com altos níveis de resistência que podem ser usados em programas de pré-melhoramento, como fonte de genes de resistência a doenças.

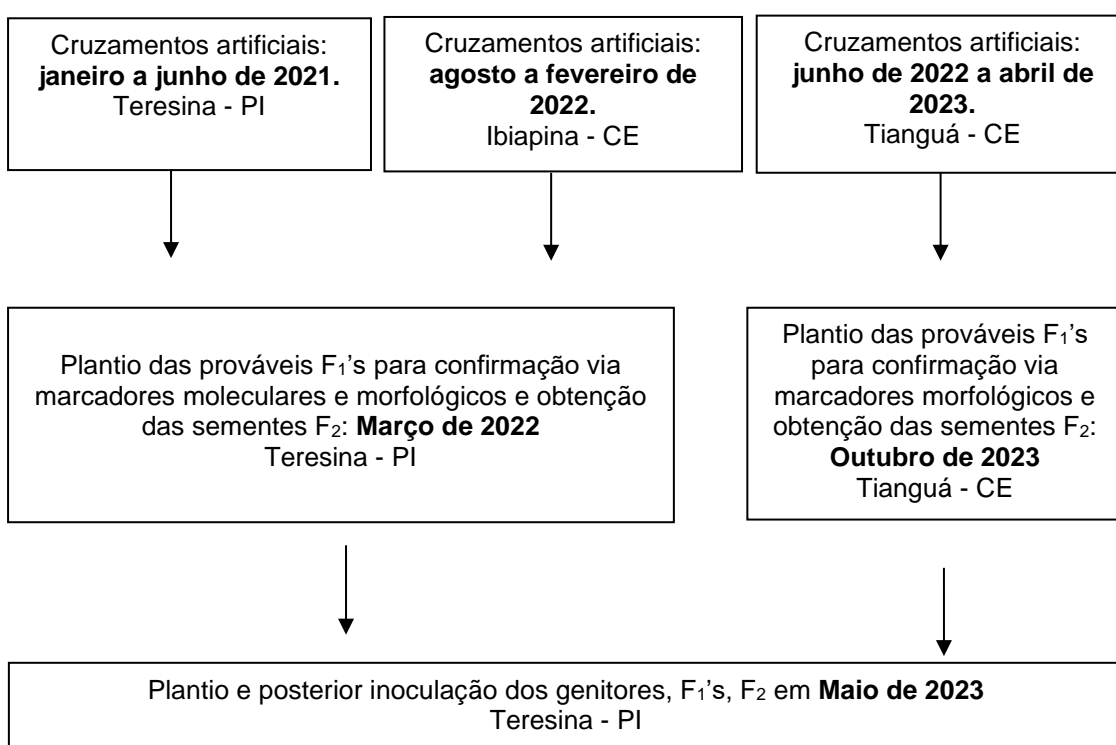
Na escolha do método de melhoramento para condução de população segregante é essencial o conhecimento da herança da característica de resistência, tendo em vista que a avaliação da natureza dos efeitos gênicos que controlam um determinado caráter auxilia no processo de predição do comportamento das populações segregantes. Nesse aspecto, Cruz e Regazzi (1997) comentam que a estimativa das proporções atribuídas a efeitos gênicos aditivos, dominantes e epistáticos é fundamental, uma vez que a importância relativa desses fatores norteia os programas de melhoramento.

Estudo da herança da resistência à antracnose ocasionada por *C. lindemuthianum* em cultivares de *Phaseolus vulgaris* foi realizado por Marin et al. (2003), no entanto, não foram encontrados na literatura estudos sobre o controle genético da antracnose provocada por *C. truncatum* em feijão-fava. Assim, objetivou-se determinar o padrão de herança da resistência a *C. truncatum* em cruzamentos entre genótipos resistentes e suscetíveis.

6.2 MATERIAL E MÉTODOS

O estudo do controle genético do feijão-fava à antracnose causada pelo fungo *Colletotrichum truncatum* foi realizado em várias etapas (Figura 6.1).

Figura 6.1 – Esquema geral de condução do estudo sobre o controle genético da resistência do feijão-fava ao *Colletotrichum truncatum*, em Teresina – PI, Tianguá – CE e Tianguá – CE, no período de 2021 a 2023



Fonte: Elaborado pela autora (2023).

Quatro genótipos de feijão-fava, provenientes do BGP da UFPI, foram selecionados por serem contrastantes com relação à reação ao *C. truncatum* e quanto à presença de caracteres morfológicos, a serem utilizados como marcadores, tais com: cor da asa da flor, lilás ou branca (C- P- rr ou C- pp R-) (Tabela 6.1) (Figura 6.2), e hábito de crescimento, determinado ou indeterminado (dd ou D-) (Figura 6.3). Os genótipos BGP-UFPI 832 e BGP-UFPI 1001, que são altamente resistentes ao *C. truncatum*, foram cruzados com os genótipos BGP-UFPI 860 e BGP-UFPI 862, altamente suscetíveis (BRITO et al., 2022). Esses genótipos foram multiplicados por três gerações, não apresentando variação para os caracteres que serviram como marcadores.

Tabela 6.1 – Relação dos genótipos utilizados nos cruzamentos do estudo da herança da resistência ao *Colletotrichum truncatum*, realizados em Teresina – PI, Ibiapina e Tianguá – CE, no período de 2021 a 2023

Genótipo	Cor da asa das flores	Padrão de crescimento	Reação*
BGP-UFPI 832	Branca	Indeterminado	AR
BGP-UFPI 1001	Branca	Determinado	AR
BGP-UFPI 860	Lilás	Indeterminado	AS
BGP-UFPI 862	Lilás	Indeterminado	AS

*Reação dos genótipos de feijão-fava a *C. truncatum*, conforme avaliação de Brito et al. (2022).

Os cruzamentos foram realizados entre os genótipos de feijão-fava contrastantes, em telados, em três etapas. A primeira etapa foi conduzida no período de janeiro a junho de 2021, no Departamento de Fitotecnia, do Centro de Ciências Agrárias (CCA) da UFPI, em Teresina – Piauí, localizada a 05°02'45"S e 42°46'57"W (Figura 6.4 A). No período de abril a junho de 2021, das 8h às 11h e das 16h às 18h, horário estabelecido como de maior frequência de antese floral, registrou-se o número de tentativas em cada combinação de genitores e o sucesso na obtenção de vagens e sementes híbridas

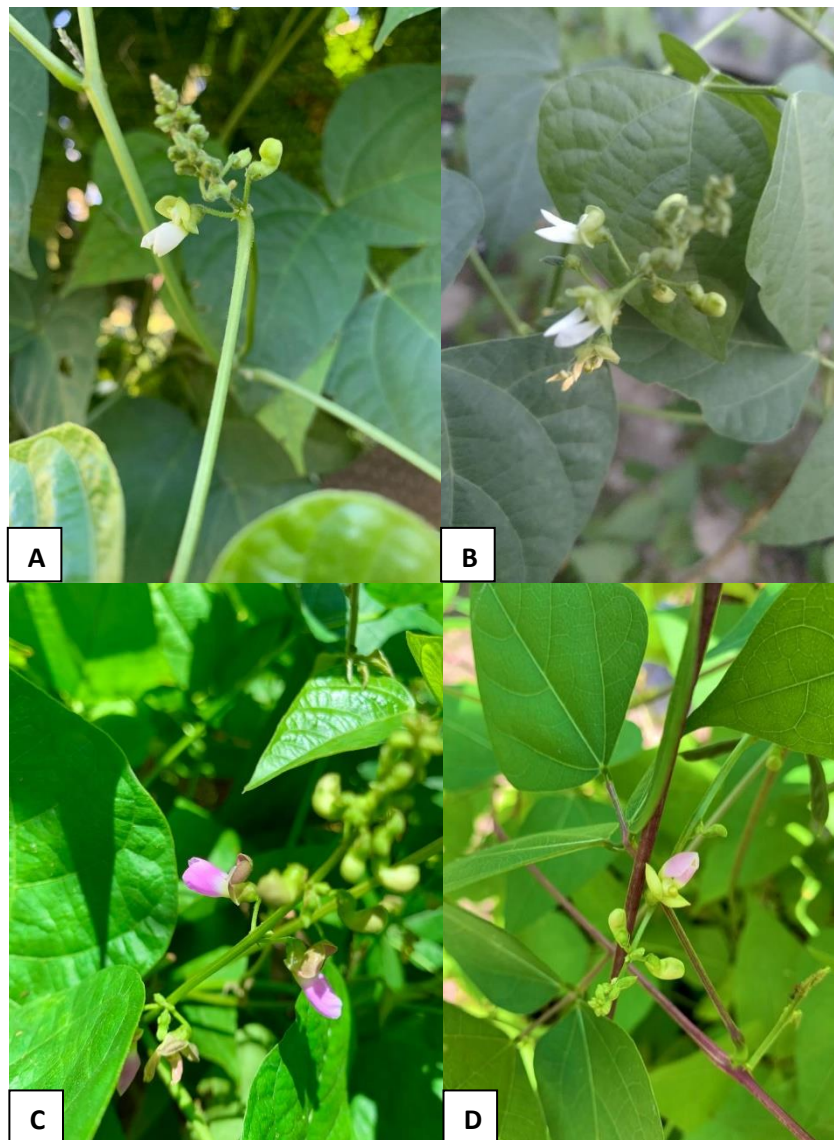
Realizou-se a segunda etapa em Ibiapina-CE, de agosto de 2021 a fevereiro de 2022, foram realizados 211 cruzamentos, das 8 h às 11 h e das 16 h às 18 h, de acordo com o horário estabelecido como de maior frequência de antese floral. Nesses períodos, registrou-se o número de tentativas em cada combinação de genitores e o sucesso na obtenção de vagens e sementes híbridas (Figura 6.4 B).

Para essas hibridizações realizadas em Teresina-PI e Ibiapina-CE utilizou-se 16 vasos de 15 L, sendo quatro vasos por genótipo, preenchidos com substrato composto por solo e matéria orgânica (3:1), nos quais semeou-se duas sementes, em intervalos, tendo em vista as variações nos ciclos dos genótipos, a fim de coincidir o período de floração. O primeiro genótipo a ser semeado foi BGP-UFPI 832 tendo em vista o ciclo mais longo, vinte dias após foram semeados os genótipos BGP-UFPI 860 e BGP-UFPI 862. Por fim, vinte e quatro dias após a semeadura dos genótipos BGP-UFPI 860 e BGP-UFPI 862, foi semeado o genótipo BGP-UFPI 1001 de ciclo curto.

A terceira etapa dos cruzamentos ocorreu na cidade de Tianguá-CE, no período de abril de 2022 a dezembro de 2023, sendo realizados 221 cruzamentos, das 8h às 11h e das 16h às 18h, de acordo com o horário estabelecido como de maior frequência

de antese floral. Nesse período, registrou-se o número de tentativas entre cada combinação de genitores e o sucesso na obtenção de vagens e sementes híbridas. Foram utilizados 15 vasos de 3,2 L, sendo 10 vasos do genótipo BGP-UFPI 832, e 5 vasos do BGP-UFPI 862 (Figura 6.4 C).

Figura 6.2 - Cor da asa das flores, contrastante nos genitores utilizados nos cruzamentos para estudo da herança da resistência ao *Colletotrichum truncatum*, realizados em Teresina - PI, Ibiapina e Tianguá – CE, no período de 2021 a 2023. (A) BGP-UFPI 832. (B) BGP-UFPI 1001. (C) BGP-UFPI 860. (D) BGP-UFPI 862



Fonte: Elaborado pela autora (2023).

Figura 6.3 - Hábito de crescimento determinado (A), e indeterminado (B), contrastante nos genitores utilizados nos cruzamentos para o estudo da herança da resistência ao *Colletotrichum truncatum*, realizados em Teresina – PI, Ibiapina e Tianguá – CE, no período de 2021 a 2023



Fonte: Elaborado pela autora (2023).

Figura 6.4 – Híbridações artificiais entre genótipos de feijão-fava, para o estudo da herança da resistência ao *Colletotrichum truncatum*. (A) Em Teresina – PI. (B) Em Ibiapina-CE. (C) Em Tianguá-CE, 2021



Fonte: Elaborado pela autora (2021)

As hibridações artificiais foram realizadas sem emasculação (Figura 6.5), conforme Bliss (1980) e Sousa et al. (2022) e incluíram as seguintes etapas:

- a) Seleção de cada broto receptor de pólen (genitor feminino), que estava na fase adulta e totalmente fechado, garantindo a maturidade suficiente para receber o pólen e desenvolver sementes, diminuindo o risco de autopolinização;
- b) Exposição do estigma de cada botão ideal selecionado (maduro e em pré-antese), com o auxílio de uma pinça, separando as pétalas que envolvem os órgãos masculino e feminino no seu lado côncavo e pressionando levemente a base do ovário, sem danificá-lo;
- c) Seleção de uma flor recém-aberta do genitor masculino, da qual se despreendeu o perianto e, a seguir, pressionou-se a base de seu ovário para exposição do estigma com pólen. Esse procedimento foi realizado em flor que havia iniciado a autopolinização, ou seja, com antera liberando grãos de pólen para o estigma, que estavam concentrados na sua extremidade;
- d) Coleta do estigma do doador de pólen e colocação do mesmo no estigma do genitor feminino, realizando a polinização cruzada;
- e) Colocação de fita adesiva ao redor da flor polinizada para proteção, e de etiqueta no pedúnculo da flor, constando os nomes dos genitores feminino e masculino, respectivamente, bem como a data da polinização e as iniciais da pessoa que realizou a polinização cruzada.

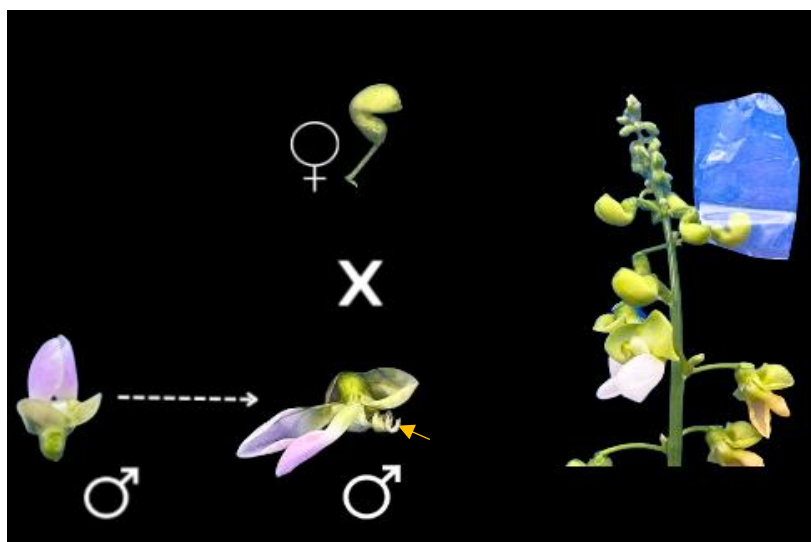
Para cada cruzamento biparental foram obtidas as gerações filiais F_1 e F_2 . Nas plantas resultantes dos prováveis cruzamentos, realizou-se confirmação via marcadores morfológicos ou utilizando marcador molecular microssatélite, para verificar se foram oriundos de cruzamento (F_1 's) ou de autofecundação.

Em março de 2022, os prováveis híbridos F_1 's obtidos nos cruzamentos de Teresina – PI e Ibiapina - CE foram semeados (Figura 6.6), para verificar se apresentavam características dominantes dos genitores masculinos, tais como: cor da asa flor roxa ou hábito de crescimento indeterminado, que pudessem confirmar as hibridações, a outra parte das sementes foi guardada para futuros estudos de controle genético.

Em outubro de 2022, parte das sementes obtidas na terceira etapa dos cruzamentos, aqueles realizados em Tianguá – CE, foram semeadas para verificação se apresentavam caracteres dominantes dos genitores masculinos, tais como cor da

asa flor roxa ou hábito de crescimento indeterminado, que pudessem confirmar as hibridações. A outra parte das sementes foram guardadas para os estudos de controle genético.

Figura 6.5 - Hibridização artificial em feijão-fava, sem emasculação, conforme Bliss (1980) em Teresina – PI, 2019



Fonte: Elaborado pela autora (2019).

Figura 6.6 - Confirmação dos prováveis híbridos F₁'s dos cruzamentos realizados em Teresina – PI e Ibiapina - CE, com base em caracteres dominantes dos genitores masculinos, como cor da asa flor roxa ou hábito de crescimento indeterminado, em Teresina – PI, 2022

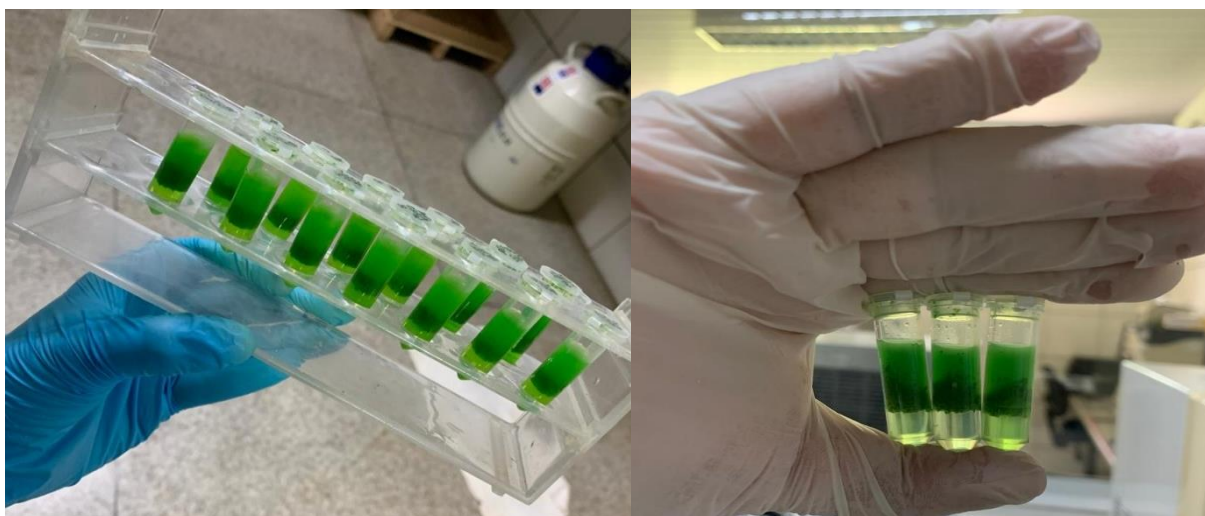


Fonte: Elaborado pela autora (2022).

Aos 30 dias após a emergência, folhas das progênies da geração F₁ de cada cruzamento e dos genitores de feijão-fava foram coletadas para extração de DNA genômico total, a partir de 50 mg de tecido foliar, usando o protocolo CTAB modificado (DOYLE; DOYLE, 1987) (Figura 6.7). A qualidade do DNA foi avaliada por eletroforese

em géis de agarose a 1% corados com SYBR Safe DNA. Tais análises foram realizadas no Laboratório de Biologia Molecular da Universidade Federal do Piauí. Já a testagem dos primers foi realizada no Laboratório de Diversidade Genética e Melhoramento da Universidade de São Paulo - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz (USP/ESALQ).

Figura 6.7 - Extração do DNA genômico total das folhas de feijão-fava da geração F₁ de cada cruzamento e dos genitores, utilizando o protocolo Doyle e Doyle (1987), em Teresina – PI, 2022



Fonte: Elaborado pela autora (2022).

As reações de amplificação foram efetuadas em termociclador *Perkin-Elmer*, modelo 9600, de acordo com Williams et al. (1990). Os produtos de amplificação foram separados em gel de agarose 1,2% contendo 10 mg/ml de brometo de etídio, imerso em tampão TBE (Tris-Borato 90 mM, EDTA 1 mM, pH 8,0). As bandas de DNA foram visualizadas sob luz ultravioleta e fotodigitalizadas com o sistema de fotodocumentação Eagle Eye II (Stratagene).

Foram testados 11 primers otimizados para feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.), objetivando a identificação molecular das plantas F₁'s obtidas pelo método de cruzamento sem realizar a emasculação. Esses primers foram selecionados com base em estudos anteriores com feijão-fava no BGP - UFPI (PENHA et al., 2017).

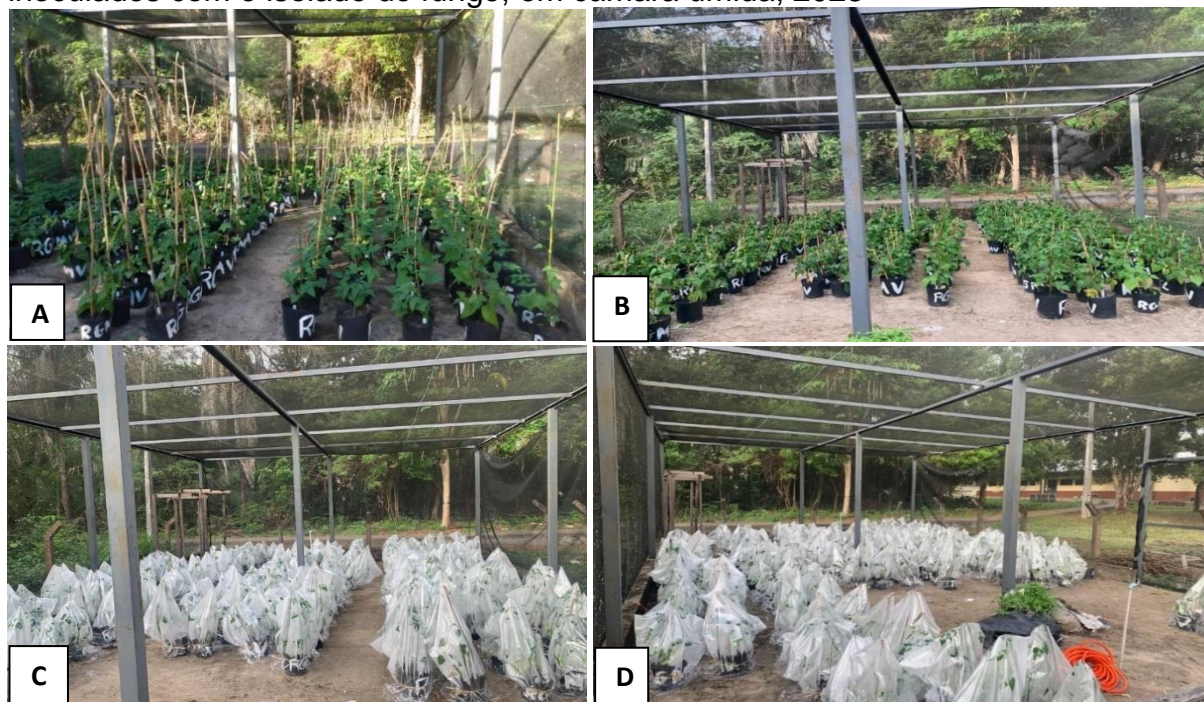
Após a obtenção do número adequado de sementes para realização do estudo do controle genético da herança da resistência ao *C. truncatum*, realizou-se a inoculação do patógeno nos genitores e nas gerações F₁ e F₂ (Anexo B). Para o cruzamento BGP-832 x BGP-860 para cada genitor 20 repetições, 10 repetições da F₁, 101 repetições da F₂ (Anexos C, D e E). Já para o para o cruzamento BGP-1001 x

BGP-862 foram semeadas 22 repetições para cada genitor, 10 repetições da F₁ e 135 repetições da F₂. O plantio foi realizado no dia 17 de abril de 2023, em telado, no CCA da UFPI, em Teresina – Piauí, colocando-se uma semente por vaso, em substrato composto de solo e composto orgânico, na proporção de 3:1 (Figura 6.8).

A inoculação do fungo *C. truncatum* foi realizada em cada planta, em igual estágio de desenvolvimento, aos 40 dias após a semeadura. Para inoculação, foi utilizado o isolado CT4 de *C. truncatum* obtido junto ao Laboratório de Fitossanidade do Departamento de Fitotecnia/ CCA/UFPI. O inóculo foi preparado adicionando-se 20 mL de água destilada esterilizada à placa do fungo cultivado em meio de cultura FDA (feijão, dextrose, ágar) a 28±1 °C e fotoperíodo de 12 horas, durante 15 dias. As plantas de cada genótipo foram inoculadas com suspensão de esporos do isolado CT4 de *C. truncatum* 10⁶ esporos/mL e uma planta testemunha, inoculada com água destilada autoclavada.

Após a inoculação, as plantas foram acondicionadas em um saco plástico (100 X 70 cm) no intuito de promover uma câmara úmida (Figura 6.8 C e D) por 24 h, gerando assim condições satisfatórias para colonização do fungo.

Figura 6.8 – Estudo da herança da resistência ao *Colletotrichum truncatum* em feijão-fava, no período de abril a maio de 2023, em Teresina – PI. (A) Genótipos com 30 dias após emergência. (B) Genótipos com 40 dias após emergência. (C e D) Genótipos inoculados com o isolado do fungo, em câmara úmida, 2023



Fonte: Elaborado pela autora (2023)

A avaliação deste estudo se deu através de duas escalas da escala desenvolvida por Carvalho (2009) em folhas destacadas de feijão-fava. Foram selecionadas dez folhas trifoliadas de cada genótipo, mais precisamente da região intermediárias plantas. As folhas foram destacadas e cuidadosamente escaneadas. Uma vez escaneadas, a porcentagem da área foliar lesionada foi mensurada utilizando-se o programa *ASSES 2.0.*, aos cinco e sete dias após a inoculação (DAI), utilizando-se uma escala de notas de 0 a 5, segundo Carvalho (2009), em que: 0 = ausência de sintomas; 1 = traços a 10% da área foliar lesionada; 2 = 11 a 25% da área foliar lesionada; 3 = 26 a 50% da área foliar lesionada, sem queda de folíolo; 4 = 51 a 75% da área foliar lesionada, sem ou com queda de um dos folíolos; 5 = 76 a 100% da área foliar lesionada, sem ou com queda de dois ou três folíolos.

Após a avaliação da severidade, obteve-se a média geral das notas atribuídas para cada população (genitores, gerações F_1 e F_2). Com base nessas médias, as populações foram agrupadas segundo critérios estabelecidos por Belmino (2004), em cinco classes: Imune (IM) - 0; altamente resistente (AR) - 0,1 a 1,4; moderadamente resistente (MR) - 1,5 a 2,4; moderadamente suscetível (MS) - 2,5 a 3,0; e altamente suscetível (AS) - acima de 3,0. As plantas que morreram em decorrência do fungo foram classificadas com altamente suscetíveis.

Em geral foram submetidos a essa avaliação os genitores do cruzamento BGP-UFPI 832 x BGP-UFPI 860 e do cruzamento BGP-UFPI 1001 e BGP-UFPI 862 e suas respectivas gerações F_1 e F_2 . Os dados obtidos foram analisados pelo teste qui-quadrado, para testar a segregação observada na geração F_2 entre plantas resistentes e suscetíveis ao isolado CT4 de *C. truncatum*. O teste de Qui-quadrado foi usado para definir a herança da resistência à antracnose dos genótipos BGP-UFPI 832 e BGP-UFPI 1001, em populações F_2 .

6.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Nos 226 cruzamentos realizados entre genótipos de feijão-fava, em Teresina – PI a taxa de formação de vagens foi de 1,32% (Tabela 6.2). A porcentagem foi inferior à taxa de formação de vagens encontrada por Sousa et al. (2022), que obteve 5,8 % de híbridos, isso pode estar relacionado a incompatibilidade entre os genótipos utilizados no presente estudo ou habilidade em realizar os cruzamentos.

Tabela 6.2 - Porcentagem (%) de cruzamentos realizados entre genótipos de feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) e número de vagens e sementes obtidas, em Teresina - PI, 2021

Combinações*	NC	C (%)	NV	V (%)	CC	NS
BGP-UFPI 832 X BGP-UFPI 860	18	8	1	5	0	0
BGP-UFPI 832 X BGP-UFPI 862	15	7	0	0	0	0
BGP-UFPI 860 X BGP-UFPI 832	24	11	2	4	1	2
BGP-UFPI 860 X BGP-UFPI 1001	27	12	2	4	1	1
BGP-UFPI 862 X BGP-UFPI 832	21	9	0	0	0	0
BGP-UFPI 862 X BGP-UFPI 1001	23	10	3	9	1	1
BGP-UFPI 1001 X BGP-UFPI 860	50	22	0	0	0	0
BGP-UFPI 1001 X BGP-UFPI 862	48	21	1	2	0	0

Legenda: NC – número de cruzamentos; C (%) – porcentagem dos cruzamentos; V – número de vagens; V (%) porcentagem das vagens obtidas; CC – cruzamentos confirmados a partir de marcadores morfológicos ou moleculares; NS – número de sementes obtidas a partir dos cruzamentos confirmados. *Em cada combinação, o primeiro genótipo representa o progenitor feminino e o segundo, o progenitor masculino. A combinação foi realizada entre um genótipo altamente resistente e um genótipo altamente suscetível ao *Colletotrichum truncatum*.

No cruzamento BGP-UFPI 832 x BGP-UFPI 860, não foi possível realizar a confirmação da geração híbrida resultante por morte das plantas. Nos cruzamentos: BGP-UFPI 832 X BGP-UFPI 862, BGP-UFPI 862 X BGP-UFPI 832 e BGP-UFPI 1001X BGP-UFPI 860, não foram obtidas vagens. Já os genótipos resultantes do cruzamento BGP-UFPI 1001 x BGP-UFPI 862, que apresentaram hábito de crescimento determinado, foram considerados resultantes de autofecundação tendo em vista que é o mesmo hábito de crescimento do parental feminino.

Nos cruzamentos: BGP-UFPI 860 X BGP-UFPI 832, BGP-UFPI 860 X BGP-UFPI 1001 e BGP-UFPI 862 X BGP-UFPI 1001, não foi possível confirmar as gerações híbridas a partir de marcadores morfológicos, porque o genitor feminino é detentor de caracteres dominantes (Tabela 6.3), sendo necessário a realização da confirmação com marcador molecular. Em Ibiapina – CE a taxa de formação de vagens foi de 2,36% (Tabela 6.3).

No cruzamento BGP-UFPI 832 x BGP-UFPI 860 e BGP-UFPI 1001 x BGP-UFPI 862, as gerações F₁'s foram confirmadas com base em marcador morfológico, uma vez que o híbrido F₁ (BGP-UFPI 832 x BGP-UFPI 860) apresentou a flor lilás; e o híbrido F₁ (BGP-UFPI 1001 x BGP-862) apresentou hábito de crescimento indeterminado. Com relação aos genótipos obtidos a partir dos cruzamentos BGP-UFPI 860 X BGP-UFPI 1001 não foi possível realizar a confirmação via marcador morfológico ou molecular por conta da morte da planta. Nos genótipos resultantes dos cruzamentos BGP-UFPI 832 X BGP- UFPI 862 não houve obtenção de vagens.

Tabela 6.3 Porcentagem (%) de cruzamentos realizados entre genótipos de feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) e número de vagens e sementes obtidas, em Ibiapina-CE, 2021

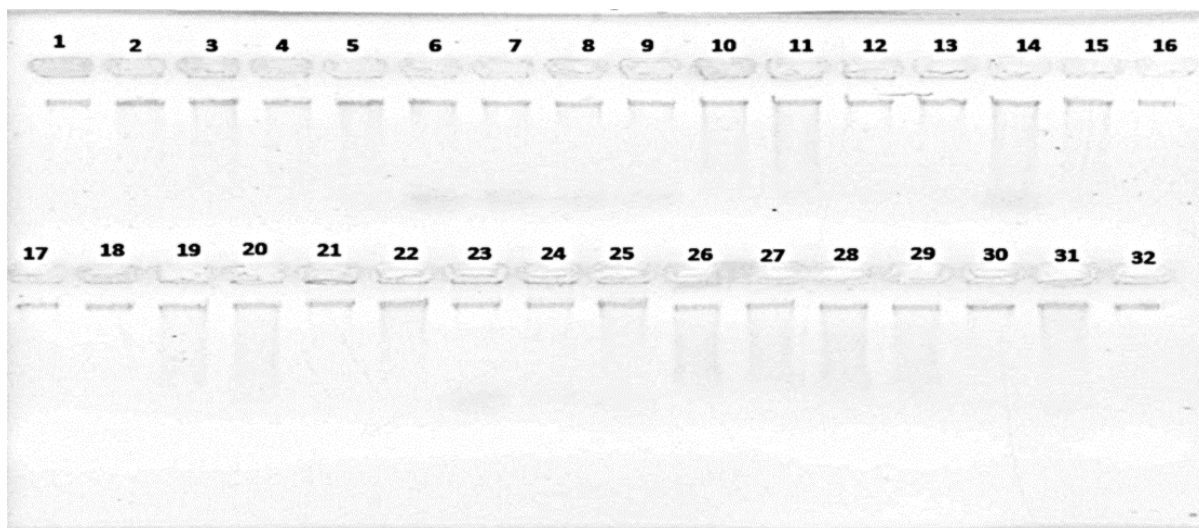
Combinações	Ibiapina -CE					
	NC*	C (%)**	V*	V (%)*	CC	NS
BGP-UFPI 832 X BGP-UFPI 860	20	9	1	5	1	1
BGP-UFPI 832 X BGP-UFPI 862	16	8	0	0	0	0
BGP-UFPI 860 X BGP-UFPI 832	22	10	3	14	2	3
BGP-UFPI 860 X BGP-UFPI 1001	25	12	0	0	0	0
BGP-UFPI 862 X BGP-UFPI 832	19	9	0	0	0	0
BGP-UFPI 862 X BGP-UFPI 1001	22	10	2	9	1	1
BGP-UFPI 1001 X BGP-UFPI 860	42	20	1	2	0	0
BGP-UFPI 1001 X BGP-UFPI 862	45	21	2	4	1	1

Legenda: NC – número de cruzamentos; C (%) – porcentagem dos cruzamentos; V – número de vagens; V (%) porcentagem das vagens obtidas; CC – cruzamentos confirmados a partir de marcadores morfológicos ou moleculares; NS – número de sementes obtidas a partir dos cruzamentos confirmados. *Em cada combinação, o primeiro genótipo representa o progenitor feminino e o segundo, o progenitor masculino. A combinação foi realizada entre um genótipo altamente resistente e um genótipo altamente suscetível ao *Colletotrichum truncatum*.

As hibridações BGP-UFPI 860 X BGP-UFPI 832 e BGP-UFPI 862 X BGP-UFPI 1001 foram confirmadas a partir de marcadores morfológicos, uma vez que o genitor feminino é detentor de caracteres dominantes (Tabela 6.3). Nos cruzamentos BGP-UFPI 860 X BGP-UFPI 1001 não foi possível confirmar as gerações híbridas em decorrência da morte das plantas.

Em Teresina - PI e Ibiapina – CE, as gerações híbridas provenientes dos cruzamentos: BGP-UFPI 860 X BGP-UFPI 832, BGP-UFPI 862 X BGP-UFPI 1001 e BGP-UFPI 860 X BGP-UFPI 1001 não foram confirmadas via marcadores morfológicos, porque o genitor feminino possui caracteres dominantes (cor da flor roxa e hábito de crescimento indeterminado), sendo necessária a confirmação via marcadores moleculares. Para tanto, foi realizada a extração de DNA e analisado sua qualidade a partir do gel de agarose (Figura 6.9), para posterior confirmação via marcadores microssatélites.

Figura 6.9 - Padrão de bandas de DNA obtido em feijão-fava, a partir do protocolo Romano e Brasileiro (1999), observado em gel de agarose, em Teresina-PI, 2023

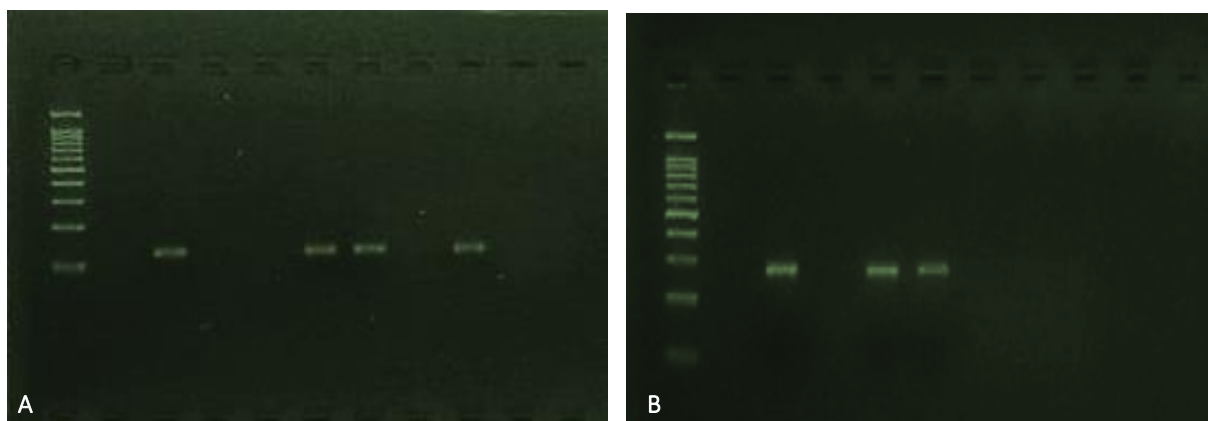


Fonte: Elaborado pela autora (2023).

Na análise em gel de agarose, verificou-se a presença de bandas definidas, com exceção das amostras 16, 17, 29 e 32, indicando quantidades satisfatórias de DNA. No que diz respeito ao aspecto qualidade, não foi observado retenção de DNA nos poços, o que indica a presença de polissacarídeos ou proteínas, que tornam as amostras mais viscosas; nem arraste ao longo das canaletas do gel, indicando presença de DNA degradado ocasionado pela ação de DNAses ou por intermédio da quebra mecânica, que ocorre na etapa de purificação (ROMANO; BRASILEIRO, 1999). A julgar pela eficiência desse método em outros estudos (SOUSA et al., 2022; PENHA et al., 2017), as amostras foram consideradas adequadas para confirmação molecular com microssatélites.

Na análise molecular, com a utilização dos primers de microssatélite, verificou-se a presença de uma banda polimórfica existente no parental masculino e inexistente no parental feminino. Assim, foi possível confirmar os genótipos resultantes das hibridações. Os poços em que se constatou a presença de banda identificaram as plantas F₁'s (Figura 6.10). Foram consideradas híbridas três populações provenientes do cruzamento BGP-UFPI 860 x BGP-UFPI 832 e duas populações provenientes do cruzamento BGP-UFPI 862 x BGP-UFPI 1001 (Figura 6.10). O restante foi considerado resultante de autofecundação.

Figura 6.10 - Gel de agarose obtido com a reação PCR, com uso de primers de microssatélite, para confirmação de híbridos provenientes do (a) cruzamento BGP-UFPI 860 x BGP-UFPI 832 e (b) cruzamento BGP-UFPI 862 x BGP-UFPI 1001, em Piracicaba, 2022



Fonte: Elaborado pela autora (2022)

Em Tianguá-CE, foram confirmados 19 híbridos, com uma taxa de formação de vagens de 8,29 % (Figura 6.5) (Tabela 6.4). No cruzamento BGP-UFPI 832 x BGP-UFPI 860 das 15 populações obtidas, foi possível realizar a confirmação de nove híbridos F₁'s, com 17 sementes, de forma eficiente, a partir dos marcadores morfológicos: antocianina nos cotilédones (Figura 6.11), cor da flor (6.12 A e B), presença de antocianina nos ramos (Figura 6.12 C), padrão de coloração da semente (Figura 6.13).

Tabela 6.4 - Porcentagem (%) de cruzamentos realizados entre genótipos de feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) e número de vagens e sementes obtidas, em Tianguá-CE, 2022

Combinação*	NC	C (%)	NV	V (%)	CC	NS
BGP-UFPI 832 X BGP-UFPI 860	90	39	15	16,67	9	17
BGP-UFPI 1001 X BGP-UFPI 862	131	61	17	12,98	10	21

Legenda: NC – número de cruzamentos; C (%) – porcentagem dos cruzamentos; V – número de vagens; V (%) porcentagem das vagens obtidas; CC – cruzamentos confirmados a partir de marcadores morfológicos ou moleculares; NS – número de sementes obtidas a partir dos cruzamentos confirmados.

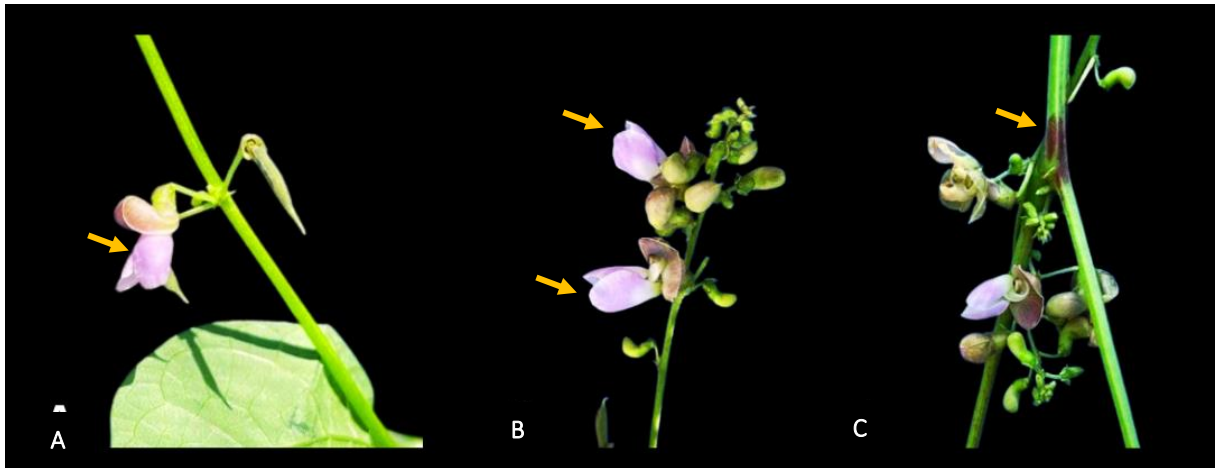
*Em cada combinação, o primeiro genótipo representa o progenitor feminino e o segundo, o progenitor masculino. A combinação foi realizada entre um genótipo altamente resistente e um genótipo altamente suscetível ao *Colletotrichum truncatum*.

Figura 6.11 - Plantas F₁'s, com cotilédone roxo, resultantes do cruzamento entre os genótipos de feijão-fava BGP-UFPI 832 x BGP-UFPI 860, em Tianguá-CE, 2023



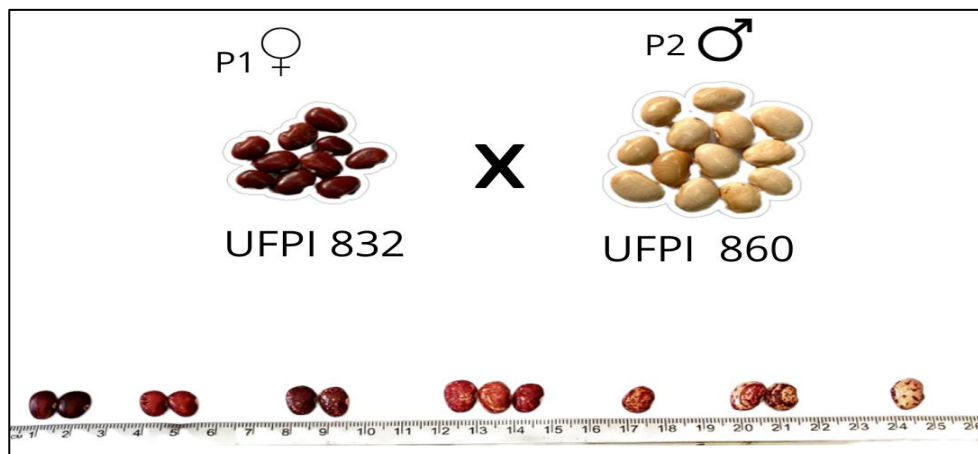
Fonte: Elaborado pela autora (2023).

Figura 6.12 - Plantas F₁'s, com cotilédone roxo, cor da flor lilás (A e B) e presença de antocianina em ramos (C), resultantes do cruzamento entre os genótipos de feijão-fava BGP-UFPI 832 x BGP-UFPI 860, em Tianguá-CE, 2023



Fonte: Elaborado pela autora (2023).

Figura 6.13 – Genitores e plantas F₁'s, com diferentes padrões de cores nas sementes, envolvendo o cruzamento entre os genótipos de feijão-fava BGP-UFPI 832 x BGP-UFPI 860, em Tianguá-CE, 2023



Fonte: Elaborado pela autora (2023)

Já no cruzamento BGP-UFPI 1001 X BGP-UFPI 862, foi possível a confirmação de 10 híbridos, a partir do padrão de crescimento. Lopes (2015), em estudos visando a seleção de progênes com hábito de crescimento determinado, porte ereto e ciclo precoce, confirmou 22 híbridos F₁'s a partir de marcadores morfológicos: cor do hipocótilo, hábito de crescimento, pigmentação no caule principal, cor da flor, cor da semente e padrão do tegumento da semente. De acordo com o mesmo estudo, a possibilidade de utilização de marcadores morfológicos na identificação de híbridos F₁'s traz grandes vantagens: é rápido, seguro e não tem custos, gerando grande economia de tempo e recurso. No entanto, em feijão-fava, o uso desses marcadores ainda é limitado, visto o pouco conhecimento sobre o controle genético da maioria de suas características.

Em geral, dos 221 cruzamentos realizados em Tianguá-CE, a taxa de formação de vagens híbridas foi de 8,59%, obtendo-se 38 sementes. Esses dados são semelhantes aos obtidos por Nunes et al. (2010), em estudos de hibridização artificial de feijão-caupi, em que dos 214 cruzamentos realizados, obtiveram-se 19 vagens, com taxa de vingamento de 8,87%. Todavia, essa taxa é significativamente inferior a encontrada em outros estudos como de Lopes (2015), que obteve porcentagem de sucesso nas hibridações de 38,46%.

A variação na taxa de formação de vagens está relacionada a fatores climáticos. Em Teresina – PI, foram registradas temperaturas médias, mínima e máxima, em telado, de 22,9°C e 34,1°C, respectivamente, com umidade relativa média de 64%. Em Tianguá – CE, as temperaturas médias, mínima e máxima, foram de 20,1°C e 26 °C, respectivamente, com umidade relativa média de 80,1%. Nesse sentido, Sousa et al. (2022) e Freire Filho et al. (2014) comentam que quanto menor a flutuação da temperatura e maior a umidade relativa, maiores serão as taxas de vingamento. Em geral, embora o número de vagens F₁ de feijão-fava tenha sido baixo, o método utilizado permitiu a formação de sementes F₂ suficientes para o estudo de herança. Não há relatos de hibridações artificiais envolvendo genitores resistentes e suscetíveis ao *C. truncatum*.

Pela análise dos dados, observa-se que a segregação na população F₂ do cruzamento entre os genótipos BGP-UFPI 832 e BGP-UFPI 860 foi ajustada à razão 3R:1S, confirmando que a resistência ao isolado CT4 de *C. truncatum* é conferida por um gene dominante. Resultados similares foram observados por Marin et al. (2003)

ao estudarem a herança da resistência à antracnose na cultivar de feijoeiro comum (Tabela 6.5).

Tabela 6.5 – Teste χ^2 dos dados obtidos após inoculação dos genótipos de feijão-fava (*Phaseolus lunnatus*), BGP-UFPI 832 e BGP-UFPI 860, e das gerações F₁ e F₂, com o patótipo CT4 de *Colletotrichum truncatum*, em Teresina – PI, 2023

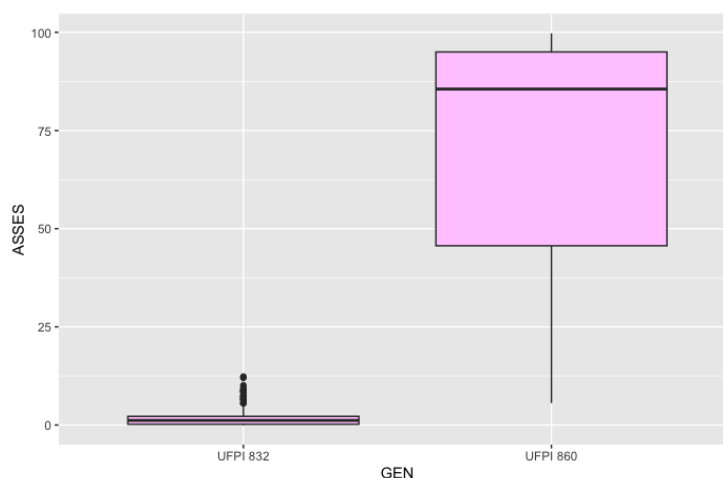
Genótipos	Geração	Número de plantas				χ^{2*}
		AR	AS	RE	RO	
BGP-UFPI 832	P ₁	20	-	-	-	-
BGP-UFPI 860	P ₂	-	20	-	-	-
BGP-UFPI 832 x UFPI 860	F ₁	10	-	-	-	-
BGP-UFPI 832 x UFPI 860	F ₂	78	23	3:1	3:1	1,2

*Não significativo (P<0,05); RE = Relação esperada; RO = Relação observada; AR = altamente resistente; AS = altamente suscetível

Outros estudos também determinaram a proporção 3R:1S em feijão-comum. Gonçalves-Vidigal e Kelly (2006) caracterizaram a cultivar Widusa, após inoculação com a raça 73 de *C. lindemuthianum*, e observaram a presença de um único gene dominante controlando a resistência. A cultivar Cornell 49-242 foi utilizada com um dos genitores. Na caracterização genética da cultivar Jalo Listras Pretas, Gonçalves-Vidigal et al. (2009) também obtiveram resultados similares no cruzamento realizado com o mesmo genitor (Cornell 49-242), mostrando a presença de um único gene no controle da resistência na cultivar Jalo Listras Pretas.

No presente estudo, os genótipos de feijão-fava utilizados como genitores são altamente contrastantes (Figura 6.14). O genitor BGP-UFPI 832 já foi confirmado como altamente resistente em trabalhos anteriores (BRITO et al., 2022), e reafirmado como tal neste trabalho.

Figura 6.14 - Gráfico com os valores de dano observado nos genitores BGP-UFPI 832 e BGP-UFPI 860, evidenciando o contraste fenotípico entre eles, com relação à reação ao *Colletotrichum truncatum*, em Teresina-PI, 2023



Fonte: Elaborado pela autora (2023)

A segregação observada na população F₂ do cruzamento entre os genótipos de feijão-fava, BGP-UFPI 1001 e BGP-UFPI 862, foi ajustada à frequência aproximada de 9:7 (Tabela 6.6). Nos trabalhos realizados por Muhalet et al. (1981) e Peloso (1987), os cruzamentos com a cultivar de feijão Cornell 49-242 mostraram segregações de 57:7, 9:7 e 7:9. Isso pode ser explicado pelo fato dos genitores utilizados não serem tão contrastantes (Figura 6.15), como os utilizados no cruzamento BGP-UFPI 832 x BGP-UFPI 860.

Tabela 6.6 - Teste χ^2 dos dados obtidos após inoculação dos genótipos de feijão-fava (*Phaseolus lunnatus*), BGP-UFPI 1001 e BGP-UFPI 862, e das gerações F₁ e F₂, com o patótipo CT4 de *Colletotrichum truncatum*, em Teresina – PI, 2023

Genótipos	Geração	Número de plantas		RE	RO	χ^2 *
		AR	AS			
BGP-UFPI 1001	P ₁	22	-	-	-	-
BGP-UFPI 862	P ₂	-	22	-	-	-
BGP-UFPI 1001 x BGP-UFPI 862	F ₁	10	-	-	-	-
BGP-UFPI 1001 x BGP-UFPI 862	F ₂	76	59	3:1	9:7	52,09

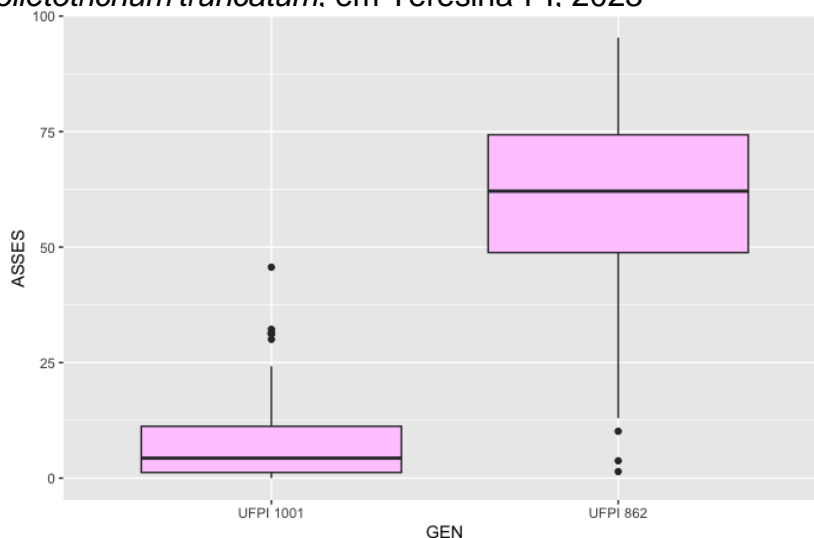
*Não significativo (P<0,05); RE = Relação esperada; RO = Relação observada; AR = altamente resistente; AS = Altamente suscetível.

No caso dos cruzamentos envolvendo o feijão comum, as segregações que mostraram dominância e recessividade podem ser explicadas pela ação de multigenes que compõem o loco complexo Co-2 (GEFFROY et al., 2000). Assim, diferentes genes

que compõem esse loco poderiam ser detectados quando diferentes cruzamentos e diferentes patótipos são estudados.

Em feijão-fava, a diferença na segregação nos dois cruzamentos pode ser explicada pela presença de um loco complexo *Co-2* ou locos com características semelhantes a ele. Nesse caso, é necessário que sejam realizados estudos futuros de mapeamento a fim de detalhar os locos que conferem a resistência a *C. truncatum*. A realização de outros estudos, envolvendo diferentes genitores resistentes, bem como a utilização de outras variantes do gênero do *Colletotrichum* podem auxiliar na descrição detalhada da herança genética da resistência à antracnose no feijão-fava.

Figura 6.15 - Gráfico com os valores de dano observado nos genitores BGP-UFPI 1001 e BGP-UFPI 862, evidenciando o contraste fenotípico entre eles, com relação à reação ao *Colletotrichum truncatum*, em Teresina-PI, 2023



Fonte: Elaborado pela autora (2023)

6.4 CONCLUSÃO

No cruzamento entre os genótipos de feijão-fava BGP-UFPI 832 e BGP-UFPI 862, a segregação na população F_2 foi ajustada à razão 3R:1S, sugerindo que a resistência ao isolado CT4 de *Colletotrichum truncatum* é conferida por um gene dominante. Já a segregação na população F_2 do cruzamento entre os genótipos BGP-UFPI 1001 e BGP-UFPI 862 foi ajustada à frequência aproximada de 9R:7S. Assim, a realização de estudos posteriores, com outros genitores resistente e suscetível, utilizando outras variantes do gênero do *Colletotrichum* podem auxiliar na descrição detalhada da herança genética da resistência à antracnose no feijão-fava.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- BELMINO, C. S. **Resistência do feijão-caupi a *Colletotrichum truncatum***. 2004. 64f. Tese (Doutorado em Fitopatologia) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.
- BLISS, F. A. Common bean. **Hybridization of crop plants**, p. 273-284, 1980.
- BRITO, M.V. et al. Associação entre resistência de *Phaseolus lunatus* a *Colletotrichum truncatum* e caracteres morfoagronômicos. **Summa Phytopathologica**, v.48, n.2, 2022.
- CARMO, M. D. S. do et al. Avaliação de genótipos de feijão-fava, para resistência a *Colletotrichum truncatum*, em condições de folhas destacadas e campo. **Summa Phytopathologica**, v. 41, p. 292-297, 2015.
- CARVALHO, E. M. S. **Antracnose em feijão-fava: caracterização do agente causal e reação de genótipos a *Colletotrichum truncatum***. 2009. xiv, 53 f. Tese (doutorado) - Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, 2009.
- CAVALCANTE, G. R. S et al. Diversity, prevalence, and virulence of *Colletotrichum* species associated with lima bean in Brazil. **Plant disease**, v. 103, n. 8, p. 1961-1966, 2019.
- CAVALCANTE, G. R. S. et al. Reação de subamostras de feijão-fava à antracnose. **Summa Phytopathologica**, v. 38, p. 329-333, 2012.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**, 2.ed. Viçosa: UFV, 1997. 390p.
- DOYLE, J. J.; DOYLE, J. L. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. **Phytochemical Bulletin**, v.19, p.11–15, 1987.
- FEIJÓ, F. M. et al. Análise de escala diagramática para avaliação da severidade da antracnose das vagens de feijão-fava. **Revista Ciência Agrícola**, v. 15, n. 1, p. 43-51, 2017.
- FREIRE FILHO, F. R. et al. Cruzamentos de feijão-caupi [*Vigna unguiculata* (L) Walp.] realizados na Embrapa Meio-Norte, no período de 1982 a 2012. **Comunicado Técnico**, Teresina: Embrapa Meio-Norte, 2014.
- GEFFROY, V. et al. Inheritance of partial resistance against *Colletotrichum lindemuthianum* in *Phaseolus vulgaris* and co-localization of quantitative trait loci with genes involved in specific resistance. **Molecular Plant-Microbe Interactions**, v. 13, n. 3, p. 287-296, 2000.
- GOMES, R. S. S. et al. Reactions of lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) accessions to *Colletotrichum truncatum*. **Revista Caatinga**, v. 35, p. 809-817, 2022.

GONÇALVES-VIDIGAL, M. C. et al. Common bean landrace Jalo Listras Pretas is the source of a new Andean anthracnose resistance gene. **Crop Science**, v. 49, n. 1, p. 133-138, 2009.

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

MARIN, A. L. A. et al. Herança da resistência à antracnose na cultivar de feijoeiro comum Cornell 49-242. **Fitopatologia Brasileira**, v. 28, p. 302-306, 2003.

MUHALET, C. S. Genetic system for reaction in field beans (*Phaseolus vulgaris* L.) to three races of *Colletotrichum lindemuthianum* (SACC. AND MAGN.) BRIO. ET CAV. 1981.

NUNES, E. D. et al. Hibridação artificial em feijão-caupi (*Vigna unguiculata* Walp) em diferentes cultivares. **Encontro de Genética do Nordeste: Genética, Biodiversidade e Conservação**. Embrapa Semiárido, p. 18, 2010.

PAULA JUNIOR, T. J. et al. Interactions Between Rhizoctonia Root Rot and the Foliar Common Bean Diseases Anthracnose and Rust. **Journal of Phytopathology**, v. 163, n. 7-8, p. 642-652, 2015.

PELOSO, M. J. et al. Genética da reação do feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.) a tres racas fisiologicas de *Colletotrichum lindemuthianum* (Sacc. et Magn.) Scrib. Thesis (Doctor Scientiae), **Fitopatologia Brasileira**, v. 12, n. 2, p. 132, 1987.

PENHA, J. S. et al. Estimation of natural outcrossing rate and genetic diversity in Lima bean (*Phaseolus lunatus* L. var. *lunatus*) from Brazil using SSR markers: implications for conservation and breeding. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 64, p. 1355-1364, 2017.

ROMANO, E.; BRASILEIRO, A. C. M. Extração de DNA de plantas. **Biotechnology**, v. 2, n. 9, p. 40-43, 1999.

SANTOS, A. R. B. et al. Seleção de subamostras de feijão-fava para resistência à antracnose. **Revista Brasileira de Engenharia de Biosistemas**, v. 9, n. 3, p. 268-278, 2015.

SOUSA, A. et al. Artificial hybridization without emasculation in lima bean (*Phaseolus lunatus* L.). **Revista Caatinga**, v. 35, p. 223-230, 2022.

SOUSA, E. S. et al. *Colletotrichum* species causing anthracnose on lima bean in Brazil. **Tropical Plant Pathology**, v. 43, p. 78-84, 2018.

TAMAYO, P.J. **Manejo y control de las enfermedades del frijol voluble (*Phaseolus vulgaris* L.)**. Rionegro: Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria, 1995, 40p. (Boletín Técnico, n.4).

WILLIAMS, J. G. et al. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. **Nucleic Acids Research**, v.18, p. 6531-6535, 1990.

7 SELEÇÃO DE POPULAÇÕES DE FEIJÃO-FAVA RESISTENTES À ANTRACNOSE E COM PADRÃO COMERCIAL DE SEMENTES

RESUMO

No Banco Ativo de Germoplasma de *Phaseolus lunatus* da Universidade Federal do Piauí (UFPI) existem seis populações de *P. lunatus* resultantes de cruzamentos envolvendo genótipos de feijão-fava resistentes ao *Colletotrichum truncatum*. Nesse sentido, objetivou-se avaliar tais populações e selecionar para resistência à antracnose e padrão comercial de sementes. As gerações F₁ e F₂ foram conduzidas em Teresina – PI, e as gerações F₃ e F₄ em Cocal do Alves – PI, sendo que o avanço de F₂ a F₄ foi realizado de acordo com o método *Single-Pod Descent* (SPD). Na geração F₂ foi realizada avaliação fitopatológica quanto a resistência ao *C. truncatum*, no período de fevereiro a agosto de 2021. Aos cinco dias após a inoculação, as progênies foram agrupadas em três grupos: O grupo “a” correspondeu às progênies classificadas como altamente suscetíveis “AS”; o “b” àquelas moderadamente suscetíveis “MS” e o “c” às que foram classificadas como altamente resistentes “AR”. Aos sete dias após inoculação com o fungo houve mudança na classificação, visto que algumas progênies que aos cinco dias foram considerados moderadamente suscetíveis, passaram a ser considerados altamente suscetíveis. Foram selecionadas 16 progênies para o avanço de geração tendo em vista apresentarem certo grau de resistência. Na geração F₅, realizou-se avaliação agromorfológica e fitopatológica, quanto a resistência ao *C. truncatum*. A avaliação agromorfológica ocorreu na área experimental do Departamento de Fitotecnia - UFPI, em Teresina – PI, no período de fevereiro a agosto de 2022. As análises estatístico-genéticas dos dados coletados foram realizadas pelo modelo 81 doSELEGEN. As populações “BGP-UFPI 798 x BGP-UFPI 832” e “BGP-UFPI 1000 x BGP-UFPI 220” apresentaram ciclo tardio e precoce, respectivamente. Em relação as características de vagem, semente e padrão de tegumento, as populações “BGP-UFPI 1000x UFPI 251” (P1) e “UFPI 798 x UFPI 220” (P2) se destacaram. A maioria das populações (64%) apresentaram padrão de tegumento branco, laranja (16%), rosa (7,3%) e vermelho-púrpura (6,3%). Na avaliação fitopatológica da geração F₅, , aos cinco dias após inoculação do fungo, foram formados dois grupos com as progênies avaliadas. O grupo “a” correspondendo às progênies classificadas como moderadamente suscetíveis “MR”, e o “b” correspondendo àquelas classificadas como altamente resistentes “AR”. Aos sete dias, das 16 progênies classificadas como moderadamente resistentes, apenas uma foi classificada como moderadamente suscetível “MS”. Considerando as avaliações agromorfológica e fitopatológica, as populações “BGP-UFPI 1002 x BGP-UFPI 220”, “BGP-UFPI 798 x BGP-UFPI 832” e “BGP-UFPI 1000 x BGP-UFPI 220” são promissoras quanto à resistência do feijão-fava ao *C. truncatum* e padrão comercial de sementes. As populações “BGP-UFPI 1002 x BGP-UFPI 220”, “BGP-UFPI 798 x BGP-UFPI 832” e “BGP-UFPI 1000 x BGP-UFPI 220” tem características desejáveis em relação às vagens, sementes e resistência ao fungo *C. truncatum*.

Palavras-chave: Avaliação; *Colletotrichum truncatum*, Melhoramento genético, *Phaseolus lunatus*.

ABSTRACT

In the Active Germplasm Bank of *Phaseolus lunatus* at the Federal University of Piauí (UFPI), there are six populations of *P. lunatus* resulting from crosses involving faba bean accessions resistant to *Colletotrichum truncatum*. In this sense, the objective was to evaluate such populations and select for resistance to anthracnose and commercial seed standard. The F₁ and F₂ generations were conducted in Teresina – PI, and the F₃ and F₄ generations in Cocal do Alves – PI, with the advancement from F₂ to F₄ being carried out according to the Single-Pod Descent (SPD) method. In the F₂ generation, a phytopathological assessment was carried out regarding resistance to *C. truncatum*, from February to August 2021. Five days after inoculation, the progenies were grouped into three groups: Group “a” corresponded to the progenies classified as highly susceptible “AS”; “b” to those that were moderately susceptible “MS” and “c” to those that were classified as highly resistant “AR”. Seven days after inoculation with the fungus, there was a change in classification, as some progenies that were considered moderately susceptible at five days were now considered highly susceptible. 16 progenies were selected for generation advancement in order to present a certain degree of resistance. In the F₅ generation, an agromorphological and phytopathological evaluation was carried out regarding resistance to *C. truncatum*. The agromorphological evaluation took place in the experimental area of the Department of Phytotechnics - UFPI, in Teresina – PI, from February to August 2022. Statistical-genetic analyzes of the collected data were carried out using the SELEGEN model 81. The populations “BGP-UFPI 798 x BGP-UFPI 832” and “BGP-UFPI 1000 x BGP-UFPI 220” presented a late and early cycle, respectively. Regarding pod, seed and seed coat characteristics, the populations “BGP-UFPI 1000 x BGP-UFPI 251” (P₁) and “BGP-UFPI 798 x BGP-UFPI 220” (P₂) stood out. The majority of populations (64%) had white, orange (16%), pink (7.3%) and red-purple (6.3%) integument patterns. In the phytopathological evaluation of the F₅ generation, five days after inoculation of the fungus, two groups were formed with the progenies evaluated. Group “a” corresponding to progenies classified as moderately susceptible “MR”, and “b” corresponding to those classified as highly resistant “AR”. At seven days, of the 16 progenies classified as moderately resistant, only one was classified as moderately susceptible “MS”. Considering the agromorphological and phytopathological evaluations, the populations “BGP-UFPI 1002 x BGP-UFPI 220”, “BGP-UFPI 798 x BGP-UFPI 832” and “BGP-UFPI 1000 x BGP-UFPI 220” are promising in terms of plant resistance to *C. truncatum* and commercial seed standard. The populations “BGP-UFPI 1002 x BGP-UFPI 220”, “BGP-UFPI 798 x BGP-UFPI 832” and “BGP-UFPI 1000 x BGP-UFPI 220” have desirable characteristics in relation to pods, seeds and resistance to the fungus *C. truncatum*.

Keywords: Assessment; *Colletotrichum truncatum*, Genetic improvement, *Phaseolus lunatus*.

7.1 INTRODUÇÃO

O feijão-fava é uma das cinco espécies domesticadas do gênero *Phaseolus*, sendo a segunda mais importante economicamente (GARCIA et al., 2021; ORMEÑO ORRILLO et al., 2015; OLIVEIRA et al., 2011). É utilizada como fonte alimentar na forma de grãos verdes ou maduros (GRANJA et al., 2019), tendo bom perfil nutricional como excelente fonte de proteínas, aminoácidos, minerais, fibras alimentares; vitaminas do complexo B (folato, B6 e niacina) (ADEBO, 2023).

A cultura do feijão-fava tem grande importância socioeconômica, sendo utilizada por pequenos agricultores, principalmente do Nordeste brasileiro, como alternativa de subsistência e renda. No ano de 2021, o país apresentou produção total de 9.554 t, com área plantada de 33.374 ha e área colhida de 30.316 ha, e produção de R\$ 61.642,00 (IBGE, 2021).

Contudo, a cultura do feijão-fava ainda é subutilizada, em função da ausência de tecnologias (OLIVEIRA et al., 2014), consumo prioritário do feijão comum (BONITA, 2020), além da incidência de doenças (ASSUNÇÃO et al., 2011; SILVA et al., 2010). Dentre as doenças que a afetam, a antracnose se destaca, tendo como principal agente etiológico o fungo *Colletotrichum truncatum* (Schw.). Andrus & More.

As perdas causadas pela antracnose podem chegar a 100%, principalmente quando são empregadas sementes infetadas de cultivares suscetíveis, podendo ser maiores quanto mais precoce for o aparecimento da doença na lavoura. Além de diminuir o rendimento da cultura, a antracnose deprecia a qualidade do produto por ocasionar manchas no grão, tornando-o impróprio para o consumo (MARIN et al., 2003).

A identificação e uso de genótipos resistentes é uma das estratégias mais eficientes de manejo de doenças de plantas, por apresentar baixo custo, facilidade de uso, além de ser ecologicamente desejável, diminuindo, ou até mesmo evitando, o uso indiscriminado de defensivos agrícolas (BRITO et al., 2022). Existem na literatura trabalhos que identificaram genótipos de *Phaseolus lunatus* com fonte de resistência (BRITO et al., 2022; GOMES et al., 2022; CARMO et al., 2015; SANTOS et al., 2015; CAVALCANTE et al., 2012). Genótipos com altos níveis de resistência, mesmo não apresentando características agromorfológicas desejáveis, podem ser usados em

programas de pré-melhoramento, com vistas na obtenção de genótipos resistentes a doenças.

No Banco Ativo de Germoplasma de *Phaseolus lunatus* (BGP - UFPI) do Laboratório de Recursos Genéticos e Melhoramento de Plantas da Universidade Federal do Piauí existem populações de feijão-fava resultantes de cruzamentos envolvendo genótipos resistentes à antracnose e genótipos com características agrônômicas favoráveis. Assim, estabeleceu-se a hipótese científica que é possível selecionar genótipos que reúnam caracteres comerciais desejáveis, bem como resistência à antracnose, pelo avanço das gerações das populações de *P. lunatus* existentes no BGP-UFPI.

Nesse sentido, objetivou-se avaliar populações de feijão-fava do BGP-UFPI e selecionar para resistência à antracnose e padrão comercial das sementes.

7.2 METODOLOGIA

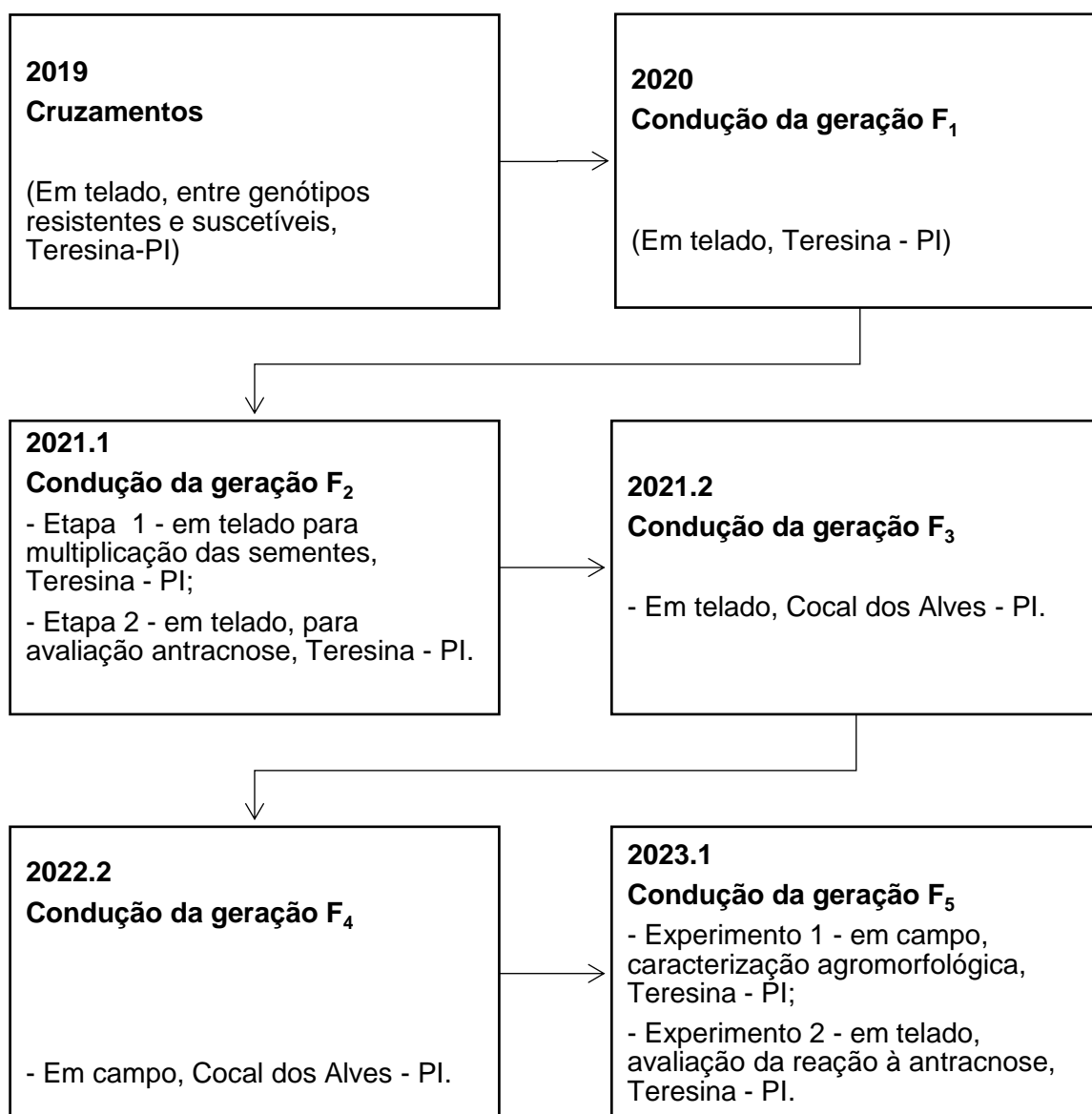
O material genético utilizado no estudo foi obtido de cruzamentos realizados em março de 2019, em telado do Departamento de Fitotecnia, no Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Piauí (UFPI), no município de Teresina – Piauí, localizado a 05°02'45"S e 42°46'57"W, sendo as gerações conduzidas posteriormente de F₁ a F₅ (Figura 6.1).

Os genitores envolvidos nas hibridações (Tabela 6.1 e Figura 6.2) são procedentes do Banco Ativo de Germoplasma de *Phaseolus* da Universidade Federal do Piauí (BAG-UFPI), localizado no Laboratório de Recursos Genéticos e Melhoramento de Plantas, e haviam sido submetidos anteriormente à avaliação fitopatológica (CAVALCANTE et al., 2012; CARMO et al., 2015; BRITO, 2017).

Para realização dos cruzamentos, os genótipos foram semeados em vasos, contendo substrato de solo e composto orgânico (3:1), em intervalos, visando obter coincidência no período de floração. Inicialmente, foi semeado o genótipo BGP-UFPI 832, de hábito de crescimento indeterminado e ciclo tardio. Após vinte dias, foram semeados os genótipos BGP-UFPI 798, BGP-UFPI 832, BGP-UFPI 220 e BGP-UFPI 251. Em seguida, após vinte e quatro dias, semeou-se os genótipos BGP-UFPI 1000, BGP-UFPI 1001 e BGP-UFPI 1002, de hábito de crescimento determinado e ciclo precoce.

Nas hibridizações artificiais, adotou-se o protocolo de Bliss (1980), que não utiliza emasculação, sendo os cruzamentos biparentais entre genótipos resistentes e suscetíveis.

Figura 7.1 – Etapas de condução do estudo, envolvendo cruzamentos e avanço de gerações de F₁ a F₅, nas seis populações avaliadas, no período de 2019 a 2023



Fonte: Elaborado pela autora (2023).

Tabela 7.1 – Relação dos genótipos de feijão-fava procedentes do Banco Ativo de Germoplasma de *Phaseolus* da Universidade Federal do Piauí, contrastantes com relação a reação à antracnose, hábito de crescimento e padrão comercial de sementes, quanto a cor e o tamanho, utilizados nos cruzamentos realizados em Teresina - PI, 2019

Genótipos	Reação à antracnose	Hábito de crescimento	Cor da semente	Tamanho da semente
BGP-UFPI 220	Resistente	Indeterminado	Laranja	Pequena
BGP-UFPI 251	Resistente	Indeterminado	Rajada	Pequena
BGP-UFPI 798	Suscetível	Indeterminado	Branca	Média
BGP-UFPI 832	Resistente	Indeterminado	Vermelha	Pequena
BGP-UFPI 1000	Suscetível	Determinado	Branca	Pequena
BGP-UFPI 1002	Suscetível	Determinada	Branca	Pequena

Figura 7.2 - Padrão de cor e tamanho das sementes dos genótipos de feijão-fava conservados no Banco Ativo de Germoplasma de *Phaseolus* da UFPI (BAG-UFPI), utilizados como genitores nos cruzamentos, em Teresina-PI, 2019



Fonte: Elaborado pela autora (2019).

Na confirmação das hibridações, utilizou-se os seguintes caracteres morfológicos: padrão de crescimento e forma do folíolo, com base no Catálogo de descritores para *Phaseolus lunatus* do *International Plant Genetic Resources Institute* (IPIGRI, 2001). Tendo em vista que esses caracteres tem controle genético conhecido para feijão-fava, além dos mesmos serem contrastantes entres os genitores utilizados.

Os genótipos escolhidos como genitores doadores foram aqueles que possuem caracteres dominantes: BGP-UFPI 220, BGP-UFPI 251 e BGP-UFPI 832, com padrão de crescimento indeterminado (D-) e forma do folíolo terminal da terceira folha trifoliada oval lanceolado (WI-). Como genitores receptores escolheu-se aqueles com caracteres recessivos: BGP-UFPI 798, com forma do folíolo redondo (wlwl) e BGP=UFPI 1000 e BGP-UFPI 1002, com forma do folíolo redondo (wlwl) e crescimento determinado (dd).

As populações geradas foram as seguintes: “P1 – BGP-UFPI 1000 x BGP-UFPI 251”; “P2 – BGP-UFPI 798 x BGP-UFPI 220”; “P3 – BGP-UFPI 1000 x BGP-UFPI 251”; “P4 – BGP-UFPI 1002 x BGP-UFPI 220”, “P5 – BGP-UFPI 798 x BGP-UFPI 832” e “P6 – BGP-UFPI 1000 x BGP-UFPI 220”.

Para cada cruzamento biparental, as gerações foram avançadas de F₂ a F₄ pelo método *Single-Pod Descent* (SPD), proposto por Brim (1966).

7.2.1 Condução da geração F₁

Nas 13 vagens F₁ obtidas nos cruzamentos geraram 23 sementes, que foram cultivadas em vaso com substrato de terra e composto orgânico (3:1), com semeadura em março de 2020, em telado no Departamento de Fitotecnia da UFPI, Teresina – Piauí.

As plantas F₁'s foram avaliadas com base nos descritores estabelecidos pelo *Bioversity International* para *Phaseolus lunatus* (IPIGRI, 2001), sendo selecionadas aquelas com características dos genitores doadores. O material genético foi constituído de 23 plantas F₁'s, provenientes das seis populações (Tabela 7.2). As sementes de cada planta foram colhidas individualmente.

Tabela 7.2 – Genealogia das seis populações de feijão-fava, com as respectivas progênes F₁'s avaliadas quanto à reação a antracnose, em Teresina - PI, 2021

População	Genitor masculino	Genitor feminino	Descrição das progênes	Nº de progênes
P1	BGP-UFPI 1000	BGP-UFPI 251	P1.01, P1.02, P1.03, P1.04, P1.05, P1.06, P1.07, P1.08, P1.09, P1.10, P1.11, P1.12, P1.13, P1.14	14
P2	BGP-UFPI 798	BGP-UFPI 220	P2.01 e P2.02	2
P3	BGP-UFPI 1000	BGP-UFPI 251	P3.01, P3.02, P3.03 e P3.04	4
P4	BGP-UFPI 1002	BGP-UFPI 220	P4.01	1
P5	BGP-UFPI 798	BGP-UFPI 832	P5.01	1
P6	BGP-UFPI 1000	BGP-UFPI 220	P6.01	1

7.2.2 Condução da geração F₂

As plantas da geração F₂ também foram cultivadas em telado, do Departamento de Fitotecnia da UFPI. A semeadura ocorreu em vasos de plástico de 5 L, sendo uma semente por vaso. As plantas foram tutoradas com bambu, em função do hábito de crescimento indeterminado. Os tratamentos fitossanitários para o controle de pragas foram realizados sempre que necessário, e a irrigação foi mantida durante todo o ciclo da cultura (Figura 7.3).

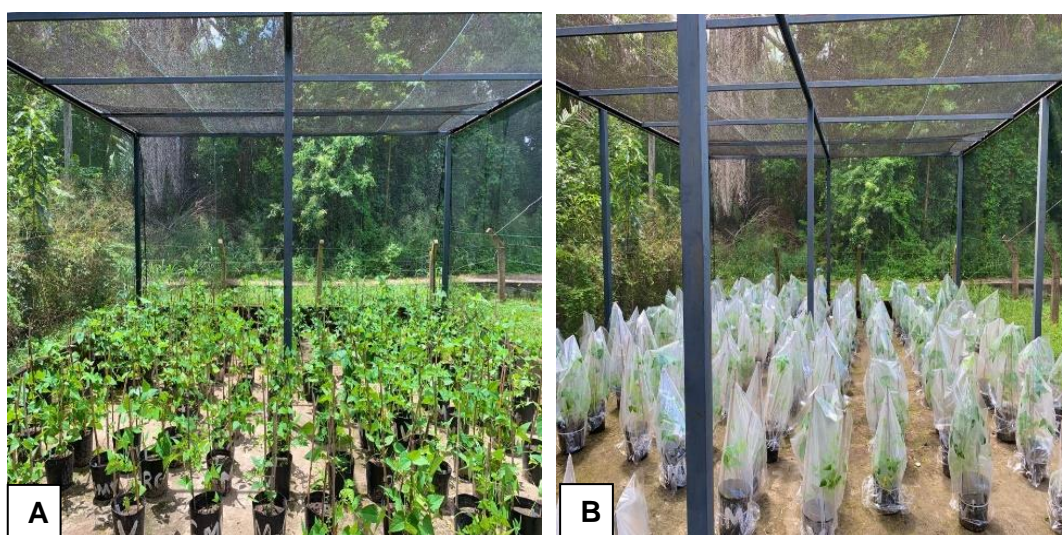
Figura 7.3 - Condução das seis populações F₂ de feijão-fava, em telado do Departamento de Fitotecnia, com as primeiras folhas definitivas (A), e em fase de florescimento (B), em Teresina - PI, 2021



Fonte: Elaborado pela autora (2021).

Para o experimento de avaliação fitopatológica as plantas da geração F₂ foram cultivadas em telado do Setor de Fitossanidade da UFPI em fevereiro de 2021. O delineamento experimental utilizado foi o inteiramente casualizado, quatro repetições por progênie, sendo a parcela constituída por uma planta, cultivada em vaso de polietileno (5L), contendo 2,0 kg de terra vegetal e composto orgânico, na proporção 3:1 (Figura 7.4 A). As plantas foram tutoradas com bambu, em função do hábito de crescimento indeterminado (Figura 7.4 A). Os tratamentos fitossanitários para o controle de pragas foram realizados sempre que necessário, e a irrigação foi mantida durante todo o ciclo da cultura.

Figura 7.4 – Condução das populações de feijão-fava na geração F₂, em telado do Setor de Fitossanidade, do Departamento de Fitotecnia, da Universidade Federal do Piauí. (A) Plantas tutoradas com bambu; (B) Plantas em câmara úmida, em Teresina - PI, 2021



Fonte: Elaborado pela autora (2021).

A inoculação do fungo *C. truncatum* foi realizada em cada planta, em igual estágio de desenvolvimento, aos 40 dias após a semeadura. Para inoculação, foi utilizado o isolado CT4 de *C. truncatum* obtido junto ao Laboratório de Fitossanidade do Departamento de Fitotecnia/ CCA/UFPI. O inóculo foi preparado adicionando-se 20 mL de água destilada esterilizada à placa do fungo cultivado em meio de cultura FDA (feijão, dextrose, ágar) a 28 ± 1 °C e fotoperíodo de 12 horas, durante 15 dias. As plantas de cada genótipo foram inoculadas com suspensão de esporos do isolado CT4 de *C. truncatum* 10^6 esporos/mL e uma planta testemunha, inoculada com água destilada autoclavada. Após a inoculação, as plantas foram envoltas com sacos

plásticos (100 X 70 cm) no intuito de promover uma câmara úmida (Figura 7.4 B) por 24 h, gerando as condições satisfatórias para colonização do fungo.

Foram selecionadas dez folhas trifoliadas de cada genótipos, mais precisamente da região intermediária das plantas. As folhas foram destacadas e cuidadosamente escaneadas. Uma vez escaneadas, a porcentagem da área foliar lesionada foi mensurada utilizando-se o programa *ASSES 2.0.*, aos cinco e sete dias após a inoculação (DAI), utilizando-se uma escala de notas de 0 a 5, segundo Carvalho (2009), em que: 0 = ausência de sintomas; 1 = traços a 10% da área foliar lesionada; 2 = 11 a 25% da área foliar lesionada; 3 = 26 a 50% da área foliar lesionada, sem queda de folíolo; 4 = 51 a 75% da área foliar lesionada, sem ou com queda de um dos folíolos; 5 = 76 a 100% da área foliar lesionada, sem ou com queda de dois ou três folíolos.

Após a avaliação da severidade, obteve-se a média geral das notas atribuídas para cada população. Com base nessas médias, as populações foram agrupadas segundo critérios estabelecidos por Belmino (2004), em cinco classes: Imune (IM) - 0; altamente resistente (AR) - 0,1 a 1,4; moderadamente resistente (MR) - 1,5 a 2,4; moderadamente suscetível (MS) - 2,5 a 3,0; e altamente suscetível (AS) - acima de 3,0. As plantas que morreram em decorrência do fungo foram classificadas com altamente suscetíveis.

7.2.1 Análises estatísticas dos dados da geração F₂

Para realização da análise de variância, os dados da severidade foram transformados por $\sqrt{x+1}$, visando obter normalidade dos erros e homogeneidade da variância dos tratamentos, sendo posteriormente agrupadas pelo teste proposto por Scott e Knott (1974) ($P < 0,05\%$).

Todas as análises foram realizadas por meio dos programas R (R CORE TEAM, 2018) e GENES (CRUZ, 2014).

7.3 Condução das gerações F₃ e F₄

A condução da geração F₃ foi realizada em telado (Figura 7.5) e da geração F₄, em campo, no município de Cocal do Alves, localizada na região Meio Norte do Piauí,

situado a 100 m de altitude, latitude de 3° 40' 30" S e longitude de 41° 24' 7" W. O delineamento utilizado foi o inteiramente casualizado, com quatro repetições. Durante o cultivo, realizou-se tratamentos fitossanitários para o controle de pragas e irrigação durante todo o ciclo da cultura.

Figura 7.5 - Condução das populações de feijão-fava na geração F₃, em telado, no município de Cocal dos Alves -PI, em 2022



Fonte: Elaborado pela autora (2022).

7.2.4 Condução da geração F₅

Nesta geração, realizou-se avaliação agromorfológica, na área experimental, e avaliação fitopatológica, em telado do Setor de Fitossanidade, ambos do Departamento de Fitotecnia da UFPI, no município de Teresina - PI.

7.2.4.1 Avaliação agromorfológica

As seis populações de feijão-fava na geração F₅ foram avaliadas na área experimental do Departamento de Fitotecnia da UFPI, no período de fevereiro a julho de 2023, sendo dispostas em seis talhões, com 80 plantas cada (Figura 7.6). A área apresenta histórico de cultivo de feijão-fava e de ocorrência de antracnose.

Figura 7.6 – Condução das seis populações de feijão-fava na geração F₅, em área experimental com histórico de ocorrência de antracnose, em Teresina – PI, 2023



Fonte: Elaborado pela autora (2023).

As populações avaliadas: “P1 – BGP-UFPI 1000 x BGP-UFPI 251”; “P2 – BGP-UFPI 798 x BGP-UFPI 220”; “P3 – BGP-UFPI 1000 x BGP-UFPI 251”; “P4 – BGP-UFPI 1002 x BGP-UFPI 220”, “P5 – BGP-UFPI 798 x BGP-UFPI 832” e “P6 – BGP-UFPI 1000 x BGP-UFPI 220”), com hábito de crescimento indeterminado, apresentam padrões de sementes variados (Figura 7.7).

Cada população foi instalada em um talhão de 10,5 m x 5,0 m, contendo cinco linhas com 16 plantas cada, com exceção da população “BGP-UFPI 1000 x BGP-UFPI 220”, cujo talhão apresentou as dimensões de 9,1 m x 5,0 m e cinco linhas com 11 plantas, devido ao menor número de sementes em relação às demais.

Na semeadura, utilizou-se duas sementes de feijão-fava e três sementes de milho por cova, para servir de tutor, tendo em vista o hábito de crescimento. O espaçamento entre linhas foi de 1,0 m e entre covas de 0,70 m, Entre os talhões foi estabelecido um espaçamento de 2,0 m para possibilitar o trânsito e para manter as plantas de diferentes populações distanciadas.

As sementes foram tratadas previamente com fungicida, para evitar o ataque de patógenos habitantes do solo. A adubação de fundação foi realizada conforme análise de solo e recomendações, de acordo com Lopes et al. (2010), além de um litro de esterco por cova. O controle das plantas invasoras foi realizado com capina manual, ao longo do ciclo da cultura, e o método de irrigação foi por aspersão.

Os caracteres agromorfológicos avaliados, com base em descritores estabelecidos pelo *Bioversity International* para *Phaseolus lunatus* (IPIGRI, 2001), foram: número de dias para o florescimento (NDF), número de dias para início da formação de vagens (NDV), número de dias para a maturação de vagens (NDM), número de dias para surgimento de sintomas de antracnose nas plantas (NDA),

largura da vagem (LV), comprimento da vagem (CV), espessura da vagem (EV), número de lóculos por vagem (NLC), número de sementes por vagens (NSV), largura da semente (LS), comprimento da semente (CS), espessura da semente (ES) e massa de 100 grãos (M100).

Os caracteres quantitativos mensurados nas populações foram analisados utilizando-se o modelo 81 do SELEGEN (RESENDE, 2016), que se refere à avaliação de um delineamento inteiramente casualizado. O modelo estatístico aplicado foi o seguinte:

$$y = Xu + Zg + Wp + e,$$

em que, y é o vetor de dados, u é o efeito da média geral (fixo), g é vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos das parcelas, e o vetor de erro dos resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

A análise de deviance foi realizada, por meio do teste de razão de verossimilhança (LRT), para os caracteres avaliados, como sugerido por Resende e Duarte (2007).

Os parâmetros genéticos foram estimados por meio da metodologia REML, e as médias genotípicas foram ajustadas e estimadas pelo procedimento BLUP. A partir do modelo utilizado, foram obtidos os seguintes parâmetros: σ^2g - variância genotípica; $\sigma^2\text{parc}$ - variância ambiental entre parcelas; σ^2e - variância residual (ambiental); σ^2f - variância fenotípica individual; h^2g - herdabilidade individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais; h^2aj - herdabilidade individual no sentido amplo, ajustado para os efeitos da parcela; c^2 - coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; $CVg\%$ - coeficiente de variação genotípica; $CVe\%$ - coeficiente de variação ambiental; e μ - média geral do experimento.

Os ganhos foram estimados a partir dos BLUPS individuais de cada população para cada característica avaliada. Os valores genotípicos para cada população foram obtidos adicionando cada efeito genotípico predito à média geral do experimento. O ganho genético foi calculado como a média dos vetores de efeito genético preditos para as populações selecionadas. A adição da média geral ao ganho genético resultou em um novo genótipo médio.

7.2.4.2 Avaliação fitopatológica

A avaliação fitopatológica foi realizada com 16 progênies da geração F₅ (Tabela 7.3), pré-selecionadas na geração F₂, no período de fevereiro a agosto de 2022.

Tabela 7.3 - Genealogia das progênies de feijão-fava pré-selecionadas na geração F₂, com resistência à antracnose, em Teresina – PI, 2022

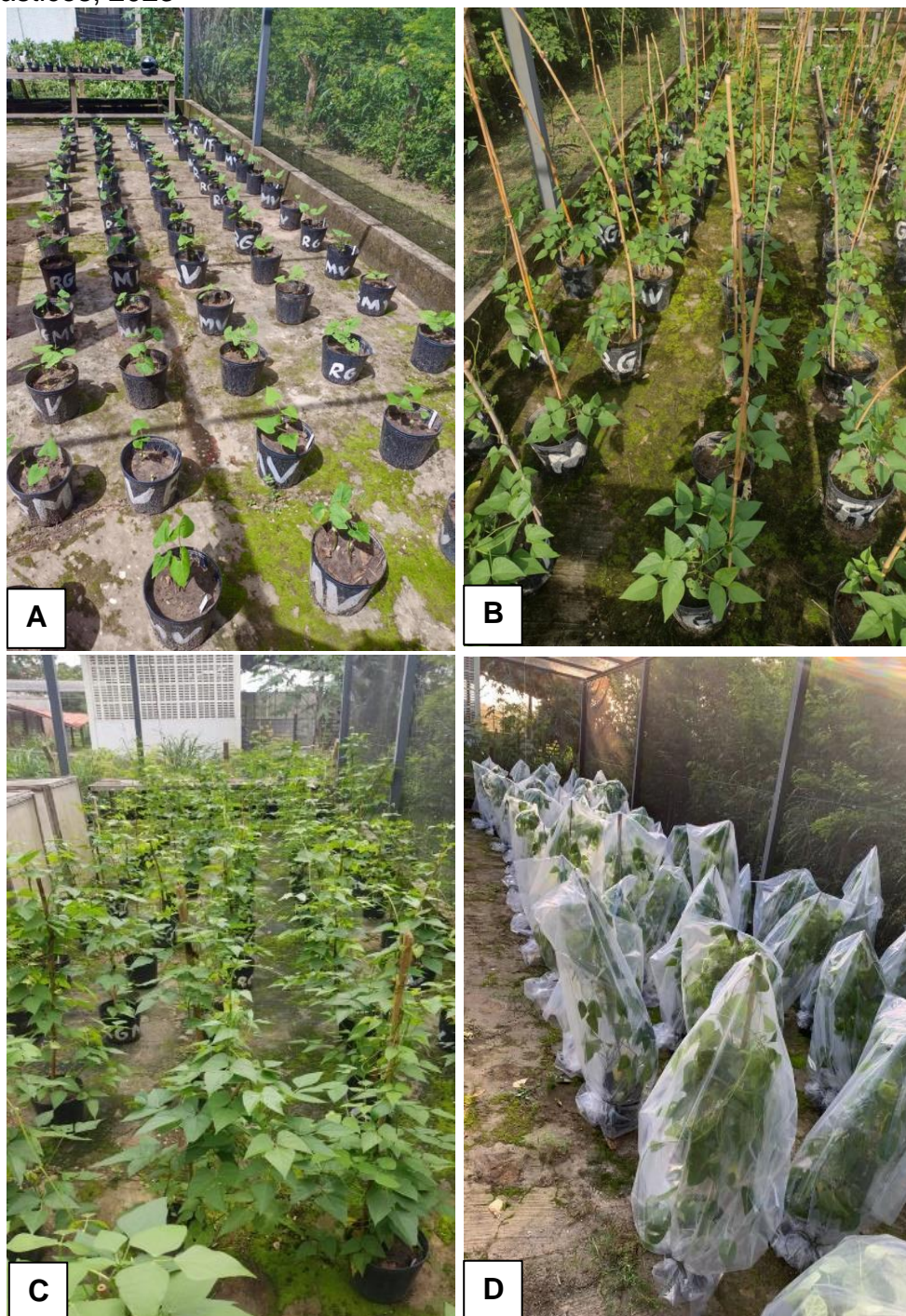
População	Genitor feminino	Genitor Masculino	Quantidade de progênies
P1	BGP-UFPI 1000	BGP-UFPI 251	10
P2	BGP-UFPI 798	BGP-UFPI 220	2
P3	BGP-UFPI 1000	BGP-UFPI 251	1
P4	BGP-UFPI 1002	BGP-UFPI 220	1
P5	BGP-UFPI 798	BGP-UFPI 832	1
P6	BGP-UFPI 1000	BGP-UFPI 220	1

Para avaliação fitopatológica, as progênies foram cultivadas em vasos de plástico (5L), no telado do Setor de Fitossanidade do Departamento de Fitotecnia da UFPI, entre os meses de fevereiro a abril de 2023, período que apresentou condições favoráveis para o desenvolvimento do fungo *C. truncatum* (Figura 7.7). Os tratos culturais foram os recomendados para a cultura (GOMES; LOPES, 2006).

O delineamento experimental utilizado foi o inteiramente casualizado, sendo a parcela constituída por uma planta.

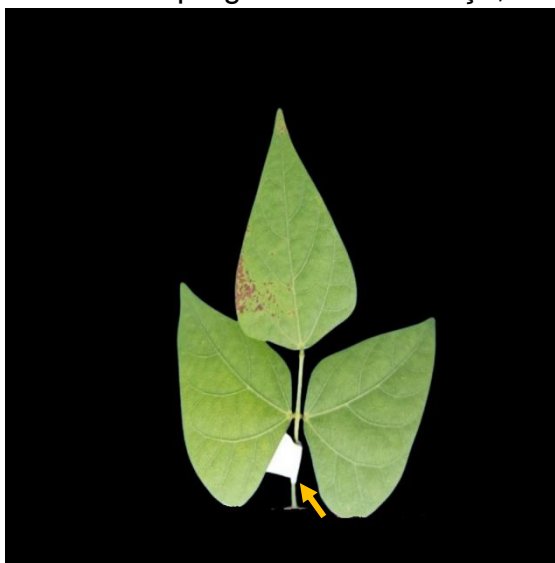
Na condução da avaliação das progênies na geração F₅ utilizou-se procedimentos metodológicos semelhantes aos aplicados na geração F₂, tanto com relação a resistência à antracnose, bem como quanto às análises estatísticas, exceto na enumeração nas folhas com fita, a fim de acompanhar os sintomas progressivamente (Figura 7.8 e 7.9).

Figura 7.7 - Progênies de feijão-fava na geração F₅, cultivadas em telado do Setor de Fitossanidade do Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal do Piauí, em Teresina – PI, (A) dez dias após a germinação, (B) tutoradas, vinte dias após a germinação, (C) trinta dias após a germinação, momentos antes da inoculação do fungo *Colletotricum truncatum*, (D) inoculadas e submetidas a câmara úmida com sacos plásticos, 2023



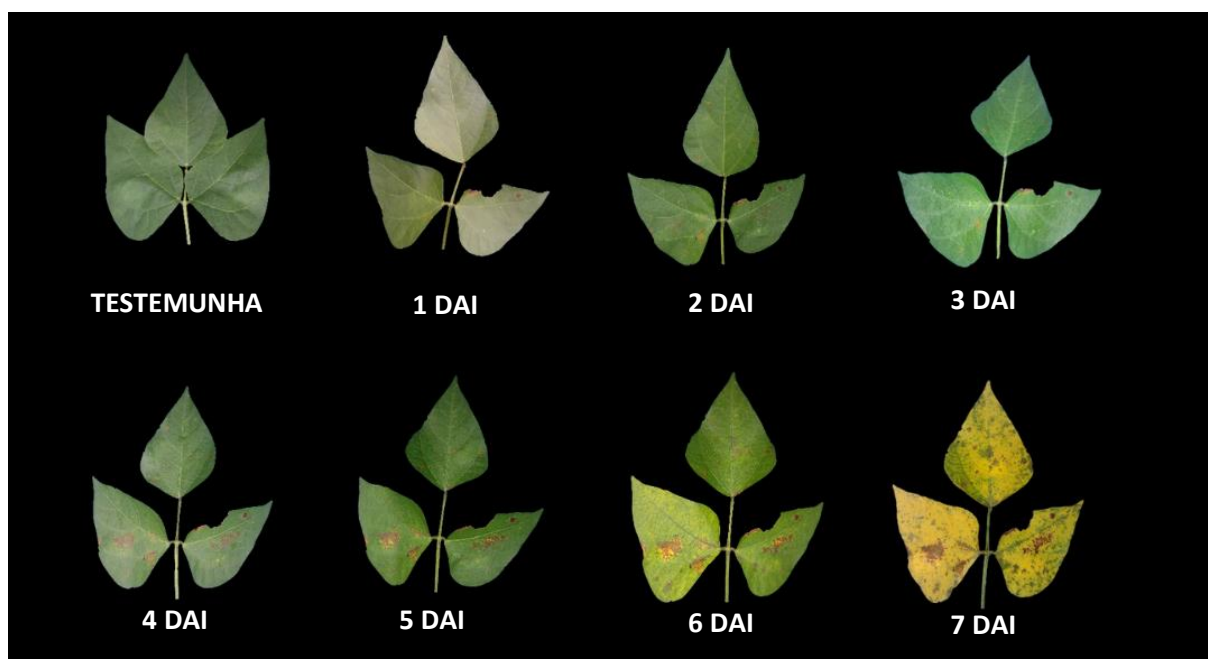
Fonte: Elaborado pela autora (2023).

Figura 7.8 – Folha de feijão-fava com sintomas de antracnose, enumerada para possibilitar o acompanhamento da progressão da doença, em Teresina - PI, 2023



Fonte: Elaborado pela autora (2023).

Figura 7.9 – Acompanhamento progressivo da evolução dos sintomas da antracnose nas folhas de feijão-fava, dias após a inoculação (DAI), em Teresina - PI, 2023



Fonte: Elaborado pela autora (2023).

7.2.4.3 Análise de componentes principais

Na análise de componentes principais, envolveu-se caracteres agromorfológicos e a área foliar infectada, mensurada pelo programa ASSES 2.0.

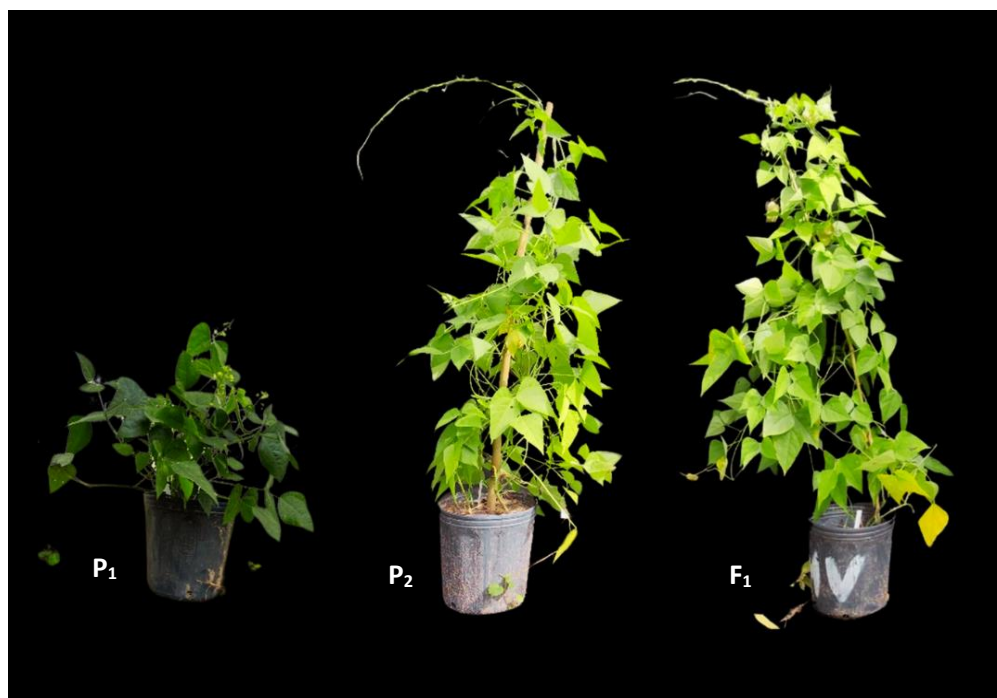
A matriz dos coeficientes de correlação linear de Pearson (r) entre os caracteres foi gerada, e pelo teste t de Student, a 5% de probabilidade, foi verificada a significância do r por meio do pacote corrplot.

7.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

7.3.1 Confirmação das plantas F_1 's via marcadores morfológicos

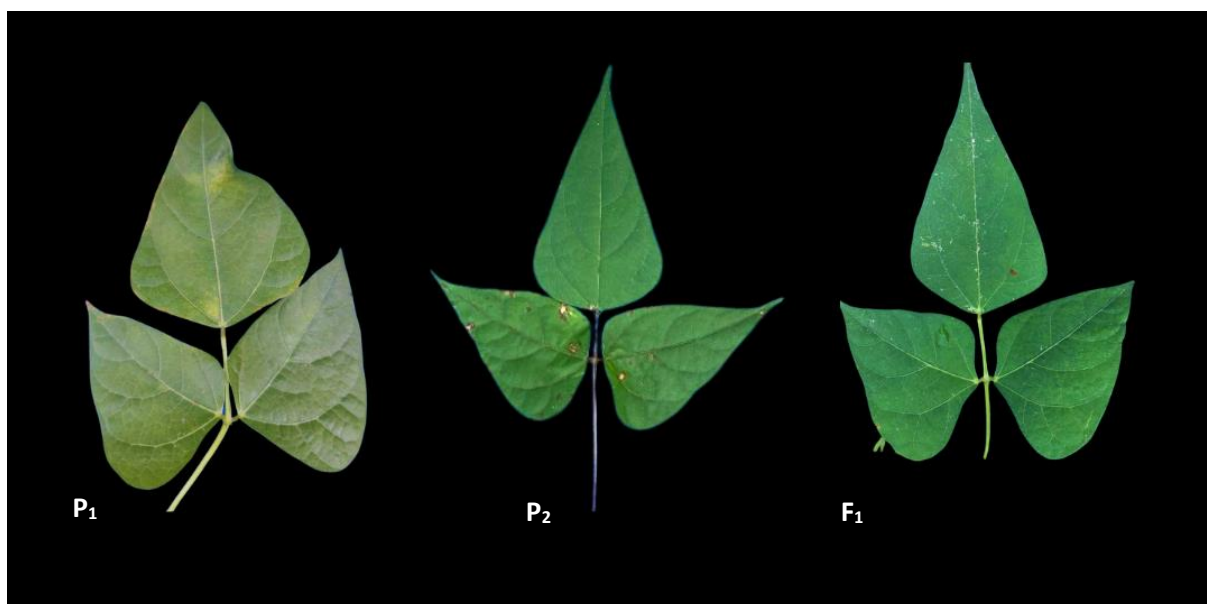
As plantas com caracteres existentes nos genótipos doadores, tais como: padrão de crescimento indeterminado (D-) (Figura 7.10) e forma do folíolo terminal da terceira folha trifoliada oval lanceolado (WI-) (Figura 7.11), foram consideradas F_1 's. O padrão da semente também auxiliou na seleção.

Figura 7.10 - Confirmação de planta de feijão-fava resultante de hibridação artificial. Genitor receptor (P_1), genitor doador (P_2) e geração F_1 , em Teresina – PI



Fonte: Elaborado pela autora (2020).

Figura 7.11 - Confirmação de planta de feijão-fava resultante de hibridação artificial. Foliolo central do genitor receptor (P_1), folíolo central genitor doador (P_2) e folíolo central da geração F_1 (F_1), em Teresina - PI, 2020



Fonte: Elaborado pela autora (2020).

7.3.2 Avaliação fitopatológica da geração F_2 quanto a área foliar lesionada

Em algumas linhagens (procedentes do cruzamento BGP-UFPI 1000 x BGP-UFPI 251) foi possível observar os sintomas três dias após a inoculação (DAI). Aos 5 DAI, com exceção das linhagens que tinham como um dos genitores BGP-UFPI 832, foram observados presença de manchas avermelhadas nos ramos, além de lesões visíveis nas nervuras das folhas, mostrando-se ser suscetíveis. Aos 7 DAI os genótipos altamente suscetíveis estavam com sintomas evidentes com ramos e pecíolos com extensas machas avermelhadas e queda de folhas. Já as progênes obtidas a partir do cruzamento que tinham como genitor masculino BGP-UFPI 832, praticamente não havia sintomas.

Em geral com relação a área foliar lesionada por *C. truncatum*, evidenciam-se diferenças significativas entre os genótipos de feijão-fava, o que indica presença de variabilidade uma vez que foram observados genótipos suscetíveis, bem como genótipos resistentes ao fungo. Os coeficientes de variação experimental (CV) variaram de 10,25% a 11,86% sendo, portanto, satisfatórios, permitindo a detecção de diferenças significativas entre os genótipos (Tabela 7.4).

Tabela 7.4 - Estimativas dos quadrados médios obtidos na análise de variância da avaliação realizada aos cinco e sete dias quanto a reação à antracnose, em 23 progênies de feijão-fava, provenientes de cruzamentos biparentais, em Teresina - PI, 2021

Fontes de variação	Graus de Liberdade	Quadrados médios	
		Avaliação aos 5 dias	Avaliação aos 7 dias
Tratamento	22	5,84**	6,94**
Repetição	2	0,39**	0,65**
Resíduo	66	2,20	2,05
Média		1,54	1,72
CV (%)		11,86	10,25

**Significativo pelo Teste T ($p < 0,05$).

Considerando as avaliações realizadas aos 5 DAI, observou-se nove genótipos classificados com altamente suscetíveis, oito classificados como moderadamente suscetíveis, treze classificados como moderadamente resistentes e quatro classificados como altamente resistentes. Foram formados três grupos (Tabela 7.5), sendo o grupo “a” correspondendo aos genótipos classificados como altamente suscetíveis “AS”, o “b” aos genótipos moderadamente suscetíveis “MS” e o “c” correspondendo aqueles que foram classificados como resistentes “AR”, isso para a avaliação aos cinco dias após inoculação do fungo.

Aos 7 DAI percebeu-se uma mudança de classificação de alguns genótipos. No qual os genótipos previamente classificados como moderadamente suscetíveis passaram a ser classificados como altamente suscetíveis. Um genótipo moderadamente resistente, passou a ser classificado como moderadamente resistente (Tabela 7.5). Também houve a formação de três grupos. O grupo “a” correspondendo aos genótipos classificados como altamente suscetíveis “AS” “b” incluiu genótipos classificados como moderadamente suscetíveis “MS” e moderadamente resistentes “MR” e o “c” aos genótipos moderadamente resistentes e altamente resistentes “AR” (Figura 7.5). Isso pode ser explicado pela progressão da doença, mudando a nota atribuída e conseqüentemente, alterando sua classificação, visto que, alguns genótipos que aos cinco dias foram considerados moderadamente suscetíveis, passaram a ser considerados altamente suscetíveis, aos sete dias.

Tabela 7.5 - Médias das notas atribuídas às reações dos genótipos de feijão-fava a *Colletotrichum truncatum*, avaliados aos cinco e sete dias após a inoculação, em Teresina - PI, 2021

População	5 DAI*		Reação	Genótipos	7 DAI*		Reação
P1.05	4,00	A	AS	P1.05	5,00	A	AS
P1.08	3,67	A	AS	P1.11	4,33	A	AS
P1.11	3,33	A	AS	P1.08	4,00	A	AS
P3.03	3,00	A	MS	P3.02	3,67	B	AS
P3.01	2,67	A	MS	P3.03	3,67	B	AS
P3.02	2,67	A	MS	P1.07	3,33	B	AS
P1.07	2,33	B	MR	P3.01	3,33	B	AS
P1.03	2,33	B	MR	P1.14	2,67	C	MR
P1.12	2,33	B	MR	P1.03	2,67	C	MR
P1.09	2,33	B	MR	P1.12	2,67	C	MR
P1.14	2,00	B	MR	P1.13	2,67	C	MR
P1.13	2,00	B	MR	P1.01	2,67	C	MR
P1.01	2,00	B	MR	P1.09	2,67	C	MR
P1.10	2,00	B	MR	P1.10	2,33	C	MR
P1.06	2,00	B	MR	P1.04	2,33	C	MR
P1.04	2,00	B	MR	P1.02	2,33	C	MR
P1.02	2,00	B	MR	P1.06	2,33	C	MR
P2.02	1,67	C	MR	P3.04	2,00	C	MR
P2.01	1,67	C	MR	P2.02	2,00	C	MR
P4.01	1,33	C	AR	P2.01	2,00	C	MR
P3.04	1,33	C	AR	P5.01	2,00	C	MR
P6.01	1,33	C	AR	P4.01	1,67	C	AR
P5.01	1,00	C	AR	P6.01	1,33	C	AR

*DAI: dias após a inoculação

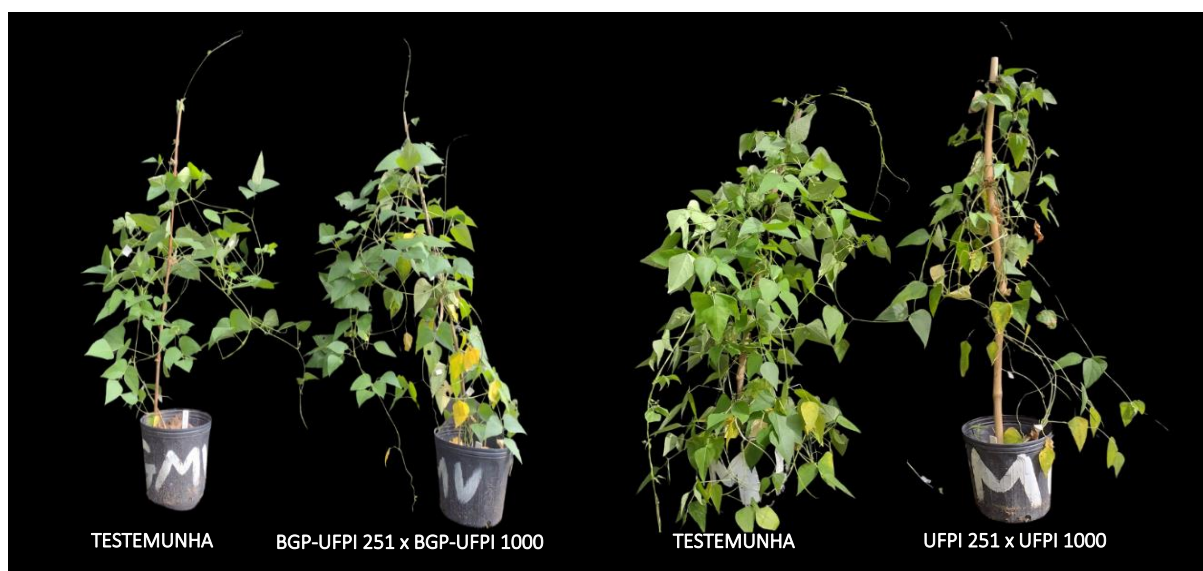
A alteração observada entre as avaliações realizadas aos cinco e sete dias após a inoculação, ou seja, o aumento da suscetibilidade ao fungo após sete dias de contágio, também foi observada nos estudos de Brito et al. (2022), Carmo et al. (2015) e Cavalcante et al. (2012), que atribuíram a mudança de classificação ao comportamento hemibiotrófico do gênero *Colletotrichum*.

Após a avaliação fitopatológica aos sete dias após a inoculação, foram selecionadas 16 progênies para o avanço de geração, por manifestarem resistência do tipo MR e AR e manterem o comportamento observado aos 5 DAI.

Dentre as 16 progênies selecionadas, 11 MR são provenientes do cruzamento BGP-UFPI 1000 x BGP-UFPI 251 (Figura 7.13). Essas progênies têm como um dos genitores o genótipo BGP-UFPI 251, que já havia sido classificado com AR em estudos

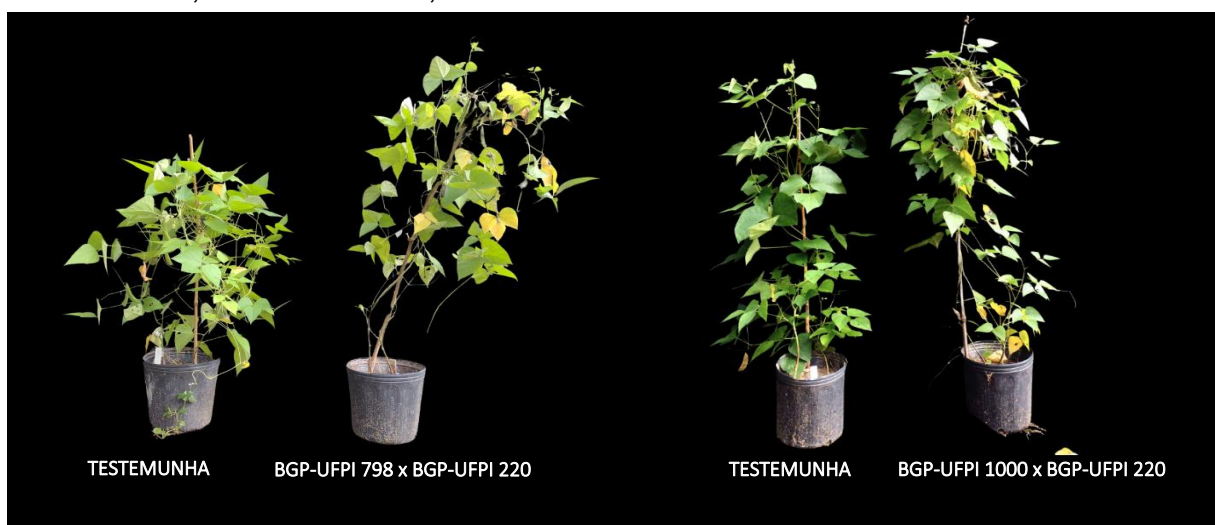
realizados por Cavalcante et al. (2012), na avaliação de genótipos de feijão-fava resistentes a *C. truncatum* a partir de folha destacada. Foram selecionadas também duas progênes provenientes do cruzamento BGP-UFPI 798 x BGP-UFPI 220 (Figura 7.13), uma do cruzamento BGP-UFPI 1000 x BGP-UFPI 220 (Figura 7.14) e uma do cruzamento BGP-UFPI 1002 x BGP-UFPI 220 (Figura 7.14). As quatro progênes têm em comum o genitor masculino BGP-UFPI 220, anteriormente classificado como MR em estudos em inoculação da planta inteira por Brito et al. (2022) e Cavalcante et al. (2012). Foi ainda selecionada uma progênie proveniente do cruzamento BGP-UFPI 798 x BGP-UFPI 832 (Figura 7.14). O genitor masculino envolvido foi o BGP-UFPI 832, classificado como AR em estudos de Brito et al. (2022).

Figura 7.12 - Progênes de feijão-fava resultantes do cruzamento BGP-UFPI 251 x BGP-UFPI 1000, com as suas respectivas testemunhas, em Teresina-PI, 2021



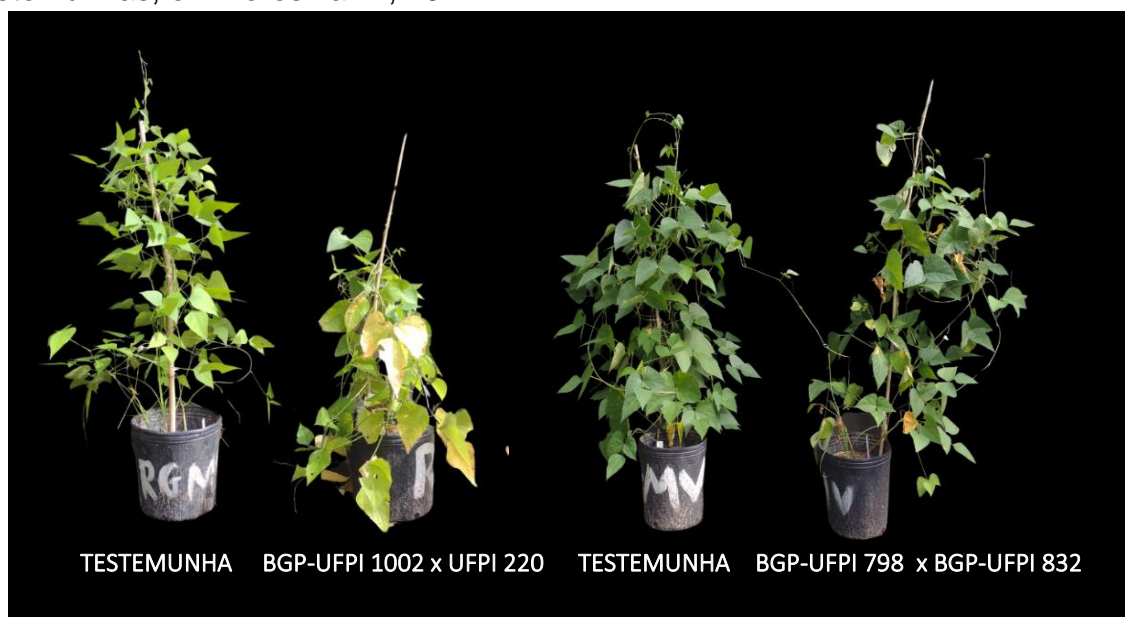
Fonte: Elaborado pela autora (2021).

Figura 7.13 – Progênies de feijão-fava resultantes dos cruzamentos BGP-UFPI 798 x BGP-UFPI 220 e BGP-UFPI 1000 x BGP-UFPI 220, com as suas respectivas testemunhas, em Teresina-PI, 2021



Fonte: Elaborado pela autora (2021).

Figura 7.14 – Progênies de feijão-fava resultantes dos cruzamentos BGP-UFPI 798 x BGP-UFPI 832 e BGP-UFPI 1002 x BGP-UFPI 220, com as suas respectivas testemunhas, em Teresina-PI, 2021



Fonte: Elaborado pela autora (2021).

6.3.3 Avaliação agromorfológica da geração F₅

Considerando as médias dos caracteres agromorfológicos das populações avaliadas em campo, para largura da vagem os valores variam de 13,24 mm, na população “BGP-UFPI 1000 x BGP-UFPI 251” (P3) a 15,62 mm, na população ‘BGP-

UFPI 798 x BGP-UFPI 832” (P5). Para o comprimento de vagem, as maiores médias, 62,95 mm; 60,70 mm e 59,74 mm foram para as populações “BGP-UFPI 798 x BGP-UFPI 220” (P2), “BGP-UFPI 1000 x BGP-UFPI 251” (P1) e “BGP-UFPI 798 x BGP-UFPI 832” (P5), respectivamente. Para espessura da vagem (EV), a população “BGP-UFPI 1000 x BGP-UFPI 251” (P1) obteve a maior média (Tabela 7.6).

Em relação ao número de lóculos por vagem e ao número de sementes por vagem, observa-se que permaneceram na faixa entre 2 e 3 lóculos e/ou sementes, sendo uma característica da cultura. A maior largura da semente foi para a população “BGP-UFPI 798 x BGP-UFPI 220” (P2), o comprimento da semente foi maior para a população “BGP-UFPI 798 x BGP-UFPI 832” (P5) e para espessura da semente, destacou-se a população “BGP-UFPI 1002 x BGP-UFPI 220” (P4). As populações “BGP-UFPI 798 x BGP-UFPI 220” (P2), “BGP-UFPI 1000 x BGP-UFPI 251” (P1) e “BGP-UFPI 798 x BGP-UFPI 832” (P5) foram as que apresentaram as maiores massas para 100 grãos (M100) (Tabela 7.6).

Tabela 7.6 – Médias dos caracteres agromorfológicos largura da vagem (LV), comprimento da vagem (CV), espessura da vagem (EV), número de lóculos por vagem (NLC), número de sementes por vagens (NSV), massa de cem grãos (M100), largura da semente (LS), comprimento da semente (CS) espessura da semente (ES) avaliadas em seis populações de feijão-fava na geração F₅, em Teresina-PI, 2023

Populações	LV	CV	EV	NLC	NSV	LS	CS	ES	M100
	mm	mm	Mm	un.	un.	Mm	mm	mm	G
P1	13,66	60,70	8,30	2,74	2,68	8,49	11,99	5,07	38,89
P2	14,78	62,95	6,88	2,74	2,64	8,67	12,30	4,97	50,24
P3	13,24	55,69	7,76	3,04	2,90	7,81	10,91	4,87	36,96
P4	13,50	50,13	7,84	2,76	2,74	7,17	8,88	5,67	28,28
P5	15,62	59,74	7,96	2,70	2,64	8,66	12,34	4,94	38,38
P6	13,99	57,89	8,18	2,82	2,64	7,80	11,32	4,90	30,65

Legenda: mm – milímetros; un. – unidade; g – gramas

Fonte: Elaborado pela autora (2023).

Pela análise de Deviance (Tabela 7.7), observou-se o efeito significativo das populações para as características avaliadas: largura da vagem, comprimento da vagem, espessura da vagem, número de lóculos por vagem, número de sementes por vagens, massa de cem grãos (M100), produtividade de grãos, largura da semente, comprimento da semente, espessura da semente, número de dias para o florescimento, número de dias para início da formação de vagens, número de dias para a maturação de vagens e número de dias para surgimento de sintomas de

antracnose nas plantas, a 1% e 5% de probabilidade pelo teste de qui-quadrado, indicando a existência de diferença genética entre as populações avaliadas e que os valores se encontram ajustados ao modelo proposto.

Tabela 7.7 - Análise de deviance para as características: número de dias para o florescimento, número de dias para início da formação de vagens, número de dias para a maturação de vagens, número de dias para surgimento de sintomas de antracnose nas plantas, largura da vagem, comprimento da vagem, espessura da vagem, número de lóculos por vagem, número de sementes por vagens, largura da semente, comprimento da semente, espessura da semente e massa de 100 grãos, produtividade de grãos, avaliadas em seis populações de feijão-fava na geração F₅, em Teresina-PI, 2023

Efeito	Deviance	LRT (qui-quadrado ^d)
Número de dias para o florescimento	161,64 ⁺	23,54 ^{**}
Número de dias para início da formação de vagens	152,44 ⁺	35,17 ^{**}
Número de dias para a maturação de vagens	159,87 ⁺	23,35 ^{**}
Número de dias para surgimento de antracnose	135,08 ⁺	20,57 ^{**}
Largura da vagem	542,71 ⁺	45,57 ^{**}
Comprimento da vagem	1554,89 ⁺	45,12 ^{**}
Espessura da vagem	1045,08 ⁺	84,92 ^{**}
Número de lóculos por vagem	-44,12 ⁺	68,23 ^{**}
Número de sementes por vagens	-26,42 ⁺	73,11 ^{**}
Largura da semente	180,56 ⁺	43,93 ^{**}
Comprimento da semente	463,21 ⁺	43,29 ^{**}
Espessura da semente	-163,29 ⁺	47,78 ^{**}
Massa de 100 grãos	157,87 ⁺	22,66 ^{**}
Produtividade de grãos	349,60 ⁺	24,08 ^{**}

** Significativo pelo teste do Qui-Quadrado com 1 GL (1% = 6,63 e 5% = 3,84). LRT: teste de razão de verossimilhança.

Para os caracteres: número de dias para floração, número de dias para a formação de vagens, número de dias para a maturação, número de dias para o surgimento de antracnose nas plantas, comprimento da semente e massa de cem grãos apresentaram variância genética (σ^2_g) com valores superiores às variâncias residuais (σ^2_e) (Tabelas 7.8, 7.9, 7.10), indicando a possibilidade de sucesso na seleção para tais caracteres em programa de melhoramento. A variância residual inferior à variância genética, demonstra que o ambiente exerceu pouca influência sobre esses caracteres.

Tabela 7.8 - Estimativas dos parâmetros genéticos para o número de dias para floração (NDF), dias para formação de vagem (NFV), número de dias para maturação da vagem (NDM) e número de dias para o surgimento de sintomas de antracnose nas plantas (NDA), avaliados em seis populações de feijão-fava na geração F₅, via metodologia REML/BLUP, em Teresina - PI, 2023

Parâmetros genéticos	Caracteres			
	NDF	NDV	NDM	NDA
σ^2_g	106,19	114,18	146,54	195,72
σ^2_{parc}	7,19	0,30	5,58	2,64
σ^2_e	52,36	38,83	46,21	15,19
σ^2_f	165,75	153,31	198,34	213,57
h^2_g	0,64 ± 0,41	0,74 ± 0,44	0,73 ± 0,44	0,91 ± 0,49
h^2_{aj}	0,66	0,74	0,76	0,92
c2	0,04	0,00	0,02	0,01
CVg%	15,40	13,92	13,21	20,21
CVe%	11,53	8,15	7,85	6,10
CVg/CVe	1,33	1,70	1,68	3,31
μ	66,90	76,72	91,63	69,21

Legenda: σ^2_g : variância genotípica; σ^2_{parc} : variância ambiental entre parcelas; σ^2_e : variância residual (ambiental); σ^2_f : variância fenotípica individual; h^2_g : herdabilidade individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais; h^2_{aj} : herdabilidade individual no sentido amplo, ajustado para os efeitos da parcela; c2: coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; CVg%: coeficiente de variação genotípica; CVe%: coeficiente de variação ambiental; CVg/CVe: razão entre coeficiente de variação genotípica e o coeficiente de variação ambiental; μ : média geral do experimento.

Fonte: Elaborado pela autora (2023).

Tabela 7.9 - Estimativas dos parâmetros genéticos para largura de vagem (LV), comprimento da vagem (CV), espessura da vagem (EV), número de lóculos por vagem (NLC) e número de sementes por vagem (NSV), avaliados em seis populações de feijão-fava na geração F₅, via metodologia REML/BLUP, em Teresina - PI, 2023

Parâmetros genéticos	Caracteres				
	LV (mm)	CV (mm)	EV (mm)	NLC	NSV
σ^2_g	0,19	19,46	0,01	0,01	0,00
σ^2_{parc}	0,20	11,02	0,00	0,00	0,00
σ^2_e	2,04	60,37	11,88	0,30	0,32
σ^2_f	3,17	90,86	11,90	0,31	0,33
h^2_g	0,28 ± 0,08	0,21 ± 0,07	0,00 ± 0,00	0,02 ± 0,02	0,01 ± 0,01
h^2_{aj}	0,30	0,2438	0,00	0,02	0,00
c2	0,06	0,12	0,00	0,00	0,00
CVg%	6,85	7,65	1,71	3,43	2,00
CVe%	4,57	7,16	14,03	6,27	6,68
CVg/CVe	1,49	1,06	0,12	0,54	0,29
μ	13,99	57,61	7,77	2,80	2,71

Legenda: σ^2_g : variância genotípica; σ^2_{parc} : variância ambiental entre parcelas; σ^2_e : variância residual (ambiental); σ^2_f : variância fenotípica individual; h^2_g : herdabilidade individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais; h^2_{aj} : herdabilidade individual no sentido amplo, ajustado para os efeitos da parcela; c2: coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; CVg%: coeficiente de variação genotípica; CVe%: coeficiente de variação ambiental; CVg/CVe: razão entre coeficiente de variação genotípica e o coeficiente de variação ambiental; μ : média geral do experimento.

Fonte: Elaborado pela autora (2023).

Tabela 7.10 - Estimativas dos parâmetros genéticos para largura da semente (LS), comprimento da semente (CS), espessura da semente (ES), massa de cem grãos (M100) e produtividade de grãos, avaliados em seis populações de feijão-fava na geração F₅, via metodologia REML/BLUP, em Teresina - PI, 2023

Parâmetros genéticos	Caracteres				
	LS (mm)	CS (mm)	ES (mm)	M100 (g)	PROD (kg/ha)
σ^2_g	0,39	1,70	0,09	49,69	6597,91
σ^2_{parc}	0,13	0,37	0,01	13,31	34467,12
σ^2_e	0,60	1,53	0,19	48,39	37297,98
σ^2_f	1,13	3,60	0,29	111,40	78363,02
h^2_g	0,34 ± 0,09	0,47 ± 0,11	0,32 ± 0,09	0,44 ± 0,34	0,08 ± 0,29
h^2_{aj}	0,39	0,52	0,33	0,50	0,15
c2	0,12	0,10	0,01	0,11	0,12
CVg%	7,83	11,62	6,20	18,93	19,05
CVe%	5,54	6,46	3,15	21,09	48,59
CVg/CVe	1,41	1,79	1,96	0,89	0,39
μ	8,05	11,22	5,04	37,23	426,29

Legenda: σ^2_g : variância genotípica; σ^2_{parc} : variância ambiental entre parcelas; σ^2_e : variância residual (ambiental); σ^2_f : variância fenotípica individual; h^2_g : herdabilidade individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais; h^2_{aj} : herdabilidade individual no sentido amplo, ajustado para os efeitos da parcela; c2: coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; CVg%: coeficiente de variação genotípica; CVe%: coeficiente de variação ambiental; CVg/CVe: razão entre coeficiente de variação genotípica e o coeficiente de variação ambiental; μ : média geral do experimento.

Fonte: Elaborado pela autora (2023).

A herdabilidade reflete a variância genética presente na população e o efeito do ambiente na expressão dos caracteres, de modo que quanto maior esse coeficiente, maior o sucesso de seleção para o carácter em questão. De acordo com Resende (2015), a herdabilidade pode ser classificada como baixa ($0,01 \leq h^2 \leq 0,15$), intermediária ($0,01 < h^2 < 0,50$) e alta ($h^2 \geq 0,50$).

Nesse estudo, os coeficientes de herdabilidade (h^2) estimados variaram de 0,91, no número de dias para o surgimento de antracnose nas plantas, a 0,00, na espessura da vagem. O número de dias para floração, número de dias para a formação de vagens, número de dias para a maturação das vagens e número de dias para o surgimento de antracnose nas plantas apresentaram valores de herdabilidade de magnitude alta (64,06%; 74,47%; 73,88% e 91,64%, respectivamente) (Tabela 7.8). Esses valores indicam que a maior parte da variação observada é decorrente dos efeitos genéticos, proporcionando alta precisão na seleção (MOITINHO, 2021).

Para os caracteres largura de vagem, comprimento da vagem, largura da semente, comprimento da semente, espessura da semente, massa de cem grãos e

produtividade de grãos, a h^2 foi intermediária (Tabela 7.9 e 7.10). Para o número de lóculos por vagem, a h^2 foi baixa, e para espessura da vagem e número de sementes por vagem, muito baixa (Tabela 7.9). Os valores de baixa magnitude sugerem que as condições não são favoráveis à seleção de plantas (PIMENTEL et al., 2014), tendo em vista que os baixos valores de herdabilidade podem ser atribuídos à própria variabilidade genética existente, considerando que esse parâmetro é a relação entre a variância genética e a variância fenotípica, que por sua vez agrupa as variâncias experimental, genética e do efeito genótipo x ambiente (BORÉM; MIRANDA; FRITSCHÉ-NETO, 2021).

Em pesquisa desenvolvida por Carvalho et al. (2022), que estimaram baixos valores de herdabilidade, o resultado foi atribuído à falta de um planejamento experimental adequado, número ineficiente de repetições no experimento ou avaliações realizadas em um único ambiente.

O coeficiente de variação genotípica (CVg%) quantifica a magnitude da variação genética disponível para seleção, e por isso, altos valores são desejáveis (FERRÃO et al., 2008). Os coeficientes de variação genética variaram de 1,71% para espessura da vagem a 20,21% para número de dias para o surgimento de sintomas de antracnose nas plantas (Tabelas 7.8, 7.9 e 7.10).

O coeficiente de variação ambiental (CVe%) é uma das medidas mais utilizadas para avaliar a precisão de ensaios agronômicos experimentais (STORCK et al., 2010). Para a cultura do feijão-fava, não se encontra valores de referência, por essa razão utilizou-se a classificação proposta por Gomes (2009), a qual considera valores de CVe baixo (CVe < 10%), médio (10% ≤ CVe < 20%), alto (20% ≤ CVe < 30%) e muito alto (CVe > 30%).

No presente estudo, os valores de CVe% oscilaram entre 3,15% para espessura da semente e 48,59 % para produtividade de grãos. O valor de CVe% foi considerado alto para massa de 100 grãos e produtividade de grãos, médio para número de dias para floração e espessura de vagem (Tabelas 7.8, 7.9 e 7.10). Para os demais caracteres, os valores de CVe% foram baixos, indicando condição favorável à seleção na condição experimental avaliada.

Para os coeficientes de variação experimental, Brasil (2012) estabelece que não ultrapassem 25%, sendo aplicado para as culturas da soja, trigo, feijão, milho e sorgo. Nesse sentido, as variações apresentadas, com exceção da produtividade de

grãos, se encontram em conformidade com a recomendação citada. Os valores elevados de CVg/CVe para massa de 100 grãos e produtividade de grãos podem estar relacionados à natureza genéticas desses caracteres, que são bastante influenciados pelo ambiente.

Valores estimados dos coeficientes de herdabilidade indicam que a perspectiva de sucesso com a seleção é elevada, o que foi confirmado pelos valores obtidos na razão CVg/CVe , próximos ou maior que 1, indicando que a variação genética disponível é a maior responsável pela variação estimada para os caracteres nas populações. Essa razão pode ser empregada como índice indicativo favorável à seleção dos genótipos para cada carácter (LEITE et al., 2016). Assim, todos os caracteres avaliados, com exceção da espessura da vagem, número de lóculos por vagem, número de sementes por vagem e produtividade de grãos, apresentaram razão CVg/CVe próximos ou superior à 1, o que representa situação favorável à seleção de progênes superiores (Tabelas 7.8, 7.9 e 7.10).

Em programas de melhoramento vegetal, é essencial empregar abordagens metodológicas específicas, que possam traduzir de maneira confiável a seleção de genótipos superiores. Nesse contexto, a utilização de valores genéticos previstos por meio da metodologia REML/BLUP se apresenta como uma alternativa viável para a seleção de plantas com sistemas reprodutivos mistos, como é o caso do feijão-fava (CARVALHO et al., 2022; TORRES FILHO et al., 2017).

Pela análise dos valores genotípicos previstos, os ganhos preditos para as populações avaliadas e as novas médias baseadas no efeito aditivo para os caracteres avaliados, obteve-se uma nova média geral para cada carácter, por meio do BLUP individual. As novas médias então foram ordenadas em forma de ranqueamento das populações (Tabelas 7.11 e 7.12).

Tabela 7.11 - Ranking, ganhos de seleção e novas médias para número de dias para a floração (NDF), número de dias para o surgimento de vagens (NDV), número de dias para a maturação das vagens (NDM) e número de dias para o surgimento de sintomas de antracnose nas plantas (NDA), avaliados em seis populações de feijão-fava na geração F₅, utilizando o modelo 81 do SELEGEN, Teresina-PI, 2023

Ordem	NDF			NDV		
	Código	Ganho	Média	Código	Ganho	Média
1°	P6	0,00	66,90	P6	0,00	76,72
2°	P1	3,34	69,25	P3	2,44	79,17
3°	P3	4,66	71,56	P1	4,54	81,27
4°	P4	7,51	74,42	P4	7,93	84,65
5°	P2	11,44	78,35	P5	12,56	89,29
6°	P5	14,64	81,64	P2	12,81	89,53

Ordem	NDM			NDA		
	Código	Ganho	Média	Código	Ganho	Média
1°	P6	0,00	91,63	P6	0,00	69,21
2°	P4	3,24	94,87	P1	23,39	72,60
3°	P1	5,03	96,62	P2	6,11	75,33
4°	P3	7,98	99,62	P3	10,61	79,83
5°	P2	13,79	105,43	P5	15,05	84,26
6°	P5	14,96	106,60	P4	22,43	91,65

Fonte: Elaborado pela autora (2023).

Para os caracteres número de dias para a floração, número de dias para formação de vagens, número de dias para maturação das vagens e número de dias para o surgimento de sintomas de antracnose, a população “BGP-UFPI 1001 X BGP-UFPI 220” (P6) destacou-se por ser a primeira colocada, apresentando ciclo de desenvolvimento precoce em relação as demais, seguido das populações “BGP-UFPI 1000 x BGP-251” (P1) e “BGP-UFPI 1000 x BGP-UFPI 251” (P3) (Tabela 7.11).

A precocidade apresenta vantagens como subterfúgio aos períodos de plantios que propiciam estresse climático, baixa disponibilidade de água e períodos de cultivo mais curtos (BURATTO et al., 2007).

Considerando que o feijão-fava apresenta valor econômico significativo para a região do Nordeste brasileiro, a precocidade pode proporcionar o seu cultivo sustentável e rentável como estratégia (LUSTOSA-SILVA et al., 2023), assegura menor período de exposição da planta ao patógeno, de forma que o uso de genótipos precoces é uma medida de controle satisfatoriamente ajustável aos princípios de controle de Whetzel (WHETZEL et al., 1925; WHETZEL, 1929), sendo agrupada no princípio da evasão visando a prevenção da doença por estratégias contra o patógeno e/ou contra o ambiente favorável ao seu desenvolvimento (AMORIM et al., 2018).

O número de dias para a maturação é um carácter desejável no melhoramento da cultura, uma vez que os genótipos precoces de feijão-fava são menos suscetíveis ao ataque de pragas e doenças, e diminuem os custos de produção, sendo, portanto, promissores (ASSUNÇÃO FILHO et al., 2022).

Por outro lado, as populações “BGP-UFPI 798 x BGP-UFPI 832” (P5) e “BGP-UFPI 798 x BGP-UFPI 220” (P2) permaneceram nas últimas colocações no ranqueamento para os caracteres observados, sendo caracterizadas como de ciclo tardio (Tabela 7.11).

Considerando os caracteres de vagem e semente, as populações que mais se destacaram foram “BGP-UFPI 1000 x BGP-UFPI 251” (P1), “BGP-UFPI 798 x BGP-UFPI 220” (P2) e “BGP-UFPI 798 x BGP-UFPI 832” (P5). Essas populações mantiveram posições semelhantes para os referidos caracteres, com exceção do número de lóculos por vagem e número de sementes por vagem, para os quais as populações “BGP-UFPI 1000 x BGP-UFPI 251” (P3), “BGP-UFPI 1002 x BGP-UFPI 220” (P4) e “BGP-UFPI 1001 x BGP-UFPI 220” (P6) se destacaram (Tabela 7.12). Para a produtividade de grãos, as populações “BGP-UFPI 1000 x BGP-UFPI 251” (P3), “BGP-UFPI 1002 x BGP-UFPI 220” (P4) e “BGP-UFPI 1000 x BGP-UFPI 251” (P1) apresentaram os maiores valores.

Tabela 7.12 – Ranking, ganhos de seleção e novas médias para os caracteres: largura da vagem (LV), comprimento da vagem (CV), espessura da vagem (EV), número de lóculos por vagem (NLC), número de sementes por vagens (NSV), largura da semente (LS), comprimento da semente (CS), espessura da semente (ES), peso de 100 grãos (P100) e produtividade (PROD), avaliados em seis populações de feijão-fava F₅, utilizando o modelo 81 do SELEGEN, em Teresina-PI, 2023

Ordem	LV (mm)			CV (mm)		
	Código	Ganho	Média	Código	Ganho	Média
1°	P5	1,54	15,54	P2	5,01	62,63
2°	P2	1,14	15,14	P1	3,96	61,57
3°	P1	0,65	14,65	P5	3,30	60,92
4°	P4	0,37	14,37	P6	2,21	59,83
5°	P3	0,15	14,15	P3	1,40	59,02
6°	P6	0,00	13,99	P6	0,00	57,61
Ordem	EV (mm)			NLC		
	Código	Ganho	Média	Código	Ganho	Média
1°	P1	0,03	7,81	P3	0,14	2,94
2°	P5	0,02	7,80	P6	0,07	2,87
3°	P6	0,02	7,79	P4	0,04	2,84
4°	P4	0,01	7,79	P1	0,02	2,82
5°	P3	0,01	7,79	P2	0,01	2,81
6°	P2	0,00	7,77	P5	0,00	2,80
Ordem	NSV			LS (mm)		
	Código	Ganho	Média	Código	Ganho	Média
1°	P3	0,05	2,77	P2	0,59	8,65
2°	P4	0,03	2,74	P5	0,59	8,64
3°	P6	0,01	2,73	P1	0,53	8,58
4°	P1	0,01	2,72	P3	0,34	8,39
5°	P2	0,00	2,72	P6	0,17	8,22
6°	P5	0,00	2,71	P4	0,00	8,05
Ordem	CS (mm)			ES (mm)		
	Código	Ganho	Média	Código	Ganho	Média
1°	8,65	P5	1,09	12,32	P4	0,59
2°	8,64	P2	1,07	12,30	P1	0,30
3°	8,58	P1	0,96	12,19	P2	0,17
4°	8,39	P6	0,65	11,88	P5	0,10
5°	8,22	P3	0,46	11,68	P3	0,05
6°	8,05	P4	0,00	11,22	P6	0,00
Ordem	P100 (g)			PROD (kg/ha)		
	Código	Ganho	Média	Código	Ganho	Média
1°	P2	10,88	48,12	P3	21,92	448,22
2°	P1	6,13	43,37	P4	16,35	442,65
3°	P5	4,41	41,64	P1	11,67	437,97
4°	P3	3,25	40,48	P6	8,29	434,59
5°	P6	1,49	38,73	P2	4,45	430,75
6°	P4	0,00	37,23	P5	0,00	426,29

As populações P1 e P2, que se destacaram quanto aos caracteres de vagem e semente e produtividade de grãos, apresentam padrão predominante de tegumento de coloração branca, considerado o padrão de semente visado pelo comércio (LOPES et al., 2010).

Caracteres relacionados às vagens se correlacionam positivamente com o rendimento de grãos, sendo essenciais para o melhoramento do feijão-fava (ASSUNÇÃO FILHO et al., 2022). Em adição, ganhos nos caracteres referentes às vagens são desejáveis tendo em vista que proporcionam a colheita manual

Os caracteres relativos à cor do tegumento foram avaliados pela sua importância e aceitação no mercado, devido ao consumidor nordestino preferir grãos grandes e de coloração branca (LOPES et al., 2010). Contudo, no Piauí, o padrão comercial mais procurado é o da variedade crioula “Boca de moça”, de grãos grandes, com mancha avermelhada em torno do hilo.

Quanto à cor de fundo, a maioria das populações apresentaram cor branca (64%), laranja (16%), rosa (7,3%) e vermelho-púrpura (6,3%) (Tabela 7.13).

Em relação à cor padrão, 82,3% apresentam cor padrão ausente, ou seja, sem padrão bicolor e 17,7% apresentam padrão bicolor, destacando-se o castanho-claro (10,3%), vermelho-púrpura (4,0%) e castanho-escuro (3,4%). Para a segunda cor padrão, em 83,6% foram ausentes, e 16,4% dos que apresentaram, variaram entre vermelho escuro, vermelho-púrpura, preto e castanho escuro (Tabela 7.13).

Tabela 7.13 - Caracterização morfológica qualitativa das sementes de feijão-fava quanto a cor de fundo, cor padrão e segunda cor padrão, avaliadas em seis populações de feijão-fava na geração F₅, em Teresina - PI, 2023

População	Cor de fundo	Cor padrão	Segunda cor padrão
(P1) BGP-UFPI 1000 x BGP-UFPI 251	2	0	0
(P2) BGP-UFPI 798 x BGP-UFPI 220	2	0	0
(P3) BGP-UFPI 1000 x BGP-UFPI 251	2	0	0
(P4) BGP-UFPI 1002 x BGP-UFPI 220	5	0	0
(P5) BGP-UFPI 798 x BGP-UFPI 832	8	0	0
(P6) BGP-UFPI 1000 x BGP-UFPI 220	2	0	0

6.3.4 Avaliação fitopatológica da geração F₅ quanto a área de infecção foliar

Na avaliação fitopatológica da geração F₅, verificou-se que dentre as 16 progênies de feijão-fava selecionadas em F₂, 15 apresentaram manchas de cerca de 1 cm nas naservuras foliares, três dias após a inoculação com o fungo (DAI). Aos 5 DAI, as progênies apresentaram pecíolos com manchas avermelhadas, além de lesões naservuras das folhas, com exceção da linhagem que tinha como um dos genitores o BGP-UFPI 832. Aos 7 DAI foi observada progressão dos sintomas, não sendo observado queda foliar severa. Contudo, na progênie obtida do cruzamento que envolveu como genitor masculino o BGP-UFPI 832, praticamente não havia sintomas.

Nas avaliações realizadas aos 5 DAI, quinze progênies foram classificadas como moderadamente resistentes, e uma classificada como altamente resistente.

Foram formados dois grupos (Tabela 7.14). O grupo “a” correspondeu às progênies classificadas como moderadamente resistentes “MR”, e o “b” àquela classificada como altamente resistente “AR”.

Aos 7 DAI, houve pouca mudança na classificação das progênies, tendo em vista que das 15 progênies classificados como moderadamente resistentes, apenas uma mudou a classificação para “MS”. Pelo teste estatístico, também houve a formação de dois grupos, porém, a classificação feita com base nas notas dos avaliadores, não coincidiu com o agrupamento formado, sendo que o grupo “a” correspondeu a uma progênie classificada como moderadamente suscetíveis “MS” e três moderadamente resistentes “MR”; já o grupo “b” incluiu 11 progênies classificadas como moderadamente resistentes “MR” e uma altamente resistente “AR”. Isso pode ser explicado pela progressão da doença, mudando a nota atribuída e conseqüentemente, alterando sua classificação.

Tabela 7.14 – Médias* das notas atribuídas às reações das progênes de feijão-fava ao *Colletotrichum truncatum* a partir da escala de Carvalho (2009), avaliadas aos cinco e sete dias após a inoculação (DAI), em Teresina - PI, 2023

População	5 DAI	Reação	População	7 DAI	Reação
P2.01	2,37 A	MR	P1.07	3,00 A	MS
P1.07	2,37 A	MR	P1.08	2,67 A	MR
P1.08	2,37 A	MR	P1.02	2,67 A	MR
P1.04	2,00 A	MR	P1.04	2,67 A	MR
P1.05	2,00 A	MR	P1.05	2,67 B	MR
P3.01	2,00 A	MR	P1.01	2,67 B	MR
P4.01	2,00 A	MR	P1.09	2,33 B	MR
P1.03	1,76 A	MR	P1.03	2,00 B	MR
P1.09	1,76 A	MR	P2.02	2,00 B	MR
P1.10	1,76 A	MR	P3.01	2,00 B	MR
P1.01	1,76 A	MR	P2.01	2,00 B	MR
P1.06	1,76 A	MR	P6.01	2,00 B	MR
P2.02	1,76 A	MR	P1.06	2,00 B	MR
P6.01	1,76 A	MR	P4.01	2,00 B	MR
P1.02	1,76 A	MR	P1.10	1,67 B	MR
P5.01	1,00 B	AR	P5.01	1,33 B	AR

*Médias seguidas das mesmas letras não diferem estatisticamente pelo teste de Skott Knott ($P < 0,05$).

6.3.5 Análise de componentes principais quanto a área de infecção foliar

Na análise dos componentes principais, os dois primeiros componentes permitiram explicar 65,03% da variância contida nas variáveis originais (Tabela 7.15). O componente principal 1 (CP1) e o componente principal 2 (CP2) contribuíram com 36,84% e 28,19 39%, respectivamente. A técnica de componentes principais tem sido de grande utilidade no melhoramento, por permite simplificar o conjunto de dados, resumindo informações originalmente contidas em um grupo de n variáveis em poucos componentes principais (CRUZ et al., 2014).

Foram considerados relevantes os coeficientes com valores absolutos superiores a 0,7 na análise dos componentes principais. O caráter que mais contribuiu para discriminar as populações no componente principal 1 foi o número de dias para floração. No componente principal 2, número de dias para maturação, número de dias para floração, área de infecção foliar, foram os caracteres que mais contribuíram para a divergência das populações. O número de dias para maturação o caráter mais representativo nos CP2. Assim, esses caracteres em destaque, nos CP1 e CP2, são considerados importantes para a seleção de progênes de feijão-fava.

Tabela 7.15 - Autovetores associados a cada caráter, obtidos na análise de componentes principais com 16 progênies de feijão fava, em Teresina-PI, 2023

Caracteres	CP1 (36,84%)	CP2 (28,19%)
Dias para floração	0.229	0.318
Dias para maturação	0.229	0.378
Área de infecção foliar	-0.351	0.257
Largura da vagem	-0.169	-0.153
Comprimento da vagem	-0.354	-0.228
Espessura da vagem	0.055	0.245
Largura da semente	-0.364	-0.236
Comprimento da Semente	-0.299	-0.299
Espessura da semente	0.064	0.105
Massa de 100 sementes	-0.314	-0.211

CP1: componente principal 1; CP2: componente principal 2

7.4 CONCLUSÃO

A população “BGP-UFPI 220 X BGP-UFPI 1000” (P6) é de ciclo precoce. As populações “BGP-UFPI 220 x BGP-UFPI 798” (P2), e “BGP-UFPI 220 x BGP-UFPI 1002” (P4), sobressaem quanto aos caracteres relacionados ao tamanho da semente apresentam padrão de tegumento branco, que é comercialmente preferido.

As populações “BGP-UFPI 220 x BGP-UFPI 1002” (P4), “BGP-UFPI 832 x BGP-UFPI 798” (P5) e “BGP-UFPI 220 x BGP-UFPI 1000” (P6) destacam-se por apresentar caracteres desejáveis em relação às vagens, sementes e resistência ao fungo *Colletotricum truncatum*.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ADEBO, J. A. A Review on the Potential Food Application of Lima Beans (*Phaseolus lunatus* L.), an Underutilized Crop. **Applied Sciences**, v. 13, n. 3, 2023.

AMORIM, L.; REZENDE, J. A. M.; BERGAMIN FILHO, A. **Manual de fitopatologia**. 5 ed. Ouro Fino-MG. Editora Agronômica Ceres, 528p. 2018.

ASSUNÇÃO, I. P. et al. Reaction of faba bean genotypes to *Rhizoctonia solani* and resistance stability. **Horticultura Brasileira**, v. 29, p. 492-497, 2011.

ASSUNÇÃO-FILHO, J.R.; et al. Selection of superior genotypes of lima bean landraces by multivariate approach. **Revista Caatinga**, Mossoró, v. 35, n. 1, p. 87-95, 2022. DOI: <https://doi.org/10.1590/1983-21252022v35n109rc>

BELMINO, C. S. **Resistência do feijão-caupi a *Colletotrichum truncatum***. 2004. 64f. Tese (Doutorado em Fitopatologia) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

- BLISS, F. A. Common bean. **Hybridization of crop plants**, p. 273-284, 1980.
- BONITA, L. C.; SHANTIBALA DEVI, G. A.; SINGH, B. C. H. Lima Bean (*Phaseolus Lunatus* L.)—A Health Perspective. **Int. J. Sci. Technol. Res**, v. 9, p. 5638-5649, 2020.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G.V.; FRITSCHÉ-NETO, R. **Melhoramento de Plantas**. 8. Ed. São Paulo-SP. Editora Oficina de textos, 456p. 2021.
- BRIM, C. A. A modified pedigree method of selection in soybeans. **Crop Science**, v. 6, n. 20, 1966.
- BRITO, M. V. **Caracterização morfoagronômica e seleção de genótipos de feijão-fava resistentes ao *Colletotrichum truncatum***. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento). Universidade Federal do Piauí, Teresina, 65p., 2017.
- BRITO, M. V. et al. Associação entre resistência de *Phaseolus lunatus* a *Colletotrichum truncatum* e caracteres morfoagronômicos. **Summa Phytopathologica**, v. 48, p. 69-77, 2022.
- BRASIL. Ministério da Agricultura e do Abastecimento. **Requisitos mínimos para determinação do valor de cultivo e uso de feijão para inscrição no registro nacional de cultivares – RNC**. Disponível em: <
http://www.cisoja.com.br/downloads/legislacao/anexo_PT_294_4.pdf. Acesso em: 14 set. 2012.
- BURATTO, J. S.; MODA-CIRINO, V.; FONSECA JÚNIOR N. S.; PRETE C. E. C. Adaptabilidade e estabilidade produtiva em genótipos precoces de feijão no estado do Paraná. **Semina: ciências agrárias**. v. 28, n. 3, p. 373-380, 2007.
- CARMO, M. D. S. et al. Avaliação de acessos de feijão-fava, para resistência a *Colletotrichum truncatum*, em condições de folhas destacadas e campo. **Summa Phytopathologica**, v. 41, p. 292-297, 2015.
- CARVALHO, J. L. R. et al. Lima bean populations assessments via REML/BLUP methodology. **Revista Caatinga**, v. 35, n. 4, p. 783 – 790, 2022. DOI:
<http://dx.doi.org/10.1590/1983-21252022v35n405rc>
- CARVALHO, E. M. S. **Antracnose em feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.): Caracterização do agente causal e reação de genótipos a *Colletotrichum truncatum***. 2009. 53f. Tese (Doutorado em Agronomia) – Curso de Pós-graduação em Agronomia, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal.
- CAVALCANTE, G. R. S. et al. Reação de subamostras de feijão-fava à antracnose. **Summa Phytopathologica**, v. 38, p. 329-333, 2012.
- CRUZ, C. D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**, Maringá, v.35, n.3, p.271-276, 2014.

- FERRÃO, R.G. et al. **Parâmetros genéticos em café conilon**. Pesquisa Agropecuária Brasileira, v. 43, p. 61- 69, 2008.
- GARCIA, T. et al. Comprehensive genomic resources related to domestication and crop improvement traits in Lima bean. **Nature Communications**, v. 12, p. 1-17, 2021.
- GOMES, R. S. S. et al. Reactions of lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) accessions to *Colletotrichum truncatum*. **Revista Caatinga**, v. 35, p. 809-817, 2022.
- GOMES, F. P. **Curso de estatística experimental**. 15 ed. Piracicaba, SP:ESALQ, 2009. 468 p.
- GOMES, R. L. F.; LOPES, A. C. A. **A cultura da fava. Teresina**: Universidade Federal do Piauí, (Comunicado Técnico, 07). 2006, 2p.
- GRANJA, M. B. et al. Variedades de feijão-fava submetidas à níveis de salinidade e adubação orgânica. **Colloquium Agrariae**, v. 15, n.1, Jan-Fev. 2019, p. 104-114.
- IBGE - **Instituto Brasileiro De Geografia E Estatística**. Banco de dados agregados: pesquisa: produção agrícola municipal, 2021. Disponível em: <https://www.ibge.gov.br/explica/producao-agropecuaria/fava/br>.
- IPGRI. **Descritores para *Phaseolus lunatus* (Feijão-espadinho)**. International Plant Genetic Resources Institute-IPGRI. Tradução e adaptação de SANTOS. E. ; BETTENCOURT, E. 2001. 51p. Oeiras, Portugal: INIA.
- LEITE, W. S. et al. Genetic Parameters Estimation, Correlations and 46 Selection Indexes for Six Agronomic Traits in Soybean Lines F8. **Comunicata Scientiae**, v. 7, n. 3, 2016, p. 302-10.
- LOPES, Â. C. A.; GOMES, R.L.F.; ARAUJO, A. S. F.de. **A cultura do feijão-fava no Meio Norte do Brasil**. Teresina: ADUFPI, 2010. 272p.
- LUSTOSA-SILVA, J. D. et al. Traditional varieties of lima beans (*Phaseolus Lunatus* L.) in northeastern Brazilian farms: conservation and sustainability. **Genetic Resources and Crop Evolution**, 2023. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10722-023-01553-4>
- MARIN, A. L. A. et al. Herança da resistência à antracnose na cultivar de feijoeiro comum Cornell 49-242. **Fitopatologia Brasileira**, v. 28, p. 302-306, 2003.
- MOITINHO, A. C. R. **Estimativa de parâmetros genéticos e análise multivariada na seleção de genótipos de soja oriundos do cruzamento de genitores tipo grão x tipo alimento**. 2021. 52 f. Dissertação (Mestrado) - Universidade Estadual Paulista (Unesp), Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal, 2021.

OLIVEIRA, A. E. S.; SIMEÃO, M.; MOUSINHO, F.E.P.; GOMES, R.L.F. Desenvolvimento do feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) sob déficit hídrico cultivado em ambiente protegido. **Holos**, ano 30, v.1, p. 144, 2014.

OLIVEIRA, F. N.; TORRES, S. B.; BEBEDITO, C. P. Caracterização botânica e agrônômica de acessos de feijão fava, em Mossoró, RN. **Revista Caatinga**, v.24, n.1, p.143-148, 2011.

ORMEÑO-ORRILLO E., ZÚÑIGA D. D., MARTÍNEZ-ROMERO E. 2015. Biodiversity of nitrogen-fixing nodule bacteria associated with lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) in **its domestication centers**, p. 91–102. In Araújo A. S. F., LOPES Â. C. A, GOMES R. L. F (ed), *Phaseolus lunatus: diversity, growth and production* Nova Science Publishers, New York, NY.

PENHA, J. S. et al. Estimation of natural outcrossing rate and genetic diversity in lima bean (*Phaseolus lunatus* L. var. *lunatus*) from Brazil using SSR markers: implications of conservation and breeding. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 64, n. 6, p. 1355-1364, 2017. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10722-016-0441-9>

PIMENTEL, A. J. B; et al. Estimação de parâmetros genéticos e predição de valor genético aditivo de trigo utilizando modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 49, p. 882-890, 2014. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2014001100007>

R CORE TEAM. **R: a language and environment for statistical computing** Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2018.

RESENDE, M. D. V. Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 16, p. 330-339, 2016.

RESENDE, M. D. V. **Genética quantitativa e de populações**. 1. ed. Visconde do Rio Branco, MG: Suprema, 2015. 463 p.

RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, n. 3, p. 182-194, 2007.

SANTOS, A. R. B. et al. Seleção de subamostras de feijão-fava para resistência à antracnose. **Revista Brasileira de Engenharia de Biosistemas**, v. 9, n. 3, p. 268-278, 2015.

SCOTT, A. J.; KNOTT, M. A cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**, p. 507-512, 1974.

SILVA, J. M.; CHAVES FILHO, J. T.; MELO FERREIRA, A. Concentração de Carboidratos Solúveis em Folhas de *Phaseolus Lunatus* L. em Relação ao Sombreamento. **Revista EVS-Revista de Ciências Ambientais e Saúde**, v. 37, n. 2, 2010.

STORCK, L. et al. Avaliação da precisão experimental em ensaios de competição de cultivares de soja. **Ciência e Agrotecnologia**, v.34, p. 572-578, 2010.

TORRES-FILHO, J. et al. Interação genótipos x ambientes em genótipos de feijão-caupi verde analisada via modelos mistos. **Revista Caatinga**, v. 30, n. 3, p. 687-697, 2017.

WHETZEL, H. H. The terminology of phytopathology. Proc. Int. Congr. **Plant Sciences**, v.2, 1204-1215, 1929.

WHETZEL, H. H.; et al. **Laboratory outlines in plant pathology**. 2 ed. Philadelphia: W. B. Saunders, 1925.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

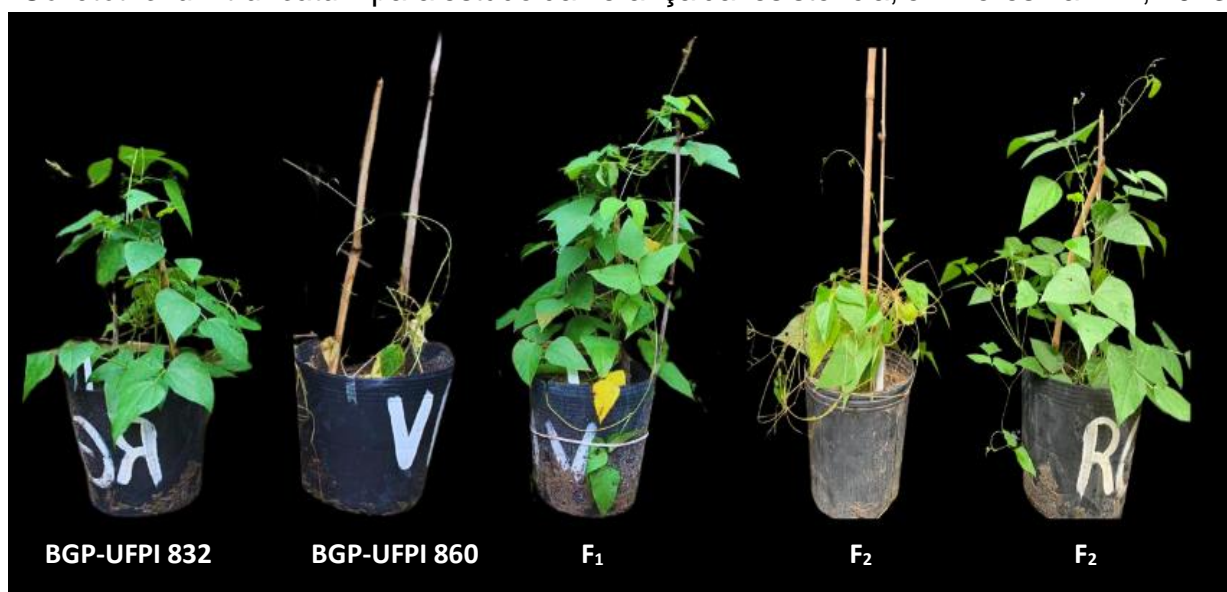
Os resultados obtidos no presente estudo possibilitaram melhor entendimento sobre a resistência genética do feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) à antracnose. Pelo estudo de microscopia de varredura foi possível elucidar a sequência geral da infecção, que inclui fixação de conídios, germinação e formação de apressórios melanizados. Este processo ocorreu de forma semelhante nos genótipos resistentes e suscetíveis. No entanto, a colonização ocorreu mais rapidamente nos genótipos suscetíveis, em 66 horas após inoculação, quando comparados aos genótipos suscetíveis, às 84 horas após inoculação. Quanto ao estudo do controle genético, constatou-se as seguintes situações: no cruzamento BGP-UFPI 832 x BGP-UFPI 860, a segregação na população F₂ foi ajustada à razão 3R:1S, confirmando que a resistência ao isolado CT4 de *Colletotrichum truncatum* foi conferida por um gene dominante; já no cruzamento entre os genótipos BGP-UFPI 1001 e BGP-UFPI 862, a segregação na população F₂ foi ajustada à razão aproximada de 9R:7S. Desse modo, é necessário a realização de mais estudos envolvendo outros genitores resistentes e suscetíveis, bem como a utilização de outras variantes do gênero do *Colletotrichum*, para auxiliar na descrição mais precisa da herança genética da resistência à antracnose no feijão-fava. Com relação à escala diagramática, essa contribuirá para realização de estimativas da severidade real da doença em campo, diminuindo a subjetividade na avaliação dos sintomas nas vagens de feijão-fava. As populações segregantes “BGP-UFPI 1002 x BGP-UFPI 220”, “BGP-UFPI 798 x BGP-UFPI 832” e “BGP-UFPI 1001 x BGP-UFPI 220” apresentaram caracteres desejáveis em relação às vagens, sementes e resistência ao fungo *C. truncatum*. Tais populações devem ser submetidas a estudos de adaptabilidade e estabilidade, com avaliações em diferentes anos e locais. Na avaliação realizada em campo, foram identificadas linhagens altamente resistentes, tais como: H25-65, promissoras para serem lançadas como cultivares, após avaliações em ensaios de valor de cultivo e uso. As informações obtidas nesse estudo são relevantes para o programa de melhoramento genético do feijão-fava, visando a obtenção de cultivares resistentes à antracnose.

Anexo A - Genótipos de feijão-fava provenientes do Banco Ativo de Germoplasma de *Phaseolus* da UFPI. Um (A) genótipo altamente suscetível (BGP-UFPI 860) e um (B) genótipo altamente resistente (BGP-UFPI 832) a *Colletotrichum truncatum*, Teresina-PI, 2022



Fonte: Elaborado pela autora (2022).

Anexo B – Genótipos de feijão-fava utilizados como genitores, BGP-UFP 832 e BGP-UFPI 860, e plantas das gerações F₁ e F₂ inoculadas com o patótipo CT4 de *Colletotrichum truncatum* para estudo da herança da resistência, em Teresina – PI, 2023



Fonte: Elaborado pela autora (2023).

ANEXO C – Genótipos de feijão-fava utilizados como genitores, BGP-UFP 832 e BGP-UFPI 860, e híbridos da geração F₁ inoculadas com patótipo CT4 de *Colletotrichum truncatum* para estudo herança da resistência, em Teresina – PI, 2023



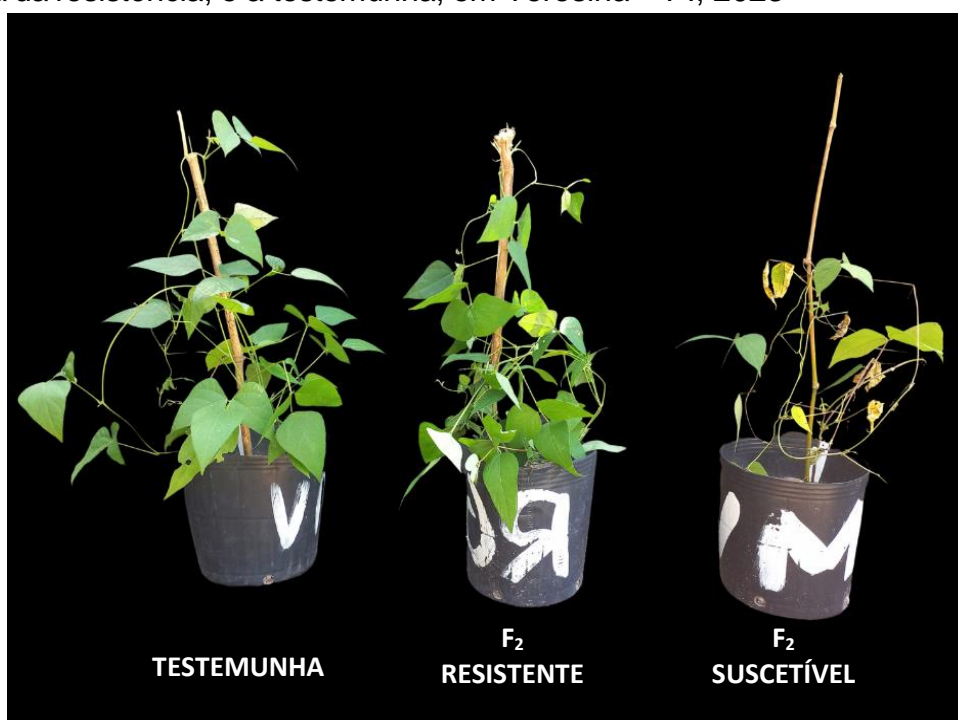
Fonte: Elaborado pela autora (2023).

ANEXO D – Progênies de feijão-fava da geração F₂ do cruzamento entre os genótipos BGP-UFPI 832 x BGP-UFPI 860, inoculadas com o patótipo CT4 de *Colletotrichum truncatum* para estudo herança da resistência, em Teresina – PI, 2023



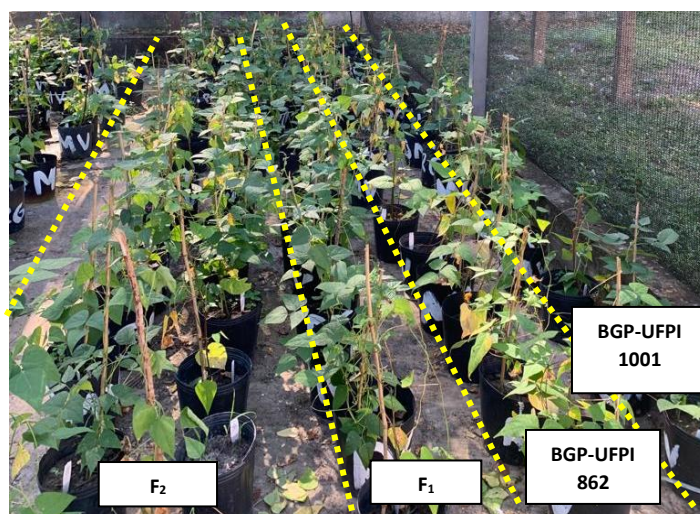
Fonte: Elaborado pela autora (2023).

ANEXO E – Progênies da geração F₂ do cruzamento entre os genótipos BGP-UFPI 832 x BGP-UFPI 860, inoculadas com patótipo CT4 de *Colletotrichum truncatum* para estudo herança da resistência, e a testemunha, em Teresina – PI, 2023



Fonte: Elaborado pela autora (2023).

Anexo F – genótipos de feijão-fava utilizados como genitores, BGP-UFP 1001 e BGP-UFPI 862, e híbridos da geração F₁ inoculadas com o patótipo CT4 de *Colletotrichum truncatum* para estudo da herança da resistência, em Teresina – PI, 2023



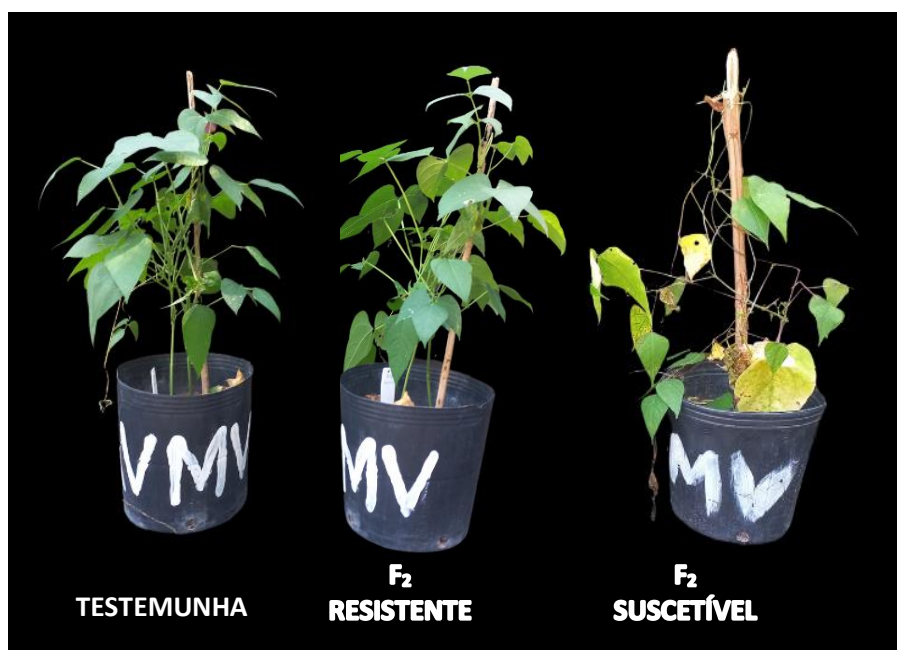
Fonte: Elaborado pela autora (2023).

Anexo G – Genótipos de feijão-fava utilizados como genitores, BGP-UFP 1001 e BGP-UFPI 862, e plantas das gerações F₁ e F₂ inoculadas com o patótipo CT4 de *Colletotrichum truncatum* para estudo da herança da resistência, em Teresina – PI, 2023



Fonte: Elaborado pela autora (2023).

Anexo H – Progênies da geração F₂ do cruzamento entre os genótipos BGP-UFP 1001 e BGP-UFPI 862, inoculadas com patótipo CT4 de *Colletotrichum truncatum* para estudo herança da resistência, e a testemunha, em Teresina – PI, 2023



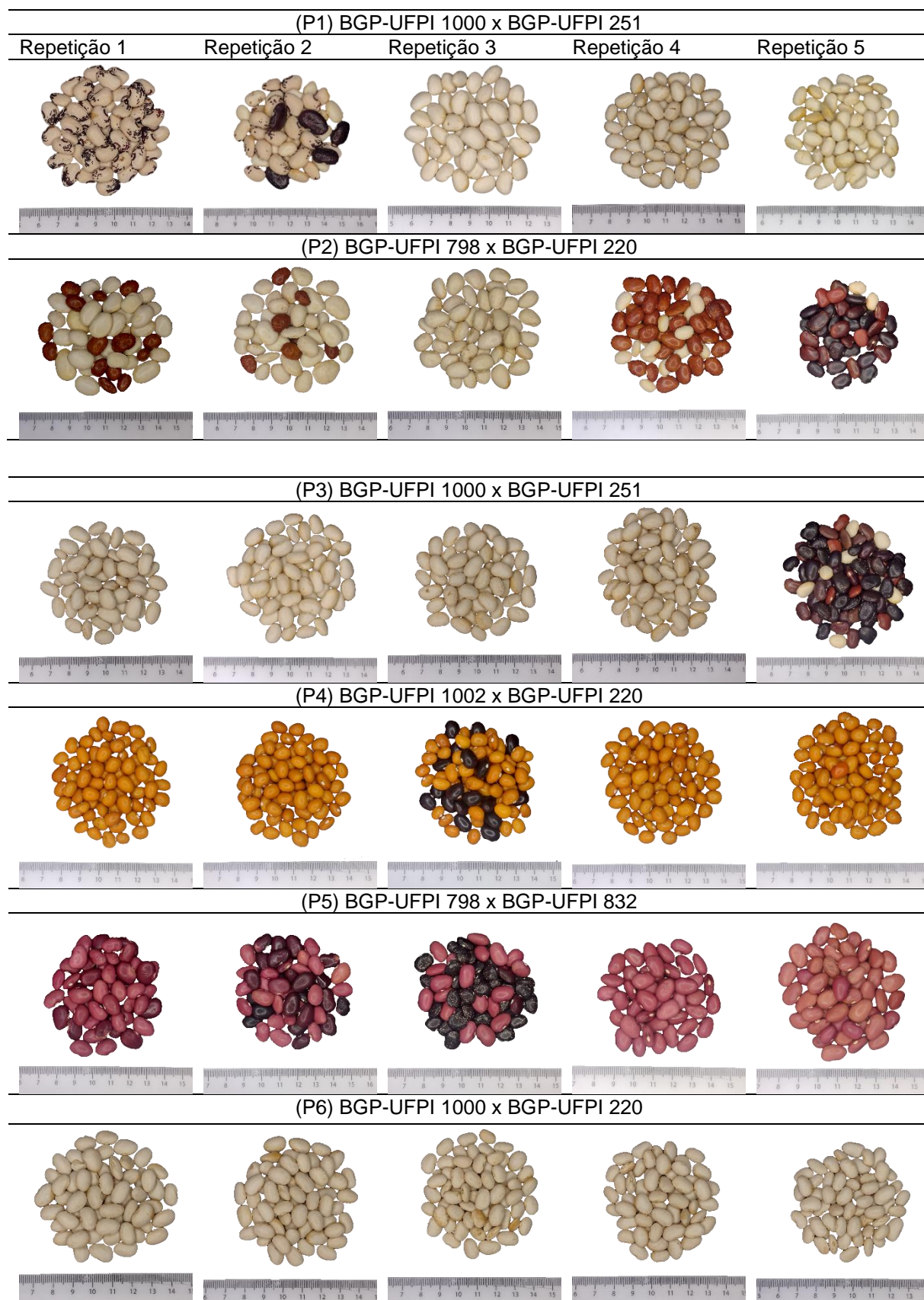
Fonte: Elaborado pela autora (2023).

Anexo I – Progênies de feijão-fava suscetíveis ao patógeno *Colletotrichum truncatum*, com perda severa de folhas, em Teresina - PI, 2023



Fonte: Elaborado pela autora (2023).

ANEXO J – Padrão de sementes das seis populações de feijão-fava na geração F₅, avaliadas em Teresina - PI, 2023



Fonte: Elaborado pela autora (2023)