

**Universidade Federal do Piauí – UFPI**

**CARACTERIZAÇÃO MORFOAGRONÔMICA E SELEÇÃO DE ACESSOS DE  
FEIJÃO-FAVA RESISTENTES AO *Colletotrichum truncatum***

**Marilha Vieira de Brito**

**Dissertação apresentada à  
Universidade Federal do Piauí como  
parte das exigências do Programa de  
Pós-graduação em Genética e  
Melhoramento, área de concentração  
em Genética e Melhoramento, para  
obtenção do título de “Mestre”.**

**Teresina  
2017**

**Marilha Vieira de Brito**  
**Licenciada em Ciências Biológicas**

**CARACTERIZAÇÃO MORFOAGRONÔMICA E SELEÇÃO DE ACESSOS DE  
FEIJÃO-FAVA RESISTENTES AO *Colletotrichum truncatum***

Orientadora:

Prof<sup>a</sup>. Dra. Ângela Celis de Almeida Lopes

Co-orientadores:

Prof<sup>a</sup>. Dra. Regina Lucia Ferreira Gomes

Prof. Dr. Maruzanete Pereira de Melo

**Dissertação apresentada à  
Universidade Federal do Piauí como  
parte das exigências do Programa de  
Pós-Graduação em Genética e  
Melhoramento, área de concentração  
em Genética e Melhoramento, para  
obtenção do título de “Mestre”.**

**Teresina**  
**2017**

**B862c** Brito, Marilha Vieira de

Caracterização morfoagronômica e seleção de acesso de feijão-fava resistentes ao *Colletotrichum truncatum*. / Marilha Vieira de Brito - 2017  
65 f.: il.

Dissertação ( Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal do Piauí, Programa de Pós-Graduação, Teresina, 2017.  
Orientação: Prof<sup>a</sup>. Dr<sup>a</sup>. Ângela Celis de Almeida Lopes

1. *Phaseolus lunatus* 2. Escala descritiva 3. Diversidade 4. Caracterização fitopatológica 5. Fungo I. Título

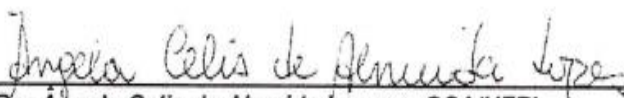
**CDD 635.651**

**Caracterização morfoagronômica e seleção de acessos de feijão-fava  
resistentes ao *Colletotrichum truncatum***

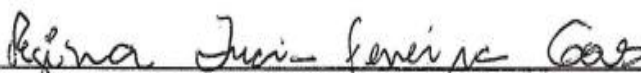
**Marilha Vieira de Brito**  
**Licenciada em Ciências Biológicas**

**Aprovada em 20/04/2017**

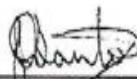
Comissão Julgadora:



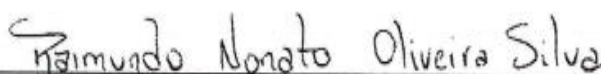
Prof. Dra. Ângela Celis de Almeida Lopes – CCA/UFPI  
(Orientadora)



Prof. Dra. Regina Lucia Ferreira Gomes – CCA/UFPI  
(Coorientadora)



Prof. Dr. Jardel Oliveira Santos – UFMA



Prof. Dr. Raimundo Nonato Oliveira Silva – CAFS/UFPI

A Jesus Cristo, MESTRE SUPREMO, que é fonte inesgotável de misericórdia, amor  
e paz.

**Ofereço**

À minha família amada,  
Francisca Vieira, Francisco Alves, Francisco Antônio;  
que sempre me deram amor, incentivo e carinho, sendo portanto,  
essenciais nessa jornada.

**Dedico**

## 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.

Às pessoas mais importantes da minha vida, família biológica, minha mãe Francisca e meu pai Francisco que sempre confiaram em mim destinando, sempre que necessário, apoio emocional incondicional, financeiro, e compreensão mesmo em situações inusitadas, tais como a dedicação acadêmica necessária para deste estudo mesmo em feriados e finais de semana; e meu irmão, antes de tudo, amigo e parceiro para a vida toda, Francisco Antônio, o qual sempre pude confiar plenamente.

À minha família científica fontes de inspiração, Dr. Sérgio Emílio dos Santos Valente que muito contribuiu na orientação acadêmica e social na graduação e pós; Dra. Regina Lucia Ferreira Gomes que, mesmo nos momentos de dificuldade, não desistiu de mim, detendo toda paciência e consideração necessária; a minha orientadora Dra. Ângela Celis de Almeida Lopes que mesmo no período que esteve exterior, sempre se mostrou disponível e paciente para solução de dúvidas; aos irmãos que a vida me deu, Gisele Holanda de Sá e Gérson Costa Nascimento que sempre estiveram ao meu lado, nas dificuldades e alegrias, os quais quero levar para vida toda.

Ao professor Carlos Humberto Aires Matos que mesmo muito atarefado, disponibilizou tempo para a realização das análises estatísticas em um curto período. Ao professor Dr. Raimundo Nonato Oliveira Silva que mesmo com tantos afazeres auxiliou na compreensão de várias dúvidas. Ao meu co-orientador, Dr. Maruzanete Pereira de Melo, dono de uma tranquilidade infinita, que sempre passou muita confiança e aos professores que compartilharam um pouco de sua inestimável experiência, com suas sugestões e críticas: Dra. Eulália Maria Sousa Carvalho, Dr. José Evando Aguiar Bezerra Júnior, Paulo Sarmanho da Costa Lima e Dr. Fabio Mendonca Diniz.

A Ridesa-PI (Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Alcooleiro, na pessoa do Dr. Alcântara, chefe do Departamento de fitotecnia, que disponibilizou as estufas e bancadas, essenciais para concretização deste trabalho. A equipe RGMV, em especial à Rafael Almeida, Jessica Lustosa, Antônia Batista, Wilson Assunção e Gabriel Moraes que ajudaram em todas as etapas desse trabalho, os quais serei eternamente grata. Aos servidores da UFPI em especial: Sr. Antônio, Sr. Miranda, Sr. Chico, Sra. Antônia (Toinha), Sr. Zé da Burra e os vigias Whashiton e Fábio, que facilitaram e alegraram minha estadia, no setor de fitotecnia.

Ao meu namorado, Francisco Afonso, pelo conforto e compreensão disponibilizados. E às maiores referências profissionais cocalauvenses, que tanto me ajudaram em todas as esferas e que tive a sorte de compartilhar momentos maravilhosos, meus amores: Maria Sousa, Fernando Brito, Romário Araújo, Marilene Magalhães, Ana Cristina e Ravena Karen. Aos Amigos Adriana, Manoel e Guilherme pela companhia prazerosa e pela disponibilidade em suas residências sempre que necessário.

“A força de um guerreiro não se encontra em um ataque,  
Mas sim na resistência”

**Edder Lopes**



## SUMÁRIO

RESUMO.....	IX
ABSTRACT.....	X
1 INTRODUÇÃO.....	11
2 REVISÃO DE LITERATURA.....	13
2.1 Aspectos gerais sobre o feijão-fava.....	13
2.1.1 Importância socioeconômica.....	13
2.2 Coleções de germoplasma.....	14
2.3 Caracterização morfoagronômica.....	16
2.4 Medidas para estimar diversidade genética.....	17
2.4.1 Métodos de agrupamentos.....	17
2.5 Doenças de etiologia fúngica em feijão-fava.....	18
2.5.1 Caracterização de fungos do gênero <i>Colletotrichum</i> .....	19
2.6 Resistência genética.....	20
3 MATERIAL E MÉTODOS.....	22
3.1 Caracterização morfoagronômica.....	23
3.2 Caracterização fitopatológica.....	26
3.2.1 Origem do isolado de <i>C. truncatum</i> .....	27
3.2.2 Avaliação da resistência de acessos de feijão-fava a antracnose.....	27
3.3 Análises estatísticas.....	29
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	31
4.1 Caracterização morfoagronômica qualitativa.....	31
4.2 Caracterização morfoagronômica quantitativa.....	36
4.3 Avaliação de resistência dos acessos de feijão-fava à ação do fungo <i>C. truncatum</i> .....	39
4.4 Diversidade baseada na análise multivariada a partir dos dados morfoagronômicos e fitopatológicos.....	43
5 CONCLUSÕES.....	47
REFERÊNCIAS.....	48
APÊNDICES.....	59
APÊNDICE A - Porcentagem de infecção na área foliar de acordo com <i>software Asses 2.0</i> .....	59
APÊNDICE B - Notas referentes à análise visual dos acessos inoculados.....	64

## RESUMO

O feijão-fava é uma das cinco espécies domesticadas do gênero *Phaseolus* (Fabaceae), sendo a segunda espécie deste gênero com maior distribuição e consumo no mundo. A cultura possui sua produtividade comprometida devido, entre outros fatores, a presença de doenças, tais como a antracnose causada por *Colletotrichum truncatum*. Considerando a importância socioeconômica do feijão-fava e os grandes prejuízos da antracnose para a cultura, objetivou-se caracterizar acessos de feijão-fava utilizando descritores morfoagronômicos, selecionar acessos resistentes a *C. truncatum* e relacionar algum descritor morfoagronômico à resistência. O experimento foi realizado no período de janeiro a setembro de 2016, com 22 acessos de feijão-fava provenientes de diferentes regiões do Brasil pertencentes ao Banco Ativo de Germoplasma de Feijão-fava da Universidade Federal do Piauí (BAG-UFPI). A caracterização morfoagronômica dos acessos foi realizada com base em 29 descritores morfoagronômicos de feijão-fava referentes a folhas, ramos, flores, vagens e sementes. Já a seleção de acessos resistentes foi baseada na quantificação da severidade dos sintomas, que foi analisada através da escala visual de Tamyó (1995), além da mensuração da área foliar infectada a partir do programa Asses 2.0. Para a realização da ANAVA, os dados da severidade foram transformados por  $\sqrt{x+1}$  para obter normalidade dos erros e homogeneidade das variâncias dos tratamentos, sendo posteriormente agrupadas pelo teste proposto por Scott-Knott (1974) ( $P < 0,05\%$ ). De acordo com a análise de agrupamento, em ambas as análises, a maioria dos acessos de feijão-fava apresentou baixo nível de resistência à antracnose. Os acessos UFPI 220, UFPI 832 e UFPI 842 foram resistentes ao patógeno portanto promissoras para utilização em programas de melhoramento da cultura. A partir dos dados abstraídos através das caracterizações morfoagronômica e fitopatológica, foi empregado o método de agrupamento hierárquico UPGMA utilizando o algoritmo de Gower, no intuito de verificar a diversidade genética dos acessos. Nesse sentido a partir dos resultados encontrados, as possíveis características relacionadas à resistência a *C. truncatum*, foram a forma do folíolo e descritores relacionados ao tamanho e coloração da semente. A realização de dendrogramas associados a características morfoagronômicas dos acessos avaliados do BAG-UFPI, foram satisfatórios no intuito de detectar variabilidade genética, não sendo observado presença de duplicatas genéticas.

**Palavras-chave:** Escala descritiva; diversidade; caracterização fitopatológica; diversidade; fungo; *Phaseolus lunatus*

## ABSTRACT

Fava bean is one, among five, domesticated specie of the genus *Phaseolus* (Fabaceae). This specie is the second category of the genus with greater distribution and consumption in the world. The crop has its productivity compromised due to diseases such as the anthracnose caused by the pathogen *Colletotrichum truncatum*. Considering the socioeconomic importance of the specie and the damages caused by the anthracnose, this study aimed to characterize fava bean accessions by using morphological descriptors, select resistant accessions to *C. truncatum*, and correlate some morphoagronomic descriptors with resistance to the pathogen. The experiment was carried out from January to September of 2016 and 22 accessions of fava bean from different regions of Brazil were used as samples. The accessions were obtained from the Brazilian Bean Germplasm Active Bank of the Federal University of Piauí (BAG-UFPI). The morphoagronomic characterization of the accessions was carried out based on 29 morphological descriptors of fava beans referring to leaves, branches, flowers, pods and seeds. The selection of resistant accessions was based on the quantification of the symptom severity, which was analyzed and compared with the visual scale of Tamyó (1995), as well as the measurement of the infected leaf area with the Asses 2.0 program. The severity data were transformed by  $\sqrt{x + 1}$  for ANAVA in order to obtain the error normality and homogeneity of the treatment variances; then, the data were grouped by the test proposed by *Scott-Knott* (1974) ( $P < 0.05\%$ ). According to the cluster analysis, in both analyzes, the majority of fava beans accessions had low level of anthracnose resistance. The accessions UFPI 220, UFPI 832 and UFPI 842 were resistant to the pathogen, therefore, promising for use in breeding programs. From the data obtained in the morphoagronomic and phytopathological characterizations, the UPGMA hierarchical grouping method was used using the *Gower* algorithm in order to verify the genetic diversity of the accessions. Therefore, from the results obtained, it can be inferred that the possible characteristics related to the resistance to *C. truncatum* were the form of the leaflet and descriptors related to the size and color of the seed. The dendrograms associated with morphoagronomic characteristics of the evaluated accessions from the BAG-UFPI were satisfactory in order to detect genetic variability, in which no genetic duplicates were observed.

**Keywords:** Descriptive scale; diversity; phytopathological characterization; diversity; fungus; *Phaseolus lunatus*

## LISTA DE FIGURAS

<b>Figura 1</b> – Distribuição geográfica dos acessos utilizados nas caracterizações morfoagronomicamente e fitopatológica. Teresina-PI, 2016....	22
<b>Figura 2</b> – Estufa da RIDESA, local de realização do experimento (a), condução do experimento (b). Teresina-PI, 2016.....	27
<b>Figura 3</b> – Acessos de feijão-fava tutorados com estacas de bambu. Teresina-PI, 2016.....	28
<b>Figura 4</b> – Acessos de feijão-fava submetidos à câmara úmida. Plantas inoculadas com suspensão de conídios (a), plantas inoculadas com água destilada (controles) (b). Teresina, 2016.....	28
<b>Figura 5</b> – Diferentes padrões de coloração do tegumento externo dos acessos de feijão-fava.....	35
<b>Figura 6</b> – Dendrograma de dissimilaridades genéticas entre 22 acessos de feijão-fava, obtido pelo método UPGMA com base no algoritmo de Gower (1971), a partir de 16 caracteres qualitativos e 13 quantitativos. Teresina-PI, 2017.....	46

## LISTA DE TABELAS

<b>Tabela 1</b> – Acessos de feijão-fava caracterizados fitopatológico e/ou morfoagronomicamente Teresina-PI, 2016.....	25
<b>Tabela 2</b> – Dados correspondentes a temperatura e precipitação em Teresina-PI durante o período fevereiro à julho de 2016.....	28
<b>Tabela 3</b> – Dados referentes à caracterização morfológica qualitativa de acessos de feijão-fava.....	37
<b>Tabela 4</b> – Dados referentes a caracterização morfológica quantitativa de acessos de feijão-fava.....	44
<b>Tabela 5</b> – Médias de severidade e reação dos acessos de feijão-fava a <i>C. truncatum</i> , a partir dos dados obtidos através da escala de notas, aos dez dias após a inoculação. Teresina-PI, 2016.....	46
<b>Tabela 6</b> - Médias de severidade e reação dos acessos de feijão-fava a <i>C. truncatum</i> , a partir dos dados obtidos através do programa Asses 2.0, aos dez dias após a inoculação. Teresina-PI, 2016.....	47

## 1. INTRODUÇÃO

O feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) também conhecido como fava, fava-belém, feijão-de-lima, feijão-manteiga, se constitui como uma das cinco espécies domesticadas do gênero *Phaseolus*, sendo a segunda espécie deste gênero com maior distribuição e consumo no mundo (GUTIÉRREZ-SALGADO et al., 1995; DELGADO-SALINAS et al., 1999, OLIVEIRA et al., 2004). É uma espécie distribuída em áreas tropicais e subtropicais sendo cultivada em vários países da América e em partes da Europa, Ásia e África (MARTÍNEZ-CASTILLO, 2015).

No Nordeste brasileiro, o feijão-fava é uma das alternativas de renda e alimento para a população, que o consome sob a forma de grãos verdes ou maduros, sendo produzido por pequenos produtores que utilizam principalmente acessos de crescimento indeterminado (OLIVEIRA et al., 2004). Considerando sua utilização na alimentação bem como a relevância socioeconômica, a realização caracterização morfoagronômica é importante, pois fornece informações ligadas a dados fenotípicos, sendo essencial para a determinação da variabilidade genética de cada acesso estudado.

A utilização da variabilidade genética nos cruzamentos de grupos geneticamente divergentes representa uma importante estratégia para obter ganhos de seleção, na busca por cultivares superiores (BENITEZ et al., 2011). Neste contexto, a utilização de análises multivariadas é uma opção viável para esta finalidade, uma vez que permite múltiplas combinações de informações dentro da unidade experimental (MOREIRA et al., 2009). Para a determinação da diversidade genética, várias análises multivariadas podem ser empregadas, dentre elas: análise por componentes principais, a análise por variáveis canônicas e os métodos de agrupamento, cuja aplicação depende da utilização de uma medida de dissimilaridade previamente estimada (OLIVEIRA et al., 2003).

A avaliação da diversidade genética de acessos de feijão-fava para caracteres de importância econômica, por meio de técnicas multivariadas, auxiliará posteriormente a obtenção de genótipos superiores nas gerações segregantes, sendo útil deste modo para o desenvolvimento de um futuro programa de melhoramento. Fato este essencial para culturas como a do feijão-fava que detém baixa produtividade.

A baixa produtividade da cultura do feijão-fava pode ser atribuída ao fato de parte da produção ser oriunda de pequenos produtores que não adotam tecnologias que visem o aumento de produtividade (SANTOS et al., 2002). Além disso, a ocorrência de doenças também está relacionada a redução da produtividade e qualidade do feijão-fava produzido. Dentre essas doenças, a antracnose, tendo como agente causal *Colletotrichum truncatum*, tem se destacado em plantios de feijão-fava no Brasil, especialmente na região Nordeste (PAULA JÚNIOR et al., 1995).

Dentre as estratégias do manejo integrado de doenças, a seleção de acessos que possuem resistência genética é considerada uma importante alternativa por ser ecologicamente segura, diminuindo, ou até mesmo evitando, o uso indiscriminado de defensivos agrícolas, o que contribui para a manutenção da qualidade de vida (COSTA et al., 1999). Fontes de resistência podem ser detectadas pela quantificação e avaliação dos sintomas nos acessos. A quantificação de doenças pode ser estimada principalmente pela incidência e severidade (LARANJEIRA, 2005).

A análise da severidade de doenças fitopatogênicas requer adoção de chaves descritivas e/ou a análise de imagens digitalizadas por programas computacionais, visando a observação de respostas das plantas e, a partir daí, direcionar cruzamentos (OLIVEIRA et al., 2013). Apesar do feijão-fava ser uma leguminosa de grande importância para os pequenos produtores, especificamente no Nordeste do Brasil, poucos são os trabalhos que mencionam a relação de fitopatógenos com resistência.

Baseada na importância socioeconômica do feijão-fava, na relevância da antracnose para a cultura e na ausência de trabalhos que confirmem genótipos como fontes de resistência, o trabalho buscou testar a seguinte hipótese: existem acessos resistentes à *C. truncatum* no Banco Ativo de Germoplasma de feijão-fava da Universidade Federal do Piauí. Detendo como objetivo: (i) selecionar acessos de *P. lunatus* resistentes a *C. truncatum*, (ii) caracterizar acessos de *P. lunatus* utilizando descritores morfoagronômicos, relacionando-os, se possível, à resistência ao fitopatógeno.

## 2. REVISÃO DE LITERATURA

### 2.1 Aspectos gerais sobre o feijão-fava

O feijão-fava pertence ao filo Magnoliophyta, à classe Magnoliopsida, ordem Fabales, família Fabaceae e gênero *Phaseolus* (CRONQUIST, 1988). A família Fabaceae, uma das maiores entre as dicotiledôneas, com 643 gêneros, reúne 18.000 espécies distribuídas em todo o mundo, estando concentrada nas regiões tropicais e subtropicais (BROUGHTON et al., 2003). Dentre as espécies do gênero *Phaseolus* que se destacam por sua relevância econômica a espécie *P. lunatus* é a segunda leguminosa de maior importância deste gênero (SANTOS et al., 2009).

O hábito de crescimento do feijão-fava pode ser indeterminado trepador, com o desenvolvimento da gema terminal em uma guia, ou determinado anão com desenvolvimento completo da gema terminal em uma inflorescência (BEYRA; ARTILES, 2004). O feijão-fava se destaca como uma das culturas da região Nordeste do Brasil, cultivado em regime de sequeiro, com pouco uso de tecnologias, por agricultores familiares, resultando em baixos índices de produtividade, e grande oscilação na produção (OLIVEIRA et al., 2014).

Os principais caracteres ou marcadores morfológicos que permitem a identificação do feijão fava são: germinação epígena, folhas geralmente mais escuras que o *P. vulgaris*, bractéolas pequenas e pontiagudas; vagens comprimidas e de formato geralmente oblongas e recurvadas, com duas alturas distintas (ventral e dorsal), e número de sementes variando de duas a quatro (ZIMMERMANN; TEIXEIRA, 1996).

#### 2.1.1 Importância socioeconômica

Considerada uma das principais leguminosas cultivadas na região tropical, feijão-fava possui potencial para fornecer proteína vegetal à população humana, podendo ser consumido os grãos verdes e secos, as vagens verdes e as folhas, diminuindo a dependência quase exclusiva dos feijões do grupo carioca (VIEIRA, 1992). Os Estados Unidos destacam-se como um dos maiores produtores de feijão-fava do mundo, 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).

Em 2015, a produção brasileira de feijão-fava ocorreu em uma área plantada de aproximadamente 21.329 ha, área colhida de 18.621 ha, com uma produção de 4.048 t, sendo a região Nordeste a maior produtora com 3.977 t. Os estados nordestinos que mais se destacaram na produção foram: Ceará, Paraíba, Pernambuco e Piauí, com 1.483, 1.439, 406 e 316 toneladas produzidas, respectivamente (IBGE, 2015).

No Brasil esta espécie é produzida por pequenos agricultores, que utilizam apenas genótipos de crescimento indeterminado, sendo consumidos sob a forma de grãos verdes ou secos (VIEIRA, 1992). Possui importância econômica e social devido à sua rusticidade e adaptação em regiões semiáridas; é mais tolerante ao estresse hídrico, ao excesso de umidade e ao calor quando compara com *P. vulgaris* L. (AZEVEDO et al., 2003; PEGADO et al., 2008; SOARES et al., 2010).

## 2.2 Coleções de germoplasma

Os recursos genéticos vegetais podem ser entendidos como a variabilidade de plantas, integrantes da biodiversidade, de interesse sócio-econômico atual e potencial para utilização em programas de melhoramento genético, biotecnologia e outras ciências afins (VALOIS et al., 1996). Possuem valor reconhecido ou potencial para a alimentação e agricultura, desempenhando um papel cada vez mais importante na segurança alimentar a nível mundial e no desenvolvimento econômico da população, dado que a sua utilização e respectiva valorização contribuem de forma decisiva para a redução da pobreza e garantia da segurança alimentar a nível global (MAM, 2015).

Tradicionalmente, a conservação dos recursos genéticos pode ser agrupada em duas categorias: na conservação *in situ* e *ex situ*; consoante a conservação das espécies, populações ou habitats é realizada, prioritariamente, no local ou fora do local de origem; neste caso, podem ser mantidos sementes, embriões ou outras estruturas vegetais em condições diferentes das habituais (SLAGEREN, 2003; WETZEL et al., 2007). Pode ser descrito como exemplos de conservação *ex situ*, os bancos de germoplasma, definidos como locais onde são estocados em condições adequadas, amostras de acessos, variedades melhoradas, crioulas, espécies selvagens e

relacionadas a uma determinada espécie de interesse, todas genericamente denominadas de acessos (ZIMMERMANN; TEIXEIRA, 1996).

A conservação da diversidade genética de feijão-fava ocorre nos Bancos de Germoplasma, principalmente nos Estados Unidos (USDA), México (INIFAP) e Colômbia (CIAT), que têm coletado germoplasma para resgatar acessos tradicionais cultivados em várias regiões do trópico americano, onde o desaparecimento tem sido mais rápido (CAMARENA, 2005).

De acordo com Knudsen (2000), conforme dados do Internacional *Institute of Plant Genetic Resources (IPGRI)* as coleções de germoplasma de feijão-fava podem ser encontradas nas seguintes instituições: Estação Experimental Agropecuária Salta, Argentina; Instituto de Investigación Agrícola El Vallecito e Universidade Autónoma Gabriel René Moreno, Bolívia; Faculdade de Ciências Agrárias e Universidade Austral de Chile, Chile; Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Colômbia, com entradas provenientes de diferentes países (Belize, Brasil, Colômbia, Honduras, México, Panamá, Filipinas e Venezuela); Centro Agronômico Tropical de Investigación e Enseñanza (CATIE) e Escola de Biología, Costa Rica; Instituto de Investigaciones Fundamentales em Agricultura Tropical (INIFAT), Cuba; Estação Experimental Portoviejo, INIAP, Equador; Centro Universitario de SurOccidente (CUNSUROC) e Universidade de San Carlos, Guatemala; Ciências Agropecuárias e Instituto de Ecología Aplicada de Guerrero (INEAGRO), México; Estação Experimental Agropecuária La Molina, Universidade Nacional Hermilio Valdizan (UNHEVAL) e Universidade Nacional Agrária La Molina, Peru.

Em 2016, cerca de 363 acessos (variedades) da espécie de feijão-fava são conservados, multiplicados e caracterizados na coleção ativa de feijão-fava da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia (CENARGEN), tais acessos são, na maioria, oriundos de coletas realizadas por pesquisadores da Embrapa e de outras instituições em diversas regiões do Brasil (MORAES et al., 2016). Alguns acessos foram coletados em outros países e importados. Essa coleção está aberta para atendimentos a intercâmbios, e materiais foram cedidos para diferentes instituições de pesquisa: University of California-Davis (em 2013), Universidade Federal do Rio de Janeiro - Museu Nacional (2015) e Universidade Federal do Piauí (duas remessas em 2016) (MORAES et al., 2016).

No Piauí a implantação do Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de feijão-fava da Universidade Federal do Piauí (UFPI) ocorreu em 2005, com a incorporação de

211 acessos de feijão-fava procedentes dos estados do Piauí, Maranhão, Pernambuco e Bahia, por meio da aquisição de genótipos locais em comunidades agrícolas, feiras e mercados (LOPES et al., 2010). Em 2016, o BAG de feijão-fava da UFPI possuía mais de 1000 acessos provenientes de vários estados do Brasil e de outros países, como: Colômbia, México e Estados Unidos.

### **2.3 Caracterização morfoagronômica**

A variabilidade genética só pode ser eficientemente utilizada se for devidamente avaliada e quantificada. É fundamental para a manutenção e exploração do potencial das coleções a descrição das introduções ou dos acessos; tal caracterização pode ser feita por meio de marcadores ou descritores morfológicos (SINGH, 2001).

Em estudos realizados na maioria das coleções de germoplasma é comum a obtenção de dados morfológicos e agronômicos simultaneamente, o que explica a denominação caracterização morfoagronômica. No que diz respeito às espécies do gênero *Phaseolus*, tal caracterização é efetuada com as mais diferentes finalidades, como, gerar informações sobre o material conservado, realizar estudos de diversidade genética, discriminar caracteres mais importantes e subsidiar programas de melhoramento genético na identificação de indivíduos desejáveis (RIBEIRO; STORCK, 2002; MACHADO et al., 2002; COELHO et al., 2007; MOREIRA et al., 2009).

O estudo morfológico de variedades de feijão-fava é importante porque possibilita o registro de caracteres de identificação, facilitando o acesso a esse material e auxiliando na busca de plantas com boa resposta em termos de produtividade e desempenho em diferentes condições ambientais (OLIVEIRA et al., 2004). A cultura do feijão-fava tem merecido pouca atenção por parte dos órgãos de pesquisa e extensão, o que tem resultado em limitado conhecimento das características agronômicas da cultura (SANTOS et al., 2002).

## 2.4 Medidas para estimar diversidade genética

Estudos de divergência genética são importantes para o conhecimento da variabilidade genética das populações e possibilitam o monitoramento de bancos de germoplasma (CRUZ; CARNEIRO, 2003). Esses estudos auxiliam a identificação de possíveis duplicatas, e fornecem parâmetros para escolha de genitores, aumentando as chances de obtenção de acessos superiores em gerações segregantes (SUDRÉ et al., 2005). Essas estimativas são importantes em programas de melhoramento genético (CRUZ; CARNEIRO, 2003), e também na escolha de genitores para mapeamento de genes (PARAN et al., 1998).

Para determinar qual a distância genética de uma população ou acesso são utilizados métodos biométricos que são analisados por métodos estatísticos multivariados permitindo unificar múltiplas informações de um conjunto de caracteres, nesse sentido, vários métodos podem ser utilizados, dentre eles estão à análise por componentes principais, variáveis canônicas e métodos aglomerativos (SUDRÉ et al., 2005). A escolha do método depende da precisão desejada o objetivo do pesquisador, das formas da análise e de como os dados são obtidos (CRUZ; REGAZZI, 1997).

### 2.4.1 Métodos de agrupamentos

Análise de agrupamento, ou *clustering*, é o nome dado para o grupo de técnicas computacionais cujo propósito consiste em separar objetos em grupos de acordo com as características que eles possuem. Os grupos determinados por uma métrica de qualidade devem apresentar alta homogeneidade interna e alta separação (heterogeneidade externa), isto quer dizer que os elementos de um determinado conjunto devem ser mutuamente similares e, preferencialmente, muito diferentes dos elementos de outros conjuntos (LINDEN, 2009). Dos métodos de agrupamento, os mais utilizados são os de otimização e os hierárquicos (CRUZ et al., 2011).

O método de agrupamento por otimização segue o critério de que a média das medidas de dissimilaridade dentro de cada grupo deve ser menor que as distâncias médias entre quaisquer grupos (CRUZ, 2006). Por outro lado, de acordo com Siegmund et al. (2004), os métodos hierárquicos são mais difundidos e envolvem

basicamente duas etapas: a primeira se refere à estimação de uma medida de similaridade ou dissimilaridade entre os indivíduos, e a segunda refere-se à adoção de uma técnica de formação de grupos (SANTANA; MALINOVSKI, 2002).

A distância euclidiana média padronizada e a distância generalizada de Mahalanobis, entre os pares de acessos, são amplamente utilizadas como medidas de dissimilaridade nos métodos de agrupamento (CRUZ; REGAZZI, 1997). Além dessas, existe o algoritmo proposto Gower (1971) que permite que valores da matriz de distância fiquem compreendidos entre 0 e 1, sendo necessária a padronização das variáveis quantitativas e qualitativas (ROCHA et al. 2010). A medida de dissimilaridade e o método utilizado devem garantir ao melhorista segurança na seleção de genitores para os cruzamentos. Em caso de concordância de agrupamentos, a escolha do método deve recair naquele de simples execução e de fácil interpretação. No entanto, caso haja discordância entre os métodos, a escolha de genitores passa a depender do método utilizado, havendo a necessidade de escolha do método mais eficiente (CARGNELUTTI FILHO et al., 2010).

## **2.5 Doenças de etiologia fúngica em feijão-fava**

As principais doenças associadas ao feijão-fava são causadas por fungos, tais como: murcha causada por *Sclerotium rolfsii*; mela causada por *Rhizoctonia solani* e antracnose causada por fungos do gênero *Colletotrichum*, sendo a principal doença associada ao feijão-fava (VIEIRA, 1992; SILVA et al., 2013, CARVALHO, 2010). Apesar de ser uma importante doença para a cultura, são poucos os trabalhos que relacionado à interação *P. lunatus* x *Colletotrichum* (CARVALHO, 2009).

Condições de elevada umidade e temperatura, predominante na região Nordeste do Brasil, são favoráveis a antracnose, podendo provocar perdas de até 100% da produção (SILVA et al., 2013). Em estudos de caracterização do agente causal da antracnose em feijão-fava, concluiu, com base nas características morfológicas e culturais, que se tratava da espécie *C. truncatum* (CARVALHO, 2009).

Os sintomas característicos antracnose em feijão-fava causada por *C. truncatum*, são manchas avermelhadas inicialmente observadas ao longo das nervuras, na face inferior das folhas e sobre hastes e pecíolos jovens. Nas vagens, as lesões são deprimidas, grandes e avermelhadas, sobre as quais se formam os acérvulos do patógeno, com aspecto de uma massa esbranquiçada, com a formação de numerosas setas (NOETZOLD et al., 2014).

### 2.5.1 Caracterização de fungos do gênero *Colletotrichum*

Devido às diferenças que ocorrem entre espécies de *Colletotrichum*, é fundamental a realização de estudos voltados à identificação específica dos agentes causais da antracnose de um dado hospedeiro (FIRMINO et al., 2014). Técnicas de microscopia, testes imunológicos, determinação da patogenicidade, análises moleculares constituem atividades complementares que permitem confirmar a identidade do agente em estudo (PUTNAM, 1995). Essas informações são essenciais para o desenvolvimento de métodos de controle, seja químico, genético ou cultural, os quais tornam possível o manejo adequado da doença (TOZZE JÚNIOR et al., 2006).

O gênero *Colletotrichum*, engloba diversas espécies que apresentam estratégias de sobrevivência na forma de saprofitismo ou patogênicas, sendo estas últimas, responsáveis por doenças economicamente importantes, comumente denominadas de antracnoses (MENEZES, 2006). As plantas apresentam susceptibilidade a essa doença em todas as fases de desenvolvimento, e o patógeno pode ser disseminado de uma planta para outra por meio de vários agentes bióticos e abióticos (MENEZES, 2006). As sementes infectadas com antracnose possuem importante função na disseminação do inóculo de área para outra e, quando semeadas, poderão transmiti-lo para plântulas, induzindo sintomas de *damping-off* de pré e pós-emergência (MENEZES, 2006).

Na revisão do gênero realizada por Sutton (1992), 22 espécies foram propostas, passando para 39 espécies na atualização realizada pelo mesmo autor em 1992. O número de espécies desde os primeiros trabalhos realizados com os fungos do gênero *Colletotrichum* aumentou à medida que os estudos sobre morfologia, características culturais e patogenicidade, foram aprofundados (CANNON et al., 2000). Os avanços nos estudos moleculares permitiram a descrição de novas

espécies de *Colletotrichum* (FIRMINO et al., 2014). Na edição de 2008 do *Dictionary of the Fungi* 60 espécies do gênero foram sugeridas (KIRK et al., 2008). Posteriormente, Hyde et al. (2009) sugeriram 66 espécies de deste patógeno.

O fungo *C. truncatum* foi descrito pela primeira vez em 1935, causando antracnose em feijão-fava e em diversas outras leguminosas nos Estados Unidos (DAMM et al., 2009). A espécie apresenta alto poder de destruição, causando doença em inúmeras espécies tropicais e subtropicais, como leguminosas e solanáceas (CANNON et al. 2012). Trata-se de um patógeno hemibiotrófico, apresentando as fases: biotrófica e necrotrófica; possui características morfológicas semelhantes a outras espécies de fungo que detêm conídios curvados, sendo importante patógeno por causar antracnose em soja, brássicas e em várias espécies botânicas pertencentes à família Fabaceae (SUTTON et al., 1992; DAMM et al., 2009). Além de *C. truncatum*, existem outras importantes espécies com conídios curvados tais como o *C. incanum* Yang sendo obtido de plantas de soja nos Estados Unidos (YANG et al., 2014).

## 2.6 Resistência genética

A antracnose apresenta controle difícil, principalmente pelo fato do patógeno possuir eficiente transmissão através de sementes e grande capacidade de sobrevivência em restos culturais infectados nas regiões de clima temperado (SUTTON, 1992; TU, 1992), além disso, o controle químico da doença é significativamente oneroso (TU, 1992). Baseado nisso, a identificação de resistência genética é uma estratégia largamente utilizada no controle de fitopatógenos (BRAMMER et al., 2001).

O plantio de cultivares resistentes é um método ideal de controle de doenças em plantas, pois apresenta vantagens como baixo custo, fácil uso, alta eficácia e ecologicamente desejável (SILVA et al., 2014). Resistência genética é característica herdável e o nível de resistência de plantas a patógenos pode variar de plantas altamente suscetíveis a plantas altamente resistentes ou até mesmo imunes (MIZUBUTI; MAFFIA, 2007).

Em programa que vise controlar a antracnose por meio da resistência genética, o primeiro passo consiste na identificação de fontes de resistência dentre os acessos, para serem posteriormente incorporadas em programas de melhoramento

(SPONHOLZ et al., 2006). Os acessos devem ser submetidos às avaliações em iguais condições de ambiente, ou seja, em condições bastante homogêneas para que não haja equívocos na identificação de matérias que detêm fontes de resistência (GALLO et al., 2002).

Foram identificados doze genes que condicionam resistência à antracnose no feijoeiro-comum. Quatro séries alélicas foram identificadas para esses locus: *Co-1*: *Co-11*, *Co-12*, *Co-13*, *Co-14* e *Co-15*; *Co-3*: *Co-32*, *Co-33* e *Co-34*; *Co-4*: *Co-42* e *Co-43* e *Co-5*: *Co-5 2* (BIC, 2014). Onze deles são dominantes e somente o gene *Co-8* é recessivo. Já foram mapeados oito locus de resistência entre os 11 cromossomos (B1-B11) do feijoeiro: *Co-1* (B1), *Co-2* (B11), *Co-3* (B4), *Co-4* (B8), *Co-5* (B7), *Co-6* (B7), *Co-10* (B4) e *Co-13* (B3) (KELLY et al., 2003; SINGH; SHWARTZ, 2010; LACANALLO et al., 2010).

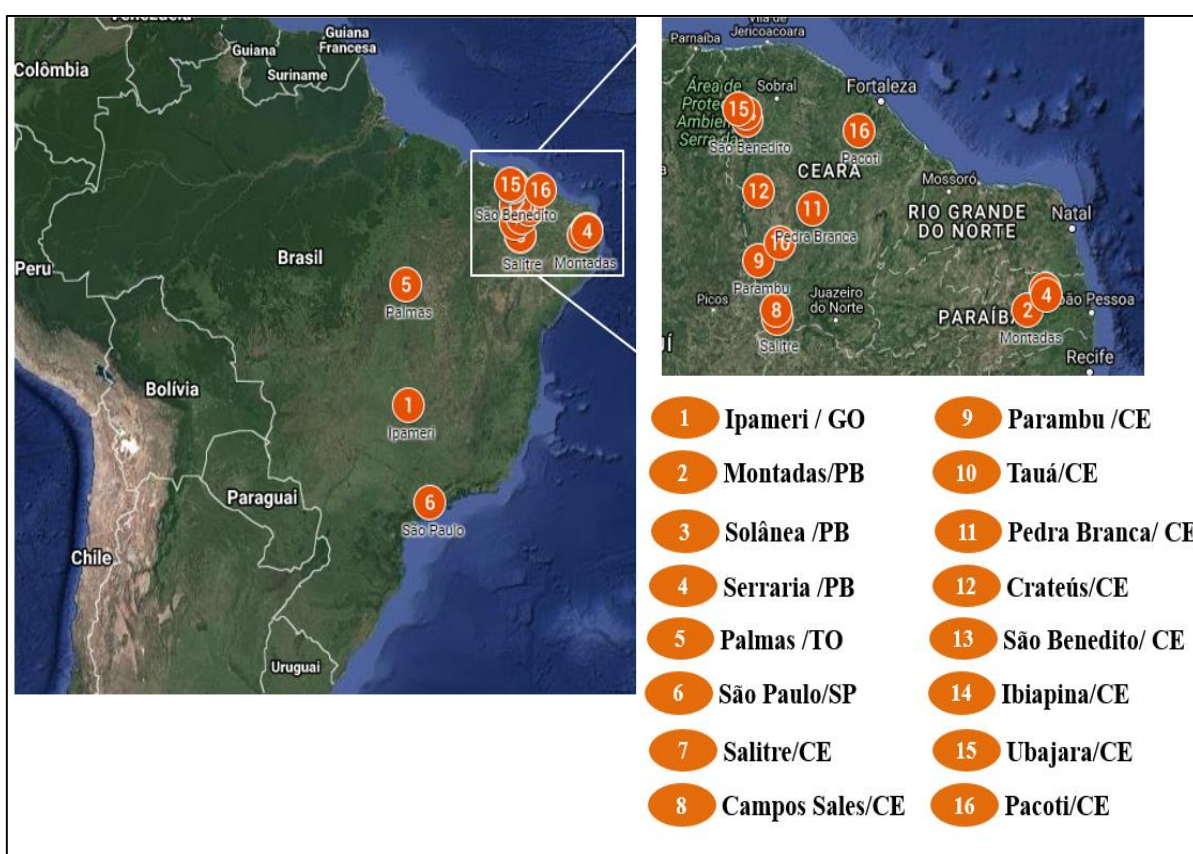
Diversos trabalhos foram conduzidos para nortear as subseqüentes ações na busca por cultivares resistentes (CASELA; FREDERIKSEN, 2001; COSTA et al., 2009; MARTINS et al., 2008; SPONHOLZ et al., 2006). Costa et al. (2009), identificaram resistência de germoplasma comercial de soja juvenil à *C. truncatum*, encontrando entre as 48 cultivares analisadas, apenas três suscetíveis. Sponholz et al. (2006) avaliaram a resistência de 180 acessos de feijão-caupi quanto à resistência a *C. truncatum*, encontrando quatro materiais altamente resistentes, 25 medianamente resistentes, 58 medianamente suscetíveis e 93 altamente suscetíveis.

Antracnose provocada por *C. truncatum* é uma doença muito estudada em várias culturas como soja e lentilha, nesses casos têm apontado fontes de resistência como uma importante e eficiente forma de controle (NOETZOLD et al., 2014, TULLU A. et al., 2006, COSTA et al., 2003). Entretanto, vale ressaltar que são relativamente escassos os trabalhos realizados com a cultura feijão-fava. Dentre os poucos estudos, destacam-se os realizados por Carmo et al. (2015) e Rodrigues et al. (2012), que avaliaram a reação de acessos de feijão-fava à antracnose, utilizando a metodologia folhas destacadas inoculadas com *C. truncatum*.



### 3. MATERIAL E MÉTODOS

O trabalho foi realizado no período de janeiro a setembro de 2016, com 27 acessos de feijão-fava provenientes de dezesseis regiões do Brasil (Figura 1). O material utilizado é pertencente ao Banco Ativo de Germoplasma de Feijão-fava da Universidade Federal do Piauí (BAG-UFPI), localizado no Laboratório de Sementes e Recursos Genéticos (LASEM) do Departamento de Fitotecnia do Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Piauí, no município de Teresina - PI, situado a 72,7 m de altitude, 05°05'05" de latitude S e 42°05' de longitude W. Os acessos do BAG-UFPI utilizados na pesquisa (Tabela 1), foram submetidos a caracterização fitopatológica e/ou morfoagronômica, em busca daqueles com resistência a genética ao *C. truncatum* e de características morfoagronômicas ligadas a resistência ao fitopatígeno.



**Figura 1.** Distribuição geográfica dos acessos utilizados nas caracterizações morfoagronômicas e fitopatológicas. Teresina-PI. Fonte: Google Earth.

**Tabela 1** – Acessos de feijão-fava caracterizados fitopatológica e/ou morfoagronomicamente. Teresina-PI, 2016.

Nº	Acesso	Procedência	Nº	Acesso	Procedência
1	UFPI 220	Ipameri/GO	15	UFPI 861	Pedra Branca/CE
2	UFPI 832	Montadas/PB	16	UFPI 862	Crateús/CE
3	UFPI 834	Montadas/PB	17	UFPI 863	Crateús/CE
4	UFPI 836	Montadas/PB	18	UFPI 864	São Benedito/CE
5	UFPI 842	Solânea/PB	19	UFPI 865	São Benedito/CE
6	UFPI 850	São Paulo/SP	20	UFPI 866	São Benedito/CE
7	UFPI 852	Palmas/TO	21	UFPI 867	São Benedito/CE
8	UFPI 854	São Paulo/SP	22	UFPI 868	Tauá/CE
9	UFPI 855	São Paulo/SP	23	UFPI 869	Ibiapina/CE
10	UFPI 856	Salitre/CE	24	UFPI 871	Ubajara/CE
11	UFPI 857	Campos Sales/CE	25	UFPI 872	Ubajara/CE
12	UFPI 858	Parambu/CE	26	UFPI 878	Pacoti/CE
13	UFPI 859	Tauá/CE	27	UFPI 879	Pacoti/CE
14	UFPI 860	Pedra Branca/CE			

### 3.1 Caracterização morfoagronômica

A caracterização morfoagronômica dos acessos foi realizada em telado, no qual foram utilizados 22 acessos de feijão-fava semeados em vasos de polietileno (25 L). A semeadura foi realizada utilizando-se três sementes por vaso, deixando-se duas plantas após o desbaste. Realizou-se tratamentos fitossanitários para o controle de pragas e a irrigação durante todo o ciclo da cultura; as plantas de hábito de crescimento indeterminado foram tutoradas com estacas de ripa. Foi utilizado o delineamento inteiramente casualizado, com quatro repetições, sendo a parcela constituída por um vaso, com duas plantas.

A caracterização dos acessos foi realizada com base em 29 descritores morfoagronômicos de feijão-fava referentes a folhas, ramos, flores, vagens e sementes, recomendados pelo *International Plant Genetic Resources Institute* (IPGRI, 2001). Os caracteres quantitativos avaliados foram:

- Número de dias para a floração (NDF): número de dias correspondentes desde a emergência até o estágio onde 50% das plantas estão em floração;
- Duração da floração (DF): período desde o aparecimento da primeira flor até que 50% das plantas tenham terminado a floração;
- Número de dias até a maturação (NDM): número de dias até o estágio em que 50% das plantas estão em maturação;
- Comprimento do cacho (CC): comprimento do cacho em centímetros. Em caso de plantas com crescimento determinado, medir um cacho terminal; se for uma planta de crescimento indeterminado, escolher um cacho lateral para mensuração;
- Peso de vagem (PV): corresponde ao peso de 20 vagens tomadas ao acaso, em gramas.
- Comprimento da vagem (COMPV): corresponde à média do comprimento de 20 vagens maduras tomadas ao acaso, em centímetros;
- Largura da vagem (LV): média da largura das 20 vagens maduras tomadas ao acaso, em centímetros;
- Número de lóculos por vagem (NLV): média do número de funículos das 20 vagens tomadas ao acaso;
- Número de sementes por vagem (NSV): média do número de sementes das 20 vagens tomadas ao acaso;
- Comprimento da semente (CS): refere-se à média do comprimento de dez sementes secas tomadas ao acaso, em milímetros;
- Largura da semente (LS): média da largura de dez sementes secas tomadas ao acaso, em milímetros;
- Espessura da semente (ES): média da espessura de dez sementes secas tomadas ao acaso, em milímetros;
- Peso da semente (P100S): corresponde ao peso de 100 sementes tomadas ao acaso, em gramas.

Já os caracteres qualitativos estudados foram avaliados de acordo com as seguintes escalas de notas:

- Forma do folíolo (FF): (1) redondo, (3) oval, (5) oval-lanceolado, (7) lanceolado, (9) linear-lanceolado;
- Pilosidade da folha (PF): (0) glabra, (3) ligeiramente pubescente, (5) moderadamente pubescente, (7) altamente pubescente;
- Padrão de crescimento (PC): (1) determinado, (2) indeterminado;
- Ramificação (OR): (1) um caule principal, ramos laterais curtos, raros ou inexistentes (3) um caule principal, raros ramos laterais a começar nos primeiros nós, (5) dois ou três caules principais a começar nos primeiros nós, (7) Dois ou três caules principais e outros ramos laterais, (9) Densamente ramificado;
- Pigmentação do caule principal: (0) sem pigmentação, (3) localizada nos nós, (5) generalizada e (7) quase total;
- Cor das asas (CAF): (1) branca, (3) rosa claro, (5) rosa escuro a púrpura, (7) violeta.
- Posição das vagens em relação aos cachos: (1) principalmente concentradas na base, (2) principalmente concentradas no meio, (3) principalmente concentradas no topo, (4) igualmente distribuídos pela planta, (5) distribuídos aleatoriamente;
- Pubescência da vagem: nas vagens imaturas completamente desenvolvidas, (0) glabra e (1) pubescente;
- Forma do ápice da vagem (FAV): nas vagens imaturas completamente desenvolvidas, (1) curto, (2) médio, (3) longo e (4) grosso;
- Cor da vagem: (1) castanho, (2) castanho com manchas avermelhado/púrpura ou manchas (zonas pigmentadas);
- Deiscência da vagem: na maturação, (0) não deiscente e (1) deiscente;
- Cor de fundo da semente: (1) verde, (2) branco, (3) cinzento, (4) amarelo, (5) cor de tijolo, (6) castanho claro, (7) castanho, (8) rosa, (9) vermelho, (10) vermelho-escuro, (11) vermelho-púrpura, (12) preto;
- Cor padrão da semente: (0) ausente, (1) verde, (2) castanho claro ou laranja, (3) castanho-escuro, (4) vermelho, (5) vermelho púrpura, (6) preto;
- Segunda cor padrão da semente: (0) padrão com apenas uma cor/ausente, (1) vermelho-escuro, (2) vermelho-púrpura, (3) preto;

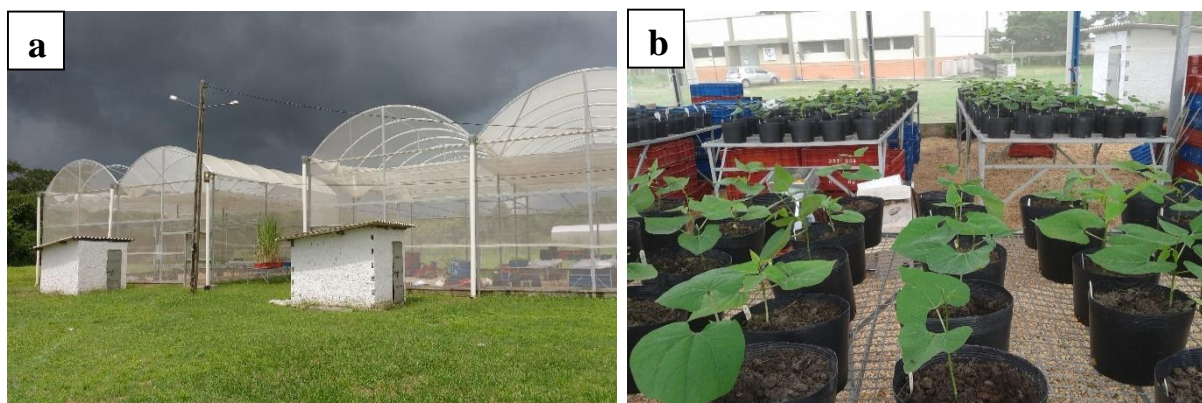
- Padrão do tegumento da semente: (0) ausente, (1) padrão apenas à volta do auréolo, (2) auréolo distinto com poucos sinais no corpo, (3) auréolo distinto com muitos sinais no corpo, (4) auréolo distinto com manchas em menos de 50% do corpo, (5) auréolo distinto com manchas em mais de 50% do corpo, (6) auréolo semelhante ao padrão, maculado na região do hilo, presença de alguns sinais, (7) auréolo semelhante ao padrão, maculado na região do hilo e o lado frontal, possível presença de alguns sinais, (8) auréolo semelhante ao padrão, maculado na região do hilo, lado frontal, lado de trás e em baixo, (9) auréolo semelhante ao padrão, maculado na região do hilo, corpo com bandas radiadas a partir da região do hilo, (10) auréolo semelhante ao padrão, maculado na região do hilo, corpo com manchas orientadas radialmente e transversalmente, (11) corpo dispersamente marmoreado, (12) corpo moderadamente marmoreado, formando algumas manchas, (13) corpo intensamente marmoreado, fundo da semente quase invisível;
- Forma da semente: semente retirada da parte média da vagem.

### 3.2 Caracterização fitopatológica

A caracterização fitopatológica foi realizada no período de fevereiro a abril de 2016 e repetido no período de abril a julho, períodos esses que apresentaram condições contrastantes (Tabela 2) envolvendo inoculação do fungo *C. truncatum* em acessos de feijão-fava. O experimento foi realizado na estufa da RIDESA-PI (Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucreenergético) (Figura 2a), localizado no *campus* da UFPI. O delineamento utilizado foi inteiramente ao acaso com 27 tratamentos e cinco repetições (Figura 2b).

**Tabela 2.** Dados correspondentes a temperatura e precipitação em Teresina-PI durante o período fevereiro à julho de 2016

Estacao	Data	Prec. Total	Temp. Max. Med.	Temp.Min.Med.
82578	29/02/2016	118.4	33.7	23.7
82578	31/03/2016	20.6	-	-
82578	30/04/2016	95.4	33.4	24.2
82578	31/05/2016	36.4	33.8	23.9
82578	30/06/2016	25.4	34.5	21.8
82578	31/07/2016	0	35.8	20.6



**Figura 2.** Estufa da RIDESA, local da realização do experimento (a), condução do experimento (b). Teresina-PI, 2016. Fonte: autoria própria.

### 3.2.1 Origem do isolado de *C. truncatum*

Para a obtenção do isolado de *C. truncatum*, foi utilizado o meio batata-dextrose-ágar (BDA), constituído de 200 g de batata cozida em forno micro-ondas por 20 minutos, acrescido de 20 g de dextrose e 16 g de ágar, onde posteriormente foi autoclavado a 121 °C por 20 min e distribuído em placas de Petri de 15 cm de diâmetro. Posteriormente uma amostra do isolado CT4 advindo de uma cultura de *C. truncatum* caracterizado por Cavalcante et al. (2012), foi transferida para o meio.

As placas de Petri foram incubadas em fotoperíodo de 12 h, e temperatura de  $28 \pm 1$  °C, durante quinze dias até o crescimento total do fungo. Posteriormente, o inóculo foi preparado adicionando-se 20 mL de água destilada esterilizada à placa do fungo cultivado em meio de cultura BDA, removendo-se as estruturas do patógeno com uma alça de platina em formato “o”. Em seguida, a suspensão foi filtrada em filtro de café, para separação dos esporos, sendo a concentração ajustada em  $10^6$  esporos/mL, com o auxílio da câmara de Neubauer (MENEZES, 2006).

### 3.2.2 Avaliação da resistência de acessos de feijão-fava a antracnose

A reação dos acessos frente à inoculação do patógeno foi constatada após dez dias de inoculação utilizando o programa *Assess 2.0* e por uma análise visual da planta, através da escala visual empregada em *P. vulgaris* descrita por Tamayo (1995), uma vez que não existe uma escala para *P. lunatus*.

As plantas utilizadas no experimento foram obtidas através da semeadura de três sementes em vaso de polietileno (2,8 L) contendo 2,0 kg de terra vegetal adubada

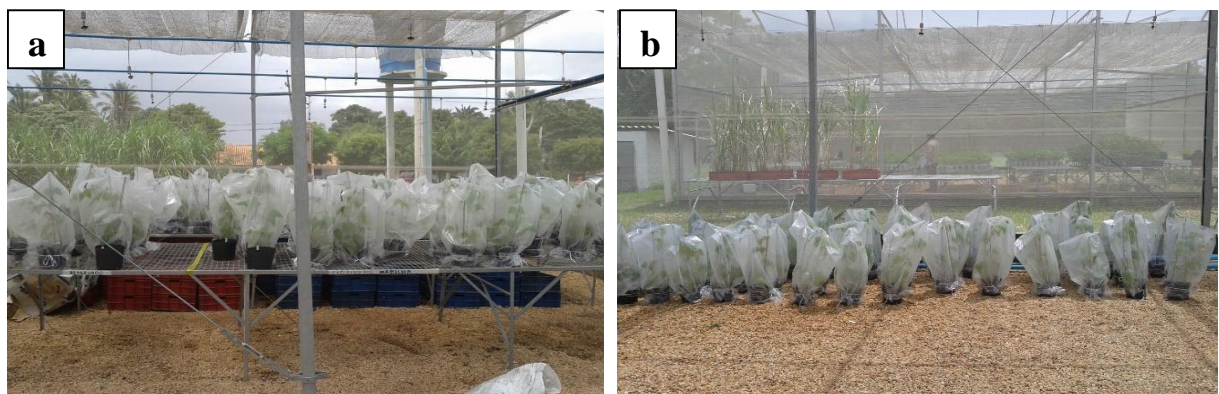


e previamente autoclavada, na proporção 3:1, deixando após desbaste uma planta por vaso. Posteriormente tais plantas foram tutoradas com auxílio de estaca de bambu (Figura 3). Após trinta dias as plantas foram inoculadas na parte aérea com a suspensão do isolado CT4 por intermédio de um borrifador, tal inoculação foi realizada no período da manhã. Cinco plantas foram inoculadas com suspensão de esporos do isolado CT4, ao passo que duas outras plantas foram inoculadas com água destilada, a fim de servirem como controle, e comprovarem a inexistência de patógeno exógeno.



**Figura 3.** Acessos de feijão-fava tutorados com estacas de bambu. Teresina-PI, 2016  
Fonte: autoria própria.

Após a inoculação as plantas foram acondicionadas em um saco plástico (100 X 70 cm) no intuito de promover uma câmara úmida por 24 h, gerando assim condições satisfatórias para colonização do fungo. No procedimento, as plantas inoculadas com o fungo foram separadas dos controles, a fim de não haver contato entre os dois grupos de indivíduos (Figura 4a,4b).



**Figura 4.** Acessos de feijão-fava submetidos à câmara úmida. Plantas inoculadas com suspensão de conídios (a), plantas inoculadas com água destilada (controles) (b). Teresina-PI, 2016. Fonte: autoria própria.

A avaliação dos sintomas foi efetuada 10 dias após a inoculação, conforme a escala de notas desenvolvida por Tamayo (1995) adaptada, em que 1 indica a ausência de sintomas (resistentes), e 5 plantas com queda de folhas, bem como presença de regiões de pecíolos e ramos atingidos (suscetíveis). As notas intermediárias foram consideradas como medianamente resistentes.

A análise da severidade dos sintomas da doença foi também mensurada utilizando o programa *Assess 2.0*, que analisa imagens de folhas afetadas, quantificando a área lesionada. Dez dias após a inoculação foi selecionado de cada acesso, mais precisamente da região intermediária das plantas, duas folhas trifoliadas. Os folíolos foram então destacados e cuidadosamente escaneados. Uma vez escaneados, as imagens dos folíolos foram analisadas pelo programa, no qual foi quantificada a área infectada. Após a avaliação da severidade, obteve-se uma média geral das porcentagens atribuídas a cada acesso pelo programa. Com base nessas médias, os acessos foram agrupados a partir dos seguintes critérios: 10 – 8 (altamente suscetível), 7- 5 (moderadamente suscetível), 4 – 2 (moderadamente resistente) e 2 – 0 (altamente resistente).

### **3.3 Análises estatísticas**

Para a realização da ANAVA, os dados da severidade foram transformados por  $\sqrt{x+1}$  para obter normalidade dos erros e homogeneidade da variância dos tratamentos, sendo posteriormente agrupadas pelo teste proposto por Scott e Knott (1974) ( $P < 0,05\%$ ). A distância genética entre todos os pares de acessos para caracterização fitopatológica foi estimada por meio da distância euclidiana, a partir de médias padronizadas. Com base na matriz de dissimilaridade genética gerada, foi construído um dendrograma utilizando-se o método de agrupamento UPGMA.

Para a realização da análise de agrupamento no experimento da caracterização morfoagronômica e fitopatológica, empregou-se o método hierárquico UPGMA utilizando a distância de Gower (1971), considerando os valores médios obtidos para caracteres qualitativos tais como: forma do folíolo, pilosidade da folha, ramificação, pigmentação do caule principal, cor das asas das flores, posição das vagens em relação aos cachos, pubescência da vagem, deiscência das vagens, cor do fundo da semente, cor padrão da semente e segunda cor padrão da semente; e caracteres quantitativos: início da floração, duração da floração, número de dias para maturação



da vagem, comprimento do cacho, espessura da semente, comprimento da semente, peso de 100 sementes, comprimento da vagem, largura da vagem, peso da vagem, número de locos por vagem e número de sementes por vagem e grau de infecção.

As análises estatísticas foram realizadas com o auxílio dos programas computacionais SAS (1993) e GENES (CRUZ, 2006).

## 4.0 RESULTADOS E DISCUSSÃO

### 4.1 Caracterização morfoagronômica qualitativa

No que diz respeito às características relacionadas as folhas (Tabela 3), foi analisado: a forma foliar e a pilosidade. Quanto a forma da folha (FF), o acesso UFPI 869 foi o único que apresentou a forma foliar do tipo acuminada oval lanceolado, já os acessos UFPI 220 e UFPI 842, se apresentaram com folíolos do tipo redondo, os demais, apresentaram forma foliar folha oval. A forma foliar mesmo não detendo importância agrônômica conhecida no feijão-fava, trata-se de um caráter de herança monogênica (HALVANKAR; PATIL, 1994), que pode ser útil na seleção de genitores para cruzamentos, caso esteja ligado a características de interesse como a resistência a doenças. No caso específico, da antracnose do feijão-fava provocada por *C. truncatum* percebeu-se que dois acessos considerados resistentes detiveram forma do folíolo redondo, sendo assim tais características poderiam estar relacionadas.

Em relação a pilosidade da folha observou-se dois padrões: os acessos UFPI 862, UFPI 863 e UFPI 872 moderadamente pubescente, e o restante dos acessos apresentaram folhas ligeiramente pubescente. Deste modo todos os acessos estudados detêm um certo grau de pilosidade na folha. A presença de pilosidade em folhas pode ser associada à características relevantes, no que diz respeito a proteção contra pragas como lagartas, é o que demonstra o trabalho de Bavaresco et al. (2003) qual constataram, em um estudo com feijão carioca, que a presença de pilosidade impedia o desenvolvimento de *Spodoptera cosmioides*, uma vez que as lagartas ficam aprisionadas nos pelos foliares

Com relação ao hábito de crescimento constatou-se que todos os acessos apresentaram um hábito de crescimento indeterminado. Concordam com esses resultados o trabalho realizado por Santos et al. (2002), que estudando produtividade e morfologia de vagens e sementes de variedades de feijão-fava no Estado da Paraíba, notaram que todos os acessos indicaram hábito de crescimento indeterminado e trepador; e o trabalho realizado por Oliveira et al. (2011), onde 75% dos acessos testados no estudo, apresentaram esse hábito de crescimento. Ainda segundo Oliveira et al. (2011), culturas de habito de crescimento indeterminado, possuem maior produtividade que as de hábito determinado porque o desenvolvimento vegetativo prossegue com a emissão de novos nós e novas

florações proporcionando assim um maior potencial de produção. Para a cor do caule os acessos, com exceção UFPI 860, UFPI 862, UFPI 867 e UFPI 868, não se observou a presença de pigmentação, fazendo desta característica predominante. Concorda com esses resultados a caracterização feita por Guimarães et al. (2007), cujo a maioria dos seus acessos detém tal padrão de coloração.

Observaram-se três variações de cores das flores, a saber: dois acessos apresentaram as asas das flores lilás (UFPI 860 e 879), apenas uma na cor violeta (UFPI 862) e quanto ao restante se apresentou na cor branca. Deste modo a grande maioria dos acessos apresentaram asas das flores na cor branca, tais dados concordam com os trabalhos de Guimarães et al. (2007) que realizando caracterizações morfológicas com feijão-fava, observaram que a maioria dos seus acessos apresentaram cor das asas das flores brancas. Descritores como cor das asas das flores são determinados por poucos genes sendo pouco influenciados pelo ambiente e facilmente diferenciadas fenotipicamente, podendo funcionar, assim como bons marcadores genéticos, caso estejam ligados a determinadas características de interesse (RAMALHO et al., 1993).

As características qualitativas relacionadas as vagens não apresentaram forte discriminação entre os acessos. Para pubescência da vagem observou-se que apenas os acessos UFPI 220, UFPI 842, UFPI 852 e UFPI 866 não apresentaram pubescência. A pubescência pode estar associada a barreira de pragas externas, não necessariamente a patógenos tendo em vista que dois dos acessos considerados resistentes (UFPI 220 e UFPI 842) não detinham tal característica. A coloração da vagem não foi uma característica discriminante tendo em vista que todos os acessos estudados se apresentaram na coloração castanha. Quanto a posição das vagens em relação a planta viu-se que a maioria dos acessos estudados tiveram distribuição na base da planta. O acesso UFPI 220, se apresentou com vagens distribuídas aleatoriamente, já o acesso UFPI 842 deve as vagens principalmente no topo, tal característica é satisfatória segundo Adam et al. (1989), que trabalhando com duas posições de vagens na planta em soja, constatou que as sementes de maior peso e melhor qualidade estavam localizadas no topo, fato associado à maior atividade fotossintética das folhas situadas na região apical da planta.

A cor do tegumento (CT) foi avaliada neste trabalho devido à importância dos diferentes tipos, tanto na aceitação no mercado como na identificação botânica. A ampla variabilidade de cores do tegumento das sementes (Figura 5) apresentada

pelos diversos acessos de feijão-fava, é uma característica fundamental na seleção de cultivares (GUIMARÃES et al., 2007). Quanto às características qualitativas relacionadas à cor da semente (Tabela 3): a maioria dos acessos, cerca de 45% dos acessos tiveram a cor de fundo branco, cerca de 41% apresentaram a cor bege, cerca de 10% dos acessos castanho-claro e 4% na cor laranja.

Para a característica cor padrão, cerca de 54,5% dos acessos apresentaram o padrão bicolor, com variadas formas de padrão de tegumento, os demais variaram de ausente a preto, sendo que castanho-claro apresentou maior evidência (acessos UFPI 866 e UFPI 842). Para segunda cor padrão, os genótipos apresentaram variação de ausente a preto, obtendo prevalência na cor marrom (acesso UFPI 842). Dessa forma, percebeu-se que a maioria dos genótipos analisados possuem única coloração, destes a quase totalidade era branca ou bege, ou seja cores claras, tal fato é interessante visto que o consumidor nordestino prefere o feijão-fava de tegumento branco (LOPES et al., 2010). No entanto, observa-se todos os acessos que possuem uma única coloração clara, detém alta ou moderada suscetibilidade a infecção de *C. truncatum*, por outro dois dos três acessos considerados altamente resistentes ao patógeno, UFPI 220 e UFPI 832, detém coloração laranja e roxa respectivamente.

**Tabela 3.** Dados referentes à caracterização morfológica qualitativa de acesso de feijão-fava

Acesso	FF	PF	PC	OR	PCP	PUV	FAV	DV	CV	PVRC	CAF	CFG	CPG	2CPG	PTG	FS
UFPI 220	3	3	2	1	0	0	1	1	1	5	1	15	0	0	0	1
UFPI 836	3	3	2	3	0	1	3	0	1	1	1	2	0	0	0	7
UFPI 842	1	3	2	1	0	0	1	0	1	3	1	6	2	1	7	3
UFPI 852	3	3	2	3	0	0	3	0	1	1	1	2	0	0	0	8
UFPI 854	3	3	2	3	0	1	4	0	1	3	1	2	4	1	9	11
UFPI 856	3	3	2	1	0	1	4	0	1	3	1	2	0	0	0	3
UFPI 857	3	3	2	3	0	1	4	1	1	3	1	3	6	3	8	5
UFPI 858	3	3	2	1	0	1	4	0	1	1	1	2	0	0	0	3
UFPI 859	3	3	2	1	0	1	2	0	1	1	1	2	0	0	0	4
UFPI 860	3	3	2	1	5	1	4	0	1	1	3	6	2	1	4	2
UFPI 861	3	3	2	1	0	1	4	0	1	2	1	2	0	0	0	3
UFPI 862	3	5	2	1	7	1	4	0	1	3	7	7	2	1	4	2
UFPI 863	3	5	2	1	0	1	4	0	1	3	1	2	2	2	1	2
UFPI 864	3	3	2	1	0	1	1	0	1	3	1	2	0	0	0	3
UFPI 865	3	3	2	1	0	1	2	0	1	1	1	2	0	0	0	3
UFPI 866	3	3	2	1	0	0	1	1	1	5	1	3	9	1	5	1
UFPI 867	3	3	2	1	3	1	1	0	1	1	1	3	6	3	10	8
UFPI 868	3	3	2	1	5	1	1	0	1	1	1	6	2	5	4	2
UFPI 869	3	3	2	1	0	1	1	0	1	5	1	2	0	0	0	2
UFPI 871	3	3	2	1	0	1	4	0	1	1	1	2	0	0	0	3
UFPI 872	3	5	2	1	0	1	4	0	1	3	1	2	0	0	0	7
UFPI 879	5	3	2	3	0	1	3	0	1	1	3	6	2	5	4	2

FF= Forma do folíolo; PL= pilosidade da folha; PC= Padrão de crescimento; OR= orientação dos ramos; PCP= pigmentação do caule principal; PUV= pubescência da vagem; FAV= Forma do ápice da vagem; DV= Deiscência da vagem; CV=Cor da vagem; PVRC= Posição das vagens em relação a planta; CAF= Cor das asas das flores; CRF= Cor do fundo do grão; CPG= Cor padrão do grão; 2CPG= segunda cor padrão do grão; PTG= padrão do tegumento; FS= forma da semente

Figura 5. Diferentes padrões de coloração do tegumento externo dos acessos de feijão-fava



Fonte: Autora, ano?

## 4.2 Caracterização morfoagronômica quantitativa

No que diz respeito a descrição das características quantitativas percebeu-se uma variabilidade entre os caracteres estudados, tais como: comprimento de cacho, início da floração, duração da floração, número de dias para maturação da vagem, espessura da semente, largura da semente, comprimento da semente, peso de 100 sementes, comprimento da vagem, largura da vagem, peso da vagem, número de locus por vagem e número de sementes por vagem (Tabela 4).

Observou-se variabilidade em relação ao comprimento do cacho, variando de 5,2 cm (UFPI 869) à 24,25 cm (UFPI 220). Para o caráter dias para início da floração (DIF), observou-se uma variação de 60 dias (UFPI 220) à 154 dias (UFPI 856). Neste caso os acessos com florescimento mais precoce são mais convenientes uma vez que, baseado no clima da região nordeste, cuja temperatura vai aumentando progressivamente com o passar dos meses, os acessos que demoram um maior período de tempo para florescer tempo estão mais propensos a sofrer prejuízos como abortamento. A precocidade é uma importante característica, pois representa a possibilidade da realização de até três cultivos por ano, compreendendo os cultivos de sequeiro e irrigado, possibilitando aumentar e/ou estabilizar a produção em regiões com longos períodos de seca (FREIRE FILHO et al., 2005).

Outra importância da precocidade é a relação com o clima específico de cada região, ou seja, as cultivares e linhagens precoces podem escapar de estiagens que, frequentemente, ocorrem em zonas semiáridas (EHLERS; HALL, 1997). No feijoeiro, dependendo da fase fenológica em que a alta temperatura incide, pode haver abortamento de flores e vagens, redução no vingamento e na formação dos grãos (GROSS; KIGEL 1994). Baseado em tais observações o acesso UFPI 220 foi o que melhor se apresentou para o caráter dias para o início da floração, pois é o mais precoce dentre os acessos estudados, outra característica relacionada ao florescimento em que o acesso UFPI 220 foi superior em relação aos demais acessos, foi a duração de floração, tendo em vista que apresentou um maior período com 115 dias, sendo assim satisfatório tendo em vista a sua ligação direta com a produtividade.

Os descritores relacionados às vagens de modo geral discriminaram os acessos. Para descritor número de dias para maturação o acesso UFPI 220 foi o mais

precoce. Com relação ao comprimento médio da vagem houve uma variação de 4,4 (UFPI 220) a 10,04 cm (UFPI 852), concordando com os resultados obtidos por Santos et al. (2002) que verificaram uma variação de 6,2 a 8,9 cm. Já a largura variou 1,20 (UFPI 220) a 2,09 cm (UFPI 836), sendo portanto, dados mais contrastantes que os analisados por Oliveira et al. (2011), o qual, observaram em seus acessos uma variação de 1,77 e 1,43 cm. Quanto ao número de locos por vagem, o acesso UFPI 860 obteve a maior média com 3,55 locos por vagem. No que diz respeito ao número de semente por vagem, o acesso UFPI 852 obteve os maiores valores. Para peso da vagem o acesso UFPI 852 obteve a maior média com 3,16 g, tal característica é importante, tendo em vista que está diretamente ligada a produtividade.

Com relação as características relacionadas à semente, observou-se que o acesso UFPI 852 apresentou sementes com maior comprimento e largura de 22,07mm e 19,99 mm, respectivamente. O peso de 100 sementes variou de 34,56 g (UFPI 220) a 154,04 g (UFPI 858). Estes resultados concordam, em parte, com os encontrados por Santos et al. (2002) quando obtiveram uma variação de 32,6 a 79,5 g no peso de 100 sementes de feijão-fava. Por outro lado, também com feijão-fava, Guimarães et al. (2007) verificaram, para esse caráter, uma variação maior, com 15,0 a 88,9 g. Segundo Silva e Freitas (1996), o peso de 100 sementes é um dos caracteres mais importantes na seleção para produtividade de grãos em feijão-fava.

Os acessos considerados resistentes a partir da análise fitopatológica, UFPI 220 e UFPI 842 apresentam algumas características quantitativas similares, relacionadas as sementes que talvez poderiam ser associadas a resistência. Ambos os acessos apresentaram os menores valores para: peso de 100 sementes, largura e comprimento das sementes, além do comprimento de vagem. Não foi encontrado na literatura nenhum trabalho que tenha feito tal associação, daí a necessidade da realização de estudos afim de comprovarem tal relação, que por sua vez poderia ser extremamente útil na seleção de acessos, para então direcionar cruzamentos.



**Tabela 4.** Dados referentes aos caracterização morfológica quantitativa de acessos de feijão-fava

<b>Acesso</b>	<b>CC</b>	<b>DIF</b>	<b>DF</b>	<b>DMV</b>	<b>ES</b>	<b>CS</b>	<b>LS</b>	<b>CS</b>	<b>CV</b>	<b>LV</b>	<b>PV</b>	<b>NL</b>	<b>NS</b>
UFPI 220	24,25	60	115	103	5,98	9,24	7,41	34,56	4,40	1,20	0,81	2,55	2,00
UFPI 836	16,75	125	35	157	5,13	20,53	13,44	82,9	9,05	2,09	2,14	2,90	2,40
UFPI 842	7,00	96	62	130	5,57	12,75	9,41	44,65	5,23	1,42	1,13	2,30	1,75
UFPI 852	20,25	104	55	120	2,92	22,07	13,99	95,74	10,04	1,91	3,16	3,20	2,55
UFPI 854	5,69	93	72	138	6,34	15,69	11,18	75,95	6,04	1,45	1,37	2,80	2,05
UFPI 856	11,25	154	62	145	4,17	16,02	10,81	62,55	6,68	1,70	1,95	2,85	2,35
UFPI 857	8,75	125	35	138	4,69	16,27	11,69	67,35	7,67	1,93	1,90	2,65	2,30
UFPI 858	10,13	111	48	125	4,72	15,16	10,74	154,04	5,51	1,67	1,12	2,70	2,15
UFPI 859	12,75	125	42	139	4,2	14,74	10,13	73,25	6,36	1,49	2,02	2,70	2,05
UFPI 860	14,13	104	56	138	5,47	15,41	10,38	56,83	6,79	1,40	1,95	3,55	2,30
UFPI 861	10,75	97	70	132	5,36	15,89	10,16	63,64	7,28	1,56	2,05	3,54	2,25
UFPI 862	5,50	95	62	138	5,29	12,99	10,04	155,2	5,68	1,32	1,23	2,50	1,95
UFPI 863	13,63	125	42	122	5,03	13,01	10,61	53,51	5,48	1,38	1,21	2,45	1,85
UFPI 864	9,13	125	42	125	3,51	15,87	10,48	55,23	5,91	1,39	1,17	2,85	2,25
UFPI 865	12,00	125	42	165	5,02	17,24	9,99	59,95	6,32	1,60	1,97	2,70	2,10
UFPI 866	9,50	45	109	138	5,45	10,59	8,53	32,2	4,47	1,30	0,96	2,45	1,85
UFPI 867	14,25	111	55	138	5,51	18,67	12,77	86,21	7,85	1,72	2,05	2,75	2,15
UFPI 868	14,25	111	55	160	5,72	11,76	9,88	46,91	5,24	1,30	1,30	2,60	2,25
UFPI 869	5,20	104	62	149	4,79	14,22	11,36	55,2	5,25	1,47	1,19	2,80	2,15
UFPI 871	14,25	104	63	138	5,01	14,37	10,5	58,33	6,77	1,49	2,07	2,85	2,25
UFPI 872	7,25	125	42	190	5,48	15,12	10,55	63,94	6,83	1,80	1,21	2,05	1,40
UFPI 879	21,63	104	85	154	6,32	13,82	9,27	75,74	6,40	1,53	1,42	2,45	1,85

CC= Comprimento do cacho; DIF= dias para o início da floração; DF= duração da floração; DMV= dias para maturação da vagem; ES= espessura da semente; CS= comprimento da semente; LS= largura da semente; P100= peso de cem sementes; CV= comprimento da vagem; LV= largura da vagem; PV= peso da vagem; NL= número de locos por vagem; NS= número de sementes por vagem

### **4.3 Avaliação de resistência dos acessos de feijão-fava à ação do fungo *C. truncatum***

Observou-se que após dois dias da inoculação pequenas manchas de cor marrom escura em cerca de 20% dos acessos, sendo que os sintomas evidentes se apresentaram nas nervuras centrais, além da formação de manchas necróticas arredondadas. Foi visto ainda, após cinco dias da inoculação, queda de folhas do acesso UFPI 850, em contrapartida os acessos UFPI 832, UFPI 842 e UFPI 220 apresentaram um aspecto saudável sem nenhuma mancha.

A partir do *software* Assess 2.0, observou-se a porcentagem de área infectada referente aos folíolos de cada acesso (Apêndice B). De acordo com Juliatti et al. (2014), o processamento de imagens digitais vem sendo utilizado, nas mais diversas áreas da ciência, e apresenta grande perspectiva na quantificação de doenças. A antracnose além provocar sintomas na superfície foliar pode ocasionar queda de folha, manchas em ramos e pecíolos, por esta razão, foi também empregado como método avaliativo uma escala descritiva visual utilizada em *P. vulgaris* para avaliação de antracnose em acessos.

Embora tenham sido realizados dois experimentos em períodos com condições contrastantes, o teste de hipótese realizado com os dados obtidos através da escala descritiva e do programa *Asses 2.0*, se apresentou como não significativo ( $p < 0,05$ ). Como o teste de hipótese não foi significativo, houve a realização de um teste de média com quadrado médio residual da análise conjunta para os dois experimentos. A interação não significativa entre os acessos estudados e os períodos de inoculação pode ter sido ocasionada pelo pequeno intervalo que separou as duas inoculações. Deste modo, para uma verificação de interação mais satisfatória, é necessário que a repetição dos experimentos seja dada em anos e locais distintos.

No que diz respeito aos dados obtidos a partir da avaliação descritiva (Apêndice A), foi realizado um teste de comparação entre as médias de severidade e reação das acessos de feijão-fava a *C. truncatum*, e verificou-se a formação de três grupos (A, B e C). Dos vinte e sete acessos estudados, treze pertenceram ao grupo “A”, com severidade variando de 2,43 a 2,02, sendo classificados como altamente suscetível (AS); dez pertenceram ao grupo “B”, com severidade variando de 2,00 a 1,89, classificados como moderadamente suscetível e quatro ao grupo “C”, com severidade variando de 1,51 a 1,71 (Tabela 5).

**Tabela 5.** Médias de severidade e reação dos acessos de feijão-fava a *C. truncatum*, a partir dos dados obtidos através da escala de notas, aos dez dias após a inoculação. Teresina-PI, 2016.

<b>Acesso</b>	<b>Severidade</b>	<b>Reação</b>	<b>Acesso</b>	<b>Severidade</b>	<b>Reação</b>
UFPI 850	2,43 A	AS	UFPI 858	2,00 B	MS
UFPI 871	2,34 A	AS	UFPI 879	1,97 B	MS
UFPI 864	2,23 A	AS	UFPI 878	1,97 B	MS
UFPI 855	2,23 A	AS	UFPI 873	1,97 B	MS
UFPI 852	2,23 A	AS	UFPI 854	1,97 B	MS
UFPI 867	2,21 A	AS	UFPI 872	1,95 B	MS
UFPI 860	2,19 A	AS	UFPI 865	1,95 B	MS
UFPI 857	2,14 A	AS	UFPI 862	1,95 B	MS
UFPI 859	2,09 A	AS	UFPI 856	1,89 B	MS
UFPI 834	2,09 A	AS	UFPI 868	1,71 C	R
UFPI 869	2,02 A	AS	UFPI 842	1,67 C	R
UFPI 861	2,02 A	AS	UFPI 832	1,51 C	R
UFPI 836	2,02 A	AS	UFPI 220	1,51 C	R
UFPI 866	2,00 B	MS			
CV (%)	11,02			11,02	

Médias seguidas de mesma letra, na coluna, não diferem estatisticamente entre si pelo método de agrupamento de Scott-Knott ( $P < 0,05$ ). Dados originais AS – Altamente suscetível; MS – Moderadamente suscetível; R – Resistente

A partir da análise *Scott-Knott* foram classificados resistentes os acessos pertencentes ao grupo “C”, tais com: UFPI 832 e UFPI 842, oriundos da Paraíba, além dos acessos UFPI 220 e UFPI 868, que vieram dos estados Goiás e Ceará, respectivamente (Tabela 1). Esse agrupamento pode estar associado a uma possível semelhança genética entre os quatro acessos. Belmino (2004) também observou em acessos de feijão-caupi resistência à *C. truncatum*. Nesse experimento, de acordo com o autor, acessos considerados resistentes para determinado local com condições características, foram considerados suscetíveis em outra região.

Não se encontrou registros de literatura que realizasse a medição da severidade de *C. truncatum* em feijão-fava com auxílio de *softwares*. No que diz respeito a avaliação considerando essa abordagem (Apêndice B) foi realizado um teste de comparação entre as médias de severidade e reação dos acessos de feijão-fava a *C. truncatum*, assim como na análise visual, verificou-se a formação de três

grupos (A, B e C). No entanto diferente da primeira análise, dos vinte e sete acessos estudados, apenas um pertenceu ao grupo “A”, com uma severidade de 9,68, sendo classificado como o único acesso altamente suscetível (AS); vinte e três acessos foram pertencentes ao grupo “B”, com severidade variando de 6,76 a 4,72, classificados como moderadamente susceptível (vinte e dois acessos), moderadamente resistentes (um acesso); três acessos pertencentes ao grupo “C” com severidade variando de 1,08 a 1,67, sendo classificados como altamente resistentes (Tabela 6).

**Tabela 6.** Médias de severidade e reação dos acessos de feijão-fava a *C. truncatum*, a partir dos dados obtidos através do programa Asses 2.0, aos dez dias após a inoculação. Teresina-PI, 2016.

Amostra	Severidade	Reação	Amostra	Severidade	Reação
UFPI 850	9,68 A	AS	UFPI 865	5,66 B	MS
UFPI 860	6,76 B	MS	UFPI 863	5,64 B	MS
UFPI 855	6,49 B	MS	UFPI 856	5,62 B	MS
UFPI 852	6,41 B	MS	UFPI 861	5,60 B	MS
UFPI 872	6,27 B	MS	UFPI 867	5,48 B	MS
UFPI 871	6,12 B	MS	UFPI 854	5,48 B	MS
UFPI 858	6,02 B	MS	UFPI 859	5,46 B	MS
UFPI 869	5,98 B	MS	UFPI 834	5,37 B	MS
UFPI 836	5,82 B	MS	UFPI 864	5,24 B	MS
UFPI 866	5,81 B	MS	UFPI 868	4,72 B	MR
UFPI 879	5,75 B	MS	UFPI 842	1,67 C	AR
UFPI 862	5,74 B	MS	UFPI 220	1,64 C	AR
UFPI 857	5,72 B	MS	UFPI 832	1,08 C	AR
UFPI 878	5,71 B	MS			
CV (%)	13,59			13,59	

Médias seguidas de mesma letra, na coluna, não diferem estatisticamente entre si pelo método de agrupamento de Scott-Knott ( $P < 0,05\%$ ). Dados originais, AS – Altamente suscetível; MS – Moderadamente suscetível; MR – Moderadamente resistente e AR – Altamente resistente

A partir de ambas as análises foi possível selecionar acessos com alto nível de resistência, no entanto houve uma distinção entre os dois métodos avaliativos, no que diz respeito a classificação de acessos quanto a severidade do sintomas de *C. truncatum*. Como o objetivo do estudo é a seleção de acessos resistentes, a distinção

que mais importa está relacionada a classificação de acessos resistentes, nesse sentido o acesso que se difere entre as duas análises é o UFPI 868 que se apresenta como altamente resistente no teste de média da análise visual, porém é classificado como moderadamente resistente a partir dos dados do teste de média pelo programa Asses 2.0. Tal variação pode estar relacionada a subjetividade envolvida na avaliação descritiva, tendo em vista que a nota foi empregada por três avaliadores, inexistente na análise feita pelo programa, tendo em vista que o mesmo atribuía as porcentagens da área foliar infectada de folíolos retirados da parte intermediária da folha com maior manifestação de sintomas.

A eficiência na seleção de acessos resistentes a infecção provocada por *C. truncatum* pode estar associada a técnica de inoculação utilizada, onde a avaliação era feita mediante o indivíduo por completo, este é um aspecto extremamente importante tendo em vista que o feijão-fava possui crescimento indeterminado, podendo variar na severidade verificada e assim interferir na avaliação, tendo em vista que a severidade dos sintomas pode variar de acordo com a idade da folha, tal como ocorreu no trabalho com lentilhas de Chongo e Bernier (2000), onde os autores constataram que o tempo de aparecimento das lesões variou de 72 a 144 horas e de até 14 dias após a inoculação; e no trabalho de Cavalcante et al. (2012) em seus estudos de reação de severidade a *C. truncatum* com 30 acessos de feijão-fava, onde constataram uma variação de severidade avaliadas aos cinco e sete dias após a inoculação.

Uma outra característica que pode ter influenciado nos resultados satisfatórios tragos por ambas as seleções foi o período proposto para avaliação (dez dias após a inoculação), tendo em vista que a severidade dos sintomas se mostrou mais avançada, demonstrando assim que o fungo teve mais tempo para se desenvolver, uma avaliação prematura poderia resultar em dados que porventura se modificariam com o passar dos dias frente ao desenvolvimento do fungo, uma avaliação tardia, nesse caso propicia uma melhor seleção, uma vez que propicia a seleção de acessos que de fato são resistentes; corroboram com esse entendimento o trabalho realizado por Carvalho et al. (2009), que em seu estudo de severidade constataram que aos sete dias da inoculação, alguns acessos mudaram a classificação quanto ao grau de severidade. Belmino (2004), avaliando a reação de acessos de feijão-caupi a *C. truncatum*, observou situação semelhante, em que as plantas inoculadas com uma e duas semanas após o plantio apresentaram menores valores de severidade,

enquanto, em plantas com três semanas de idade a severidade foi maior. Como o intuito do presente trabalho é selecionar acessos resistentes, e não analisar o progresso da severidade, a adoção de um período avaliativo de dez dias após a avaliação foi eficiente, tendo em vista que foi possível selecionar acessos resistentes.

De forma geral os acessos UFPI 220, UFPI 832 e UFPI 842, uma vez sendo considerados resistentes a *C. truncatum*, podem ser futuramente utilizados como fontes de genes resistentes podendo ser utilizados em cruzamentos sendo, portanto importantes em programas de melhoramento visando a resistência da cultura. Tais cruzamentos podem ser facilitados, se a resistência estiver ligada a alguma caráter morfoagronômico qualitativo ou quantitativo, daí a importância da realização de uma caracterização morfoagronômica concomitante a caracterização fitopatológica.

#### **4.4 Diversidade baseada na análise multivariada a partir dos dados morfoagronômicos e fitopatológicos**

Tomando as características qualitativas e quantitativas até então mencionadas, foi verificado a partir dos dados obtidos a formação de grupos com a utilização do método hierárquico UPGMA, com base na distância *Gower* (1971), considerando os 22 acessos adquiridos no BAG-UFPI gerando assim um dendrograma (Figura 8).

A partir do agrupamento UPGMA, com um ponto de corte correspondendo a uma mudança abrupta no gráfico, houve a formação cinco grupos. O grupo I foi constituído por apenas dois acessos, UFPI 220 e UFPI 866. Este grupo possui plantas com forma do folíolo redonda, sem pigmentação no caule, cor das asas das flores brancas, com uma distribuição de vagens aleatória em cachos, forma do ápice da vagem curto, sendo os únicos acessos a possuírem uma vagem não deiscente, não detendo cor padrão da semente. Para as características quantitativas esses acessos apresentaram valores aproximados. Com relação a floração, constatou-se esses acessos foram os mais precoces, UFPI 220 (60 dias) e UFPI 866 (45 dias), e os que obtiveram maior período de florescimento UFPI 220 (115 dias) e UFPI 866 (109 dias). Para os descritores quantitativos relacionados à semente e a vagem, com exceção de espessura da semente, esse grupo possui os acessos com os menores valores.

O grupo II reuniu três acessos, UFPI 836, UFPI 865 e UFPI 872, com plantas com forma do folíolo oval e ligeiramente pubescente, sem pigmentação no caule, cor das asas das flores brancas, detendo vagens deiscentes com distribuição na parte central dos cachos, e sementes ausentes de: cor padrão, segunda cor padrão da

semente e padrão de tegumento. No que diz respeito aos caracteres quantitativos, foi revelado uma ampla variabilidade, com exceção dos descritores: dias para o início do florescimento (125 dias para os três acessos); duração do florescimento, cujo apresentaram os menores valores; e espessura da semente, a qual apresentaram valores próximos (UFPI 836 - 5,13; UFPI 865 – 5,02 e UFPI 872 – 5,48). Quanto a resistência à *C. truncatum* os três acessos se apresentaram moderadamente susceptíveis.

O grupo III foi formado pelo maior número de acessos, totalizando 13. Os acessos deste grupo possuíram formas do folíolo oval e oval-lanceolado, com pubescência ligeira e moderada; caule sem pigmentação e com pigmentação generalizada; quanto a orientação da ramificação, foram observados acessos com um caule principal, raros ramos laterais a começar nos primeiros nós, e acessos detendo dois ou três caules principais a começar nos primeiros nós. A maioria dos acessos nesse grupo contem flores brancas, mas foram observados também acessos cujo as asas das flores se apresentaram na cor rosa claro. No que diz respeito à disposição das vagens no cacho, houve acessos com disposição: aleatória, na base e no topo.

A morfologia da vagem do grupo III também variou, com ápices curto, longos ou grossos, sendo vagens deiscentes ou não deiscentes. Quanto as sementes, apresentaram colorações variadas com cor de fundo variando entre branco, castanho-claro e cinzento; com cor padrão ausente ou nas tonalidades castanho e preto. O padrão do tegumento variou da seguinte forma: auréolo semelhante ao padrão, maculado na região do hilo e o lado frontal, possível presença de alguns sinais; auréolo semelhante ao padrão, maculado na região do hilo, lado frontal, lado de trás e em baixo; auréolo semelhante ao padrão, maculado na região do hilo, corpo com bandas radiadas a partir da região do hilo. Para características quantitativas, nesse grupo observou-se variabilidade em todos os descritores, principalmente aos relacionados ao comprimento de cacho (7,0 cm - 21,63), dias para o início da floração (93 – 154 dias) e duração da floração (35 – 85 dias).

O grupo IV foi constituído por apenas dois acessos, UFPI 852 e UFPI 867. Este grupo possui plantas com forma do folíolo oval, moderadamente pubescente, sem pigmentação no caule, cor das asas das flores brancas, com uma distribuição de vagens na base dos cachos, possuindo vagens deiscente e não detendo cor padrão da semente. Para as características quantitativas, ambos os acessos apresentaram o

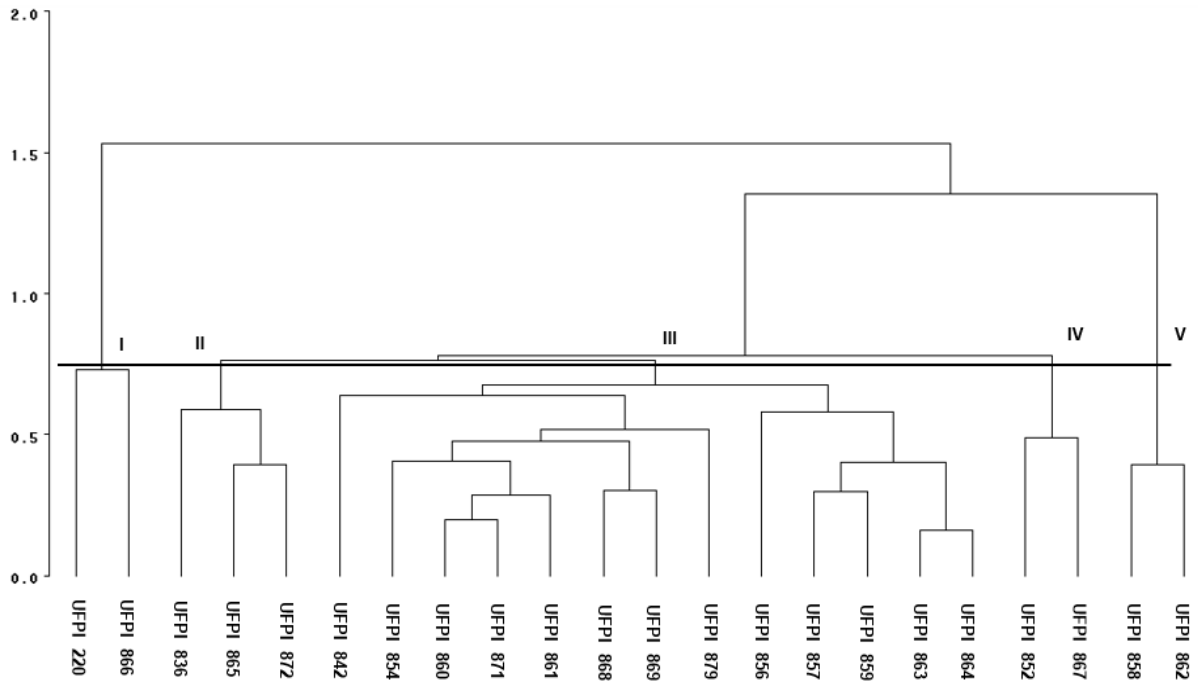
mesmo intervalo de florescimento (55 dias), para o restante dos descritores os valores foram aproximados.

O grupo V também foi constituído por dois acessos, UFPI 858 e UFPI 862. Este grupo possui plantas com forma do folíolo oval, sem pigmentação no caule, com a seguinte orientação de ramos: um caule principal, ramos laterais curtos, raros ou inexistentes. As flores de ambos os acessos detinham asas brancas, com relação as vagens, as mesmas se apresentaram deiscentes com um ápice grosso. Para as características quantitativas, descritores os valores apresentaram valores aproximados.

Pela observação dos grupos formados no agrupamento UPGMA, é possível se constatar a contribuição significativa das variáveis quantitativas e qualitativas para a explicação dos agrupamentos formados com base nos caracteres morfoagronômicos estudados, deste modo a partir da análise conjunta dos dados qualitativos e quantitativos, foi possível agrupar os acessos em um único dendrograma. Segundo Rocha et al. 2010, esse tipo de método conjunto permite uma melhor análise e uso dos dados qualitativos que, em geral, são analisados apenas por estatística descritiva o que ocasiona uma separação de conclusões do trabalho a respeito da divergência genética entre os acessos, limitando, muitas vezes, a utilização posterior desses acessos, por exemplo, em programas de melhoramento genético.

A distribuição dos acessos do BAG-UFPI no dendrograma não foi capaz formar grupos mediante a área de coleta, uma vez que, muitos acessos advindos de regiões distintas foram agrupados. No caso de acessos originados de regiões geograficamente afastadas, a razão para serem alocados no mesmo grupo pode estar relacionada a variabilidade genética existente entre os acessos. No caso dos acessos originados de regiões próximas, pode-se acrescentar à possível variabilidade genética, a um outro fator: a provável permuta de sementes que produtores fazem entre si. Em geral tal estudo avaliativo pode ser reforçado a partir da utilização de marcadores moleculares, Guimarães et al. (2007), cita que tal associação pode possibilitar a avaliação da distância genética com base em características importantes para o melhoramento, como a escolha de linhas de parentais contrastantes.





**Figura 6.** Dendrograma de dissimilaridades genéticas entre 22 acessos de feijão-fava, obtido pelo método UPGMA com base no algoritmo de Gower (1971), a partir de 16 caracteres qualitativos e 13 quantitativos. Teresina-PI, 2017

## 5.0 CONCLUSÕES

- A escala visual descritiva e o programa *Asses 2.0* foram eficientes na determinação de acessos de feijão-fava resistentes *C. truncatum*;
- Os acessos se comportaram de forma semelhante em ambas as épocas de inoculação;
- Os acessos UFPI 220, UFPI 832 e UFPI 842 foram resistentes ao patógeno;
- Os acessos resistentes foram similares quanto a: forma do folíolo, comprimento da semente, largura da semente e peso de 100 sementes;
- O método de agrupamento UPGMA utilizando a distância *Gower* (1971) foi eficiente na determinação de diversidade genética dentre os acessos estudados

## 6.0 REFERÊNCIAS

- ADAM, N. M.; McDONALD JR., M. B.; HENDERLONG, P. R. The influence of seed position, planting and harvesting dates on soybean seed quality. **Seed Science and Technology**, v. 17, n. 1, p. 143-152, 1989.
- 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.
- AZEVEDO, J. N.; FRANCO, L. J. D. ARAÚJO, R. O. C. **Composição química de sete variedades de feijão-fava**. Teresina: Embrapa Meio Norte, 2003. 4 p. (Comunicado Técnico 152).
- BAVARESCO, A. et al. Biologia comparada de *Spodoptera cosmioides* (Walk.) (Lepidoptera: Noctuidae) em cebola, mamona, soja e feijão. **Ciência Rural**, v. 33, n. 6, p. 993–998, 2003.
- BELMINO, C. S. **Resistência do feijão-caupi a *Colletotrichum truncatum***. 2004. . 64f. Tese (Doutorado em Fitopatologia) – Curso de Pós-graduação em Fitopatologia,
- BENITEZ, L. C. et al. Análise multivariada da divergência genética de genótipos de arroz sob estresse salino durante a fase vegetativa. **Revista Ciência Agronômica**, v. 42, n. 2, p. 409-416, abr-jun, 2011.
- BEYRA, A.; ARTILES, G. R. Revisión taxonômica de los géneros *Phaseolus* y *Vigna* (Leguminosae – Papilionoideae) en Cuba. **Anales Del Jardín Botánico de Madrid**. v.61, n. 2, p.135-154, 2004.
- BEAN IMPROVEMENT COOPERATIVE, **List of Genes - *Phaseolus vulgaris* L**, [http://bic.css.msu.edu/\\_pdf/Bean\\_Genes\\_List\\_2014.pdf](http://bic.css.msu.edu/_pdf/Bean_Genes_List_2014.pdf). Acesso em setembro de 2016a.
- BRAMMER, S.P. et al. **Mapeamento de genes de resistência à ferrugem da folha em cultivares de trigo (*Triticum aestivum* L. Thell)**. Acesso em: 12 jan. 2017. Online.[http://www.redbio.org/portal/encuentros/enc\\_2001/simposios/S10/S.P.Brammer.pdf](http://www.redbio.org/portal/encuentros/enc_2001/simposios/S10/S.P.Brammer.pdf).
- BROUGHTON, W. J.; et al. Beans (*Phaseolus* spp.) - model food legumes. **Plant and Soil, Dordrecht**, v.252, n.1, p.55-128, 2003.
- CAMARENA, F. **Magnitud e impacto potencial de la liberación de los organismos genéticamente modificados y sus productos comerciales. Caso: Leguminosas de grano**. p. 19-40.. Consejo Nacional del Ambiente. Lima, Perú, 2005.
- CANNON, P. F.; et al. *Colletotrichum* – current status and future directions. **Studies in Mycology**. Philadelphia - USA, v. 73, p.181– 213, 2012.

CARGNELUTTI FILHO, A. C.; RIBEIRO, N. D.; BURIN, C. Consistência do padrão de agrupamento de cultivares de feijão conforme medidas de dissimilaridade e métodos de agrupamento. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. v.45, n.3, p.236-243, 2010.

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

CARVALHO, E. M. S.; CENTURION, M. A. P. C.; CARVALHO, P. R. S. Doenças. In: LOPES, A. C. A.; GOMES, R. L. F.; ARAUJO, A. S. F. **A Cultura do Feijão-fava no Meio norte do Brasil**. Teresina, 2010. Cap. 10, pag. 195-196.

CASELA, C. R.; FREDERIKSEN, R. A. Survival of *Colletotrichum graminicola sclerotia* in sorghum stalk residue. **Plant Disease**, v. 77, p. 825- 827. 1993.

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

CHONGO, G.; BERNIER, C. C. Effects of host, inoculum concentration, wetness duration, growth stage, and temperature on anthracnose of lentil. **Plant Disease**, Universidade Federal de Viçosa.v.84, p.544-548, 2000.

COELHO, C. M. M. et al. Diversidade Genética em acessos de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.). **Ciência Rural**, v.37, n.5, p.1241-1247, 2007.

COSTA, I. F. D.; et al. Reação de germoplasma comercial de soja a *Colletotrichum truncatum*. **Tropical Plant Pathology**, Brasília, DF, v. 34, n. 1, p.47- 50, 2009.

COSTA, R. V. DA et al. A antracnose do sorgo. **Fitopatologia Brasileira**, v. 28, p. 345–354, 2003.

COSTA, J. G. C. et al. Linhagens de feijão do grupo preto com resistência conjunta à antracnose, ao crestamento bacteriano comum e com características agrônômicas favoráveis. **Pesquisa Agropecuária Gaúcha**.v.5, n.2, p 283-292, 1999.

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

CRUZ, C. D.; FERREIRA, F. M.; PESSONI, L. A. **Biometria aplicada ao estudo de diversidade genética**. Visconde do Rio Branco: Suprema, 2011. 620 p.

CRUZ, C. D. **Programa Genes: Análise multivariada e simulação**. Editora UFV. Viçosa (MG), 2006, 175p.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2003. v.2, 585p.

CRUZ, C. D., REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa: UFV, 1997. 390 p.

DAMM, U.; et al. *Colletotrichum* species with curved conidia from herbaceous hosts. **Fungal Diversity**, v. 39, p. 45-87, 2009.

DELGADO-SALINAS, A.; et al.; Phylogenetic analysis of the cultivated and wild species of *Phaseolus* (Fabaceae). **Systematic Botany** v.23, n.3, p.438-460, 1999.

EHLERS, J. D.; HALL, A. E. Copwea (*Vigna unguiculata* L. Walp.). **Field Crops Research**, v. 53, p. 187-2004, 1997.

FIRMINO, A. C. et al. Identificação de espécies de *Colletotrichum* associados à antracnose em plantas de atemóia e colonização do fungo nos frutos. **Summa Phytopathologica**, v.40, n.4, p.323-328, 2014.

FREIRE FILHO, F. R. et al. Melhoramento genético. In: FREIRE FILHO, F. R.; LIMA, J. A. A.; RIBEIRO, V. Q. (Ed.). **Feijão-caupi: avanços tecnológicos**. Brasília: Embrapa Meio-Norte, 2005. cap. 1, p. 29-71.

GALLO, D.; et al., **Entomologia agrícola**. Piracicaba: FEALQ, 2002. 920p.  
GOWER, J. C. A general coefficient of similarity and some of its properties. **Biometrics**, v. 27, n. 4, p. 857-874, 1971.

GROSS, Y.; KIGEL, J. Differential sensitivity to high temperature of stages in the reproductive development of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Field Crops Research**, Amsterdam, v. 36, n. 3, p. 201-212, mar. 1994.

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, p. 37-45, 2007.

GUTIÉRREZ-SALGADO A.; GEPTS, P.; DEBOUCK, D. G. Evidence for two gene pools of the lima bean, *Phaseolus lunatus* L., in the Americas. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v.42, p.15-28, 1995.

HALVANKAR, G. B.; PATIL, V. P. Inheritance and linkage studies in soybean. **Indian Journal of Genetic and Plant Breeding**, New Delhi, v.54, n.3, p.216-224, 1994.

HYDE, K.D.; et al. *Colletotrichum* – names in current use. **Fungal Diversity**, v.39, p.147-182, 2009.

IBGE - Instituto Brasileiro De Geografia E Estatística. Banco de dados agregados: pesquisa: produção agrícola municipal, 2015. Disponível em: Disponível em: <<http://www.sidra.gov.br/dbda/>> Acesso em: 15 novembro 2016.

IPGRI – International Plant Genetic Resources Institute. **Descritores para *Phaseolus lunatus* (feijão-espadinho)**. Rome: IPGRI, p.51, 2001.

JULIATTI, F. C. ; et al. Escala diagramática para avaliação da severidade de mofo branco em soja. **Biosci. J.**, Uberlândia, v. 29, n. 3, p. 676-680, May/June 2014.

KELLY, J. D. et al. Tagging and mapping of genes and QTL and molecular marker-assisted selection for traits of economic importance in bean and cowpea. **Field Crops Research**, v. 82, p. 135-154, 2003.

KIRK, P. M. et al. **Dictionary of the fungi**. 10th ed. Wallingford: CAB International, 2008. 784 p.

KNUDSEN, H. Directorio de Colecciones de Germoplasma en América Latina y el Caribe. Primera edición. **International Plant Genetic Resources Institute (IPGRI)**, Roma, 2000, 381p.

LACANALLO, G. F. et al. Mapping of andean gene for resistance to anthracnose in the landrace Jalo Listras Petras. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, v. 53, p. 96- 97, 2010.

LARANJEIRA, F. F. Problemas e perspectivas da avaliação de doenças como suporte ao melhoramento do maracujazeiro. In: FALEIRO, F. G.; JUNQUEIRA, N. T.V.; BRAGA, M. F. Maracujá: germoplasma e melhoramento genético. **Planaltina: Embrapa Cerrados**, 2005. p.161-184.

LINDEN, R. **Revista de Sistemas de Informação da FSMA**, n. 4, p. 18-36, 2009.

LOPES, A. S. A.; GOMES, R. L. F.; ARAÚJO, R. L. **A cultura do feijão-fava no Meio Norte do Brasil**. Teresina: EDUFPI, 2010.

MACHADO, C.F.; et al. Genetic divergence among genotypes of common bean through of multivariate techniques. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 32, n.2, p. 251-258, 2002.

MAM – Ministério da Agricultura e do Mar (2015). **Plano Nacional para os recursos genéticos vegetais**. 30 p.. [http://www.inia.pt/fotos/editor2/pnrgv\\_web.pdf](http://www.inia.pt/fotos/editor2/pnrgv_web.pdf). (Consulta efetuada a 1/dezembro/2016).

MARTÍNEZ-CASTILLO J. Consideraciones sobre la importancia del muestreo en los estudios de la domesticación de plantas: el caso del frijol lima (*Phaseolus lunatus*) en México. **Desde el Herbario CICY**. v.7, p.17-22, 2015.

MARTINS, I.; et al. Reação de genótipos de maracujazeiro-amarelo ao *Colletotrichum gloeosporioides*. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 30, n. 3, p.639-643, 2008.

MENEZES, M. Aspectos Biológicos e Taxonômicos de Espécies do gênero *Colletotrichum*. **Anais da Academia Pernambucana de Ciência Agrônoma**. v. 3, p. 170-179, 2006.

MIZUBUTI, E. S. G; MAFFIA, L. A. **Introdução à Fitopatologia**. Viçosa: Editora da UFV, 2007, 190p.

MORAES, C. S. et al. **Catálogo de Fava (*Phaseolus lunatus* L.) Conservada na Embrapa**. Brasília: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2016, p.45.

MOREIRA, R. M. P et al. Potencial agronômico e divergência genética entre genótipos de feijão-vagem de crescimento determinado. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 30, suplemento 1, p. 1051-1060, 2009.

NOETZOLD, R.; et al. Variabilidade espacial de *Colletotrichum truncatum* em campo de soja sob três níveis de sanidade de sementes. **Summa Phytopathologica**, Botucatu, v. 40, n.1, 2014.

OLIVEIRA, A. E. S., et al. Desenvolvimento do feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) sob déficit hídrico cultivado em ambiente protegido. **Holos**, v. 01, 2014.

OLIVEIRA, E. J. et al. Severidade De Doenças Em Maracujazeiro Para Identificação De Fontes De Resistência Disease Severity From Passion Fruit To Identify Sources of Resistance in Field Conditions. **Revista Brasileira Fruticultura**, v. 35, n. 2, p. 485–492, 2013.

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

OLIVEIRA, A. P. DE; 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.

OLIVEIRA, F. J et al. Divergência genética entre cultivares de caupi. Pesquisa **Agropecuária Brasileira**, v. 38, n. 05, p. 605-611, 2003.

PARAN, I; AFTERGOOT, E.; SHIFRISS. Variation in *Capsicum annum* revealed by RAPD and AFLP markers. **Euphytica**, v.99, p.167-173, 1998.

PAULA JÚNIOR, T. J.; SILVA, M. B.; VIEIRA, R. F. Doenças causadas por fungos em hortaliças leguminosas. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v.17, n.182, p.63-71, 1995.

PEGADO, C. M. A.; et al. Decomposição superficial e subsuperficial de folhas de fava (*Phaseolus lunatus* L.) na região do Brejo da Paraíba, Brasil. **Revista Caatinga**, v. 21, n. 1, p. 218-223, 2008.

PUTNAM, M. L. Evaluation of selected methods of plant disease diagnosis. **Crop Protection**. v.14, p.517-525, 1995.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; ZIMMERMANN, M. J. O. **Genética quantitativa em plantas autógamas**: Aplicações ao melhoramento do feijoeiro. Goiânia: Editora UFG, 1993. 271 p.

RIBEIRO, N.D., STORCK, L. Escolha de genitores de feijoeiro por meio da dissimilaridade genética. **Revista Brasileira de Agrociência**, Pelotas, v.8, n.2, p.8995, 2002.

ROCHA, M. C. et al. Uso do algoritmo de Gower na determinação da divergência genética entre acessos de tomateiro do grupo cereja. **Acta Scientiarum**. Maringá, v. 32, n. 3, p. 423-431, 2010.

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

SANTANA, C. M.; MALINOVSKI, J. R. Uso da análise multivariada no estudo de fatores humanos em operadores de motosserra. **Cerne**, v. 8, n. 2, p. 101-107, 2002.

SANTOS, J. O.; et al. Ontogenia da nodulação em feijão-fava (*Phaseolus lunatus*). **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, Recife, PE, v.4, n.4, p.426-429, 2009.

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

SAS INSTITUTE INC. **SAS/STAT: user's guide**. Cary, NC: SAS INSTITUTE, 1993. 1022p.

SCOTT, A. J., KNOTT, M. A. Cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**, v.30, p.507-512, 1974.

SIEGMUND, K. D.; LAIRD, P. W.; LAIRD-OFFRINGA, I. A. A comparison of cluster analysis methods using DNA methylation data. **Bioinformatics**, v. 20, n.12, p.1896-1904, 2004.

SILVA J. A. et al. Reação de genótipos de feijão-fava a *Sclerotium rolfsii*. **Horticultura Brasileira**, v. 32, p. 98-101, 2014.

SILVA, A. J.; CANTERI, M. G.; SILVA, A. L. Haste verde e retenção foliar na cultura da soja. **Summa Phytopathologica**, Botucatu, v.39, n. 3, p. 151-156, 2013.

SILVA, P, S, L; FREITAS, C, J, Rendimentos de grãos verdes de milho e caupi em cultivos puros e consorciados, **Revista Ceres**, Viçosa, MG, v. 43, n. 245, p, 28-38, 1996.

SINGH, S. P. Broadening the genetic base of common bean cultivars: a review. **Crop Science**, Madison, v.41, n.6, p.1659-1675, 2001.

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

SLAGEREN, V. M. W. The millennium seed bank: Building partnerships in arid regions for the conservation of wild species. **Journal of Arid Environment**, v.54, p.195-201, 2003.



SOARES, C. A.; et al. Aspectos sócioeconômicos. Capítulo 12, p.235-245. In: LOPES, A. C. A.; GOMES, R. L. F.; ARAÚJO, A. S. F. (Eds.) **A cultura do feijão fava no Meio Norte do Brasil**. Teresina: EDUFPI, 2010. 272p.

SPONHOLZ, C.; et al. **Reação de genótipos de feijão-caupi a *Colletotrichum truncatum***. Teresina, Embrapa Meio Norte, 19 p. 2006 (Comunicado Técnico da Embrapa Meio-Norte).

SUDRÉ, C. P.; et al. Divergência genética entre acessos de pimenta e pimentão utilizando técnicas multivariadas. **Horticultura Brasileira**. v. 23, p. 22-27, 2005.

SUTTON, B. C. The genus *Glomerella* and its anamorph. In: BAILEY, J. A.; JEGUER, M. J. (Eds.). ***Colletotrichum*: biology, pathology and control**. Wallingford: CAB International, 1992. p. 1-26.

TAMAYO, P. J. **Manejo y control de las enfermedades del frijol voluble**. Rio Negro: Editora Piloto, 1995. 40 p.

TOZZE JÚNIOR, H. J.; MELLO, M. B. A.; MASSOIA JUNIOR, N. S. Caracterização morfológica e fisiológica de isolados de *Colletotrichum* sp. Causadores de antracnose em solanáceas. **Suma Phytopathologica**, Botucatu, v. 32, n. 1, p. 71-79, 2006.

TU, J. C. *Colletotrichum lindemuthianum* on bean. Population dynamics of the pathogen and breeding for resistance. In: Bailey J. A., JEGER, M. J. (Eds.) ***Colletotrichum*: biology, pathology and control**. Wallingford: CAB International,. p. 203-224, 1992

TULLU, A., et al. (2006). Sources of resistance to anthracnose (*Colletotrichum truncatum*) in wild Lens species. **Genetic Resources and Crop Evolution**. v. 53, p. 111–119, 2006.

VALOIS, A. C. C.; SALOMÃO, A. N.; ALLEN, A. C. **Glossário de recursos genéticos vegetais**. Brasília: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 1996. 62 p. (Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. Documento, 22).

VIEIRA, R. F. A cultura do feijão-fava. **Informe Agropecuário**, v.16, n.174, p.30-37, 1992.

WETZEL, M. V. S.; et al. Conservação de germoplasma-semente a longo prazo no Brasil. **Magistra**, v.19, p.393-398, 2007.

YANG, H. C; HAUNDENSHIELD, J. S.; HARTMAN, G. L. *Colletotrichum incanum* sp. nov., a novel curved-conidial species causing soybean anthracnose in USA. **Mycologia**. v. 106, p. 32-42, 2014.

ZIMMERMANN, M. J. O.; TEIXEIRA, M. G. Origem e evolução. In: ARAÚJO, R. S.; RAVA, C. A.; STONE, L. F.; ZIMMERMANN, M. J. O. (Coord.). **Cultura do feijoeiro comum no Brasil**. Piracicaba: Potafos, 1996. p. 57-70.

## APÊNDICE A - Notas referentes à análise visual dos acessos inoculados

**Tabela 3.** Notas referentes à análise visual dos acessos inoculados

<b>Experimento</b>	<b>Acesso</b>	<b>Repetição</b>	<b>Nota</b>	<b>Experimento</b>	<b>Acesso</b>	<b>Repetição</b>	<b>Nota</b>
1	UFPI 220	1	1	2	UFPI 220	1	1
1	UFPI 220	2	1	2	UFPI 220	2	0
1	UFPI 220	3	1	2	UFPI 220	3	1
1	UFPI 220	4	1	2	UFPI 220	4	1
1	UFPI 220	5	1	2	UFPI 220	5	1
1	UFPI 832	1	1	2	UFPI 832	1	1
1	UFPI 832	2	1	2	UFPI 832	2	1
1	UFPI 832	3	2	2	UFPI 832	3	2
1	UFPI 832	4	2	2	UFPI 832	4	1
1	UFPI 832	5	1	2	UFPI 832	5	2
1	UFPI 834	1	4	2	UFPI 834	1	3
1	UFPI 834	2	3	2	UFPI 834	2	3
1	UFPI 834	3	4	2	UFPI 834	3	4
1	UFPI 834	4	4	2	UFPI 834	4	4
1	UFPI 834	5	3	2	UFPI 834	5	2
1	UFPI 836	1	3	2	UFPI 836	1	2
1	UFPI 836	2	3	2	UFPI 836	2	3
1	UFPI 836	3	4	2	UFPI 836	3	4
1	UFPI 836	4	4	2	UFPI 836	4	3
1	UFPI 836	5	3	2	UFPI 836	5	2
1	UFPI 842	1	2	2	UFPI 842	1	2
1	UFPI 842	2	1	2	UFPI 842	2	1
1	UFPI 842	3	2	2	UFPI 842	3	2
1	UFPI 842	4	2	2	UFPI 842	4	2
1	UFPI 842	5	2	2	UFPI 842	5	5
1	UFPI 850	1	5	2	UFPI 850	1	5
1	UFPI 850	2	5	2	UFPI 850	2	2
1	UFPI 850	3	5	2	UFPI 850	3	5
1	UFPI 850	4	5	2	UFPI 850	4	5
1	UFPI 850	5	5	2	UFPI 850	5	5
1	UFPI 852	1	4	2	UFPI 852	1	4
1	UFPI 852	2	4	2	UFPI 852	2	3
1	UFPI 852	3	4	2	UFPI 852	3	3

Continua...

**Tabela 3.** Notas referentes à análise visual dos acessos inoculados

Experimento	Acesso	Repetição	Nota	Experimento	Acesso	Repetição	Nota
1	UFPI 852	4	4	2	UFPI 852	4	4
1	UFPI 852	5	4	2	UFPI 852	5	4
1	UFPI 854	1	3	2	UFPI 854	1	3
1	UFPI 854	2	3	2	UFPI 854	2	3
1	UFPI 854	3	3	2	UFPI 854	3	3
1	UFPI 854	4	3	2	UFPI 854	4	3
1	UFPI 854	5	3	2	UFPI 854	5	3
1	UFPI 855	1	3	2	UFPI 855	1	3
1	UFPI 855	2	4	2	UFPI 855	2	3
1	UFPI 855	3	4	2	UFPI 855	3	4
1	UFPI 855	4	4	2	UFPI 855	4	4
1	UFPI 855	5	4	2	UFPI 855	5	3
1	UFPI 856	1	3	2	UFPI 856	1	3
1	UFPI 856	2	3	2	UFPI 856	2	2
1	UFPI 856	3	2	2	UFPI 856	3	2
1	UFPI 856	4	3	2	UFPI 856	4	2
1	UFPI 856	5	3	2	UFPI 856	5	3
1	UFPI 857	1	4	2	UFPI 857	1	4
1	UFPI 857	2	4	2	UFPI 857	2	3
1	UFPI 857	3	4	2	UFPI 857	3	3
1	UFPI 857	4	4	2	UFPI 857	4	4
1	UFPI 858	1	3	2	UFPI 858	1	3
1	UFPI 857	5	3	2	UFPI 857	5	3
1	UFPI 858	2	3	2	UFPI 858	2	3
1	UFPI 858	3	3	2	UFPI 858	3	3
1	UFPI 858	4	3	2	UFPI 858	4	3
1	UFPI 858	5	3	2	UFPI 858	5	3
1	UFPI 859	1	4	2	UFPI 859	1	4
1	UFPI 859	2	4	2	UFPI 859	2	3
1	UFPI 859	3	3	2	UFPI 859	3	3
1	UFPI 859	4	3	2	UFPI 859	4	3
1	UFPI 859	5	3	2	UFPI 859	5	4
1	UFPI 860	1	4	2	UFPI 860	1	4
1	UFPI 860	2	4	2	UFPI 860	2	3
1	UFPI 860	3	4	2	UFPI 860	3	3

Continua...

**Tabela 3.** Notas referentes à análise visual dos acessos inoculados

Experimento	Acesso	Repetição	Nota	Experimento	Acesso	Repetição	Nota
1	UFPI 860	4	4	2	UFPI 860	4	4
1	UFPI 860	5	4	2	UFPI 860	5	3
1	UFPI 861	1	3	2	UFPI 861	1	3
1	UFPI 861	2	3	2	UFPI 861	2	3
1	UFPI 861	3	3	2	UFPI 861	3	2
1	UFPI 861	4	3	2	UFPI 861	4	4
1	UFPI 861	5	4	2	UFPI 861	5	3
1	UFPI 862	1	3	2	UFPI 862	1	2
1	UFPI 862	2	3	2	UFPI 862	2	2
1	UFPI 862	3	3	2	UFPI 862	3	3
1	UFPI 862	4	3	2	UFPI 862	4	3
1	UFPI 862	5	3	2	UFPI 862	5	3
1	UFPI 863	1	3	2	UFPI 863	1	3
1	UFPI 863	2	4	2	UFPI 863	2	3
1	UFPI 863	3	4	2	UFPI 863	3	2
1	UFPI 863	4	3	2	UFPI 863	4	4
1	UFPI 863	5	3	2	UFPI 863	5	4
1	UFPI 864	1	3	2	UFPI 864	1	3
1	UFPI 864	2	4	2	UFPI 864	2	3
1	UFPI 864	3	4	2	UFPI 864	3	5
1	UFPI 864	4	4	2	UFPI 864	4	3
1	UFPI 864	5	4	2	UFPI 864	5	3
1	UFPI 865	1	5	2	UFPI 865	1	3
1	UFPI 865	2	3	2	UFPI 865	2	3
1	UFPI 865	3	3	2	UFPI 865	3	2
1	UFPI 865	4	3	2	UFPI 865	4	3
1	UFPI 865	5	3	2	UFPI 865	5	3
1	UFPI 866	1	2	2	UFPI 866	1	3
1	UFPI 866	2	3	2	UFPI 866	2	3
1	UFPI 866	3	3	2	UFPI 866	3	3
1	UFPI 866	4	3	2	UFPI 866	4	4
1	UFPI 866	5	3	2	UFPI 866	5	4
1	UFPI 867	1	3	2	UFPI 867	1	4
1	UFPI 867	2	4	2	UFPI 867	2	4
1	UFPI 867	3	4	2	UFPI 867	3	3

Continua...

**Tabela 3.** Notas referentes à análise visual dos acessos inoculados

Experimento	Acesso	Repetição	Nota	Experimento	Acesso	Repetição	Nota
1	UFPI 867	4	4	2	UFPI 867	4	4
1	UFPI 867	5	4	2	UFPI 867	5	4
1	UFPI 868	1	4	2	UFPI 868	1	3
1	UFPI 868	2	4	2	UFPI 868	2	3
1	UFPI 868	3	4	2	UFPI 868	3	3
1	UFPI 868	4	4	2	UFPI 868	4	2
1	UFPI 868	5	4	2	UFPI 868	5	4
1	UFPI 869	1	3	2	UFPI 869	1	4
1	UFPI 869	2	3	2	UFPI 869	2	4
1	UFPI 869	3	3	2	UFPI 869	3	3
1	UFPI 869	4	3	2	UFPI 869	4	3
1	UFPI 869	5	4	2	UFPI 869	5	3
1	UFPI 871	1	5	2	UFPI 871	1	2
1	UFPI 871	2	5	2	UFPI 871	2	4
1	UFPI 871	3	5	2	UFPI 871	3	4
1	UFPI 871	4	4	2	UFPI 871	4	5
1	UFPI 871	5	4	2	UFPI 871	5	5
1	UFPI 872	1	3	2	UFPI 872	1	4
1	UFPI 872	2	3	2	UFPI 872	2	4
1	UFPI 872	3	3	2	UFPI 872	3	3
1	UFPI 872	4	3	2	UFPI 872	4	3
1	UFPI 872	5	2	2	UFPI 872	5	3
1	UFPI 878	1	3	2	UFPI 878	1	3
1	UFPI 878	2	3	2	UFPI 878	2	2
1	UFPI 878	3	3	2	UFPI 878	3	3
1	UFPI 878	4	3	2	UFPI 878	4	3
1	UFPI 878	5	3	2	UFPI 878	5	3
1	UFPI 879	1	3	2	UFPI 879	1	3
1	UFPI 879	2	3	2	UFPI 879	2	2
1	UFPI 879	3	3	2	UFPI 879	3	2
1	UFPI 879	4	3	2	UFPI 879	4	3
1	UFPI 879	5	3	2	UFPI 879	5	3

**APÊNDICE B - Porcentagem de infecção na área foliar de acordo com *software Asses 2.0***

Porcentagem de infecção na área foliar de acordo com *software Asses 2.0*

<b>Exp*</b>	<b>Acesso</b>	<b>Folículo 1</b>	<b>Folículo 2</b>	<b>Folículo 3</b>	<b>Folículo 4</b>	<b>Folículo 5</b>	<b>Folículo 6</b>
1	UFPI 220	2,26	0,83	2,68	6,41	3,12	2,58
1	UFPI 220	0,43	5,43	2,42	4,81	2,80	1,10
1	UFPI 220	0,82	0,25	1,42	0,43	0,17	1,76
1	UFPI 220	7,19	2,27	4,39	0,79	1,91	1,03
1	UFPI 220	0,59	0,28	0,61	0,14	0,00	0,36
1	UFPI 832	0,00	0,10	0,58	0,58	0,12	1,00
1	UFPI 832	0,89	0,37	0,20	2,41	0,41	0,20
1	UFPI 832	0,07	0,07	0,02	0,01	0,10	0,13
1	UFPI 832	0,05	0,21	0,07	0,03	0,14	0,12
1	UFPI 832	0,50	0,16	0,09	0,42	0,15	0,26
1	UFPI 834	54,25	26,67	31,13	25,29	15,48	26,59
1	UFPI 834	32,10	21,62	33,66	12,23	44,45	23,02
1	UFPI 834	87,16	57,42	19,11	14,82	29,65	24,09
1	UFPI 834	30,78	30,80	30,86	21,05	10,84	43,11
1	UFPI 834	40,23	30,79	29,46	37,93	12,97	23,04
1	UFPI 836	33,67	44,16	70,47	42,33	10,15	62,18
1	UFPI 836	80,00	10,00	15,67	23,22	47,80	34,06
1	UFPI 836	14,15	55,69	12,25	46,1	14,58	37,04
1	UFPI 836	23,81	14,81	47,20	21,5	34,09	46,93
1	UFPI 836	81,88	10,70	12,45	50,75	11,68	60,29
1	UFPI 842	0,49	0,78	10,96	4,44	0,76	1,00
1	UFPI 842	0,76	5,26	1,30	0,47	0,46	0,65
1	UFPI 842	0,09	0,10	0,00	0,00	0,00	0,55
1	UFPI 842	0,55	1,94	0,26	7,61	0,55	16,61
1	UFPI 842	0,52	0,62	5,94	0,31	1,81	2,20
1	UFPI 850	89,99	90,05	99,55	92,33	97,44	96,77
1	UFPI 850	78,88	87,99	98,66	97,22	96,77	98,44
1	UFPI 850	90,23	88,99	86,23	90,44	94,55	96,11
1	UFPI 850	97,99	99,44	87,66	95,55	90,05	90,32
1	UFPI 850	99,77	92,11	87,33	98,44	98,44	92,04
1	UFPI 852	50,67	24,4	35,57	46,27	25,07	43,7
1	UFPI 852	56,27	35,07	33,70	42,13	26,43	79,44
1	UFPI 852	45,23	81,49	11,21	55,03	21,80	58,47
1	UFPI 852	20,23	24,16	81,90	31,90	71,44	42,30
1	UFPI 852	87,81	37,57	58,94	34,82	48,59	38,69
1	UFPI 854	89,63	29,17	17,77	34,49	14,46	22,56
1	UFPI 854	13,32	15,46	19,87	11,92	14,21	26,22
1	UFPI 854	70,00	65,14	10,88	17,55	71,22	16,66
1	UFPI 854	21,22	20,66	10,77	77,33	20,22	38,77
1	UFPI 854	40,02	14,44	23,33	21,33	25,87	27,88
1	UFPI 855	47,57	11,13	20,99	59,93	44,55	61,91

Continua...

Porcentagem de infecção na área foliar de acordo com *software Asses 2.0*

Exp*	Acesso	Folículo 1	Folículo 2	Folículo 3	Folículo 4	Folículo 5	Folículo 6
1	UFPI 855	61,52	17,74	80,05	54,41	48,72	27,24
1	UFPI 855	89,37	31,57	45,13	16,89	40,22	74,91
1	UFPI 855	44,81	21,69	80,32	50,43	11,72	55,55
1	UFPI 855	50,79	60,68	13,37	62,73	14,25	61,05
1	UFPI 857	31,17	12,88	10,45	32,45	23,82	14,31
1	UFPI 857	56,72	26,18	16,60	12,46	20,41	40,12
1	UFPI 857	12,08	30,41	25,96	83,91	16,51	83,29
1	UFPI 857	27,09	32,69	32,45	26,91	96,31	26,31
1	UFPI 857	31,17	12,88	10,45	32,45	23,82	14,31
1	UFPI 863	20,61	23,10	80,01	34,57	46,20	53,78
1	UFPI 863	25,78	15,78	82,61	11,83	11,67	12,09
1	UFPI 863	22,51	24,49	22,31	75,97	23,08	23,67
1	UFPI 863	43,67	10,24	18,29	45,30	52,23	18,81
1	UFPI 863	56,65	40,25	25,03	17,09	32,40	26,55
1	UFPI 864	22,30	24,81	31,89	42,31	15,14	89,76
1	UFPI 864	29,26	22,62	22,68	36,57	27,25	23,34
1	UFPI 864	17,51	15,65	14,02	26,26	50,33	10,98
1	UFPI 864	81,44	11,24	18,79	25,14	10,33	21,25
1	UFPI 864	31,44	11,31	49,55	15,71	35,71	10,51
1	UFPI 865	21,22	51,60	12,32	21,98	46,67	16,43
1	UFPI 865	46,73	16,87	77,76	16,87	20,03	20,72
1	UFPI 865	26,52	16,35	36,55	21,58	65,97	12,64
1	UFPI 865	55,52	12,42	90,00	42,26	70,44	42,30
1	UFPI 865	56,25	20,58	17,75	36,00	14,25	16,15
1	UFPI 866	41,56	27,19	27,68	40,67	52,05	13,07
1	UFPI 866	72,43	30,72	25,79	40,54	13,14	20,28
1	UFPI 866	52,42	25,37	25,50	10,76	61,02	20,48
1	UFPI 866	11,58	90,68	21,48	11,56	18,09	90,22
1	UFPI 866	41,03	25,32	20,68	72,20	14,40	25,60
1	UFPI 867	83,18	40,35	39,05	13,51	14,80	25,55
1	UFPI 867	17,68	25,91	33,53	51,01	26,89	29,10
1	UFPI 867	13,35	24,49	14,69	13,13	61,83	10,77
1	UFPI 867	72,44	25,19	23,12	15,55	12,54	43,44
1	UFPI 867	50,67	24,40	35,57	46,27	25,07	43,70
1	UFPI 868	30,67	29,61	28,01	25,56	76,56	25,85
1	UFPI 868	23,64	44,40	24,44	27,15	24,40	27,15
1	UFPI 868	20,40	20,40	20,54	77,00	27,38	97,90
1	UFPI 868	21,26	25,55	21,71	21,31	98,98	27,37
1	UFPI 868	25,55	23,22	25,02	25,02	27,49	28,20
1	UFPI 879	17,23	18,55	19,25	20,14	71,25	30,13
1	UFPI 879	21,15	11,23	15,49	51,91	76,35	58,54
1	UFPI 879	41,23	10,08	12,49	25,55	34,33	45,34
1	UFPI 879	88,20	18,25	33,88	25,32	20,33	20,28
1	UFPI 879	20,49	22,16	13,13	45,15	32,51	86,5
2	UFPI 220	3,70	0,99	1,39	5,49	2,22	1,13
2	UFPI 220	0,25	4,14	4,30	2,77	0,00	1,12

Continua...

Porcentagem de infecção na área foliar de acordo com *software Asses 2.0*

Exp*	Acesso	Folículo 1	Folículo 2	Folículo 3	Folículo 4	Folículo 5	Folículo 6
2	UFPI 220	3,70	0,99	1,39	5,49	2,22	1,13
2	UFPI 220	0,77	0,12	0,23	0,33	1,21	1,23
2	UFPI 220	0,12	0,22	0,55	0,11	2,13	0,33
2	UFPI 832	0,25	0,28	0,00	0,00	0,00	0,03
2	UFPI 832	0,20	0,15	0,05	0,00	0,00	0,00
2	UFPI 832	0,11	0,01	0,02	0,22	0,00	0,03
2	UFPI 832	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
2	UFPI 832	0,04	0,00	0,01	0,02	0,01	0,03
2	UFPI 834	39,61	10,13	30,20	18,61	21,49	23,22
2	UFPI 834	32,84	20,77	30,09	12,51	30,33	23,57
2	UFPI 834	20,67	77,46	10,29	20,54	29,55	31,93
2	UFPI 834	20,16	20,51	28,34	11,47	25,89	20,14
2	UFPI 834	21,27	42,48	22,06	10,11	29,27	25,47
2	UFPI 836	29,40	33,19	38,83	55,12	21,17	20,71
2	UFPI 836	10,04	61,29	26,23	74,79	10,57	10,69
2	UFPI 836	10,73	41,28	11,18	40,00	10,21	10,43
2	UFPI 836	30,00	25,52	38,41	45,98	13,08	31,82
2	UFPI 836	73,24	11,63	50,02	32,55	33,40	16,83
2	UFPI 842	5,77	0,03	3,33	3,69	0,27	0,01
2	UFPI 842	0,08	0,06	0,00	6,44	1,05	1,47
2	UFPI 842	7,16	11,34	3,73	0,00	0,00	0,00
2	UFPI 842	0,00	0,00	1,25	0,88	0,00	0,00
2	UFPI 842	0,25	1,56	0,21	0,15	0,03	1,21
2	UFPI 850	88,99	90,05	99,55	92,33	97,44	96,77
2	UFPI 850	75,85	87,99	98,66	97,22	96,77	98,44
2	UFPI 850	90,23	78,99	96,23	89,99	93,37	94,11
2	UFPI 850	94,33	96,44	87,45	92,55	91,25	80,32
2	UFPI 850	98,77	90,05	85,03	96,34	91,44	92,04
2	UFPI 852	20,96	47,76	32,47	44,01	18,99	32,10
2	UFPI 852	22,76	26,08	24,58	30,67	33,72	56,75
2	UFPI 852	26,27	70,14	18,42	21,38	29,24	26,06
2	UFPI 852	27,92	78,82	30,35	20,55	63,30	37,70
2	UFPI 852	75,69	17,21	28,99	29,88	35,55	38,77
2	UFPI 854	76,54	13,99	21,28	31,34	27,32	21,33
2	UFPI 854	10,44	18,88	25,21	13,32	11,87	18,00
2	UFPI 854	70,00	65,14	10,88	17,55	71,22	16,66
2	UFPI 854	21,22	20,66	10,77	77,33	20,22	38,77
2	UFPI 854	40,02	14,44	23,33	21,33	25,87	27,88
2	UFPI 855	33,67	30,55	18,77	42,33	10,11	52,14
2	UFPI 855	51,25	26,13	70,11	41,27	15,44	23,25
2	UFPI 855	78,55	13,66	28,99	35,12	70,88	65,98
2	UFPI 855	73,21	47,89	14,56	20,11	21,66	25,68
2	UFPI 855	10,66	50,00	21,32	52,44	22,11	50,55
2	UFPI 856	24,16	15,24	25,53	23,33	35,66	14,44

Continua...



Porcentagem de infecção na área foliar de acordo com *software Asses 2*

Exp*	Acesso	Folículo 1	Folículo 2	Folículo 3	Folículo 4	Folículo 5	Folículo 6
2	UFPI 856	30,00	14,55	28,88	16,89	27,33	13,32
2	UFPI 856	53,44	49,55	22,33	21,89	26,77	14,00
2	UFPI 856	24,14	22,09	24,07	23,85	23,50	76,15
2	UFPI 856	36,77	49,88	21,14	20,30	21,30	23,16
2	UFPI 857	43,00	34,41	16,01	12,72	48,97	11,77
2	UFPI 857	91,44	15,25	14,44	66,55	20,88	12,16
2	UFPI 857	66,13	19,20	22,14	88,63	21,66	21,25
2	UFPI 857	21,23	23,56	21,14	27,58	54,20	23,12
2	UFPI 857	11,98	10,54	10,88	13,45	94,21	32,33
2	UFPI 858	79,37	87,27	20,15	30,72	34,37	20,38
2	UFPI 858	21,31	84,17	18,20	22,57	10,45	26,15
2	UFPI 858	21,23	70,89	13,33	16,93	12,70	13,24
2	UFPI 858	88,70	20,31	22,12	17,71	38,83	12,57
2	UFPI 858	37,11	18,47	15,97	17,48	76,77	15,54
2	UFPI 859	12,17	28,04	14,81	14,50	21,33	30,70
2	UFPI 859	10,84	17,23	15,55	21,98	33,55	14,44
2	UFPI 859	12,92	51,68	16,40	15,80	10,74	21,44
2	UFPI 859	15,44	93,55	28,45	20,00	13,56	16,78
2	UFPI 859	72,44	21,22	22,76	23,00	42,22	18,44
2	UFPI 860	53,14	11,13	40,14	52,77	40,00	50,87
2	UFPI 860	89,28	39,99	65,14	83,20	13,18	57,33
2	UFPI 860	18,21	40,01	52,89	53,40	12,88	38,90
2	UFPI 860	72,44	38,14	65,67	33,20	31,25	60,56
2	UFPI 860	28,23	37,44	14,13	14,66	11,13	50,55
2	UFPI 861	47,42	16,17	17,30	22,00	41,73	31,44
2	UFPI 861	25,30	21,56	12,23	18,88	13,33	66,55
2	UFPI 861	32,44	27,40	72,55	42,24	14,44	15,79
2	UFPI 861	25,69	15,45	18,30	80,99	13,33	19,98
2	UFPI 861	16,37	12,65	33,56	15,13	74,37	11,60
2	UFPI 862	33,32	60,04	29,25	93,00	31,42	17,24
2	UFPI 862	33,32	60,04	29,25	93,00	31,42	17,24
2	UFPI 862	29,84	33,20	12,85	15,71	15,43	35,14
2	UFPI 862	24,08	20,56	72,25	11,18	11,69	12,65
2	UFPI 862	11,74	21,06	11,97	12,81	80,05	33,23
2	UFPI 862	18,05	23,56	71,18	13,10	31,07	11,80
2	UFPI 863	24,94	20,95	20,29	27,23	71,22	14,44
2	UFPI 863	72,36	33,31	20,78	22,59	73,22	10,13
2	UFPI 863	21,47	73,52	22,25	11,61	13,98	10,31
2	UFPI 863	24,68	21,78	22,21	60,55	22,51	22,44
2	UFPI 863	32,14	14,50	43,89	10,14	12,75	14,20
2	UFPI 864	13,56	70,06	26,29	31,43	16,53	13,56
2	UFPI 864	20,47	16,73	33,15	25,12	46,66	22,29
2	UFPI 864	20,42	25,62	10,27	15,55	40,55	13,23
2	UFPI 864	78,26	33,91	13,91	17,96	20,98	10,77

Continua...

Porcentagem de infecção na área foliar de acordo com *software Asses 2.0*

Exp*	Acesso	Folículo 1	Folículo 2	Folículo 3	Folículo 4	Folículo 5	Folículo 6
2	UFPI 864	25,98	13,50	25,53	10,88	31,23	11,23
2	UFPI 865	20,08	10,26	21,14	24,98	24,53	30,11
2	UFPI 865	60,79	21,23	20,15	12,86	17,66	28,13
2	UFPI 865	29,63	38,30	43,33	34,76	13,22	20,87
2	UFPI 865	60,14	12,03	40,91	63,11	83,70	10,12
2	UFPI 865	46,77	25,33	13,33	20,14	13,22	14,88
2	UFPI 866	33,52	20,54	23,93	32,97	14,36	42,96
2	UFPI 866	29,39	67,70	10,68	34,91	30,31	10,76
2	UFPI 866	40,73	22,50	20,07	10,68	37,37	19,38
2	UFPI 866	11,23	20,2	80,77	17,85	13,34	76,70
2	UFPI 866	31,14	42,23	22,22	13,14	75,66	21,22
2	UFPI 867	30,01	18,25	11,23	13,22	41,55	18,15
2	UFPI 867	70,14	23,41	37,33	11,24	31,33	22,23
2	UFPI 867	13,44	30,33	22,15	48,77	13,66	11,77
2	UFPI 867	28,66	12,55	21,15	51,34	12,22	16,43
2	UFPI 867	60,55	10,33	31,98	12,44	11,44	23,33
2	UFPI 868	25,10	20,28	25,91	21,37	64,94	15,20
2	UFPI 868	24,42	29,96	26,81	22,31	33,23	21,76
2	UFPI 868	12,37	10,14	67,44	12,25	92,04	21,08
2	UFPI 868	22,77	80,00	24,58	22,24	20,33	20,75
2	UFPI 868	33,62	69,66	27,87	26,17	25,25	12,34
2	UFPI 869	27,33	22,56	42,32	26,44	50,15	10,34
2	UFPI 869	45,25	22,34	32,97	16,29	49,81	24,73
2	UFPI 869	33,91	73,97	38,58	14,34	49,36	25,85
2	UFPI 869	70,11	60,25	10,23	25,12	23,21	32,12
2	UFPI 869	35,34	33,14	36,13	21,23	15,44	23,88
2	UFPI 871	51,55	23,27	44,32	21,33	34,23	22,14
2	UFPI 871	27,29	25,55	60,12	22,12	28,95	35,21
2	UFPI 871	24,81	82,20	25,20	45,34	31,55	59,82
2	UFPI 871	32,14	27,98	43,25	33,13	20,13	27,69
2	UFPI 871	83,34	27,03	12,45	12,13	20,43	27,34
2	UFPI 872	75,47	20,25	20,13	83,92	17,30	26,23
2	UFPI 872	48,57	27,41	37,98	12,75	22,56	34,33
2	UFPI 872	21,25	36,74	42,75	26,73	48,29	27,91
2	UFPI 872	77,21	24,18	95,64	21,06	67,23	22,25
2	UFPI 872	32,25	30,33	41,14	38,24	32,21	28,12
2	UFPI 878	21,22	21,12	40,88	23,66	22,49	20,4
2	UFPI 878	65,66	26,25	20,99	24,21	24,30	12,55
2	UFPI 878	56,88	19,24	14,10	20,32	11,55	18,4
2	UFPI 878	44,88	33,78	53,69	35,75	12,16	12,87
2	UFPI 878	23,77	33,77	25,60	42,54	17,55	70,27
2	UFPI 879	11,88	19,25	36,66	15,08	43,25	42,21
2	UFPI 879	33,21	49,29	32,25	20,35	30,56	10,44
2	UFPI 879	27,78	21,66	32,43	33,53	14,54	80,25
2	UFPI 879	76,24	42,32	35,15	34,13	16,55	10,22
2	UFPI 879	20,78	46,24	35,50	23,12	16,44	14,55

\*Experimento