

**MAPEAMENTO DO GENE DE RESISTÊNCIA AO *Colletotrichum lindemuthianum*
NA CULTIVAR ANDINA DE FEIJÃO COMUM JALO PINTADO 2**

Pollyana Priscila Schuertz Paulino¹; Juliana Parisotto Poletine¹; Silene Tais Brondani²; Marco Antônio Aparecido Barelli³; Valvenarg Pereira da Silva³

¹Universidade Estadual de Maringá – UEM, Departamento de Agronomia. Avenida Colombo, 5790, CEP: 87020-900, Campus Universitário, Maringá, PR. E-mail: polly-prys@hotmail.com; jppoletine@uem.br;

²Universidade Estadual de Maringá – UEM, Departamento de Ciências Agronômicas, Campus de Umuarama. Estrada da Paca s/n, CEP: 87500-000, Bairro São Cristóvão, Umuarama, PR. E-mail: silenetais@outlook.com

³Universidade do Estado de Mato Grosso - UNEMAT, Faculdade de Ciências Agro-Ambientais, Av. São João, s/nº, CEP 78200-000 Cáceres, MT. E-mail: mbarelli@unemat.br; silvabiologo@hotmail.com

RESUMO: A cultivar andina Jalo Pintado é uma importante fonte de resistência à antracnose no feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.), cujo agente etiológico é o fungo *Colletotrichum lindemuthianum*, apresentando resistência às raças 2, 7, 9, 31, 65, 73, 95, 453 e 2047 do fungo causador da antracnose, sendo esta última considerada uma das raças mais virulentas já identificadas. Assim, o presente trabalho objetivou estudar e identificar marcadores moleculares ligados ao *locus* de resistência presente na cultivar Jalo Pintado 2. Para tanto, foram avaliadas famílias F_{2:3} derivadas do cruzamento entre as cultivares Jalo Pintado 2 (resistente) e PI 20726 (suscetível) quanto a resistência à raça 453 de *C. lindemuthianum*. Amostras de tecido vegetal para a extração de DNA foram coletadas de plantas F₂, correspondentes às respectivas famílias F_{2:3}. Sendo assim, o fenótipo de resistência ou suscetibilidade de cada planta F₂ foi estimado baseado na resposta da família F_{2:3} à raça 453. De posse do DNA das plantas F₂ e fenotipagem das respectivas famílias F_{2:3}, foram construídos dois Bulks resistentes (BR) e dois bulks suscetíveis (BS). Os BR e BS juntamente com os parentais foram genotipados com o SNP BeadChip contendo 5398 SNPs. Posteriormente, marcadores SSR foram desenvolvidos a fim de realizar o mapeamento do gene presente em Jalo Pintado 2. Os resultados do teste de herança revelaram razão de segregação das famílias F_{2:3} do cruzamento entre Jalo Pintado 2 × PI 20726, inoculadas com a raça 453 de *C. lindemuthianum*, de 1RR:2RS:1S, indicando que tal resistência é condicionada por um gene dominante. As análises moleculares revelaram que o gene presente em Jalo Pintado 2 está localizado no grupo de ligação Pv04 a uma distância de 7 cm dos marcadores BARCPVSSR04574 e BARCPVSSR04577, e a uma distância de 5,3 cm do marcador BARCPVSSR04619.

PALAVRAS-CHAVE: *Colletotrichum lindemuthianum*; marcador molecular; *Phaseolus vulgaris* L.

MAPPING ANTHRACNOSE RESISTANCE GENE TO *Colletotrichum lindemuthianum* IN COMMON BEAN ANDINA CULTIVAR JALO PINTADO 2

ABSTRACT: Jalo Pintado cultivar is an important source for anthracnose resistance in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.), whose etiological agent is *Colletotrichum lindemuthianum* fungus. Jalo Pintado 2 cultivar is resistant to races 2, 7, 9, 31, 65, 73, 95, 453 and 2047 of fungus causing anthracnose, being race 2047 considered one of the most virulent races already identified. Therefore, in this study, F_{2:3} families derived from the cross between cultivars Jalo Pintado 2 (resistant) and PI 20726 (susceptible) were studied and evaluated to their reaction to race 453, in order to identify molecular markers linked to the resistance locus present in Jalo

Pintado 2 cultivar. Samples of plant tissue for DNA extraction were collected from F₂ plants. Each F₂ correspond to a specific F_{2,3} families. Thus, phenotype of resistance or susceptibility response to race 453 of each F₂ plant was estimated based on F_{2,3} families. Based on F₂ plant DNA and phenotyping respective families F_{2,3}, two resistant Bulks (RB) and two susceptible bulks (SB) were developed. BR and BS along with parental were genotyped with SNP BeadChip containing 5398 SNP's. Subsequently, SSR markers were developed to perform the mapping of gene presented in Jalo Pintado 2. The results of inheritance test revealed a segregation ratio of F_{2,3} families from Jalo Pintado 2 × PI 207262, inoculated with 453 race of *C. lindemuthianum*, resulting in a segregation ratio of 1RR: 2RS: 1S, indicating that such resistance is conditioned by one dominant gene. Molecular analyzes revealed that the gene present in Jalo Pintado 2 is located in Pv04 linking group at a distance of 7.0 cM from markers BARCPVSSR04574 and BARCPVSSR04577 and at a distance of 5.3 cM from the marker BARCPVSSR04619.

KEYWORDS: *Phaseolus vulgaris* L., *Colletotrichum lindemuthianum*, molecular marker.

INTRODUÇÃO

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma das culturas mais difundidas mundialmente, representando 50% dos grãos de leguminosas mais consumidas, composto da dieta básica de um segmento populacional expressivo, constituindo-se muitas das vezes, na principal fonte básica de proteína e de carboidrato (Broughton et al. 2003; Gepts et al. 2008).

O *P. vulgaris* é cultivado em aproximadamente 100 países, dos quais se destacam, Myanmar, Índia, Brasil, Estados Unidos, México e Tanzânia, sendo o Brasil o terceiro maior produtor e um dos maiores consumidores mundiais (FAO, 2018). O estado do Paraná é o maior produtor de feijão brasileiro (previsão de 651,5 mil toneladas para a atual safra), seguido por Minas Gerais (535,9 mil toneladas), Mato Grosso (441,7 mil toneladas) e Goiás (368,5 mil toneladas). A produção paranaense corresponde a 92% da produção nordestina e é 6 vezes a produção do Norte (CONAB, 2018).

Em relação ao valor socioeconômico e agrônômico, a cultura do feijão é de vasta importância, pois o seu cultivo se estende durante todo o ano, em quase todos os Estados, nas diferentes épocas e safras. Desse modo, promove e emprega grande quantidade de mão de obra durante seu ciclo de desenvolvimento, movimentando a economia brasileira (Vieira et al., 1999, Salvador, 2010).

No entanto, esta ampla adaptabilidade, permite que esta cultura seja prejudicada por diversos patógenos, dentre os quais se destaca a antracnose do feijão comum, é uma doença causada pelo fungo *Colletotrichum lindemuthianum* (Sacc. e Magn.) (Briosi & Cavara, 1889; Pastor-Corrales e Tu, 1989; Gonçalves-Vidigal et al., 2009; Gillard et al., 2012).

As perdas ocasionadas por este patógeno podem ser indelévels e/ou depreciar a qualidade do produto tornando-o menos atrativo ao mercado consumidor. A maioria das cultivares de interesse agrônômico cultivadas é suscetível a uma ou mais raças deste fungo (Than et al., 2008; O'Connell et al., 2012; Dean et al., 2012).

Este patógeno se desenvolve em ambientes cujas temperaturas sejam de $20\pm 2^\circ\text{C}$, sendo assim, ocorre com frequência em regiões com umidade relativa do ar elevada e temperaturas amenas (Pastor-Corrales, 1988). A antracnose pode prejudicar a qualidade das vagens e dos grãos, principalmente no início do ciclo da cultura e o principal fator limitante em seu controle é a diversidade genética do *C. lindemuthianum* (Zaumeyer e Thomas, 1957; Sartorato e Rava, 1994; Pastor-Corrales, 1995; Kimati, 1997; Paula Júnior et al., 2006).

Desse modo, o uso de cultivares resistentes é a estratégia mais eficaz e economicamente mais viável para o controle da antracnose no feijão comum, tanto pela redução dos custos de produção quanto pela redução dos danos causados ao meio ambiente (Talamini et al., 2004; Vieira et al., 1998). A identificação de novos genes e/ou alelos que poderão ser incorporados nas cultivares, propicia a ampliação do espectro de resistência, resultando em maior estabilidade de produção desta cultura.

Nesse sentido, a cultivar tradicional Jalo Pintado 2 é considerada uma fonte potencial de resistência, pois em testes preliminares indicando que a mesma apresenta resistência às raças 2, 7, 9, 31, 65, 73, 95, 453 e 2047 de *C. lindemuthianum*, sendo esta última considerada uma das raças mais virulentas (Vidigal Filho et al. 2007; Frias et al. 2014; Pastor-Corrales, 1991).

Para o desenvolvimento de cultivares resistentes a diversas doenças, os programas de melhoramento vêm utilizando como ferramenta o uso de marcadores moleculares (Alzate-Marin et al., 2005). Os marcadores permitem avaliar a variabilidade genética existente diretamente no DNA para identificar genes de interesse agrônômico (Rieseberg et al., 2000). Nesse sentido, a utilização de seleção assistida por marcadores (SAM) é particularmente útil no processo de transferência de alelos de resistência, por anular o efeito do ambiente e permitir a seleção na ausência do patógeno ou da raça do patógeno (Oliveira et al., 2007).

A maioria dos genes de resistência está distribuída no mapa consenso do feijão comum em sete dos 11 grupos de ligação, sendo eles o Pv01, Pv02, Pv03, Pv04, Pv07, Pv08 e Pv11 (Ferreira et al., 2013).

Diante do exposto, o objetivo do trabalho foi estudar informações relevantes e desenvolver marcadores moleculares ligados ao gene de resistência à antracnose presente na cultivar andina Jalo Pintado 2.

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) possui elevada importância nutricional, social e econômica. Do ponto de vista nutricional o feijão é considerado uma excelente fonte de proteínas, minerais, vitaminas, fibras e compostos fenólicos que apresentam ação antioxidante que podem reduzir a incidência de doenças. O conteúdo proteico do feijão varia de 16 a 33% e é rico em lisina, porém limitado em aminoácidos sulfurados (metionina, cisteína e cistina). O que faz da combinação arroz e feijão, uma combinação perfeita no que se refere aos aminoácidos essenciais, uma vez que o arroz é deficiente em lisina e abundante em metionina. O feijão comum é também importante fonte de ferro, fósforo, magnésio, manganês. (Bassinello, 2015).

A cultura do feijão é considerada como sendo um dos produtos agrícolas de maior importância socioeconômica, uma vez que apresenta ampla adaptação edafoclimática (que permite seu cultivo durante todo o ano, em quase todas as unidades da federação brasileira, nas diferentes épocas e safras) e por empregar grande quantidade de mão de obra durante seu ciclo (Vieira et al., 1999, Salvador, 2010).

O cultivo é bastante difundido em todo o território nacional pela cultura apresentar uma ampla adaptação edafoclimática, que permite o seu cultivo durante todo o ano, em praticamente todos os Estados, possibilitando uma oferta constante do produto no mercado (Yokoyama, 2003). Dependendo da região, a semeadura do feijão no Brasil pode ser feita em até três safras ou épocas de cultivo ao longo do ano. Estas épocas são: a das águas ou safra (cultivo de primavera-verão, colheita no início do verão), a da seca ou safrinha (cultivo de verão-outono, colheita no outono) e a de inverno (cultivo de outono-inverno) (Borém e Carneiro, 1998). Outra característica da produção do feijoeiro é a variação dos sistemas de produção existentes: solteiro, consorciado ou intercalado (Yokoyama e Stone, 2000).

O fato do cultivo do feijão ser bastante difundido em todo o território nacional faz com que o Brasil esteja entre os maiores produtores, em ordem, Myanmar, Índia, Brasil, Estados Unidos, México e Tanzânia, responsáveis por 56,99% do total produzido no mundo, ou 15,3 milhões de toneladas, sendo o Brasil o terceiro maior produtor e um dos maiores consumidores mundiais (FAO, 2018). No Brasil, o consumo de feijão depende principalmente das características morfológicas, como cor, formato e o tamanho da semente (Carneiro et al., 2005). Mas o consumo é pequeno nos países mais desenvolvidos e o fato dos grandes produtores mundiais serem também os maiores consumidores gera poucos excedentes exportáveis, limita o conhecimento do mercado e, conseqüentemente, o comércio internacional do produto

(CONAB, 2017). Na safra (2017/2018), a produção do Brasil foi de 3,39 milhões de toneladas, mesmo volume da safra anterior, já tendo sido maior em outros anos, numa área total de 3,24 milhões de hectares, aumento de 2% em relação ao último ano-safra (CONAB, 2018).

A maior produtora regional passou a ser Região Centro-Oeste (anteriormente era a Sul), com previsão de atingir 893,3 mil toneladas no atual ano-safra, aumento de 6,8% sobre a safra 2016/2017. Logo após, vem o Sul (885,2 mil toneladas), redução de -6,1% e Sudeste (806,2 mil toneladas), redução de 0,5% em relação ao ano-safra de 2016/2017. No Nordeste, a previsão é de 710,5 mil toneladas, aumento de 4,6% (ou 31,4 mil toneladas) em relação à safra anterior, que foi superior devido às boas condições climáticas. Vale ressaltar que o Nordeste continua sendo a maior região em termos de área cultivada com feijão no País (previsão de 1,62 milhões de hectares), mais que a soma das áreas do Sul, Sudeste e Centro-Oeste (1,51 milhão de hectares), cuja previsão varia de 461 mil a 534 mil hectares, mas sua produtividade (438 kg ha⁻¹) é de apenas 26% daquelas, com índices em torno de 1.700 kg ha⁻¹ (CONAB, 2018).

ORIGEM E VARIABILIDADE DO FEIJÃO COMUM

A espécie *P. vulgaris* é diploide com 22 cromossomos ($2n=2x=22$), pertencente à classe Dicotyledoneae, subclasse Rosidae, ordem Fabales e família Fabaceae (Leguminosae) (Cronquist, 1988). É uma espécie predominantemente autógama, com taxa de fecundação cruzada estimada em 3 a 5% (Burle et al., 2010).

Ocorrência de mais de cinquenta espécies do gênero *Phaseolus* nas Américas é relatada por Debouck (1991). No entanto, apenas *P. vulgaris*, *P. polyanthus* Greenman (feijão comum), *P. coccineus* L. (escarlet runner bean), *P. acutifolius* A. Gray (feijão tepary) e *P. lunatus* L. (feijão de lima), são mais conhecidas por terem sido domesticadas (Evans, 1976; Debouck, 1988; Debouck, 1991).

A diversidade observada através da proteína faseolina da semente sugere que espécies cultivadas tenham surgido a partir de múltiplas domesticações ao longo de sua extensa distribuição (Gepts e Bliss, 1986; Gepts et al., 1986). Por meio das diferenças dos padrões eletroforéticos de faseolina (Gepts et al., 1986), nas características morfológicas (Evans, 1976), isoenzimas e marcadores moleculares (Gepts, 1988; Singh et al., 1991; Haley et al., 1994, Becerra et al., 2010) pode-se determinar a existência de dois centros de origem: o Mesoamericano e o Andino. O centro Mesoamericano se estende do sudeste dos Estados Unidos até o Panamá, tendo como zonas principais o México e a Guatemala. Neste centro predominam germoplasmas de grãos pequenos (< 20g 100 sementes), faseolina do tipo 'S'. Já o centro

Andino abrange as regiões do Peru, Argentina, Colômbia e Venezuela e encontram-se os feijões de sementes graúdas (> 40g 100 sementes) e faseolina do tipo 'T' e possivelmente também as dos tipos 'A', 'C' e 'H'. (Singh et al., 1991).

Dos primeiros cultivos até hoje, o feijoeiro vem sofrendo diversas alterações decorrentes da sua domesticação. Todas as cultivares são herbáceas com hábitos de crescimento determinado ou indeterminado. As de crescimento determinado apresentam o caule e os ramos laterais terminados em uma inflorescência e possuem número limitado de nós e a floração inicia-se do ápice para a base da planta (Graham; Ranalli, 1997). Nas cultivares de crescimento é indeterminado o caule principal possui crescimento contínuo, com sucessão de nós e entrenós; as inflorescências são axilares e a floração inicia-se da base para o ápice da planta (Jauer et al., 2006).

O feijão é constituído de 1 a 20% de fibras alimentares, 60 a 65% de carboidratos, 1 a 3% de lipídios, dos minerais Ca, Fe, Cu, Zn, K, P e Mg, e também de vitaminas, em especial as do complexo B, como: riboflavina, niacina e folacina (Geil e Anderson, 1994; Lajolo et al., 1996).

Existe variabilidade genética para teores de nutrientes em grãos de feijão, segundo Sathe, (2002), os feijões comerciais apresentam quantidades que variam de 17,5 a 28,7% de proteínas. Em feijões crioulos encontra-se variação relativamente maior, de 17 a 32% e 19,9 a 32,2% de proteína total. As proteínas desempenham várias funções para os seres vivos, sendo catalisadores (enzimas), hormônios (insulina), proteção (anticorpos), transportadora (hemoglobina), estrutural (colágeno), movimento (actina e miosina) além de fornecer energia e elementos para a formação dos tecidos (Miranda e Destro, 1999).

ANTRACNOSE DO FEIJÃO COMUM

As principais causas de redução de produtividade do feijão são atribuídas às doenças, que podem ter como agentes causais fungos, bactérias, vírus e nematóides (Kimati, 1980; Rey et al., 2005). Desde 1989, Bianchini e colaboradores já citavam a existência de mais de 200 doenças capazes de afetar a cultura, limitando a sua produção e reduzindo a qualidade fisiológica, sanitária, nutricional e comercial do produto (Bianchini et al., 2005).

Dentre as doenças fúngicas que afetam a cultura do feijão, a antracnose erige-se como uma das mais severas, pois a transmissibilidade do patógeno por meio das sementes, as perdas econômicas e a ocorrência nas três épocas de cultivo pode ocasionar perdas de até 100% na produtividade, quando sob condições ambientais favoráveis (Augustin e Costa, 1971; Carbonell

et al., 1999; Gianasi, 2002; Rey et al., 2005). A nível mundial, a antracnose do feijão comum, corresponde a uma das doenças de maior importância, sobretudo em regiões tropicais e subtropicais (Méndez-Vigo et al., 2005), especialmente sob temperaturas amenas e elevada umidade (Pastor-Corrales, 1988).

A antracnose teve o primeiro registro na cultura do feijão (*P. vulgaris*) no ano 1843 na França (Martínez-Pacheco et al., 2009). O agente etiológico, o fungo *Colletotrichum lindemuthianum*, pertence à classe dos Deuteromicetos, ordem Melanconiales e à família Melanconiaceae (Sutton, 1992; Rava et al., 1994; Martínez-Pacheco et al., 2009). *C. lindemuthianum*, foi descrito em 1878 por Saccardo e Magnus, como *Gloeosporium lindemuthianum*, com base em coletas feitas por Lindemuth em Bonn, na Alemanha (Zaumeyer e Thomas, 1957). Com base na verificação da presença de setas e das estruturas filamentosas produzidas entre os conidióforos e as margens dos acérvulos, foi realizada a transferência para o gênero *Colletotrichum* (Scrihner, 1888).

C. lindemuthianum apresenta duas fases reprodutivas, uma sexuada (perfeita) e outra assexuada (imperfeita). Tal fato, trata-se de uma vantagem em relação à patógenos que apresentam ciclo único, tendo em vista que, muitas combinações novas de alelos são produzidas durante o ciclo sexual, como também, recombinações de mutações em arranjos genéticos diversos (McDonald e Linde, 2002).

O fungo recebe a denominação de *Glomerella cingulata* f. (Stonem Spaulde & V. Schrenk) sp. *phaseoli*, em sua fase sexuada, inserida à classe dos Ascomicetos, ordem Diaportales (Damasceno e Silva et al, 2007). Na fase sexuada, o fungo produz ascas e peritécio, dos quais se originam ascósporos, que recebem a denominação de ascósporos (Kimati, 1980; Bailey e Jeger, 1992; Roca et al., 2003).

Apesar da enorme dificuldade de ser encontrada na natureza, Damasceno e Silva et al. (2007) lograram êxito em identificá-la naturalmente no Estado de Minas Gerais. Inobstante tal dificuldade, convém lembrar que a fase sexuada pode ser facilmente verificada mediante condições de indução em laboratório ou desenvolvimento espontâneo (Kimati e Galli, 1970; Mendes-Costa e Souza, 2005).

Por sua vez, na fase assexuada (imperfeita), o fungo recebe a denominação de *Colletotrichum lindemuthianum*, inserido à classe dos Deuteromicetos, ordem Melanconiales, família Melanconiaceae (Kimati, 1980). Sobrevive de uma safra para outra como micélio em dormência no interior de sementes, em restos culturais, em forma de esporo, cuja disseminação pode perpretar-se de curtas a longas distâncias (Vieira, 1986), mediante sementes

contaminadas, chuvas, respingos de água, vento, insetos, animais, homem e implementos agrícolas (Kimati, 1980).

A antracnose trata-se de uma doença cosmopolita, com preponderância de desenvolvimento em temperaturas amenas, compreendidas na faixa entre 17 e 24°C e alta umidade (Walker, 1952; Vieira, 1967). Temperaturas superiores a 30°C e inferiores a 13°C obstam o desenvolvimento do patógeno (Zaumeier e Thomas, 1957; Pastor-Corrales e Tu, 1989).

No Brasil, o *C. lindemuthianum* pode ser encontrado e provocar danos durante as três épocas de cultivo do feijão (Vieira, 1967). Os sintomas da antracnose se manifestam em todos os estádios de desenvolvimento, em qualquer órgão ou parte aérea da planta, como folhas, caules, ramos, vagens e sementes, podendo ser observado em função do grau de infecção (Kimati, 1980; Vieira, 1988).

Nas folhas as lesões necróticas são primeiramente verificadas na face abaxial, de coloração marron-escura entre nervuras. Com o passar do tempo, estas lesões dão origem a regiões cloróticas que colimam no ressecamento da folha, fazendo com que estas se curvem para baixo, como também, redução de área de superfície foliar, que tem por função elaboração de fotossíntese (Kimati, 1980).

A antracnose pode ser facilmente identificada nas vagens, mediante surgimento de lesões com sintomas arredondados, com tamanho variável, deprimidos, com centro claro, delimitado por anel de coloração negra, rodeado por borda de tonalidade café avermelhado (Chaves, 1980; Kimati, 1980). Com o progresso da doença, as vagens normalmente murcham e secam (Vieira, 1988).

No caule e pecíolos, as lesões constatadas são do tipo alongadas, escuras, às vezes deprimidas, podendo apresentar cancrios e estrangulamento da planta, conforme desenvolvimento do patógeno (Chaves, 1980). Em se tratando de sementes infectadas verificam-se cancrios com coloração compreendida de amarelo escuro ligeiramente deprimido e de tamanho variado. Vale salientar, o patógeno pode atravessar o tegumento e provocar desde descolorações até lesões nos tecidos dos cotilédones (manchas nos grãos), que resultam na depreciação do produto, tornando-o impróprio ao consumo, além de consubstanciar-se em fonte de disseminação por meio da semente (Chaves, 1980, Kimati, 1980).

FONTES DE RESISTÊNCIA À ANTRACNOSE

O estudo de novas fontes de resistência, bem como de seus *loci* tem sido a melhor estratégia para controlar a antracnose, uma vez que há uma necessidade de uma busca constante para a obtenção de resistência genética ao *C. lindemuthianum* (Mahuku et al., 2002). A resistência à antracnose é condicionada pelos genes de resistência descritos pelo símbolo *Co* seguido de uma letra ou número (Quadro 1).

Encontram-se identificados 20 genes de resistência à antracnose (Gonçalves-Vidigal et al., 2012). Estes genes e seus alelos são: *Co-1* (McRostie, 1919), *Co-1²* (Melotto e Kelly, 2000), *Co-1³* (Melotto e Kelly 2000), *Co-1⁴*, *Co-1⁴/Phg-1* (Alzate-Marin et al. 2003, Gonçalves-Vidigal et al., 2011), *Co-1⁵* (Gonçalves-Vidigal e Kelly 2006), *Co-2* (Mastenbroek, 1960), *Co-3* (Bannerot, 1965), *Co-3²*, *Co-3³* (anteriormente nomeado como *Co-9*) (Geffroy et al., 1999; Méndez-Vigo et al., 2005; Alzate-Marin et al., 2007; David et al., 2008, 2009; Rodríguez-Suárez et al., 2008; Geffroy et al., 2009; Campa et al., 2011), *Co-3⁴* (Gonçalves-Vidigal et al., 2013), *Co-3⁵* (Pastor-Corrales et al, 1994; Young et al., 1998; Sousa et al., 2014), *Co-4* (Fouilloux, 1976, 1979), *Co-4²* (Young et al., 1998), *Co-4³* (Alzate-Marin et al., 2007), *Co-5* (Young and Kelly, 1996a; Young et al., 1998; Alzate-Marin et al., 2007), *Co-5²* (Vallejo and Kelly, 2009), *Co-6* (Schwartz et al., 1982; Gonçalves-Vidigal, 1994; Kelly and Young, 1996; Young and Kelly, 1996), *Co-8* (Alzate-Marin et al., 1997), *Co-11* (Gonçalves-Vidigal et al., 2007), *Co-12* (Gonçalves-Vidigal et al., 2008), *Co-13* (Gonçalves-Vidigal et al., 2009), *Co-14* (Gonçalves-Vidigal et al., 2012), *Co-15* (Sousa et al., 2015), *Co-16* (Coelho et al., 2013), *Co-17* (Trabanco et al., 2015), *Co-u* (Geffroy, 1997; Geffroy et al., 2008), *Co-v* (Geffroy, 1997), *Co-w* and *Co-x* (Geffroy, 1997; Geffroy et al., 2008), *Co-y* e *Co-z* (Geffroy et al., 1999).

Cada uma das 12 cultivares diferenciadoras possui pelo menos um gene de resistência à antracnose. Os demais genes identificados estão presentes em cultivares não diferenciadoras.

Quadro 1 - Fontes de resistência genética à antracnose, seus respectivos símbolos e conjunto gênico (Kelly e Vallejo, 2004), com modificações.

	Símbolo dos Genes		Grupo de ligação	Fontes de resistência	Origem*	Referências
	Atual	Original				
	<i>Co-1</i>	<i>A</i>	Pv01	Michigan Dark Red Kidney	A	Mc Rostie, 1919
	<i>Co-1²</i>			Kaboon	A	Melotto e Kelly, 2000
	<i>Co-1³</i>			Perry Marrow	A	Melotto e Kelly, 2000
	<i>Co-1⁴</i>		Pv01	AND 277	A	Alzate-Marin et al., 2003a; Gonçalves-Vidigal et al., 2011
	<i>Co-1⁵</i>			Widusa	A	Gonçalves-Vidigal e Kelly, 2006
	<i>Co-2</i>	<i>Are</i>	Pv11	Cornell 49-242	M	Mastenbroek, 1960
	<i>Co-3</i>	<i>Mexique 1</i>	Pv04	México 222	M	Bannerot, 1965
06	<i>Co-3²</i>			México 227	M	Geffroy et al., 1999; Méndez-Vigo et al., 2005; Alzate-Marin et al., 2007; David et al., 2008, 2009; Rodríguez-Suárez et al., 2008; Geffroy et al., 2009; Campa et al., 2011
	<i>Co-3³</i>	<i>Co-9</i>	Pv04	BAT 93; PI 207262	M	
	<i>Co-3⁴</i>	<i>Co-10</i>		Ouro Negro	M	(Alzate-Marin et al. 2003b; Gonçalves-Vidigal et al., 2013)
	<i>Co-3⁵</i>	<i>Co-7</i>		MSU 7-1	M	Pastor-Corrales et al, 1994; Young et al.,1998; Sousa et al., 2014
	<i>Co-4</i>	<i>Mexique 2</i>	Pv08	TO	M	Fouilloux, 1976, 1979
	<i>Co-4²</i>			G2333; SEL 1308	M	Young et al., 1998
	<i>Co-4³</i>			PI 207262	M	Alzate-Marin et al., 2007

<i>Co-5</i>	<i>Mexique 3</i>	Pv07	TU; G2338	M	Young e Kelly, 1996a; Young et al., 1998; Alzate-Marin et al., 2007; Vallejo e Kelly, 2009
<i>Co-5²</i>		Pv07	G2333; SEL 1360	M	Vallejo e Kelly, 2009
<i>Co-6</i>	<i>Q</i>	Pv07	AB 136	M	Schwartz et al., 1982; Gonçalves-Vidigal, 1994; Kelly e Young, 1996; Young e Kelly, 1996
<i>co-8</i>			AB 136	M	Alzate-Marin et al., 1997
<i>Co-11</i>			Michelite	M	Gonçalves-Vidigal et al., 2007
<i>Co-12</i>			Jalo Vermelho	A	Gonçalves-Vidigal et al., 2008
<i>Co-13</i>		Pv03	Jalo Listras Pretas	A	Gonçalves-Vidigal et al., 2009
<i>Co-14</i>			Pitanga	A	Gonçalves-Vidigal et al., 2012
<i>Co-15</i>		Pv04	Corinthiano	A	Sousa et al., 2015
<i>Co-16</i>			Crioulo 159	M	Coelho et al., 2013
<i>Co-17</i>			SEL1308	M	Trabanco et al., 2015
<i>Co-u</i>		Pv02	BAT 93	M	Geffroy, 1997; Geffroy et al., 2008
<i>Co-v</i>			BAT 93	M	Geffroy, 1997
<i>Co-w</i>		Pv01	Jalo EEP558	A	Geffroy, 1997; Geffroy et al., 2008
<i>Co-x</i>		Pv01	Jalo EEP558	A	
<i>Co-y</i>		Pv04	Jalo EEP558	A	Geffroy et al., 1999
<i>Co-z</i>		Pv04	Jalo EEP558	A	Geffroy et al., 1999

* A= Andino; M= Mesoamericano.

Os marcadores moleculares surgiram devido à necessidade da detecção de polimorfismo genético diretamente no DNA, e foram utilizados no melhoramento de plantas no início da década de 80 (Soller e Beckmann, 1983). Inicialmente, os estudos genéticos eram realizados utilizando-se marcadores morfológicos (Carneiro et al., 2004), determinados por mutações simples em um gene particular. Com o advento das técnicas de biologia molecular, tornou-se possível a manipulação do DNA, que culminou no surgimento dos vários tipos de marcadores moleculares disponíveis atualmente (Lanza et al., 2000). O desenvolvimento de marcadores de DNA proporcionou um grande impulso para vários trabalhos da genética, entre eles para a identificação de genes específicos (Brondani et al., 2002).

Os marcadores moleculares podem ser usados para o desenvolvimento de mapas genéticos, seleção assistida por marcadores, mapeamento de genes, diversidade genética e seleção de genitores (Guimarães et al., 2009). No feijão, os marcadores tem sido utilizados para o mapeamento de genes específicos que determinam características agronômicas importantes (resistência à doenças e identificação de locos de características quantitativas (QTL's) de importância econômica). A identificação de marcadores moleculares ligados a genes de resistência à antracnose tem sido um avanço diretamente aplicável na caracterização, e na manutenção de recursos genéticos, para disponibilizá-los aos programas de melhoramento da cultura do feijão comum (Kelly e Valejo, 2004).

Nesse contexto, em feijão comum, vários marcadores moleculares associados a genes que conferem resistência a diferentes doenças têm sido identificados tais como: os marcadores moleculares RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) (Welsh e McClelland, 1990); SCAR (Sequence Characterized Amplified Regions) (Paran e Michelmore, 1993); microssatélite (ou SSR - Simple Sequence Repeats); STS (Site Tagged Sequence) (Olson et al., 1989); SNPs (Single nucleotide polymorphism) (Kwok et al., 1996); Indel (Insertions and Deletions of nucleotides) (Galeano et al., 2009) e CAP'S (Cleaved Amplified Polymorphic Sequences) (Koniczny e Ausubel, 1993).

O primeiro tipo de marcador do DNA utilizado no melhoramento de plantas foi o RFLP (Helentjaris et al., 1986). Nessa técnica, o DNA total de um indivíduo é inicialmente isolado e clivado com enzimas de restrição. Os fragmentos obtidos eram separados por eletroforese e transferidos para uma membrana de celulose ou náilon. Em seguida, fragmentos específicos podem ser detectados pela incubação da membrana com uma sonda previamente marcada

(radioativamente ou a frio). Sonda é uma sequência de DNA (normalmente da própria espécie em estudo) que irá, por complementaridade entre as bases nitrogenadas, parear com um ou mais dos fragmentos contidos na membrana. A posição da membrana onde a sonda hibridiza pode ser determinada por autorradiografia. O polimorfismo entre diferentes indivíduos decorre de variações nas sequências primárias dos sítios de restrição ou na mudança de suas posições devido a inserções e/ou deleções. As dificuldades inerentes à técnica, o grande número de etapas e o uso, em muitos casos, de sondas radioativas, impedem que o RFLP seja extensivamente utilizado no melhoramento.

Os marcadores RAPDs (*Random Amplified Polymorphic DNAs*), ligados a alelos de resistência a raças específicas de um patógeno, têm se constituído uma metodologia viável para a seleção indireta visando resistência a doenças no feijão (Alzate-Marin et al.; 2001a; Miklas et al.; 2006). Diversos marcadores SCAR têm sido desenvolvidos a partir dos marcadores RAPD identificados como ligados a genes de resistência a doenças do feijão (Corrêa et al.; 2000). SCAR são fragmentos de DNA genômico localizados em um loco geneticamente definido, que são identificados por amplificação via PCR, utilizando-se um par de *primers* específicos. Por ser sequência específica, os marcadores SCAR permitem maior reprodutibilidade dos dados entre diferentes laboratórios, apesar da redução do polimorfismo, quando comparado ao RAPD (Paran e Michelmore, 1993).

Os marcadores microssatélites ou SSR (*Single Sequence Repeats*) permitem a comparação e a troca de informações entre diferentes estudos, especialmente para comparação entre mapas genéticos, assim como tem sido desenvolvidos e utilizados para estudos visando resistência a doenças, diversidade genética, análise de “fingerprinting” e análise filogenética (Carneiro e Vieira, 2002).

As tecnologias genômicas em larga escala têm favorecido para que muitas sequências de genes candidatos estejam disponíveis, bem como os SNP's, definidos como variações em uma única posição nucleotídica em uma única fita de DNA, compreendem uma nova geração de marcadores (Wang et al., 1998). Estas variantes ocorrem entre diferentes indivíduos dentro de uma mesma espécie. Em geral, os SNPs são a forma mais comum de polimorfismo presente entre os alelos no DNA. Marcadores SNP's são úteis em uma variedade de aplicações, incluindo a construção de mapas de alta resolução, traços genéticos de mapeamento, diagnóstico genéticos, a análise da estrutura genética de populações e análise filogenética (Rafalski, 2002).

Os marcadores STS é a conversão do marcador RFLP (*Restriction Fragment Length Polymorphism*) em marcadores baseados em PCR e foi primeiramente utilizado em plantas por

Paran e Michelmores, em 1993, (gene de resistência ao míldio do alface). Tais marcadores são sequências curtas de DNA (200 a 500 pbs) de cópia única.

Em relação aos genes andinos que condicionam resistência à antracnose, somente o *Co-1*, *Co-12*, *Co-13*, *Co-14*, *Co-15*, *Co-w*, *Co-x*, *Co-y* e *Co-z* apresentam marcadores moleculares associados. O gene *Co-1*, presente na cultivar Andina Michigan Dark Red Kidney (McRostie, 1919), apresenta o marcador RAPD OF10₅₃₀ ligado a 1,9cM em fase de repulsão (Young e Kelly, 1996). Por sua vez, o alelo *Co-1⁴*, presente na cultivar AND 277 (Alzate-Marin et al. 2003), por meio do estudo de sintenia entre o mapa do feijão comum e da soja, foi identificado marcadores associados aos alelos *Co-1⁴* de resistência à *C. lindemuthianum* e *Phg-1* de resistência à *P. griseola*. Os marcadores moleculares ligados a estes genes foram CV541014₄₅₀ e TGA 1.1₅₇₀ em fase de acoplamento a 0,7 e 1,3 cM, respectivamente. Tais marcadores encontram-se posicionados no grupo de ligação Pv01 (Gonçalves-Vidigal et al., 2011).

Na cultivar Widusa (*Co-1⁵*) foi identificado o marcador RAPD OA18₁₅₀₀, ligado a 1,2cM em fase de repulsão (Gonçalves-Vidigal e Kelly, 2006). Mendoza et al. (2001) identificaram três marcadores AFLP associados em fase de repulsão ao gene *Co-1*, presente na linhagem A193. Assim, o gene *Co-1* foi mapeado no grupo de ligação Pv01 utilizando o marcador SE_{ACT}/M_{CCA} na população de mapeamento Jalo EEP 558 × BAT 93, linhagens endogâmicas recombinantes (Freyre et al., 1998; Kelly et al., 2003).

O gene *Co-13*, presente na cultivar Jalo Listras Pretas (Gonçalves-Vidigal et al., 2009) foi mapeado no grupo de ligação Pv03. O marcador RAPD OV20₆₈₀ foi identificado ligado a 1,8 cM do gene *Co-13* (Lacanallo e Gonçalves-Vidigal, 2015). Sousa et al. (2015) identificaram o marcador STS g2685₁₅₀, previamente mapeado no grupo de ligação Pv04, ligado a uma distância de 5,6 cM do gene *Co-15* presente na cultivar Corinthiano.

A identificação de marcadores moleculares ligados a genes de resistência é de relevada importância para a construção de mapa genético e, conseqüentemente, de forma mais rápida os dados serão utilizados nos programas de melhoramento, que podem ser otimizados, tanto na eficiência do programa, quanto na velocidade de obtenção de novas cultivares de feijão comum (Bhering e Cruz, 2008).

CULTIVAR DE FEIJÃO COMUM JALO PINTADO 2

A cultivar Jalo Pintado 2 possui formato cilíndrico e coloração bege com listras vinho (Quadro 2). É classificada como pertencente ao grupo gênico andino, possuindo hábito de crescimento tipo I, com sementes grandes (<40g 100 sementes). Com base nessas

características, a referida cultivar enquadra-se como pertencente ao conjunto de raças de Nova Granada (Singh et al., 1991). Estes genótipos podem ser encontrados na Cordilheira dos Andes, Norte da Colômbia, Equador, Peru, Argentina, Brasil, Panamá, entre outros (Lioi et al., 1990).

Quadro 2 - Características da cultivar Andina de feijão comum Jalo Pintado 2.

Características	Cultivar Jalo Pintado 2
Cor de flor	Pink
Cor da semente	Bege com listras vinho
Brilho da semente	Opaco
Cor de vagem	Verde com estrias vermelhas
Cor de caule	Verde
Hábito de crescimento	Determinado Arbustivo Tipo I
Época de florescimento	30 a 35 dias
Resistência genética à raças andinas	2 e 7
Resistência genética à raças mesoamericanas	9,31,65, 73, 95 e 453

Em estudos realizados por Vidigal Filho (2007), a cultivar Jalo Pintado 2, destacou-se entre os genótipos andinos mais resistentes, apresentando índice de resistência de 50% às raças estudadas. Esta cultivar apresentou resistência a seis raças de *C. lindemuthianum* de 12 raças testadas: 9, 31, 65, 73, 95 e 453. Em estudos posteriores realizados no Laboratório de Melhoramento do Feijão Comum e de Biologia Molecular do Núcleo de Pesquisa Aplicada à Agricultura (NUPAGRI), a referida cultivar também demonstrou resistência às raças 2, 7 e 2047 de *C. lindemuthianum*. Sendo, as raças 2 e 7 de origem andina, e as demais de origem Mesoamericana. Frias et al. (2014) identificaram nesta cultivar, por meio de testes de herança e alelismo, um novo gene de resistência à antracnose ainda não nomeado.

CONCLUSÕES

Diante do exposto, evidencia-se que a cultivar Jalo Pintado 2 apresenta um espectro de resistência diferenciado, tanto para raças andinas quanto mesoamericanas. Isto demonstra a importância de estudos genéticos e moleculares dessa cultivar para posterior inclusão da mesma em programas de melhoramento de feijão que visem resistência à antracnose.

Os resultados obtidos permitiram as seguintes conclusões: a segregação obtida nas famílias F_{2,3} do cruzamento entre Jalo Pintado 2 × PI 207262, inoculadas com a raça 453 de *C. lindemuthianum*, ajustou-se à razão de 1RR:2RS:1S, indicando que a resistência em Jalo Pintado 2 é condicionada por um gene dominante. As análises moleculares revelaram que o

gene presente em Jalo Pintado 2 está localizado no grupo de ligação Pv04 a uma distância a 7 cM dos marcadores BARCPVSSR04574 e BARCPVSSR04577 e a uma distância de 5,3 cM do marcador BARCPVSSR04619. Esforços futuros devem ser pautados em refinar a região genômica contendo o gene de resistência na cultivar Jalo Pintado 2.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALZATE-MARIN, A.L.; BAIA, G.S.; PAULA JÚNIOR, T.J.; CARVALHO, G.A.; BARROS, E.G.; MOREIRA, M.A. Inheritance of anthracnose resistance in common bean differential cultivar AB 136. **Plant Disease**, Saint Paul, v.81, n.9, p.996-998, 1997.

ALZATE-MARIN, A.L.; COSTA, M.R.; SARTORATO, A.; RAVA, C.; BARROS, E.G.; MOREIRA, M.A. Use of markers as a tool to investigate the presence of disease resistance genes in common bean cultivars. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v.1, n.2, p.25-133, 2001a.

ALZATE-MARIN, A.L.; MENARIM, H.; BAÍA, G.S.; PAULA JÚNIOR, T.J.; de SOUZA, K.A.; COSTA, M.R.; BARROS, E.G.; MOREIRA, M.A. Inheritance of a anthracnose resistance in the common bean differential cultivar G 2333 and identification of a new molecular marker linked to the *Co-4²* gene. **Journal of Phytopathology**, Nova Jersey, n.149, v.9, p.259-264, 2001b.

ALZATE-MARIN, A. L.; ARRUDA, K. M.; BARROS, E. G.; MOREIRA, M.A. Allelism studies for anthracnose resistance genes of common bean cultivar AND 277. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, Fort Collins, v.46, p.173-174, 2003a.

ALZATE-MARIN, A.L.; COSTA, M.R.; ARRUDA, K.M.; BARROS, E.G.; MOREIRA, M.A. Characterization of the anthracnose resistance gene present in Ouro Negro (Honduras 35) common bean cultivar. **Euphytica**, Netherlands, v.133, n.2, p.165-169, 2003b.

ALZATE-MARIN, A.L., CERVIGNI, G.D.L., MOREIRA, M.A. & BARROS, E.G. Seleção assistida por marcadores moleculares visando ao desenvolvimento de plantas resistentes a doenças, com ênfase em feijoeiro e soja. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v.30, n.4, p.333-342. 2005.

ALZATE-MARIN, A.L., SOUZA, K.A.; SILVA, M.G.; OLIVEIRA, E.J.; MOREIRA, M.A.; BARROS, E.G. Genetic characterization of anthracnose resistance genes *Co-4³* and *Co-9* in common bean cultivar tlnepantla 64 (PI 207262). **Euphytica**, Netherlands, n.154, p.1-8, 2007.

AUGUSTIN, E.; COSTA, J.G.C. Fontes de resistência a duas raças fisiológicas de *Colletotrichum lindemuthianum* no melhoramento do feijoeiro no Sul do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.6, n.1, p.265-272, 1971.

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

BANNEROT, H. Résultats de l'infection d'une collection de haricots par six races physiologiques d'antracnose. **Annual de Amélioré des Plantes**, v.15, p.201-222, 1965.

BASSINELLO, P.Z. Árvore do conhecimento do feijão. **Grãos**. Disponível em: http://www.agencia.cnptia.embrapa.br/gestor/feijao/arvore/CONTAG01_2_28102004161635.html. Acesso em: 02, dezembro, 2015.

BECERRA, V.; PAREDES, M.; ROJO, C.; DÍAZ, L.M.; BLAIR, M.W. Microsatellite marker characterization of Chilean common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) germplasm. **Crop Science**, Madison, v.50, p.1932-1941, 2010.

BHERING, L.L.; CRUZ, C.D. Tamanho de população ideal para mapeamento genético em famílias de irmãos completos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.43, n.3, p.379-385, 2008.

BIANCHINI, A. Manual de fitopatologia: doenças das plantas cultivadas. São Paulo: Agronômica Ceres, 2005. 349p.

BORÉM A, CARNEIRO J.E.S. A Cultura. In: VIEIRA, C.; PAULA JÚNIOR, T.J.; BORÉM, A. (Eds.). **Feijão: Aspectos gerais e cultura no Estado de Minas**. UFV: Viçosa, 1998. 596p.

BRONDANI, C.; RANGEL, P.H.N.; BRONDANI, R.P.V.; FERREIRA, M.E. QTL mapping and introgression of yield-related traits from *Oryza glumaepatula* to cultivated rice (*Oryza sativa*) using microsatellite markers. **Theoretical and Applied Genetics**, v.104, p.1192-1203, 2002.

BRIOSI, G.; CAVARA, F.I. *Colletotrichum lindemuthianum*. **I Fungi Parassiti della Pianta Coltivate od utili essiccati, delineati e descritti**, Pavia, v.2, n.50, p.26-50, 1889.

BROUGHTON, W.J., HERNANDEZ, G.; BLAIR, M.; BEEBE, S.; GEPTS, P.; VANDERLEYDEN, J. Beans (*Phaseolus vulgaris* L. spp.) - model food legumes. **Plant Soil**, v.252, p.55-128, 2003.

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

CAMPA, A.; GIRALDEZ, R.; FERREIRA, J.J. Genetic Analysis of the Resistance to Eight Anthracnose Races in the Common Bean Differential Cultivar Kaboon. **Phytopathology**, v.101, n.6, p.757-764, 2011.

CARBONELL, S.A. M.; ITO, M.F.; POMPEU, A.S.; FRANCISCO, F.G.; RAVAGNANI, S.; ALMEIDA, A.L.L. Raças fisiológicas de *Colletotrichum lindemuthianum* e reação de cultivares e linhagens de feijoeiro no Estado de São Paulo. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v.24, n.1, p.60-65, 1999.

CARNEIRO, P.T.; PARRÉ, J.P. Importância do setor varejista na comercialização de feijão no Paraná. **Revista de Economia e Agronegócio**, Viçosa, v.3, n.2, p.277-298, 2005.

CARNEIRO, M.S.; VIEIRA, M.L.C. Mapas genéticos em plantas. **Bragantia**, Campinas, v.61, n.2, p.89-100, 2002.

CARNEIRO, N.P.; GUIMARÃES, C.T.; MAGALHÃES, J.V. Tipos de marcadores e genômica de plantas. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v.20, p.119-132, 2004.

CHAVES, G. La Antracnosis. In: SCHWARTZ, H.F.; GALVEZ, G.E. (Eds.). **Problemas de producción del frijol: enfermedades, insectos, limitaciones edáficas y climáticas de *Phaseolus vulgaris***. Cali: CIAT, 1980. p.37-53.

COELHO, R.T.; GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; VIDIGAL FILHO, P.S.; LACANALLO, G.F.; DARBEN, L.M.; SILVA, C.R.; SOUSA L.L.; CRUZ, A.S. Characterization of the Anthracnose resistance gene in the Mesoamerican common bean cultivar Crioulo 159. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, Fort Collins, v.56, p.43-44, 2013.

CONAB. **Companhia Nacional de Abastecimento**. 8º Levantamento da safra brasileira de grãos 2017/2018. Disponível em: <https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos>. Acesso em: 02 dez. 2015.

CONAB. **Companhia Nacional de Abastecimento**. Perspectivas para a agropecuária, Volume 5 – Safra 2017/2018, Produtos de Verão. Brasília, p. 1-111, 2017. Disponível em: https://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/17_09_06_09_30_08_perspectivas_da_agropecuaria_bx.pdf. Acesso em: 02 dez. 2015.

CORRÊA, R.X.; COSTA, M.R.; GOOD-GOD, P.I.; REGAGNIN, V.A.; FALEIRO, F.G.; MOREIRA, M.A.; BARROS, E.G. Sequence characterization amplified regions linked to rust resistance genes in the common bean. **Crop Science**, Madison, v.40, p.804-807, 2000.

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

DAMASCENO e SILVA, K.J.; SOUZA, E.A.; ISHIKAWA, F.H. Characterization of *Colletotrichum lindemuthianum* isolates from the State of Minas Gerais, Brazil. **Journal of Phytopathology**, Nova Jersey, v.155, n.4, 241-247, 2007.

DAVID, P.; SÉVIGNAC, M.; THAREAU, V.; CATILLON, Y.; KAMI, J.; GEPTS, P.; LANGIN, T.; GEFFROY, V.; BAC end sequences corresponding to the B4 resistance gene cluster in common bean: a resource for markers and synteny analyses. **Molecular Genetics Genomics**, v.280, n.6, p.521-533, 2008.

DAVID, P.; CHEN, N.W.G.; PEDROSA-HARAND, A.; THAREAU, V.; SEVIGNAC, M.; CANNON, S.B.; DEBOUCK, D.; LANGIN, T.; GEFFROY, V. A nomadic subtelomeric disease resistance gene cluster in common bean. **Plant Physiology**, v.151, n.3, p.1048-1065, 2009.

DEAN, R.; KAN, J. A. L. V.; PRETORIUS, Z. A.; HAMMOND-KOSACK, K. E.; DI PIETRO, A.; SPANU, P. D.; RUDD, J. J.; DICKMAN, M.; KAHMANN, R.; ELLIS, J.; FOSTER, G. D. The Top 10 fungal pathogens in molecular plant pathology. **Molecular Plant Pathology**, v.13, n.4, p.414-430, 2012.

DEBOUCK, D.G. *Phaseolus* germplasm exploration. In: GEPTS, P. (Ed.). **Genetics Resources of Phaseolus Beans**. Dordrecht: Kluwer, 1988. p.3-30.

DEBOUCK, D.G. Common Beans: Research for Crop Improvement. In: WALLINGFORD, U.K.; DELGADO, S.; BONET, A.A.; GEPTS, P. (Eds.). **Genetics resources of Phaseolus beans**. Dordrecht: Kluwer, 1988. p.163-184.

DEBOUCK, D.G. Systematics and morphology. In: SCHOONHOVEN, A.V.; VOYSEST, O. (Eds.). **Common beans: research for crop improvement**. Cali: CIAT, 1991. p.55-118.

EVANS, A.M. Beans (*Phaseolus spp.* Leguminosae-Papilionatae). In: SIMMONDS, N.W. (Ed.). **Evolution of crop plants**. London: Longman, 1976. p.168-172.

FAO. **Faostat database gateway**. Disponível em: <http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC>. Acesso em: 29, maio, 2018.

FERREIRA, J.J.; CAMPA, A.; KELLY, J.D. Organization of genes conferring resistance to anthracnose in common bean. In: TUBEROSA, R.; VARSHNEY, R. (Eds.). **Genomics applications in plant breeding**. Wiley: Blackwell Pubs, 2013. p.151-182.

FREYRE, R.; SKROCH, P.W.; GEFFROY, V.; ADAM-BLONDON, A.F.; SHIRMOHAMADALI, A.; JOHNSON, W.C.; LLACA, V.; NODARI, R.O.; PEREIRA, P.A.; TSAI, S.M.; TOHME, J.; DRON, M.; NIENHUIS, J.; VALLEJOS, C.E.; GEPTS, P. Towards an integrated linkage map of common bean. 4. Development of a core linkage map and alignment of RFLP maps. **Theoretical and Applied Genetics**, California, v.97, p.847-856, 1998.

FRIAS, A.A.T.; CASTRO, S.A.L.; NANAMI, D.S.Y.; LACANALLO, G.F.; SOUZA, M.C.M.; GALVÁN, M.Z.; GONÇALVES-VIDIGAL, M.C. Genetic analysis of anthracnose resistance in Jalo Pintado 2 dry bean cultivar. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, Fort Collins, v.57, p.167-168, 2014.

FOUILLOUX, G. Bean anthracnose. New genes of resistance. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, Fort Collins, v.19, p.36-37, 1976.

FOUILLOUX, G. New races of bean anthracnose and consequences on our breeding programs. In: MARAITE, H.; MEYER, J. A. (Eds.), **Diseases of Tropical Food Crops**, Louvain la Neuve: Belgium, 1979. p.221-235.

GALEANO, C.H.; FERNÁNDEZ, A.C.; GÓMEZ, M.; BLAIR, M.W. Single strand conformation polymorphism based SNP and indel markers for genetic mapping and synteny analysis of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **BMC Genomics**, London, v.10, p.629-642, 2009.

GEIL, P.B.; ANDERSON, J.W. Nutrition and health implications of dry beans a review. **Journal of the American College of Nutrition**, Flórida, v.13, p.549-558, 1994.

GEFFROY, V. **Dissection génétique de la résistance à *Colletotrichum lindemuthianum*, agente de l' anthracnose, chez deux génotypes représentatifs des pools géniques de *Phaseolus vulgaris***. Paris-Grignon: Institut National Agronomique Paris Grignon, 1997. 263p. Tese (Doutorado) - Institut National Agronomique Paris Grignon, France, 1997.

GEFFROY, V.; DELPHINE, S.; OLIVEIRA, J.C.F.; SÉVIGNAC, M.; COHEN, S.; GEPTS, P.; NEEMA, C.; LANGIN, T.; DRON, M. Identification of an ancestral resistance gene cluster involved in the coevolution process between *Phaseolus vulgaris* and its fungal pathogen *Colletotrichum lindemuthianum*. **Molecular Plant-Microbe Interactions**, v.12, n.9, p.774-784, 1999.

GEFFROY, V.; SÉVIGNAC, M.; BILLANT, P.; DRON, M.; LANGIN, T. Resistance to *Colletotrichum lindemuthianum* in *Phaseolus vulgaris*: a case study for mapping two independent genes. **Theoretical and Applied Genetics**, California, v.116, p.407-415, 2008.

GEFFROY, V.; MACADRE, C.; DAVID, P.; PEDROSA-HARAND, A.; SEVIGNAC, M.; DAUGA, C.; LANGIN, T. Molecular analysis of a large subtelomeric nucleotide-binding-site-leucine-rich-repeat family in two representative genotypes of the major gene pools of *Phaseolus vulgaris*. **Genetics**, v.181, p.405-419, 2009.

GEPTS, P. Phaseolin as an evolutionary marker. In: GEPTS, P. (Ed.) **Genetic resources of Phaseolus beans**, 1988. p.215-241.

GEPTS P.; BLISS, F.A. Phaseolin variability among wild and cultivated common beans (*Phaseolus vulgaris*) from Colombia. **Economic Botany**, New York, v.40, n.4, p.469-478, 1986.

GEPTS, P.; OSBORN, T.C.; RASHKA, K.; BLISS, F.A. Phaseolin-protein variability in wild forms and landraces of the common beans (*Phaseolus vulgaris*): evidence for multiple centers of domestication. **Economic Botany**, v.40, n.4, p.451-468, 1986.

GEPTS, P.; ARAGÃO, F.J.L.; BARROS, E.; BLAIR, M.W.; BRONDANI, R.; BROUGHTON, W.; GALASSO, I.; HERNÁNDEZ, G.; KAMI, J.; LARIGUET, P.; MCCLEAN, P.; MELOTTO, M.; MIKLAS, P.; PAULS, P.; PEDROSA-HARAND, A.; PORCH, T.; SÁNCHEZ, F.; SPARVOLI, F.; YU, K. Genomics of Phaseolus beans, a major source of dietary protein and micronutrients in the tropics. **Genomics of Tropical Crop Plants**, v.1, p.113-142, 2008.

GIANASI, L. Relação entre doença, área foliar sadia e produção no patossistema feijoeiro - *Colletotrichum lindemuthianum* (Sacc. & Magn.) Scrib. **Ciência Agrotécnica**, Lavras, v.26, p.99-107, 2002.

GILLARD, C.L.; RANATUNGA, N.K.; CONNER, R.L. Incidence du moment de l'application d'un fongicide foliaire sur la lutte contre l'anthracnose du haricot. **Canadian Journal of Plant Science**, Canadá, v.92, p.109-118, 2012.

GONÇALVES-VIDIGAL, M.C. **Herança da resistência às raças alfa, delta e capa de *Colletotrichum lindemuthianum* (Sacc. et Magn.) Scrib. no feijoeiro (*Phaseolus vulgaris***

L.). 1994. 52p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 1994.

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

GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; SILA, C.R.; VIDIGAL FILHO, P.S.; GONELA, A.; KVITSCHAL, M.V. Allelic relationships of anthracnose (*Colletotrichum lindemuthianum*) resistance in the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) cultivar Michelite and the proposal of a new anthracnose resistance gene, *Co-11*. **Genetics and Molecular Biology**, v.30, p.589-593, 2007.

GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; LACANALLO, G.F.; VIDIGAL FILHO; P.S. A new gene conferring resistance to anthracnose in Andean common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) cultivar Jalo Vermelho. **Plant Breeding**, v.127, p.592-596, 2008.

GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; VIDIGAL FILHO, P.S.; MEDEIROS A.F.; PASTOR-CORRALES, M.A. Common bean landrace Jalo Listras Pretas is the source of a new andean anthracnose resistance gene. **Crop Science**, Madison, v.49, p.133-138, 2009.

GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; CRUZ, A.S.; GARCIA, A.; KAMI, J.; VIDIGAL FILHO, P.S.; SOUSA, L.L.; MC CLEAN, P.; GEPTS, P.; PASTOR-CORRALES M.A. Linkage mapping of the *Phg-1* and *Co-1⁴* genes for resistance to angular leaf spot and anthracnose in the common bean cultivar AND 277. **Theoretical and Applied Genetics**, California, v.122, p.893-903, 2011.

GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; MEIRELLES, A.C.; POLETINE, J.P.; SOUSA, L.L.; CRUZ, A.; NUNES, M.P.; LACANALLO, G.F.; VIDIGAL FILHO, P.S. Genetic analysis of anthracnose resistance in Pitanga dry bean cultivar. **Plant Breeding**, v.131, p.423-429, 2012.

GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; CRUZ, A.S.; LACANALLO, G.F.; VIDIGAL FILHO, P.S.; SOUSA, L.L.; PACHECO, C.M.; MCCLEAN, P.; GEPTS, P.; PASTOR-CORRALES, M.A. Co-segregation analysis and mapping of the anthracnose *Co-10* and angular leaf spot *Phg-ON* disease-resistance genes in the common bean cultivar Ouro Negro. **Theoretical and Applied Genetics**, California, v.126, p.2245-2255, 2013.

GRAHAM, P. H.; RANALLI, P. Common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) **Field Crops Research**, v.53, p.131-146, 1997.

GUIMARÃES, C.T.; SCHUSTER, I.; MAGALHÃES, J.V.; SOUZA JÚNIOR, C.L. Marcadores moleculares no melhoramento de Plantas. In: BORÉM, A.; CAIXETA, E.T. (Eds.). **Marcadores moleculares**. MG: UFV, 2006. p.107-144.

HALEY, S.D.; MIKLAS, P.N.; AFANADOR, L.; KELLY, J.D. Random amplified polymorphic DNA (RAPD) marker variability between and within gene pools of common bean. **Journal of American Society for Horticultural Science**, v.119, p.122-125, 1994.

HELENTJARIS, T. M.; SLOCUM, S.; WRIGHT, A.; SCHAEFER, A. NIENHUIS, J. Construction of genetic linkage maps in maize and tomato using restriction fragment length polymorphisms. **Theor Appl Genet**, v.72, p.761-769, 1986.

JAUER, A.; DUTRA, L.M.C.D.; ZABOT, L.; UNRY, D.; LUDWIG, M.P.; FARIAS, J.R.; GARCIA, D.C.; LÚCIO, A.D.; FILHO, O.A.L.; PORTO, M.D. Efeitos da população de plantas e de tratamento fitossanitário no rendimento de grãos do feijoeiro comum, Cultivar “TPS Nobre. **Ciência Rural**, v.36, p.1374-1379, 2006.

KELLY, J.D.; VALLEJO, V.A. A comprehensive review of the major genes conditioning resistance to anthracnose in common bean. **HortScience**, v.39, p.1196-1207, 2004.

KELLY, J.D.; YOUNG, R.A. Proposed symbols for anthracnose resistance genes. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, Fort Collins, v.39, p.20-24, 1996.

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

KIMATI, H. Doenças do feijoeiro – *Phaseolus vulgaris*. In: GALLI, F. (Ed.). **Manual de Fitopatologia: Doenças de Plantas Cultivadas**. São Paulo: Agronômica Ceres, 1980. p.297-318.

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

KIMATI, H.; AMORIM, L.; BERGAMIN FILHO, A.; CAMARGO, L.E.A.; REZENDE, J.A.M. **Manual de fitopatologia - Doenças de plantas cultivadas**. 3ª edição. São Paulo: Ceres, 1997. 774p.

KONIECZNY, A.; AUSUBEL, F.M. A procedure for mapping Arabidopsis mutations using co-dominant ecotype-specific markers. **Plant Journal**, v.4, p.403-410, 1993.

KWOK, P-Y, DENG, Q, ZAKERI, H, NICKERSON. Increasing the information content of STS-based genome maps: Identifying polymorphisms in mapped STSs. **Genomics**, v.31, p.123-126, 1996.

LACANALLO, G.F.; GONÇALVES-VIDIGAL, M.C. Mapping of an andean gene for anthracnose resistance (*Co-13*) in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) Jalo Listras Pretas landrace. **Australian Journal of Crop Science**, v.9, p.394-400, 2015.

LAJOLO, F.M.; GENOVESES, M.I.; MENEZES, E.W. **Cultura do Feijoeiro comum no Brasil**. Piracicaba: Potafos, 1996. 786p.

LANZA, M.A.; GUIMARÃES, C.T.; SCHUSTER, I. Aplicação de marcadores moleculares no melhoramento genético. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v.21, p.97-108, 2000.

LIOI, L.; ESQUIVEL, M.; CASTIFIEIRAS, L.; HAMMER, K. Phaseolin variation among common bean landraces from Cuba. **Biologisches Zentralblatt**, v.109, p.231-233, 1990.

MAHUKU, G.S.; JARA, C.E.; CAJIAO, C.; BEEBE, S. Sources of resistance to *C. lindemuthianum* in the secondary gene pool of *Phaseolus vulgaris* and in crosses of primary and secondary gene pools. **Plant Disease**, Saint Paul, v.86, p.1383-1387, 2002.

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

McDONALD, B.A.; LINDE, C. The population genetics of plant pathogens and breeding strategies for durable resistance. **Euphytica**, Netherlands, v.124, p.163-180, 2002.

McROSTIE, G.P. Inheritance of anthracnose resistance as indicated by a cross between a resistant and a susceptible bean. **Phytopathology**, v.9, p.141-148, 1919.

MELOTTO, M.; KELLY, J.D. An allelic series at the *Co-1* locus for anthracnose uncommon bean of andean origin. **Euphytica**, Netherlands, v.116, p.143-149, 2000.

MENDES-COSTA, M.C.; SOUZA, E.A. Genética de *Glomerella cingulata* (Stonem) Spauld & Schrenk f. sp. phaseoli: Caracterização genotípica. In: 51º CONGRESSO NACIONAL DE GENÉTICA, 2005, Águas de Lindóia: **Sociedade Brasileira de Genética**, CD-ROOM, 2005.

MÉNDEZ-VIGO, B.; RODRÍGUEZ-SUÁREZ, C.; PAÑEDA, A.; FERREIRA, J.J.; GIRALDEZ, R. Molecular markers and allelic relationships of anthracnose resistance gene cluster B4 in common bean. **Euphytica**, Netherlands, v.141, p.237-245, 2005.

MENDOZA, A.; HERNANDEZ, F.; HERNANDEZ, S.; RUIZ, M.; MORA, G.; ACOSTA, J.; SIMPSON, J.; Identification of Co-1 anthracnose resistance and linked molecular markers in common bean line A193. **Plant Dis**, v.85, p.252-255, 2001.

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

MIRANDA, L.A.; DESTRO, D. **Qualidade química dos alimentos**. Londrina: UEL, 1999. 820p.

NUNES, M.P., GONÇALVES-VIDIGAL, M.C., LACANALLO, G.F., COIMBRA, G.K. Comprehension of Genetic Variability and Virulence of *Colletotrichum lindemuthianum* in Common Bean. **Biennial meeting of the bean improvement cooperative**, p.13, 2013.

O'CONNELL, R. J. et al. Lifestyle transitions in plant pathogenic *Colletotrichum* fungi deciphered by genome and transcriptome analyses. **Nature Genetics**, v.44, p.1060-1067, 2012.

OLIVEIRA, C.B.O.; CAIXETA, E.T.; MACIEL-ZAMBOLIM, E.; ZAMBOLIM, L.; SAKIYAMA, N.S. **Aplicação técnica de marcadores moleculares no melhoramento de plantas**. Campinas: Instituto Agrônomo, 2007. 17p.

OLSON. M., L. HOOD, C. CANTOR, and D. Botstein. A common language for physical mapping of the human genome. **Science**, v.29, p.1434-1435, 1989.

PARAN, I.; MICHELMORE, R.W. Development of reliable PCR-based markers linkage to downy mildew resistance genes in lettuce. **Theoretical and Applied Genetics**, California, v.85, p.985-993, 1993.

PASTOR-CORRALES, M.A. Variación patogênica de *Colletotrichum lindemuthianum*, el agente causal de la antracnosis del frijol y una propuesta para su estandarización. In: PASTOR-CORRALES, M.A. (Ed.). **La antracnosis Del frijól común, *Phaseolus vulgaris*, em América Latina**, Cali: Centro Internacional de Agricultura Tropical. 1988, p.212-239.

PASTOR-CORRALES, M.A. Estandarización de cultivares diferenciales y de designación de razas de *Colletotrichum lindemuthianum*. **Phytopathology**, v.81, p.694-699, 1991.

PASTOR-CORRALES, M.A.; TU, J.C. Anthracnose. In: Schwartz HF, Pastor-Corrales MA (Eds.). **Bean production problems in the tropics**. Cali: CIAT, 1989. p.77-104.

PASTOR-CORRALES, M.A. Resistance to *Colletotrichum lindemuthianum* isolates from Middle America and Andean South America in different common bean races. **Plant Disease**, Saint Paul, v.7, p.63-67, 1995.

PASTOR-CORRALES, M.A.; TU, J.C. Anthracnosis. In: PASTOR-CORRALES, M.A.; SCHWARTZ, H.F. (Eds.). **Problemas de producción del frijol em los trópicos**. Cali: CIAT, 1994. p.87-119.

PAULA JÚNIOR, T.J.; ZAMBOLIM, L. Doenças. In: VIEIRA, C.; PAULA JUNIOR, T.J.; BOREM, A (Eds.). **Feijão: Aspectos ferais e cultura no estado de Minas Gerais**. Viçosa: UFV, 2006. p.359-414.

RAFALSKI, A. Applications of single nucleotide polymorphism in crop genetics. **Curr Opin Plant Biol**, v.5, p.94-100, 2002.

RAVA, C.A.; SARTORATO, A. Antracnose. In: SARTORATO A.; RAVA C.A. (Eds.). **Principais doenças do feijoeiro comum e seu controle**. Brasília: EMBRAPA, 1994. 300p. (Documentos, 50).

RAVA, C.; PURCHIO, A.; SARTORATO, A. Caracterização de patótipos de *Colletotrichum lindemuthianum* que ocorrem em algumas regiões produtoras de feijoeiro comum. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v.19, p.167-172, 1994.

REY, M.S.; BALARDIN, R.S.; PIEROBOM, C.R. Reação de cultivares de feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris*) a patótipos de *Colletotrichum lindemuthianum*. **Revista Brasileira Agrociência**, v.11, p.113-116, 2005.

RIESEBERG L.H.; BAIRD S.J.E.; GARDNER K.A. Hybridization, introgression and linkage evolution. **Plant Molecular Biology**, v.42, p.205-24, 2000.

ROCA, M.G.; DAVIDE, L.C.; MENDEZ-COSTA, M.C.; WHWALS, A. Conidial anastomosis tubes in *Colletotrichum*. **Fungal Genetics and Biology**, v.40, p.138-145, 2003.

RODRÍGUEZ-SUÁREZ, C.; FERREIRA, J.J.; CAMPA, A.; PAÑEDA, A.; GIRALDEZ, R. Molecular mapping and intra-cluster recombination between anthracnose race-specific resistance genes in the common bean differential cultivars Mexico 222 and Widusa. **Theoretical and Applied Genetics**, California, v.116, p.807-814, 2008.

SALVADOR, C.A. **Análise da conjuntura agropecuária 2010/11**. Disponível em: http://www.agricultura.pr.gov.br/arquivos/File/deral/Prognosticos/feijao_2010_11.pdf. Acesso em: 03 de dezembro de 2015.

SARTORATO, A.; RAVA, C.A. MANCHA ANGULAR. In: SARTORATO, A.; RAVA, C.A. (Eds.) **Principais Doenças do Feijoeiro Comum e seu Controle**. Brasília: EMBRAPA-SPI, 1994. p.41-68.

SCHWARTZ, H.F.; PASTOR-CORRALES, M.A.; SINGH, S.P. New sources of resistance to anthracnose and angular leaf spot of beans (*Phaseolus vulgaris* L.). **Euphytica**, Netherlands, v.31, p.741-754, 1982.

SATHE, S.K. Dry bean protein functionality (Review). **Critical Reviews in Biotechnology**, v.22, n.2, p.175-223, 2002.

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

SOLLER, M.; BECKMANN, J.S. Genetic polymorphism in varietal identification and genetic improvement. **Theoretical and Applied Genetics**, California, v.67, p.25-33, 1983.

SOUSA, L.L.; CRUZ, A.S.; VIDIGAL FILHO, P.S.; VALLEJO, V.A.; KELLY, J.D.; GONÇALVES-VIDIGAL, M.C. Genetic mapping of the resistance allele *Co-5²* to *Colletotrichum lindemuthianum* in the common bean MSU 7-1 line. **Australian Journal of Crop Science**, v.8, p.317-323, 2014.

SOUSA, L.L. ; GONÇALVES, A.M.O. ; GONÇALVES-VIDIGAL, M.C. ; LACANALLO, G.F.; AWALE, H.; FERNANDEZ, A.C.; KELLY, J.D. Genetic Characterization and Mapping of Anthracnose Resistance of Corinthiano Common Bean Landrace Cultivar. **Crop Science**, Madison, v.55, p.1900-1910, 2015.

SUTTON, B.C. The Genus *Glomerella* and its anamorph *Colletotrichum*. In: BAILEY, J.A.; JEGER, M.J. (Eds.). **Colletotrichum-biology, pathology and control**. Wallingford: C.A.B. International, 1992. p.1-16.

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

THAN, P.P.; PRIHASTUTI, H.; PHOULIVONG, S.; TAYLOR, P. W. J. Chilli Anthracnose disease caused by *Colletotrichum* species. **Journal of Zhejiang**, v.9, p.764-778, 2008.

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

VALLEJO, V.; KELLY, J.D. New insights into the anthracnose resistance of common bean landrace G 2333. **The Open Horticulture Journal**, v.2, p.29-33, 2009.

VIDIGAL FILHO, P.S.; GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; KELLY, J.D.; KIRK, W.W. Sources of resistance to anthracnose in traditional common bean cultivars from Paraná, Brazil. **Journal of Phytopathology**, Nova Jersey, v.155, p.108-113, 2007.

VIEIRA, C. **O feijoeiro comum: cultura, doenças e melhoramento**. Viçosa: Imprensa Universitária, 1967. 220p.

VIEIRA, C. **Doenças e pragas do feijoeiro**. Viçosa: Imprensa Universitária, 1988. 231p.

VIEIRA, R.F. Influência de teores de P no solo sobre a composição química, qualidade fisiológica e desempenho no campo de sementes de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.). **Revista Ceres**, Viçosa, v.33, n.186, p.173-188, 1986.

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

VIEIRA, C.; BORÉM, A.; RAMALHO, M.A.P. Melhoramento do feijão. In: BORÉM, A. (Eds.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: UFV, 1999. p.273-349.

WALKER, J.C. Diseases of bean and lima bean. In: WALKER, J.C. (Eds.) **Diseases vegetable crops**. New York: Macgraw-Hill, 1952. p.10-56.

WANG, D.G.; FAN, J.B.; SIAO, C.J; BERNO, A.; YOUNG, P.; SAPOLSKY, R.; GHANDOUR, G.; PERKINS, N.; WINCHESTER, E.; SPENCER, J.; KRUGLYAK, L.; STEIN, L.; HSIE, L.; TOPALOGLOU,T.; HUBBELL, E.; ROBINSON, E.; MITTMANN, M.; MORRIS, M.S.; SHEN, N.; KILBURN, D.;RIOUX, J.; NUSBAUM, C.; ROZEN, S.; HUDSON, T.J.; LIPSHUTZ, R.; CHEE, M.; ERIC S.LANDER, E.S. Large-scale identification, mapping, and genotyping of single-nucleotide polymorphisms in the human genome. **Science**, v.280, p.1077-82. 1998.

WELSH, J.; MC CLELLAND, M. Fingerprinting genomes using PCR with arbitrary primers. **Nucleic Acid Research**, Oxford, v.18, n.24, p.7213-7218, 1990.

YOKOYAMA, L.P. Cultivo do feijoeiro comum. Importância econômica. CNPAF/EMBRAPA, 2003. Disponível em: <https://www.bdpa.cnptia.embrapa.br/consulta/busca?b=pc&id=214324&biblioteca=vazio&busca=autoria:%22YOKOYAMA,%20L.P.%22&qFacets=autoria:%22YOKOYAMA,%20L.P.%22&sort=&paginacao=t&paginaAtual=1> Acessado em: 20 de julho de 2008.

YOKOYAMA, L.P.; STONE, L.F. Cultura do Feijoeiro no Brasil: características da produção. Santo Antonio de Goiás, 2000. 75p

YOUNG, R.A.; KELLY, J.D. Characterization of the genetic resistance to *Colletotrichum lindemuthianum* in common bean differential cultivars. **Plant Disease**, Saint Paul, v.80, p.650-654, 1996a.

YOUNG, R.A.; KELLY, J.D. RAPD markers flanking the Are gene for anthracnose resistance in common bean. **Journal of American Society for Horticultural Science**, v.121, p.37-41, 1996b.

YOUNG, R.A.; MELOTTO, M.; NODARI, R.O.; KELLY, J.D. Marker-assisted dissection of the oligogenic anthracnose resistance in the common bean cultivar, G 2333. **Theoretical and Applied Genetics**, California, v.96, p.87-94, 1998.

ZAUMEYER, W.J.; THOMAS, H.R. **A monographic study of bean diseases and methods for their control**. Washington: USDA, 1957. 15p.