



## The complexity of anthracnose in beans: relevant aspects of genetic and genomic resistance

## A complexidade da antracnose no feijão: aspectos relevantes da resistência genética e genômica

CABRAL, James Frank Mendes <sup>(1)</sup>; CASSARO, Sabrina <sup>(2)</sup>; CHIMELLO, Antônio Marcos <sup>(3)</sup>; FAVARE, Lilian Guimarães de <sup>(4)</sup>; ARAÚJO, Maria do Socorro Bezerra de <sup>(5)</sup>; NEVES, Leonarda Grillo <sup>(6)</sup>

<sup>(1)</sup> 0009-0004-3955-7671; Universidade Federal de Mato Grosso. Cáceres, Mato Grosso (MT), Brasil. [jamescabrall13@gmail.com](mailto:jamescabrall13@gmail.com)

<sup>(2)</sup> 0000-0001-9440-1750; Universidade do Estado de Mato Grosso. Cáceres, Mato Grosso (MT), Brasil. [sabrina.cassaro@unemat.br](mailto:sabrina.cassaro@unemat.br)

<sup>(3)</sup> 0000-0001-9567-3440; Universidade do Estado de Mato Grosso. Cáceres, Mato Grosso (MT), Brasil. [antoniokimelo@hotmail.com](mailto:antoniokimelo@hotmail.com)

<sup>(4)</sup> 0000-0002-6715-8000; Universidade do Estado de Mato Grosso. Cáceres, Mato Grosso (MT), Brasil. [lilian.favare@unemat.br](mailto:lilian.favare@unemat.br)

<sup>(5)</sup> 0000-0002-5560-6240; Universidade do Estado de Mato Grosso. Cáceres, Mato Grosso (MT), Brasil. [araujo.maria@unemat.br](mailto:araujo.maria@unemat.br)

<sup>(6)</sup> 0000-0002-5863-0449; Universidade do Estado de Mato Grosso. Cáceres, Mato Grosso (MT), Brasil. [leonardaneves@unemat.br](mailto:leonardaneves@unemat.br)

O conteúdo expresso neste artigo é de inteira responsabilidade dos/as seus/as autores/as.

### ABSTRACT

The complexity of anthracnose and the bean population structure present ongoing challenges in genetic research. Anthracnose, a devastating disease affecting common bean, is challenging due to the genetic variability of the pathogen, *Colletotrichum lindemuthianum*. The identification of disease resistance genes is challenging due to the polygenic nature of disease resistance. However, remarkable advances in genetic research are shaping the current landscape. Genomic research and the use of molecular markers have played a key role in the search for resistance to anthracnose. Advanced genomic association techniques and their application in the study of anthracnose resistance are discussed. These advances are accelerating the process of genetic improvement, driving the development of more resistant and productive bean cultivars, and contributing to global food security. This work emphasizes the importance of genetic research in the search for lasting solutions to anthracnose, facilitating the identification of new sources of resistance and an understanding of the complex genetic interactions involved and offering valuable insights for plant breeding and sustainable bean production worldwide.

### RESUMO

A complexidade da antracnose e a estrutura populacional dos feijões apresentam desafios contínuos na pesquisa genética. A antracnose, uma doença devastadora que afeta o feijão comum, é desafiadora devido à variabilidade genética do patógeno, *Colletotrichum lindemuthianum*. A identificação de genes de resistência a doença é desafiadora devido à natureza poligênica dessa característica. No entanto, avanços notáveis na pesquisa genética estão moldando o cenário atual. A pesquisa genômica e o uso de marcadores moleculares, desempenharam um papel fundamental na busca por resistência à antracnose. Técnicas avançadas de associação genômica e sua aplicação no estudo da resistência à antracnose são discutidas. Esses avanços estão acelerando o processo de melhoramento genético, impulsionando o desenvolvimento de cultivares de feijão mais resistentes e produtivas, e contribuindo para a segurança alimentar global. Este trabalho enfatiza a importância da pesquisa genética na busca por soluções duradouras para a antracnose, permitindo a identificação de novas fontes de resistência e uma compreensão das complexas interações genéticas envolvidas, oferecendo insights valiosos para o melhoramento genético de plantas e a produção sustentável de feijões em todo o mundo.

### INFORMAÇÕES DO ARTIGO

#### Histórico do Artigo:

Submetido: 04/10/2023

Aprovado: 18/01/2024

Publicação: 28/03/2024



#### Keywords:

biotechnology,

*Colletotrichum*

*lindemuthianum*, *Phaseolus*

*vulgaris* L.

#### Palavras-Chave:

biotecnologia,

*Colletotrichum*

*lindemuthianum*, *Phaseolus*

*vulgaris* L.

## Introdução

*Phaseolus vulgaris* L., conhecida popularmente como feijão comum, é a principal espécie cultivada no Brasil (Abebe & Alemayehu 2022) e uma das leguminosas de maior importância para o consumo humano no mundo, sendo base da alimentação tradicional (Rawal & Navarro 2019), e representa uma das fontes de proteína mais baratas no Brasil e na maioria dos países em desenvolvimento, localizados em continentes como África, Ásia e América Latina (Rahate et al., 2021).

A antracnose, doença causada pelo fungo *Colletotrichum lindemuthianum*, é uma das principais responsáveis pelas perdas de produtividade nas plantações de feijão, provoca lesões em todas as fases do cultivo (Canale et al., 2020), e se não for controlada, pode levar a perdas de até 100% na produção (Coêlho et al., 2016). Dentre as metodologias, a utilização de cultivares geneticamente resistentes é crucial para controlar a antracnose, no entanto, mesmo com essa abordagem e práticas de gestão, como tratamento de sementes, aplicação de fungicidas, rotação de culturas e uso de sementes certificadas, a cultura é suscetível à doença devido à presença de várias raças de patógenos (Padder et al., 2017).

A variabilidade patogênica torna a maioria das cultivares suscetíveis, tornando o controle da doença desafiador, sendo que mais de 298 raças de *C. lindemuthianum* já foram identificadas em todo o mundo (Sharma et al., 2008; Nunes et al., 2021). O mapeamento de regiões genômicas que conferem a resistência é uma ferramenta biotecnológica crucial, permitindo a antecipação do processo de seleção por meio de marcadores moleculares (Mores et al., 2021), no entanto, para usar eficazmente essa ferramenta, é necessário um conhecimento mais aprofundado do genoma da cultura em questão (Miedaner, 2016).

Este artigo fornece uma revisão de literatura de livros e artigos publicados em periódicos nacionais e internacionais, e apresenta uma visão abrangente dos avanços na pesquisa sobre a antracnose no feijão comum, destacando a importância da identificação de genes de resistência e discute técnicas avançadas de associação genômica. Essas informações são valiosas para pesquisadores e profissionais da área agrícola, fornecendo uma base sólida para futuras pesquisas e desenvolvimento de variedades de feijão mais resistentes.

## Origem e domesticação do feijão comum

O feijão comum é uma das culturas mais antigas do mundo (Gepts, 1998), e no Brasil, seu cultivo possui uma história que remonta a mais de 2000 anos, com evidências de sementes encontradas em cavernas datando desse período (Rocha, 2011), e acredita-se que a transição de sua forma silvestre para a variedade cultivada tenha ocorrido há aproximadamente 10.000 anos (Gepts & Debouck, 1991). Schmutz et al. (2014) apontaram que o feijão comum tem um ancestral comum único, com origem provável na região que hoje corresponde ao México. Os primeiros estudos baseados em isoenzimas (Singh et al., 1991), proteínas de sementes (Gepts

& Bliss, 1986), características morfológicas (Durán et al., 2005) e marcadores de DNA (Blair et al., 2003) comprovam a existência de dois centros de origem geograficamente diferentes: Mesoamericano e Andino.

O centro Mesoamericano inclui genótipos de sementes pequenas com faseolina do tipo “S”; e representa os genótipos oriundos da região Norte do México até a Colômbia (Coelho et al., 2007). O feijão proveniente do centro Andino, possui, em sua maior parte, hábito de crescimento indeterminado, com sementes grandes arredondadas e ampla gama de cores, tendo predominantemente proteínas faseolinas do tipo “T”, podendo ser encontrados também dos tipos “A”, “C” e “H” (Schmutz et al., 2014). No entanto, Bitocchi et al. (2013) demonstram que na região do norte do Peru e Equador, existem cultivares relíquias que possuem a proteína Phaseolina do tipo "I", a qual não foi encontrada em nenhum dos outros centros de origem.

Esses eventos de domesticação foram seguidos por adaptações locais, resultando no desenvolvimento de raças locais com características distintas (Mamidi et al., 2011). O processo de domesticação desencadeou mudanças morfológicas significativas, incluindo o aumento do tamanho das sementes e das folhas, alterações nos hábitos de crescimento e respostas ao fotoperíodo, bem como variações na cor do tegumento e padrões que distinguem diferentes classes adaptadas culturalmente (Schmutz et al., 2014). Segundo Ron et al. (2015), o feijão se espalhou por várias regiões do mundo e foi domesticado de acordo com as demandas do mercado local.

### **Aspectos gerais da cultura do feijão comum**

O feijoeiro é uma planta de ciclo anual, autógama com taxa de fecundação cruzada em torno de 5%, que permite a formação de novas cores, formas, constituintes químicos e combinações gênicas (Burle et al., 2010). Apresenta um número diploide de cromossomos de  $2n = 2x = 22$  (Singh et al., 1991) e possui genoma relativamente pequeno, com um tamanho de aproximadamente 587 Mbp (Schmutz et al., 2014).

O feijão pertence à Família Fabaceae e gênero *Phaseolus* L. considerado monofilético (Freytag & Debouck et al., 2003; Delgado-Salinas et al. 2006), e abrange aproximadamente 92 espécies que são amplamente distribuídas no mundo, porém, cinco têm particular relevância econômica: *P. vulgaris*, *P. lanatus*, *P. coccineus*, *P. acutifolius* e *P. polyanthus* (Word Flora Online [WFO] 2023; Schmutz et al., 2014).

Os grãos de feijão apresentam uma variedade de formatos e exibem uma ampla diversidade de cores. São cultivados diferentes tipos de feijão dentro da espécie, estes são conhecidos popularmente em alguns grupos comerciais como feijões do tipo carioca, preto, roxinho, rosinha, manteiga, manteigão e jalo (Siega et al., 2022). Além disso, o feijão é constituído por 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 de vitaminas, em especial as do complexo B, como: riboflavina, niacina e folacina (Lajolo et al., 1996).

O feijão comum é uma planta herbácea com diferentes padrões de crescimento, classificados em quatro tipos, pelo *International Center for Tropical Agriculture (CIAT)*: Tipo I - crescimento determinado, porte arbustivo e ereto; Tipo II - crescimento indeterminado, porte arbustivo e ereto com poucos ramos no caule; Tipo III - crescimento indeterminado, porte prostrado ou semi-prostrado, e ramificações abertas e bem desenvolvidas; Tipo IV - crescimento indeterminado, porte trepador, caule dominando a parte superior e ramos laterais pouco desenvolvidos (Oliveira et al., 2018).

De acordo com Quintela (2000), O feijão comum possui nove fases vegetativas: V0 - quando a semente inicia a germinação; V1 - marca a emergência; V2 - as primeiras folhas primárias se abrem completamente; V3 - ocorre o surgimento da primeira folha trifoliada aberta; V4 - a terceira folha trifoliada se abre e há produção de ramificações; V5 a V9 - fase reprodutiva com o estágio prefloração até a maturação fisiológica, quando as sementes começam a secar, adquirindo a coloração específica da cultivar.

### **Importância socioeconômica do feijão comum**

O feijão comum é considerado a mais importantes espécies de *Phaseolus*, cultivado mundialmente (Efstathiadou et al., 2021), sendo um dos produtos agrícolas de importância pelo valor nutricional, agrônomico e socioeconômico agregado a cultura.

Do ponto de vista nutricional, o grão traz inúmeros benefícios à saúde que incluem propriedades antioxidantes, antidiabéticas, anti-inflamatórias e anticancerígenas (Ganesan & Xu, 2017); ricos em polifenóis (Mullins et al., 2021), tem baixo índice glicêmico e é rico em fibras solúveis e insolúveis, o que pode auxiliar no controle de peso (Messina, 2014). Essas propriedades são importantes, pois oferecem oportunidades para o desenvolvimento de cultivares que atendam a diferentes necessidades nutricionais e preferências de consumo.

Um aspecto importante da cultura é sua ampla capacidade de adaptação edafoclimática, que permite seu cultivo durante todo o ano, em quase todos os estados brasileiros, nas diferentes épocas e safras (Gomes et al., 2020), podendo ser cultivado tanto por grandes produtores altamente tecnificados quanto por pequenos agricultores que dependem principalmente da mão de obra familiar (Siega et al., 2022).

Em relação a produção mundial de grãos, segundo a *Food and Agriculture Organization (FAO)*, em 2021 foram produzidas quase 27,8 milhões de toneladas de feijão em uma área plantada de 35,9 mil hectares. O Brasil é o segundo maior produtor de feijão do mundo, com uma produção de 2,8 milhões de toneladas (t), perdendo somente para a Índia (6,1 milhões de t). Para a temporada 2022/23 (três safras), o Brasil chega em um volume médio de produção estimado em 3,04 milhões de t, 1,7% superior a safra anterior (Companhia Nacional de Abastecimento [CONAB], 2023), onde os principais estados produtores são: Paraná (728,1 mil t), Minas Gerais (556,7 mil t) e Mato Grosso (307,1 mil t).

De acordo com dados da CONAB (2023) a produtividade média alcançada na safra 2022/23 foi de 1.129 kg/ha, 7,9% superior à média de produtividade no ciclo 2021/22, no entanto, a maioria do feijão produzido no Brasil é utilizado para consumo interno (93,7%) (CONAB 2023), e mesmo o Brasil sendo grande produtor mundial, ainda é necessário a importação para satisfazer as demandas nacionais e controlar o estoque regulador interno.

Nesse contexto, considerando um estoque inicial de 208,3 mil t, um consumo de 2,85 milhões de t, exportações de 165 mil t e importações de 100 mil t, o resultado será um estoque remanescente de aproximadamente 333,9 mil t, onde esse estoque desempenha um papel fundamental na manutenção do abastecimento interno em níveis normais (CONAB 2023).

### **Antracnose no feijão comum**

Entre as principais doenças fúngicas que afetam o feijão comum, destaca-se a antracnose, causada por *Colletotrichum lindemuthianum* (Wendland et al., 2018). Os principais sintomas da doença, incluem, de acordo com O'Connell et al. (2012) as necroses que podem afetar toda a parte aérea da planta (sintoma característico); nas folhas, as lesões são alongadas de coloração avermelhada ou marrom-escura, geralmente mais comuns na face inferior; nas vagens, as lesões são deprimidas e circulares, com borda mais escura em tons de marrom; nas sementes ocorre a descoloração e a formação de lesões escuras no tegumento ou nos cotilédones (Wendland et al., 2018). Os sintomas da antracnose são cruciais para a identificação do patógeno, e é fundamental observar as características das lesões causadas por essa doença para assim tomar medidas adequadas de manejo.

A capacidade de transmissão da doença por meio das sementes e através das gotas de água da chuva ou da irrigação (Ferreira & Junior, 2023), combinada com sua ocorrência durante as três épocas de cultivo, podem resultar em perdas de produtividade de até 100%, especialmente sob condições ambientais favoráveis (Rey et al., 2005), causando grandes prejuízos econômicas.

A utilização de cultivares resistentes é apontada como uma das abordagens mais eficazes no controle da antracnose (Wendland et al., 2018), segundo Nunes et al. (2021) a resistência genética, não apenas reduz os impactos da doença, mas também diminui a necessidade de utilizar agrotóxicos, o que tem efeitos positivos na redução dos danos ambientais e nos custos de produção.

No entanto, a grande variabilidade patogênica e a ampla distribuição dos patótipos se mostra um grande desafio para o alcance de cultivares resistentes. O fungo *C. lindemuthianum* exibe uma notável variabilidade e é capaz de gerar novas raças, que podem quebrar a resistência genética presente em cultivares comerciais (Pastor-Corrales et al., 1993). Segundo Nunes et al. (2021) 298 raças de *C. lindemuthianum* já foram descritas em 29 países em quatro continentes: América, Europa, Ásia e África no período de 1991 a 2020. No Brasil, foram caracterizadas 89 raças, as quais estão distribuídas em 15 estados produtores de feijão comum. O

Paraná, maior produtor de feijão comum, se destaca por apresentar a maior variabilidade, com 62 raças identificadas (Xavier et al., 2021).

### **Resistência genética a antracnose**

Atualmente, diversos centros de pesquisa estão concentrados em esforços de melhoramento visando o desenvolvimento de variedades de feijão comum resistentes à antracnose. Essa abordagem é considerada a mais eficaz para mitigar os impactos negativos causados pelo fungo *C. lindemuthianum* na qualidade e produtividade da cultura do feijão (Ferreira & Junior, 2023).

Diversos genes e alelos responsáveis pela resistência já foram identificados e mapeados em grupos de ligação específicos, tais como Pv01, Pv02, Pv03, Pv04, Pv07, Pv08 e Pv11 (Nunes et al., 2021). A identificação de regiões genômicas, genes e alelos para resistência à antracnose causada por *C. lindemuthianum* tem sido uma área de pesquisa significativa. Kelly e Young (1996) introduziram um sistema de nomenclatura unificado, marcado pelo símbolo "Co" seguido de números ou letras, para genes de resistência ao fungo. Esse sistema padronizado facilita a caracterização de raças do patógeno, o mapeamento de genes de resistência e a implementação de estratégias de piramidação gênica para alcançar resistência duradoura.

A nomenclatura proposta por esses autores para os genes de resistência do *C. lindemuthianum* foi adotada pelo Comitê de Genética do *Bean Improvement Cooperative* (BIC) (Nunes et al., 2021). Assim, 14 genes e 11 alelos, identificados em acessos de feijão comum nos dois *pools* gênicos foram oficialmente nomeados de acordo com essa organização: *Co-1* e os alelos *Co-1<sup>2</sup>*, *Co-1<sup>3</sup>*, *Co-1<sup>4</sup>* e *Co-1<sup>5</sup>* (Melotto & Kelly, 2000; Gonçalves-Vidigal & Kelly, 2006); *Co-2* (Mastenbroek, 1960); *Co-3* e sua série alélica *Co-3<sup>2</sup>*, *Co-3<sup>3</sup>*, *Co-3<sup>4</sup>* e *Co-3<sup>5</sup>* (Bannerot, 1965; Fouilloux, 1979; Young et al., 1998; Geffroy et al., 1999; Gonçalves-Vidigal et al., 2013); *Co-4* e os alelos *Co-4<sup>2</sup>* e *Co-4<sup>3</sup>* (Fouilloux, 1976; Young et al., 1998; Alzate-Marin et al., 2007); *Co-5* e *Co-5<sup>2</sup>* (Fouilloux, 1976; Vallejo & Kelly, 2009); *Co-6* (Schwartz et al., 1982); *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* (Coimbra-Gonçalves et al., 2016) e *Co-17* (Trabanco et al., 2015).

De acordo com o levantamento feito por Xavier (2021), outros genes que conferem resistência à antracnose no feijão comum foram identificados, embora ainda não tenham sido oficialmente aprovados pela BIC: *Co-x*, *Co-w*, *Co-y*, *Co-u* e *Co-z* (Geffroy et al., 1999; Geffroy et al., 2008); *Co-Pa* (Castro et al., 2017); *Co-Perla* (Paulino et al., 2019); *Co-AC* (Nanami et al., 2017; Gilio et al., 2020) *CoPv01<sup>CDRK</sup>* (CDRK) (Gonçalves-Vidigal et al., 2020); e o alelo *Co-1<sup>HY</sup>* (Chen et al., 2017).

## Mapeamento genético e associação genômica ampla

O mapeamento genético é uma ferramenta crucial para entender a herança genética, a segregação de genes e as relações físicas entre eles. Além disso, desempenha um papel fundamental para a seleção de genitores para programas de melhoramento, a identificação de traços desejáveis em plantas, a clonagem de genes e a pesquisa em tecnologias de edição genética (Vieira et al., 2018).

A construção de um mapa genético envolve várias etapas, desde a identificação de marcadores genéticos até a determinação da ordem e da distância entre eles (Zhang et al., 2019). Nesse contexto, o uso de marcadores moleculares e análises de associação genômica se destaca como ferramentas essenciais para o melhoramento genético de plantas, possibilitando o desenvolvimento de cultivares mais produtivas e resistentes (Vianello et al., 2023).

Os estudos de Associação Genômica Ampla (GWAS), desempenham um papel importante na identificação de polimorfismos relacionados a características fenotípicas específicas (bastos et al., 2023). Para utilizar efetivamente essa ferramenta em um painel diversificado de amostras, é crucial que os marcadores estejam amplamente distribuídos pelo genoma (Tsunoda et al., 2019).

Com os avanços na área de bioinformática, a metodologia GWAS tem passado por constantes modificações, permitindo a análise de bases genéticas complexas (Nicholls et al., 2020). Entre os modelos utilizados, o Modelo Linear Generalizado (*General Linear Model* - GLM) é comumente empregado para identificar *loci* únicos, (Novembre, 2014). No entanto, o Modelo Linear Misto (*Mixed Linear Model* - MLM) tem se destacado como o mais popular, pois incorpora tanto a estrutura da população quanto a relação genética para controlar os falsos positivos (Conomos et al., 2018).

Melhorias baseadas no MLM, como o CMLM (*Compressed Mixed Linear Model*) (Zhang et al., 2010), o ECMLM (*Efficient and Parallel Computing for Mixed-Model Association Expedited*) (Li et al., 2014) e o FaST-LMM (*Factored Spectrally Transformed Linear Mixed Models*) (Lippert et al., 2011), foram desenvolvidos para aprimorar os modelos computacionais utilizados em GWAS. O modelo SUPER, proposto por Wang et al. (2014), estendeu ainda mais o FaST-LMM, aumentando seu poder estatístico.

Todos esses modelos, incluindo o EMMAX (*Efficient Mixed-Model Association Expedited*) (Kang et al., 2010) e o GEMMA (*Genome-wide Efficient Mixed-Model Association*) (Zhou & Stephens, 2012), conduzem a análise de associação genômica em uma abordagem unidimensional, tornando necessário aplicar correções para reduzir a taxa de falsos positivos (Wang et al., 2016).

Quanto as características fenotípicas poligênicas, são descritos outros modelos os chamados de GWAS para multi-locus (ML-GWAS). Nesse campo os modelos MLMM (*Multi-Locus Mixed-Model*) (Segura et al., 2012), mrMLM (*Multiple-Locus Random-SNP Mixed Linear Model*) (Wang et al., 2016), FarmCPU (*Fixed and random model Circulating Probability*

*Unification*) (Liu et al., 2016), LASSO (*Least Absolute Shrinkage and Selection Operator*) (Xu et al., 2020), pLARmEB (*Polygenic and Low-Rank Approximation Mixed Model for Genome-Wide Association Studies*) (Zhang et al., 2017), ISIS-EM-BLASSO (*Iterative Stepwise Surrogate Empirical Bayes LASSO*), FASTmrMLM (*Fast Multi-Locus Mixed-Model*) (Tamba et al. 2017), FASTmrEMMA (*Fast Multi-Locus Random-SNP-Effect Efficient Mixed Model for Genome-Wide Association Studies*) (Wen et al., 2018), pKWmEB (*Polygenic Kernel-Wide Association Study with epistasis*) (Ren et al., 2018) e, BLINK (*Bayesian Information and Linkage with Background Information*) (Huang et al., 2019) são comumente utilizados por possuírem maior poder estatístico e acurácia na detecção de QTNs (*Quantitative Trait Nucleotides*).

Segundo Guan et al. (2019) esses modelos desempenham um papel importante na minimização de erros em estudos de associação genômica, assegurando que as associações identificadas sejam estatisticamente significativas e não influenciadas por fatores populacionais. Eles representam ferramentas valiosas na busca por marcadores genéticos relacionados a características de interesse em plantas, incluindo aquelas de relevância para o melhoramento genético.

Devido à grande diversidade genética da espécie de feijoeiro, que é caracterizada por dois pools gênicos distintos, e considerando que muitas variações fenotípicas estão associadas a essa estrutura populacional, a utilização do modelo FarmCPU mostra-se promissora para estudar a arquitetura genética dessas características (Diniz et al., 2019). Esse modelo pode oferecer *insights* valiosos sobre como a diversidade genética afeta as características do feijoeiro em diferentes contextos, contribuindo para o melhoramento genético da cultura.

A tabela suplementar 1 destaca os principais genes de resistência à antracnose aprovados e identificados em cultivares de feijão comum por meio da análise de associação genômica ampla, incluindo informações sobre marcadores, raças e referências correspondentes.

## **Considerações finais**

É importante reconhecer que a antracnose é uma doença complexa, influenciada pela diversidade do patógeno e pela estrutura genética das populações de feijão, por isso, a identificação de genes de resistência é uma tarefa desafiadora, principalmente, devido à variabilidade genética do patógeno. As técnicas de associação genômica proporcionam uma abordagem poderosa para entender a arquitetura genética da resistência à antracnose, e possuem um papel significativo ao fornecer uma base sólida para pesquisas futuras e para o desenvolvimento de variedades de feijão mais resistentes. Os avanços na pesquisa relacionada à antracnose no feijão comum são notáveis e trazem avanços científicos, sendo de grande valor para pesquisadores e profissionais da área agrícola.



### Agência financiadora

Essa pesquisa foi apoiada pela Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Mato Grosso – FAPEMAT, pela Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – CAPES e pelo Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico – CNPq.

### REFERÊNCIAS

- Abebe, B. K., Alemayehu, M. T. (2022). A review of the nutritional use of cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp) for human and animal diets. *Journal of Agriculture and Food Ressorce*, 10, 100383. <https://doi.org/10.1016/j.jafr.2022.100383>
- Alzate-Marin, A. L., Baía, G. S., Paula Júnior, T. J., Carvalho, G. A., Barros, E. G., Moreira, M. A. (1997). Inheritance of anthracnose resistance in common bean differential cultivar AB 136. *Plant Breeding*, 81, 996-998. <https://doi.org/10.1094/PDIS.1997.81.9.996>
- Alzate-Marin, A. L., Souza, K. A., Silva, M. G. M., Oliveira, E. J., Moreira, M. A., Barros, E. G. (2007). Genetic characterization of anthracnose resistance genes Co-43 and Co-9 in common bean cultivar Tlalnepantla 64 (PI 207262). *Euphytica*, 154, 1-8. <https://doi.org/10.1007/s10681-006-9253-x>
- Bannerot, H. (1965). Résultats de l'infection d'une collection de haricots par six races physiologiques d'anthracnose. *Ann Amélior Plantes*, 15, 201-222.
- Bastos, M. S., Solar Diaz, I. D. P., Alves, J. S., Oliveira, L. S. M. de, Araújo de Oliveira, C. A., Godói, F. N., ... Costa, R. B. (2023). Genomic association using principal components of morphometric traits in horses: identification of genes related to bone growth. *Animal Biotechnology*, 1-6. <https://doi.org/10.1080/10495398.2023.2209795>
- Bitocchi, E., Bellucci, E., Giardini, A., Rau, D., Rodriguez, M., Biagetti, E., Santilocchi, R., Zeuli, P. S., Gioia, T., Logozzo, G., Attene, G., Nanni, L., Papa, R. (2013). Molecular analysis of the parallel domestication of the common bean (*Phaseolus vulgaris*) in Mesoamerica and the Andes. *New Phytologist*, 197, 300- 313. <https://doi.org/10.1111/j.1469-8137.2012.04377.x>
- Blair, M. W., Pedraza, F., Buendia, H. F., Gaitán-Solís, E., Beebe, S. E., Gepts, P., Tohme, J. (2003). Development of a genome-wide anchored microsatellite map for common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Theoretical Applied Genetics*, 107: 1362–1374. <https://doi.org/10.1007/s00122-003-1398-6>
- Burle, M. L., Fonseca, J. R., Kami, J. A., Gepts, P. (2010). Microsatellite diversity and genetic structure among common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) landraces in Brazil, a secondary center of diversity. *Theoretical and Applied Genetics*, California, 121, 801-813. <https://doi.org/10.1007/s00122-010-1350-5>
- Campa, A., Rodríguez-Suárez, C., Giraldez, R., Ferreira, J. (2014). Genetic analysis of the response to eleven *Colletotrichum lindemuthianum* races in a RIL population of

- common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *BMC Plant Biology*, 14, 1-12.  
<https://doi.org/10.1186/1471-2229-14-115>
- Canale, M. C., Ribeiro, L.P., Castilhos, R. V., Wordell Filho, J. Á. (2020). Bean pests and diseases: diagnosis, damage and management strategies. Florianópolis: Epagri, 93p. Technical Bulletin, (197). <https://publicacoes.epagri.sc.gov.br/BT/article/view/1113>
- Castro, S. A. L., Gonçalves-Vidigal, M. C., Gilio, T. A. S., Lacanallo, G. F., Valentini, G., Martins, V. S. R., Song, Q., Galván, M. Z., Hurtado-Gonzales, O. P., Pastor-Corrales, M. A. (2017). Genetics and mapping of a new anthracnose resistance locus in Andean common bean Paloma. *BMC Genomics*, 18, 306. <https://doi.org/10.1186/s12864-017-3685-7>
- Chen, M., Wu, J., Wang, L., Mantri, N., Zhang, X., Zhu, Z., Wang, S. (2017). Mapping and genetic structure analysis of the anthracnose resistance locus Co-1HY in the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Plos One*, 12, 1-18. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0169954>
- Coelho, C. M. M., Coimbra, J. L. M., Souza, C. A. D., Bogo, A., Guidolin, A. F. (2007). Genetic diversity in bean accessions (*Phaseolus vulgaris* L.). *Ciência Rural*, 37, 1241-1247. <https://doi.org/10.1590/S0103-84782007000500004>
- Coêlho, M., Gonçalves-Vidigal, M. C., Sousa, L. L. de, Nunes, M. P. B. A., Azevedo, R. F., Galván, M. Z. (2016). Characterization of race 65 of *Colletotrichum lindemuthianum* by sequencing ITS regions. *Acta Scientiarum. Agronomy*, 38(4), 429–438. <https://doi.org/10.4025/actasciagron.v38i4.30586>
- Coimbra-Gonçalves, G. K., Gonçalves-Vidigal, M. C., Coelho, R. T., Valentini, G., Vidigal Filho, P. S., Lacanallo, G. F., Sousa, L. L., Elias, H. T. (2016). Characterization and mapping of anthracnose resistance genes in Mesoamerican common bean cultivar Crioulo 159. *Crop Science*, 56, 1-19. <https://doi.org/10.2135/cropsci2015.10.0651>
- Companhia Nacional de Abastecimento (Conab) (2023). Perspectives for agriculture: 12th survey - harvest 2022/23. Vol. 10, nº12, September. Grain Edit. Brasília. <https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos/boletim-da-safra-de-graos?limit-start=0>
- Conomos, M. P., Reiner, A. P., McPeck, M. S., Thornton, T. A. (2018). Genome-wide control of population structure and relatedness in genetic association studies via linear mixed models with orthogonally partitioned structure. *BioRxiv*, 409953. <https://doi.org/10.1101/409953>
- Costa, L. C., Nalin, R. S., Dias, M. A., Ferreira, M. E., Song, Q., Pastor-Corrales, M. A., Hurtado-Gonzales, O. P., Souza, E. A. (2021). Different loci control resistance to different isolates of the same race of *Colletotrichum lindemuthianum* in common bean.

- Theoretical and Applied Genetics*, 134, 543–556. <https://doi.org/10.1007/s00122-020-03713-x>
- Diniz, A. L., Ferreira, S. S., Ten-Caten, F., Margarido, G. R., Santos, J. M. dos, Barbosa, G. V. D. S., Carneiro, M. S., Souza, G. M. (2019). Genomic resources for energy cane breeding in the post genomics era. *Computational and Structural Biotechnology Journal*, 17, 1404-1414. <https://doi.org/10.1016/j.csbj.2019.10.006>
- Durán L, A., Blair, M. W., Giraldo, M. C., Macchiavelli, R., Prophete, E., Nin, J. C., Beaver, J. S. (2005). Morphological and molecular characterization of common bean landraces and cultivars from the Caribbean. *Crop Science*, 45, 1320-1328. <https://doi.org/10.2135/cropsci2004.0501>
- Efstathiadou, E., Ntatsi, G., Savvas, D., Tampakaki, A. P. (2021). Genetic characterization at the species and symbiovar level of indigenous rhizobial isolates nodulating *Phaseolus vulgaris* in Greece. *Sci Rep*, 11, 8674. (<https://doi.org/10.1038/s41598-021-88051-8>).
- Ferreira, A. W., Junior, M. L. (2023). Common bean anthracnose. In: Zambolim L (Ed.) *Integrated management of aggressive diseases aiming at grain yield*. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa. cap. 12, p. 357-367.
- Ferreira, M. E. & Grattapaglia, D. (1998). *Introduction to the use of molecular markers in genetic analysis*. 3ed, Brasília-DF: Embrapa-Cenargen. <https://doi.org/10.13140/2.1.3757.8881>
- Food and Agriculture Organization (FAO) (2021). *Faostat database gateway*. <https://www.fao.org/faostat/en/#data/QCL/visualize>.
- Fouilloux, G. (1976). Bean anthracnose: new genes of resistance. *Annual Report of the Bean Improvement Cooperative*, 19, 36-37.
- Fouilloux, G. (1979). New races of bean anthracnose and consequences on our breeding programs. In: Maraite H, Meyer JA (Eds.) *Diseases of Tropical Food Crops*. Belgium, 221-235. [https://library.ciat.cgiar.org/cgi-bin/koha/opac-detail.pl?biblionumber=27810&query\\_desc=au%3AFOUILLOUX%2C%20G](https://library.ciat.cgiar.org/cgi-bin/koha/opac-detail.pl?biblionumber=27810&query_desc=au%3AFOUILLOUX%2C%20G).
- Freytag, G. F., Debouck, D. G. (2003) Taxonomy, Distribution, and Ecology of the Genus *Phaseolus* (Leguminosae–Papilionoideae) in North America, Mexico, and Central America. Botanical Research Institute of Texas (BRIT). *Econ. Bot.* 57, 42. [https://doi.org/10.1663/0013-0001\(2003\)057\[0421:BREDFA\]2.0.CO;2](https://doi.org/10.1663/0013-0001(2003)057[0421:BREDFA]2.0.CO;2)
- Fritsche-Neto, R., Souza, T. L. P. O., Pereira, H. S., Faria, L. C., Melo, L. C., Novaes, E., Brum, I. J. B., Jannink, J. L. (2019). Association mapping in common bean revealed regions associated with Anthracnose and Angular Leaf Spot resistance. *Scientia Agricola*, 76, 321-327. <https://doi.org/10.1590/1678-992X-2017-0306>
- Ganesan, K., Xu, B. (2017). Polyphenol-rich dry common beans (*Phaseolus vulgaris* L.) and their health benefits. *International Journal of Molecular Sciences*, 18(11), 2331. <https://doi.org/10.3390/ijms18112331>

- Geffroy, V., Delphine, S., Oliveira, J. C. F., Sévignac, M., Cohen, S., Gepts, P., Neema, C., Langin, T., Dron, M. (1999). 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*, 12 (9), 774-784. <https://doi.org/10.1094/MPMI.1999.12.9.774>
- Geffroy, V., Sévignac, M., Billant, P., Dron, M., Langin, T. (2008). Resistance to *Colletotrichum lindemuthianum* in *Phaseolus vulgaris*: a case study for mapping two independent genes. *Theoretical and Applied Genetics*, California, 116 (3): 407-415. <https://doi.org/10.1007/s00122-007-0678-y>
- Gepts, P. (1998). Origin and evolution of common bean: past events and recent trends. *HortScience*, 33 (7): 1124-1130. <https://doi.org/10.21273/HORTSCI.33.7.1124>
- Gepts, P., Bliss, F. A. (1986). Phaseolin variability among wild and cultivated common beans (*Phaseolus vulgaris*) from Colombia. *Economic Botany*, 40 (4), 469-478. <https://doi.org/10.1007/BF02859660>
- Gepts, P.; Debouck, D.G. (1991). Origin, domestication, and evolution of the common bean (*Phaseolus vulgaris*). In: Schoonhoven, A. Van; Voysest, O. (Ed.). Common beans: research for crop improvement. Cali: CIAT. p.7-53. <https://hdl.handle.net/10568/88263>
- Gilio, T. A. S., Hurtado-Gonzales, O. P., Gonçalves-Vidigal, M. C., Valentini, G., Elias, J. C. F., Song, Q., Pastor-Corrales, M. A. (2020). Fine mapping of an anthracnose-resistance locus in Andean common bean cultivar Amendoim Cavallo. *Plos One*, 15(10), e0239763. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0239763>
- Gomes, G. R., Freiria, G. H., Constantino, L. V., Alves, S. M., Zeffa, D. M., Takahashi, L. S. A. (2020). Produtividade, composição mineral e teor de compostos fenólicos em feijão-vagem de crescimento determinado em diferentes estações do ano. *Semina: Ciências Agrárias*, 41(5), 1469–1482. <https://doi.org/10.5433/1679-0359.2020v41n5p1469>
- Gonçalves-Vidigal, M. C., Cruz, A. S., Lacanallo, G. F., Vidigal Filho, P. S., Sousa, L. L., Pacheco, C. M. N. A., McClean, P., Gepts, P., Pastor-Corrales, M. A. (2013). 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*, 126, 2245-2255. <https://doi.org/10.1007/s00122-013-2131-8>
- Gonçalves-Vidigal, M. C., Gilio, T. A. S., Valentini, G., Vaz-Bisneta, M., Vidigal Filho, P. S., Song, Q., Oblessuc, P. R., Melotto, M. (2020). New Andean source of resistance to anthracnose and angular leaf spot: Fine mapping of disease resistance genes in California Dark Red Kidney common bean cultivar. *Plos One*, 15 (6), e0235215. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0235215>

- Gonçalves-Vidigal, M. C., Kelly, J. D. (2006). Inheritance of anthracnose resistance in the common bean cultivar Widusa. *Euphytica*, 151, 411-419.  
<https://doi.org/10.1007/s10681-006-9164-x>
- Gonçalves-Vidigal, M. C., Lacanallo, G. F., Vidigal Filho, P. S. (2008). A new Andean gene conferring resistance to anthracnose in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) cultivar Jalo Vermelho. *Plant Breeding*, 127 (6), 592-596. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0523.2008.01530.x>
- Gonçalves-Vidigal, M. C., Meirelles, A. C., Poletine, J. P., Sousa, L. L., Cruz, A. S., Nunes, M. P., Lacanallo, G. F., Vidigal Filho, P. S. (2012). Genetic analysis of anthracnose resistance in 'Pitanga' dry bean cultivar. *Plant Breeding*, 131 (3), 423-429. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0523.2011.01939.x>
- Gonçalves-Vidigal, M. C., Nunes, M. P., Cruz, A. S., Sousa, L. L., Vidigal Filho, P. S. (2009). Characterization of *Colletotrichum lindemuthianum* isolates from Mato Grosso State, Brazil. *Annual Report of the Bean Improvement Cooperative*, 52, 52-53.
- Gonçalves-Vidigal, M. C., Silva, C. R., Vidigal Filho, P. S., Gonela, A., Kvitschal, M. V. (2007). 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*, 30, 589-593. <https://doi.org/10.1590/S1415-47572007000400015>
- Guan, Q. (2019). A comprehensive review and update on the pathogenesis of inflammatory bowel disease. *Journal of Immunology Research*, 1-16.  
<https://doi.org/10.1155/2019/7247238>
- Huang, M., Liu, X., Zhou, Y., Summers, R. M., Zhang, Z. (2019). BLINK: a package for the next level of genome-wide association studies with both individuals and markers in the millions. *Gigascience*, 8(2), giy154. <https://doi.org/10.1093/gigascience/giy154>
- Kang, H. M., Sul, J. H., Service, S. K., Zaitlen, N. A., Kong, S. Y., Freimer, N. B., Sabatti, C., Eskin, E. (2010). Variance component model to account for sample structure in genome-wide association studies. *Nature Genetics*, 42 (4): 348–354.  
<https://doi.org/10.1038/ng.548>
- Kumar, M., Pawar, S. V., Masurkar, P., Choudhary, S. (2017). Molecular markers: A new frontier approaches in crop improvement. *IJCS*, 5(4), 1724-1729. <https://www.researchgate.net/publication/320084372>
- Lajolo, F. M., Genoveses, M. I., Menezes, E. W. (1996). *Cultura do Feijoeiro comum no Brasil*. Piracicaba: Potafos (pp. 786).
- Li, M., Liu, X., Bradbury, P. J., Yu, J., Zhang, Y. M., Todhunter, R. J., Buckler, S. E., Zhang, Z. (2014). Enrichment of statistical power for genome-wide association studies. *BMC Biology*, 12, 73. <https://doi.org/10.1186/s12915-014-0073-5>

- Lippert, C., Listgarten, J., Liu, Y., Kadie, C. M., Davidson, R. I., Heckerman, D. (2011). FaST linear mixed models for genome-wide association studies. *Nature Methods*, 8 (10), 833–835. <https://doi.org/10.1038/nmeth.1681>
- Liu, X., Huang, M., Fan, B., Buckler, E. S., Zhang, Z. (2016). Iterative usage of fixed and random effect models for powerful and efficient genome-wide association studies. *Plos Genetics*, 12 (2), e1005767. <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1005767>
- Mamidi, S., Rossi, M., Annam, D., Moghaddam, S., Lee, R., Papa, R., McClean, P. (2011). Investigation of the domestication of common bean (*Phaseolus vulgaris*) using multi-locus sequence data. *Functional Plant Biology*, 38(12), 953-967. <https://doi.org/10.1071/FP11124>
- Mastenbroek, C. (1960). A breeding programme for resistance to anthracnose in dry shell haricot beans, based on a new gene. *Euphytica*, 9, 177-184. <https://link.springer.com/article/10.1007/BF00022219>
- Melotto, M., Kelly, J. D. (2000). An allelic series at the Co-1 locus conditioning resistance to anthracnose in common bean of Andean origin. *Euphytica*, 116, 143-149. <https://doi.org/10.1023/A:1004005001049>
- Messina, V. (2014). Nutritional and health benefits of dried beans. *The American Journal of Clinical Nutrition*, 100 (1), 437S-442S. <https://doi.org/10.3945/ajcn.113.071472>
- Miedaner, T. (2016). Breeding Strategies for Improving Plant Resistance to Diseases. In: Al-Khayri J, Jain S, Johnson D (Eds.) *Advances in Plant Breeding Strategies: Agronomic, Abiotic and Biotic Stress Traits*. Springer, Cham. [https://doi.org/10.1007/978-3-319-22518-0\\_15](https://doi.org/10.1007/978-3-319-22518-0_15)
- Mores, A., Borrelli, G. M., Laidò, G., Petruzzino, G., Pecchioni, N., Amoroso, L. G. M., Desiderio, F., Mazzucotelli, E., Mastrangelo, A. M., Marone, D. (2021). Genomic Approaches to Identify Molecular Bases of Crop Resistance to Diseases and to Develop Future Breeding Strategies. *Int. J. Mol. Sci.* 22, 5423. <https://doi.org/10.3390/ijms22115423>
- Mullins, A. P., Bahram, H. A. (2021). Health Benefits of Plant-Based Nutrition: Focus on Beans in Cardiometabolic Diseases. *Nutrients* 13 (2) 519. <https://doi.org/10.3390/nu13020519>
- Nanami, D. S. Y., Gonçalves-Vidigal, M. C., Elias, H. T., Lima Castro, A. S., Frias, A. A. T., Vidigal Filho, O. S. (2017). Characterization of genetic resistance in Andean common bean cultivar Amendoim Cavallo to *Colletotrichum lindemuthianum*. *Agronomy Science and Biotechnology*, 3 (1), 43-52. <https://doi.org/10.33158/ASB.2017v3i1p43>
- Nicholls, H. L., John, C. R., Watson, D. S., Munroe, P. B., Barnes, M. R., Cabrera, C. P. (2020). Reaching the end-game for GWAS: machine learning approaches for the prioritization of complex disease loci. *Frontiers in Genetics*, 11, 350. <https://doi.org/10.3389/fgene.2020.00350>

- Novembre, J. (2014). Variations on a common Structure: new algorithms for a valuable model. *Genetics*, 197(3), 809-811. <https://doi.org/10.1534/genetics.114.166264>
- Nunes, M. P. B. A., Gonçalves-Vidigal, M. C., Martins, V. S., Xavier, L. F., Valentini, G., Vaz Bisneta, M., Vidigal Filho, P. S. (2021). Relationship of *Colletotrichum lindemuthianum* races and resistance loci in the *Phaseolus vulgaris* L. genome. *Crop Science*, 61(6), 3877-3893. <https://doi.org/10.1002/csc2.20601>
- O'Connell, R. J., Thon, M. R., Hacquard, S., Amyotte, S. G., Kleemann, J., Torres, M. F. ... Vaillancourt, L. J. (2012). Lifestyle transitions in plant pathogenic *Colletotrichum* fungi deciphered by genome and transcriptome analyses. *Nature Genetics*, 44(9), 1060-1065. <http://www.nature.com/doifinder/10.1038/ng.2372>
- Oliveira, L. F. C. de, Oliveira, M. D. C., Wendland, A., Heinemann, A. B., Guimarães, C. M., Ferreira, E. D. B., ... Silva, S. C. da (2018). *Knowing the phenology of common bean and its phytotechnical aspects*. Brasília, DF: Embrapa, 2: 61. <http://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/handle/doc/1098515>
- Padder, B. A., Sharma, P. N., Awale, H. E., Kelly, J. D. (2017). *Colletotrichum lindemuthianum*, o agente causal do feijão antracnose. *Journal of Plant Pathology*, 99(2), 317-330. <https://www.jstor.org/stable/44686776>
- Pastor-Corrales, M. A. (1991). Estandarización de variedades diferenciales y de designación de razas de *Colletotrichum lindemuthianum*. *Phytopathology*, 81(6), 694.
- Pastor-Corrales, M. A., Otoya, M. M., Maya, M. M. (1993). Diversidad de la virulencia de *Colletotrichum lindemuthianum* en Mesoamerica y la region Andina. *Fitopatologia Colombiana*, 17, 31-38.
- Paulino, J. F. C., Gonçalves-Vidigal, M. C., Castro, S. A. L., Lacanallo, G. F., Martins, V. S. R., Martiniano-Souza, M. C., Taboada, G., Gálvan, M. Z. (2019). Molecular characterization and mapping of the anthracnose resistance gene in Andean bean cultivar Perla. *Relatório Anual da Cooperativa de Melhoramento do Feijão*, 62, 13-14. [https://sucupira.capes.gov.br/sucupira/public/consultas/coleta/trabalhoConclusao/viewTrabalhoConclusao.jsf?popup=true&id\\_trabalho=4836907](https://sucupira.capes.gov.br/sucupira/public/consultas/coleta/trabalhoConclusao/viewTrabalhoConclusao.jsf?popup=true&id_trabalho=4836907)
- Pinto, J. M., Pereira, R., Mota, S. F., Ishikawa, F. H., Souza, E. A. (2012). Investigating phenotypic variability in *Colletotrichum lindemuthianum* populations. *Phytopathology*, 102 (5), 490-497. <https://apsjournals.apsnet.org/doi/10.1094/PHYTO-06-11-0179>
- Quintela, E. D. (2000). Integrated management of common bean pests in winter planting. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, *Pesquisa em Foco*, 38 (2). ISSN 1678 -9636. <https://www.embrapa.br/busca-de-publicacoes/-/publicacao/208362/manejo-integrado-de-pragas-do-feijoeiro-no-plantio-de-inverno>
- Rahate, K. A., Madhumita, M., Prabhakar, P. K. (2021). Nutritional composition, antinutritional factors, pretreatments-cum-processing impact, and food formulation potential

- of faba bean (*Vicia faba* L.): A comprehensive review. *LWT- Food Science and Technology*, 138, 110796. <https://doi.org/10.1016/j.lwt.2020.110796>
- Rawal, V., Navarro, D. K. (2019). *The Global Economy of Pulses*, FAO. Rome, Italy. 20.500.12592/ckkm1z. <https://policycommons.net/artifacts/2268087/the-global-economy-of-pulses/3027813/>.
- Ren, W. L., Wen, Y. J., Dunwell, J. M., Zhang, Y. M. (2018). pKWmEB: integration of Kruskal-Wallis test with empirical bayes under polygenic background control for multi-locus genome-wide association study. *Heredity* 120, 208–218. <https://doi.org/10.1038/s41437-017-0007-4>
- Rey, M. S., Balardin, R. S., Pierobom, C. R. (2005). Reaction of common bean cultivars (*Phaseolus vulgaris*) to pathotypes of *Colletotrichum lindemuthianum*. Technical Note, *Revista Brasileira Agrociência*, 11 (1): 113-116. <https://periodicos.ufpel.edu.br/index.php/CAST/article/view/1170/965>
- Rocha, D. R. A. (2011) Criteria for risk assessment of transgenic bean (*Phaseolus vulgaris* L.) resistant to golden mosaic virus. Masters – Pós-graduação em Pesquisa Clínica em Doenças Infecciosas, Area of concentration: Biosafety in Health - Instituto de Pesquisa Clínica Evandro Chagas. [https://www.arca.fiocruz.br/bitstream/icict/37308/2/danielle\\_rocha\\_ini\\_mest\\_2011.pdf](https://www.arca.fiocruz.br/bitstream/icict/37308/2/danielle_rocha_ini_mest_2011.pdf).
- Rodriguez-guerra, R., Acosta-Gallego, J., González-Chavaria, M. M., Simpson, J. (2006). Patotipos de *Colletotrichum lindemuthianum* y su implicación en la generación de cultivares resistentes de frijol. *Agricultura Técnica en México*, 32 (1), 101-114. <https://www.scielo.org.mx/pdf/agritm/v32n1/v32n1a10.pdf>
- Ron, A. M. de, Papa, R., Bitocchi, E., González, A. M., Debouck, D. G., Brick, M. A., ... Casquero, P. A. (2015). Common Bean. In: Ron A de. (Eds.) Grain Legumes. *Handbook of Plant Breeding*. Springer, New York, NY, 10, 1-36. [https://doi.org/10.1007/978-1-4939-2797-5\\_1](https://doi.org/10.1007/978-1-4939-2797-5_1)
- Schmutz, J., Mcclean, P. E., Mamidi, S., Wu, G. A., Cannon, S. B., Grimwood, J., Jenkins, J., Shu, S., Song, Q., ... Jackson, S. A. (2014). A reference genome for common bean and genome-wide analysis of dual domestications. *Nature Genetics*, 46 (7), 707-713. <https://doi.org/10.1038/ng.3008>
- Schwartz, H. F., Corrales, M. A. P., Singh, S. P. (1982). New sources of resistance to anthracnose and angular leaf spot of beans (*Phaseolus vulgaris* L.). *Euphytica* 31, 741–754. <https://doi.org/10.1007/BF00039213>
- Segura, V., Vilhjálmsson, B. J., Platt, A., Korte, A., Seren, Ü., Long, Q., Nordborg, M. (2012). An efficient multi-locus mixed-model approach for genome-wide association studies in structured populations. *Nature Genetics*, 44, 825–830. <https://doi.org/10.1038/ng.2314>



- Sharma, P. N., Sharma, O. P., Padder, B. A., Kapil, R. (2008). Yield loss assessment in common bean due to anthracnose (*Colletotrichum lindemuthianum*) under sub-temperate conditions of North-Western Himalayas. *Indian Phytopathology*, 61(3), 323. <https://epubs.icar.org.in/index.php/IPPJ/article/view/12834>
- Siega, Y. P., Krause, G. W., Walchinski, G., Cól, M. C., Romani, G. K. K., Kist, V. (2022). Banco ativo de germoplasma de feijão-comum: uma estratégia para fortalecer a conservação da agrobiodiversidade local. *Brazilian Journal of Development*, 8(6), 48666-48682. <https://doi.org/10.34117/bjdv8n6-396>
- Singh, S. P., Gepts, P., Debouck, D. G. (1991). Races of common bean (*Phaseolus vulgaris*, Fabaceae). *Economic Botany*, 45, 379-396. <https://www.jstor.org/stable/4255369>
- Sousa, L. L., Gonçalves, A. O., Gonçalves-Vidigal, M. C., Lacanallo, G. F., Fernandez, A. C., Awale, H., Kelly, J. D. (2015). Genetic characterization and mapping of anthracnose resistance of common bean landrace cultivar Corinthiano. *Crop Science*, 55 (5), 1900-1910. <https://doi.org/10.2135/cropsci2014.09.0604>
- Tamba, C. L., Ni, Y. L., Zhang, Y. M. (2017). Iterative sure independence screening EM-Bayesian LASSO algorithm for multi-locus genome-wide association studies. *PLoS Computational Biology*, 13(1), e1005357. <https://doi.org/10.1371/journal.pcbi.1005357>
- Trabanco, N., Campa, A., Ferreira, J. J. (2015). Identification of a new chromosomal region involved in the genetic control of resistance to anthracnose in common bean. *Plant Genome*, 8 (2), 1-11. <https://doi.org/10.3835/plantgenome2014.10.0079>
- Tsunoda, T. (2019). The Future of and Beyond GWAS. In: Tsunoda T, Tanaka T, Nakamura Y (Eds) Genome-Wide Association Studies. *Springer*, 193-209. [https://doi.org/10.1007/978-981-13-8177-5\\_8](https://doi.org/10.1007/978-981-13-8177-5_8)
- Vallejo, V., Kelly, J. D. (2009). New insights into the anthracnose resistance of common bean landrace G 2333. *The Open Horticulture Journal*, 2 (1), 29-33. <http://dx.doi.org/10.2174/1874840600902010029>
- Vianello, R. P., Resende, R. T., Brondani, C. (2023). Genomic. In: Resende RT, Brondani C (Ed.). *Precision Breeding: applications and perspectives in plant genetics*. Brasília, DF: Embrapa, cap 10, 328p. <https://www.embrapa.br/busca-de-publicacoes/-/publicacao/1155985/melhoramento-de-precisao-aplicacoes-e-perspectivas-na-genetica-de-plantas>
- Vieira, A. F., Almeida, L. C. S., Rodrigues, L. A., Costa, J. G. C., Melo, L. C., Pereira, H. S., Sanglard, D. A., Souza, T. L. P. O. (2018). Selection of resistance sources to common bean anthracnose by field phenotyping and DNA marker-assisted screening. *Genetics and Molecular Research*, 17 (3), gmr18066. <http://dx.doi.org/10.4238/gmr18066>

- Wang, Q., Tian, F., Pan, Y., Buckler, E. S., Zhang, Z. (2014). A SUPER powerful method for genome wide association study. *PLOS ONE*, 9, e107684. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0107684>
- Wang, S. B., Feng, J. Y., Ren, W. L., Huang, B., Zhou, L., Wen, Y. J., ... Zhang, Y. M. (2016). Improving power and accuracy of genome-wide association studies via a multi-locus mixed linear model methodology. *Scientific Reports*, 6, 19444. <https://doi.org/10.1038/srep19444>
- Wen, Y. J., Zhang, H., Ni, Y. L., Huang, B., Zhang, J., Feng, J. Y., ... Wu, R. (2018). Methodological implementation of mixed linear models in multi-locus genome-wide association studies. *Briefings in Bioinformatics*, 19, 700–712. <https://doi.org/10.1093/bib/bbw145>
- Wendland, A., Lobo Júnior, M., Faria, J. C. de (2018). Manual for the identification of the main diseases of common bean. Brasília, DF: Embrapa, 49p. <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/192413/1/CNPAF-2018-ManIdentDoenFeijao.pdf>
- World Flora Online (WFO) (2023). *Plant List*. <https://wfoplantlist.org/plant-list/taxon/wfo-4000029154-2023-06?page=1>.
- Wu, J., Wang, L., Fu, J., Chen, J., Wei, S., Zhang, S., ... Wang, S. (2020). Resequencing of 683 common bean genotypes identifies yield component trait associations across a north–south cline. *Nature Genetics*, 52(1), 118–125. <https://doi.org/10.1038/s41588-019-0546-0>
- Xavier, L. F. S. (2021). Mapping of the anthracnose resistance gene in the Andean cultivar of common bean Beija Flor. Thesis (Doutorado - Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento) – Universidade Estadual de Maringá. [http://www.pgm.uem.br/sistema\\_teses/detalhe.php?id=378](http://www.pgm.uem.br/sistema_teses/detalhe.php?id=378)
- Xavier, L. F. S., Poletine, J. P., Gonçalves-Vidigal, M. C., Valentini, G., Vidigal Filho, P. S., Pastor-Corrales, M. A. (2021). Characterization of diversity in *Colletotrichum lindemuthianum* in Parana, Brazil, suggest breeding strategies for anthracnose resistance in common bean. *European Journal of Plant Pathology*, 160 (4), 757–770. <https://doi.org/10.1007/s10658-021-02295-8>
- Xu, Y., Liu, X., Fu, J., Wang, H., Wang, J., Huang, C., ... Zhang, A. (2020). Enhancing genetic gain through genomic selection: From livestock to plants. *Plant Communications*, 1, 100005. <https://doi.org/10.1016/j.xplc.2019.100005>
- Young RA, Kelly JD (1996). Characterization of the genetic resistance to *Colletotrichum lindemuthianum* in common bean differential cultivars. *Plant Disease*, 80, 650–654. [https://www.apsnet.org/publications/plantdisease/backissues/Documents/1996Abstracts/PD\\_80\\_650.htm](https://www.apsnet.org/publications/plantdisease/backissues/Documents/1996Abstracts/PD_80_650.htm)

- Young, R. A., Melotto, M., Nodari, R. O., Kelly, J. D. (1998). Marker assisted dissection of oligogenic anthracnose resistance in the common bean cultivar, G2333. *Theoretical and Applied Genetics*, 96, 87-94. <https://doi.org/10.1007/s001220050713>
- Zaumeyer, W. J., Rex, H. (1957). A monographic study of bean diseases and methods for their control. United States Department of Agriculture; New Delhi. *Technical bulletin* 868, 255. <https://ageconsearch.umn.edu/record/169625/files/tb868.pdf>
- Zhang, J., Feng, J. Y., Ni, Y. L., Wen, Y. J., Niu, Y., Tamba, C. L., Yue, C., Song, Q., Zhang, Y. M. (2017). pLARmEB: integration of least angle regression with empirical Bayes for multilocus genome-wide association studies. *Heredity*, 118(6), 517-524. <https://doi.org/10.1038/hdy.2017.8>
- Zhang, X. F., Wang, G. Y., Dong, T. T., Chen, B., Du, H. S., Li, C. B., ... Geng, S. S. (2019). High-density genetic map construction and QTL mapping of first flower node in pepper (*Capsicum annuum* L.). *BMC plant biology*, 19: 1-13. <https://doi.org/10.1186/s12870-019-1753-7>
- Zhou, X., Stephens, M. (2012). Genome-wide efficient mixed model analysis for association studies. *Nature Genetics*, 44, 821–824. <https://doi.org/10.1038/ng>.





---

## Diversitas Journal

ISSN 2525-5215

Volume 9, Número 1 (jan./mar. 2024) p. 477 – 497

[https://diversitasjournal.com.br/diversitas\\_journal](https://diversitasjournal.com.br/diversitas_journal)

---

### Tabela suplementar 1.

*Genes e alelos que conferem resistência à antracnose em cultivares de feijão comum (Phaseolus vulgaris L), com informações sobre marcadores moleculares, raças e referências bibliográficas.*

PV	Fonte de resistência	Genes/locus	Tipo de marcador	Nome do marcador	Raça	Referências
Pv01	GWAS <sup>4</sup>	ANT1.1	SSR	PvM56	4	PERSEGUINI et al. 2016
		ANT1.2	SSR	BMc271		
		ANT1.4	SSR	PvM123		
		ANT1.5	SSR	PvM15		
		ANT1.6	SNP	scaffold00024_916410		
	GWAS <sup>81</sup>	ANT1.3	SRR	NSSR8	81	WU et al. 2019
GWAS <sup>65,73,3481</sup>	ANT1.7	SNP	ss715645251	65, 73, 3481	ZUIDERVEEN et al. 2016	
Pv02	GWAS <sup>4</sup>	ANT2.1	SSR	PvM153	4	PERSEGUINI et al. 2016
		ANT2.2	SSR	PvM93		
	GWAS <sup>F</sup>	ANT2.3	SNP	BARCPV_1.0_Ch02_23542475	Field	FRITSCHÉ-NETO et al. 2019
			SNP	BARCPV_1.0_Ch02_23644618		
	GWAS <sup>81</sup>	ANT2.4	SSR	NSSR24	81	WU et al. 2019
	GWAS <sup>39,55</sup>	ANT2.5	SNP	ss715648451	39, 55	ZUIDERVEEN et al. 2016
Pv03	GWAS <sup>1545</sup>	ANT3.1	SNP	S03_13038972	1545	VAZ BISNETA & GONÇALVES-VIDIGAL 2020
	GWAS <sup>4</sup>	ANT3.2	SSR	IAC167	81	PERSEGUINI et al. 2016
		ANT3.3	SSR	PvM126		
		ANT3.4	SSR	PVEST236		
		ANT3.5	SNP	scaffold00045_345513		
		ANT3.6	SSR	PvM95		
Pv04	GWAS <sup>2</sup>	ANT4.1	SNP	S04_58467	2	VAZ BISNETA & GONÇALVES-VIDIGAL 2020
			SNP	S04_63495		
			SNP	S04_93389		
	GWAS <sup>7</sup>	ANT4.2	SNP	ss715642306	7	ZUIDERVEEN et al. 2016
	GWAS <sup>109</sup>	ANT4.3	SNP	ss715649432	109	
	GWAS <sup>9</sup>	ANT4.5	SNP	S04_1736070	9	VAZ BISNETA & GONÇALVES-VIDIGAL 2020
SNP			S04_1743258			
SNP			S04_1743544			
GWAS <sup>81</sup>	ANT4.4	SSR	NSSR234	81	WU et al. 2019	

	ANT4.8	SSR	NSSR65		
GWAS <sup>4</sup>	ANT4.6	SNP	scaffold00090_802505	4	PERSEGUINI et al. 2016
	ANT4.7	SNP	scaffold00060_874577		
			ss715649771		
			ss715649774		
			ss715649776		
			ss715649777		
			ss715648681		
			ss715640024		
			ss715640025		
			ss715642306		
			ss715649433		
GWAS <sup>65</sup>		SNP	ss715649434	65	COSTA et al. 2021
			ss715649437		
			ss715646910		
			ss715646889		
			ss715646891		
			ss715646891		
			ss715646892		
			ss715646892		
			ss715646893		
			ss715646893		
			ss715646247		
		SNP	S05_706152		
		SNP	S05_713832		
GWAS <sup>1545</sup>	ANT5.1	SNP	S05_739138	1545	VAZ BISNETA & GONÇALVES-VIDIGAL 2020
		SNP	S05_747744		
<b>Pv05</b>		SNP	S05_755558		
GWAS <sup>81</sup>	ANT5.2	SSR	NSSR73	81	WU et al. 2019
GWAS <sup>65</sup>		SNP	ss715650069	65	COSTA et al. 2021
		SSR	PvM07		
GWAS <sup>4</sup>	ANT5.3	SNP	scaffold00062_295319	4	PERSEGUINI et al. 2016
GWAS <sup>81</sup>	ANT6.1	SSR	NSSR117	81	WU et al. 2019
<b>Pv06</b>					
GWAS <sup>4</sup>	ANT6.2	SSR	PvM14		
	ANT6.2	SNP	scaffold00128_112577	4	PERSEGUINI et al. 2016

			SNP	scaffold00128_197955		
		ANT6.3	SNP	scaffold00001_2118513		
			SNP	scaffold00001_1947432		
	GWAS <sup>2</sup>	ANT6.4	SNP	S06_28545207	2	VAZ BISNETA & GONÇALVES-VIDIGAL 2020
<b>Pv07</b>	GWAS <sup>4</sup>	ANT7.1	SNP	scaffold00021_89379	4	PERSEGUINI et al. 2016
			SNP	scaffold00021_767280		
		ANT7.2	SNP	scaffold00088_364454		
		ANTT.3	SNP	scaffold00094_563857		
		ANT7.4	SNP	scaffold00098_217812		
<b>Pv08</b>	GWAS <sup>4</sup>	ANT8.1	SNP	scaffold00105_48480	4	PERSEGUINI et al. 2016
			SNP	scaffold00097_323110		
		ANT8.2	SNP	scaffold00097_164240		
			SNP	scaffold00034_860044		
		ANT8.3	SSR	PvM68		
		ANT8.4	SSR	IAC254		
<b>Pv09</b>	Cornell 49242	CoPv09c <sup>C</sup>	SSR	BM202	453	CAMPA et al. 2014
			InDel	IND_09_28.0580		
			InDel	IND_09_29.1822		
			SSR	ATA217		
<b>Pv10</b>	GWAS <sup>7</sup>	ANT10.1	SNP	ss715648754	7	ZUIDERVEEN et al. 2016
	GWAS <sup>65</sup>		SNP	ss715639777	65	COSTA et al. 2021
	GWAS <sup>81</sup>	ANT10.2	SSR	NSSR265	81	WU et al. 2019
<b>Pv11</b>	GWAS <sup>7</sup>	ANT11.2	SNP	ss715645476	7	ZUIDERVEEN et al. 2016
	GWAS <sup>81</sup>	ANT11.1	SSR	NSSR271	81	WU et al. 2019
		ANT11.6	SSR	NSSR281		
	GWAS <sup>4</sup>	ANT11.3	SNP	scaffold00009_1366067	4	PERSEGUINI et al. 2016
	GWAS <sup>2</sup>	ANT11.4	SNP	scaffold00009_825782	2	VAZ BISNETA & GONÇALVES-VIDIGAL 2020
			SSR	IAC127		
			SNP	S11_46403555		
		SNP	S11_46403801			
ANT11.7		SNP	S11_46519783			
		SNP	S11_46529024			
		SNP	S11_46531625			
	GWAS <sup>65</sup>		SNP	ss715648093	65	COSTA et al. 2021



