



EDNILSON BARROS BARROSO

**REGIÕES GENÔMICAS ASSOCIADAS À RESISTÊNCIA DE
LINHAGENS DE FEIJÃO COMUM AO CRESTAMENTO
BACTERIANO COMUM E VIRULÊNCIA DE ISOLADOS DE
Xanthomonas spp.**

**LAVRAS – MG
2025**

EDNILSON BARROS BARROSO

**REGIÕES GENÔMICAS ASSOCIADAS À RESISTÊNCIA DE LINHAGENS DE
FEIJÃO COMUM AO CRESTAMENTO BACTERIANO COMUM E VIRULÊNCIA
DE ISOLADOS DE *Xanthomonas* spp.**

Tese apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas para obtenção do Título de Doutor.

Orientadora
Prof^ª. Dr^ª. Elaine Aparecida de Souza

**LAVRAS – MG
2025**

**Ficha Catalográfica elaborada pelo Sistema de Geração
de Ficha Catalográfica da Biblioteca Universitária da UFLA, com
dados informados pelo(a) próprio(a) autor(a).**

Barros Barroso, Ednilson.

Regiões genômicas associadas à resistência de linhagens de feijão comum ao
crestamento bacteriano comum e virulência de isolados de *Xanthomonas* spp. /
Ednilson Barros Barroso. - 2025.

92 p. : il.

Orientadora: Elaine Aparecida de Souza

Tese (Doutorado) - Universidade Federal de Lavras, 2025.
Bibliografia.

1. Marcados SNPs. 2. Resistência genética. 3. *Xanthomonas citri* pv. *fuscans*. 4.
Xanthomonas phaseoli pv. *phaseoli*. I. Aparecida de Souza, Elaine . II. Universidade
Federal de Lavras. III. Título.

EDNILSON BARROS BARROSO

**REGIÕES GENÔMICAS ASSOCIADAS À RESISTÊNCIA DE LINHAGENS DE
FEIJÃO COMUM AO CRESTAMENTO BACTERIANO COMUM E VIRULÊNCIA
DE ISOLADOS DE *Xanthomonas* spp.**

**GENOMIC REGIONS ASSOCIATED WITH RESISTANCE OF COMMON BEAN
LINES TO COMMON BACTERIAL BLIGHT AND VIRULENCE OF *Xanthomonas*
spp. ISOLATES**

Tese apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas para obtenção do Título de Doutor.

APROVADA em 26/05/2025

Dr. Ricardo Magela de Souza, UFLA
Dr. Vinicius Quintão Carneiro, UFLA
Dr. Kaesel Jackson Damasceno e Silva, EMBRAPA
Dr^a. Fernanda Aparecida Castro Pereira, UFLA

Prof^a. Dr^a. Elaine Aparecida de Souza
Orientador

**LAVRAS – MG
2025**

À minha família, que sempre foi meu alicerce e fonte de força. Em especial, à minha mãe, que, com imensurável dedicação, amor e luta incansável, fez e continua fazendo tudo por mim. À minha filha Lua Hara, fonte inesgotável de amor e inspiração. É por ela que sigo em busca dos meus sonhos e conquistas, com a certeza de que cada passo adiante é também por ela e para ela. Ao meu pai, em memória, que, mesmo não estando mais fisicamente ao meu lado, está presente em meu coração. A ele, que com ensinamentos e exemplos, moldou quem sou e me motivou a nunca desistir dos meus sonhos. Esta conquista é tanto minha quanto de vocês.

Dedico

AGRADECIMENTOS

Agradeço à Universidade Federal de Lavras – UFLA, ao Departamento de Biologia – DBI e ao Programa de Pós- Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas da UFLA – PPGGM/UFLA, pela estrutura oferecida e pela oportunidade de realização do Doutorado.

Agradeço à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) pela concessão da bolsa de estudos, que tornou possível a realização do Doutorado.

Agradeço imensamente à minha orientadora, Dr^a Elaine Aparecida de Souza, por sua orientação, paciência, sabedoria e apoio ao longo de toda esta jornada. Sua expertise e dedicação foram fundamentais para o desenvolvimento deste trabalho, e a confiança que depositou em mim foi um estímulo constante para seguir em frente.

Ao Dr. Ricardo Magela de Souza, pela sua coorientação e valiosa contribuição nos conhecimentos de bacteriologia. Sua disponibilidade e apoio foram essenciais para o desenvolvimento deste trabalho, especialmente ao aceitar que ele fosse realizado no laboratório de bacteriologia. Toda a parceria estabelecida entre nós foi fundamental para o sucesso deste projeto, e sou profundamente grato pela colaboração e pelos ensinamentos compartilhados ao longo dessa jornada.

Aos membros da banca examinadora, que gentilmente aceitaram participar deste momento tão significativo da minha trajetória acadêmica. Agradeço pela leitura atenta, pelas valiosas contribuições, sugestões e questionamentos que certamente enriqueceram este trabalho e ampliaram minha compreensão sobre o tema.

À Ana, por toda a ajuda nas práticas, pelos ensinamentos generosos e pela presença constante. Sua dedicação, paciência e parceria foram fundamentais ao longo desta jornada. É uma pessoa com quem sempre se pode contar, e sou grato por tê-la ao meu lado.

A todos os membros do laboratório de Genética Molecular e de Fitopatógenos, em especial ao Reberth, Rafael, Maria Luiza, Akemi, que contribuíram para a condução dos experimentos, desde a montagem inicial até as fases finais. O apoio e a dedicação de cada um foram essenciais para o sucesso deste trabalho. Muito obrigado pela colaboração e parceria ao longo de todo o processo.

Aos estudantes do Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, em especial ao grupo do feijão, que contribuíram na condução dos experimentos em campo.

Aos meus amigos Fernanda Castro, Danilo Alves, Reberth Renato e Cleilson Costa, pelas contribuições nas análises estatísticas e pelos ensinamentos valiosos sobre

experimentação em melhoramento de plantas e resistência a fitopatógenos. Sou grato pela paciência, apoio e dedicação de cada um ao longo dessa trajetória. O conhecimento compartilhado e a amizade de vocês foram essenciais para o sucesso deste trabalho.

Por fim, agradeço à minha família, aos meus amigos e a todos que, de alguma forma, contribuíram para a realização deste trabalho. Seja com apoio acadêmico, incentivo pessoal ou colaboração direta, cada contribuição foi fundamental para que este projeto fosse concluído com sucesso. Sou imensamente grato a todos que fizeram parte desta jornada e tornaram este momento possível.

“Das Wissen macht dich zum Adler - O conhecimento te faz águia”
(Ednilson Barros)

RESUMO GERAL

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma cultura de importância econômica e nutricional, especialmente em países em desenvolvimento. No Brasil, o cretamento bacteriano comum (CBC), causado por *Xanthomonas* spp., tem se tornado uma das principais doenças responsáveis pela redução da produtividade do feijão, podendo resultar em perdas de até 70%. Embora o controle químico e biológico sejam frequentemente utilizados, a resistência genética das cultivares se destaca como uma abordagem mais eficaz para o controle dessa doença. O artigo 1 da tese teve como objetivo identificar regiões genômicas associadas à resistência ao CBC em 107 linhagens feijão comum, fenotipadas nos estádios V3 (casa de vegetação) e R8 (campo), por meio de mapeamento por associação (GWAS). O delineamento experimental foi em blocos casualizados (DBC), com duas repetições, nas duas avaliações. Em casa de vegetação, as parcelas consistiram em três plantas, e no campo foram duas linhas de dois metros. A partir da genotipagem, foram identificados SNPs significativos nos cromossomos Pv1, Pv6 e Pv9, com genes candidatos associados a proteínas relacionadas à defesa, como quinases, citocromo P450 e proteínas com repetições ricas em leucina (LRR). Os resultados mostraram que 55,1% das linhagens apresentaram resistência em casa de vegetação e 29% em campo. Esses achados fornecem informações importantes para a seleção assistida por marcadores, contribuindo para o desenvolvimento de cultivares mais resistentes ao CBC. No artigo 2, o objetivo foi avaliar a virulência de 24 isolados de *Xanthomonas* spp. e a resposta de três cultivares de feijão com diferentes níveis de resistência ao CBC, em esquema fatorial 24x3. O delineamento experimental foi em DBC com a inoculação dos isolados por incisão com tesoura nas cultivares BRSMG Amuleto, BRS Pérola e BRSMG União. A avaliação da severidade da doença foi realizada aos 14 dias após a inoculação, por meio de escala diagramática de 1 a 9, sendo 1 resistente e 9, suscetível. Foi realizada a ANOVA fatorial simples e utilizou-se o modelo GGE Biplot para testar a interação entre isolados e cultivares. As médias foram agrupadas pelo teste de Scott-Knott (5% de probabilidade). Os resultados mostraram variação significativa na virulência dos isolados, com os isolados UFLA 05, UFLA 09 e UFLA 23 apresentando alta virulência e UFLA 06, UFLA 08 e UFLA 17 foram avirulentos. A BRS Pérola foi a mais suscetível ao CBC, enquanto BRSMG União e BRSMG Amuleto apresentaram resistência moderada. A caracterização da virulência dos isolados é essencial para a fenotipagem de linhagens de feijão comum em condições controladas, permitindo a identificação de genótipos resistentes para uso em programas de melhoramento genético focados na resistência ao CBC. Além disso, essa caracterização é fundamental para o desenvolvimento de práticas de manejo integradas e eficazes. Diante do exposto, a presente tese fornece uma visão abrangente sobre os desafios impostos pelo CBC e as estratégias para o seu controle, com destaque para a resistência genética das cultivares e reforça a importância de caracterizar geneticamente as linhagens e os patógenos no desenvolvimento de cultivares resistentes.

Palavras-chaves: marcadores SNPs; resistência genética; *Xanthomonas citri* pv. *fuscans*. *Xanthomonas phaseoli* pv. *phaseoli*.

ABSTRACT

Common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) is a crop of significant economic and nutritional importance, particularly in developing countries. In Brazil, common bacterial blight (CBB), caused by *Xanthomonas* spp., has emerged as one of the major diseases contributing to reduced bean productivity, with yield losses reaching up to 70%. Although chemical and biological control methods are commonly employed, genetic resistance in cultivars has proven to be a more effective strategy for disease management. Paper 1 of this thesis aimed to identify genomic regions associated with resistance to CBB in 107 common bean lines, phenotyped at the V3 stage (greenhouse) and R8 stage (field) through genome-wide association mapping (GWAS). The experimental design followed a randomized complete block design (RCBD) with two replications in both environments. In the greenhouse, plots consisted of three plants, whereas in the field, plots comprised two 2-meter rows. Genotyping revealed significant SNPs located on chromosomes Pv1, Pv6, and Pv9, with candidate genes associated with defense-related proteins, including kinases, cytochrome P450, and leucine-rich repeat (LRR) proteins. Results showed that 55.1% of the lines were resistant under greenhouse conditions, while 29% exhibited resistance in the field. These findings provide valuable insights for marker-assisted selection, contributing to the development of CBB-resistant cultivars. Paper 2 focused on evaluating the virulence of 24 *Xanthomonas* spp. isolates and the response of three common bean cultivars with differing levels of resistance to CBB in a 24×3 factorial scheme. The experiment followed an RCBD with isolates inoculated via scissor incision into cultivars BRSMG Amuleto, BRS Pérola, and BRSMG União. Disease severity was assessed 14 days post-inoculation using a 1-to-9 diagrammatic scale, where 1 represents resistance and 9 susceptibility. A simple factorial ANOVA was performed, and GGE Biplot analysis was used to examine the interaction between isolates and cultivars. Means were grouped using the Scott-Knott test at a 5% significance level. Results revealed significant variation in isolate virulence, with isolates UFLA 05, UFLA 09, and UFLA 23 showing high virulence, while UFLA 06, UFLA 08, and UFLA 17 were avirulent. BRS Pérola was the most susceptible cultivar, whereas BRSMG União and BRSMG Amuleto exhibited moderate resistance. Virulence characterization of *Xanthomonas* isolates is essential for accurate phenotyping of common bean lines under controlled conditions, facilitating the identification of resistant genotypes for use in breeding programs focused on CBB resistance. Furthermore, such characterization is critical for the development of integrated and effective disease management strategies. This thesis provides a comprehensive overview of the challenges posed by CBB and outlines strategies for its control, emphasizing the role of genetic resistance and the importance of characterizing both plant genotypes and pathogen isolates in development of resistant cultivars.

Keywords: SNP markers; genetic resistance; *Xanthomonas citri* pv. *fuscans*; *Xanthomonas phaseoli* pv. *phaseoli*.

INDICADORES DE IMPACTO

A presente pesquisa apresenta contribuições relevantes nos âmbitos científico, tecnológico, socioeconômico e ambiental, com potencial de impacto direto na produção agrícola e nos programas de melhoramento genético do feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.). A identificação de regiões genômicas associadas à resistência ao cretamento bacteriano comum (CBC) e a caracterização da virulência de isolados de *Xanthomonas* spp. reforçam a importância do uso integrado de ferramentas genômicas e fenotípicas integradas no enfrentamento de doenças bacterianas limitantes à produtividade agrícola.

Do ponto de vista científico, a tese contribui para o avanço do conhecimento sobre a genética da resistência de *P. vulgaris* L. ao CBC, fornecendo dados relevantes sobre a diversidade genética de linhagens e sobre genes candidatos potencialmente envolvidos na resposta de defesa. O uso da seleção genômica ampla (GWAS), GGE Biplot e análise de SNPs fortalece a base metodológica para futuros estudos de associação genômica em leguminosas. Em termos tecnológicos, os resultados apontam para a aplicação prática da seleção assistida por marcadores moleculares, possibilitando a incorporação mais precisa e eficiente de genes de resistência em programas de melhoramento. O mapeamento de QTLs e a definição de SNPs com efeito significativo sobre a resistência ao CBC oferecem alvos promissores para o desenvolvimento de cultivares resistentes.

No âmbito socioeconômico, destaca-se o potencial da pesquisa para a redução das perdas de produtividade causadas pelo CBC, promovendo maior estabilidade na produção e menor dependência de defensivos químicos, o que beneficia economicamente produtores, sobretudo os de base familiar.

Quanto ao impacto ambiental, o uso de cultivares resistentes pode reduzir o uso de agroquímicos, contribuindo para a preservação dos recursos naturais e a sustentabilidade dos sistemas agrícolas. A pesquisa alinha-se a diversos Objetivos de Desenvolvimento Sustentável (ODS) da ONU, especialmente o ODS 2 (Fome Zero e Agricultura Sustentável), ODS 12 (Consumo e Produção Responsáveis), ODS 13 (Ação contra a Mudança Global do Clima) e ODS 4 (Educação de Qualidade), ao fomentar a inovação, a sustentabilidade e a formação de recursos humanos qualificados em ciência e tecnologia para o setor agropecuário.

IMPACT INDICATORS

This research presents significant contributions across scientific, technological, socioeconomic, and environmental domains, with direct potential impacts on agricultural production and common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) breeding programs. The identification of genomic regions associated with resistance to common bacterial blight (CBB) and the characterization of *Xanthomonas* spp. virulence highlight the importance of integrating genomic and phenotypic tools to address bacterial diseases that constrain crop productivity.

From a scientific perspective, this thesis advances the understanding of genetic resistance in *P. vulgaris* to CBB by providing relevant insights into the genetic diversity of breeding lines and identifying candidate genes potentially involved in defense responses. The application of GWAS, GGE Biplot analysis, and SNP detection strengthens the methodological framework for future genomic association studies in legumes.

Technologically, the results support the practical application of marker-assisted selection, enabling more precise and efficient incorporation of resistance genes into breeding pipelines. The identification of QTLs and SNPs with significant effects on CBB resistance offers promising targets for the development of resistant cultivars.

On a socioeconomic level, this research has the potential to reduce yield losses caused by CBB, enhancing production stability and decreasing reliance on chemical inputs—an outcome that particularly benefits smallholder and family-based farming systems.

Environmentally, the use of resistant cultivars can lead to a reduced need for agrochemicals, thus contributing to the conservation of natural resources and promoting the sustainability of agricultural systems. This work aligns with several United Nations Sustainable Development Goals (SDGs), especially SDG 2 (Zero Hunger and Sustainable Agriculture), SDG 12 (Responsible Consumption and Production), SDG 13 (Climate Action), and SDG 4 (Quality Education), by fostering innovation, sustainability, and the development of skilled human resources in agricultural science and technology.

SUMÁRIO

	PRIMEIRA PARTE.....	16
1	INTRODUÇÃO.....	16
	SEGUNDA PARTE.....	22
	ARTIGO 1 – REGIÕES GENÔMICAS ASSOCIADAS A RESISTÊNCIA DE LINHAGENS DE FEIJÃO COMUM AO CRESTAMENTO BACTERIANO COMUM.....	23
1	INTRODUÇÃO.....	25
2	METODOLOGIA.....	27
2.1	Linhagens de feijoeiro na análise genômica da resistência ao CBC.....	27
2.2	Fenotipagem em casa de vegetação, no estágio fenológico V3.....	27
2.3	Fenotipagem em campo no estágio fenológico R8.....	28
2.4	Estimativa da coincidência entre as avaliações.....	28
2.5	Análises estatísticas dos dados fenotípicos.....	29
2.6	Genotipagem SNP usando o BARCBean6K_3 Illumina beadchip.....	29
2.7	Análises de associação genômica (GWAS).....	29
2.8	Identificação de genes candidatos.....	30
3	RESULTADOS.....	30
3.1	Resistência de linhagens de feijão comum ao CBC.....	30
3.2	Associação genômica de SNPS em feijão comum com resistência ao CBC.....	33
3.3	Identificação de genes candidatos à resistência ao crestamento bacteriano comum.....	34
4	DISCUSSÃO.....	37

5	CONCLUSÃO.....	43
	REFERÊNCIAS.....	44
	ARTIGO 2 – VIRULÊNCIA DE ISOLADOS DE <i>Xanthomonas</i> spp., AGENTES CAUSAIS DO CRESTAMENTO BACTERIANO COMUM EM <i>Phaseolus vulgaris</i> L.....	54
1	INTRODUÇÃO.....	56
2	METODOLOGIA.....	58
2.1	Obtenção dos isolados de <i>Xanthomonas</i> spp.....	58
2.2	Teste de patogenicidade.....	60
2.3	Virulência dos isolados de <i>Xanthomonas</i> spp. ao feijoeiro.....	60
2.4	Avaliação da severidade do crestamento bacteriano comum.....	61
2.5	Delineamento experimental e análises estatísticas.....	61
3	RESULTADOS.....	62
3.1	Reação das linhagens de feijão comum aos isolados de <i>Xanthomonas</i> spp.....	62
4	DISCUSSÃO.....	68
5	CONCLUSÃO.....	71
	REFERÊNCIAS.....	72
	TERCEIRA PARTE.....	81
3	CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	81
	REFERÊNCIAS.....	83
	ANEXOS.....	87

PRIMEIRA PARTE

1 INTRODUÇÃO

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma importante cultura no Brasil, sendo que seus grãos são ricos em proteínas, carboidratos, aminoácidos essenciais, vitaminas e minerais, que tornam o seu consumo essencial para suprir as necessidades da população (Broughton *et al.*, 2003; CONAB, 2018; De Ron *et al.*, 2016; Dursun; Dönmez; Sahin, 2002). O Brasil é o maior produtor e consumidor mundial de feijão comum (FAO, 2023). Com base no último levantamento, a produção chegou a 2,52 milhões de toneladas, com produtividade média de 1.676 kg/ha, em uma área de 1,50 milhões de hectares (EMBRAPA, 2024).

Pragas e doenças tem afetado a produção de feijão comum, reduzindo significativamente a produção da lavoura. Algumas doenças apresentam maior importância, dependendo das condições ambientais em cada região (Canale *et al.*, 2020). Uma das doenças que acomete o feijão é o crestamento bacteriano comum (CBC), causada por *Xanthomonas phaseoli* pv. *phaseoli* (Xpp) e *Xanthomonas citri* pv. *fuscans* (Xcf) (Constantin *et al.*, 2016), considerada a principal bacteriose dessa cultura no mundo (Singh; Schwartz, 2010; Silva *et al.* 2013). Temperaturas entre 28° e 30°C e alta umidade são condições ideais para os patógenos causarem a doença (Chen *et al.*, 2021; Constantin *et al.*, 2016; Silva Júnior *et al.*, 2022), levando a perdas de produtividade de até 70% (Constantin *et al.*, 2016; Silva Júnior *et al.*, 2022; Singh; Schwartz, 2010; Viteri; Singh, 2014; Wendland; Lobo Júnior; Faria, 2018).

As bactérias Xcf e Xpp são gram-negativas (Torres; Maringoni, 2018), baciliformes, móveis e aeróbicas, com metabolismo oxidativo e fermentativo (Abd-Alla *et al.*, 2010; Akhavan *et al.*, 2013; Bianchini; Maringoni; Carneiro, 2005; Harveson, 2009). Ambas possuem características morfofisiológicas e patogênicas semelhantes e causam os mesmos sintomas (Bianchini; Maringoni; Carneiro, 2005; Fourie, 2002; Wendland; Lobo Júnior; Faria, 2018). Entretanto, acredita-se que as respostas da Xcf na cultura podem ser mais drásticas, causando maiores danos (Fourie, 2002; Opio; Allen; Teri, 1993; Schaad *et al.*, 2006). Há relatos de que os isolados dessas cepas podem ser diferenciados pela pigmentação das colônias, cujo isolado Xcf forma colônias marrons (Fourie, 2002; Kassahun, 2008). Porém, essas variações podem ocorrer devido a diferenças no tempo de produção do pigmento em cada meio de cultura (Wendland; Lobo Júnior; Faria, 2018).

Nas lavouras, o CBC tem sido observado de forma recorrente, sendo a semente a principal fonte de inóculo (CONAB, 2018; Silva, *et al.*, 2013). A doença é relevante devido à ampla distribuição das cepas de Xpp e Xcf, à alta capacidade de transmissão via sementes e à rápida propagação foliar (Costa *et al.*, 2008; Miklas *et al.*, 2006; Singh; Schwartz, 2010). Além disso, a ocorrência do CBC tende a ser maior nas safras das águas, em razão das altas temperaturas e chuvas frequentes (Wendland; Lobo Júnior; Faria, 2018; Torres; Maringoni, 2018), época em que se pode observar a maior severidade da doença (IAC, 2007). Fatores como a idade da planta, o vigor e a resistência genética do hospedeiro, também influenciam diretamente o desenvolvimento e a disseminação do CBC no campo (Belete; Bastas, 2017).

Diante da ocorrência da doença em áreas produtivas, estratégias integradas de manejo tornam-se indispensáveis. Embora práticas como a rotação de culturas e o uso de sementes livres de patógenos contribuam para a redução da ocorrência do CBC, há uma demanda de materiais resistentes. A associação dessas práticas com o uso de genótipos geneticamente resistentes tem se mostrado, até o momento, a abordagem mais promissora e eficaz para o controle sustentável da CBC (Simons *et al.*, 2021).

A resistência ao CBC é conferida por genes de efeito maior e menor (Durham *et al.*, 2013; Miklas *et al.*, 2006; Singh; Schwartz, 2010; Zapata; Beaver; Porch, 2011), com herdabilidade variando entre baixa a alta (Singh; Schwartz, 2010). O número de genes que controlam esse caráter é variável e apresenta graus de expressão e interação diversos (Yu *et al.*, 2004; Zapata; Beaver; Porch, 2011). O advento da biologia molecular permitiu a identificação de locos de características quantitativas (QTLs - *quantitative traits locus*) no patossistema *P. vulgaris* – *Xanthomonas spp* (Alves *et al.*, 2024; Barbosa, *et al.*, 2022; Kelly *et al.*, 2003; Miklas, *et al.*, 2002; Monteiro *et al.*, 2020; Simons *et al.*, 2021; Singh; Miklas, 2015; Viteri *et al.*, 2014; Wendland; Lobo Júnior; Faria, 2018), que somados às técnicas de rotina fornece maiores suportes nos estudos de severidade da doença e virulência dos patógenos (Maringoni, 1998; Silva Júnior *et al.*, 2022).

Fontes de resistência ao CBC já foram identificadas em feijão comum (Alves *et al.*, 2024; Monteiro *et al.*, 2020; Simons *et al.*, 2021; Singh; Miklas, 2015). No entanto, a resistência expressa por um determinado genótipo depende da cepa ou da população bacteriana utilizada na avaliação da resistência. Até o momento, cinco (Alves *et al.*, 2024) e 13 (Barbosa *et al.*, 2022) genes candidatos associados à Xpp e nove (Monteiro *et al.* 2021) à Xcf foram propostos com base nos estudos de associação genômica ampla (GWAS do inglês Genome-Wide Association Study). Os marcadores SNPs (polimorfismos de nucleotídeo

único) foram localizados próximos ou dentro de genes que possam estar associados à resistência ao CBC (Alves *et al.*, 2024; Barbosa *et al.*, 2022; Monteiro *et al.*, 2021). Esses marcadores são importantes em trabalhos para seleção de genótipos com resistência ao CBC e para aumentar o nível de resistência ao patógeno (Fourie; Herselman, 2011; Miklas *et al.*, 2006; Monteiro *et al.*, 2021; Reinprecht *et al.*, 2024; Simons *et al.*, 2021), uma vez que, até o momento, não há uma grande oferta de cultivares resistentes ao CBC.

Diante do exposto, linhagens com resistência múltipla à Xpp e Xcf e os respectivos genes associados a essa resistência precisam ser investigados e identificados, permitindo seu uso em programas de melhoramento de feijão comum. Diante disso, os objetivos do trabalho foram: i) identificar regiões genômicas associadas à resistência ao CBC no feijoeiro nos estádios de desenvolvimento da planta (V3 e R8), por meio da inoculação do patógeno em casa de vegetação e da ocorrência natural em campo; e ii) investigar níveis de virulência de isolados de *Xanthomonas* spp. obtidos de plantas de feijão comum, com sintomas de CBC.

Este trabalho está dividido em dois capítulos principais. O primeiro capítulo aborda a identificação de regiões genômicas associadas à resistência ao CBC em linhagens de feijão, utilizando o mapeamento por associação (GWAS). A metodologia empregada incluiu o uso de um painel de 107 linhagens fenotipadas nos estádios V3 e R8, tanto em casa de vegetação quanto em campo. A análise genômica foi realizada com base em 3.270 SNPs, identificando regiões associadas à resistência e fornecendo alvos potenciais para a seleção assistida por marcadores. O segundo capítulo foca na avaliação da virulência de 24 isolados de *Xanthomonas* spp. em três cultivares de feijão, com diferentes níveis de resistência. A metodologia envolveu a inoculação das plantas com os isolados bacterianos, seguida de uma análise da severidade da doença aos 14 dias após a inoculação. A interação entre os isolados e as cultivares foi analisada utilizando o modelo GGE Biplot, e as respostas fenotípicas foram agrupadas com base no teste de Scott e Knott (1974).

O objetivo geral deste trabalho é contribuir para o entendimento das bases genéticas da resistência ao CBC, com o intuito de aprimorar os programas de melhoramento genético de feijão e promover práticas de manejo mais eficazes. A tese também oferece insights sobre a interação entre patógenos e hospedeiros, e como essas interações podem ser utilizadas para o desenvolvimento de cultivares mais resistentes. Além disso, a pesquisa propõe a aplicação de ferramentas moleculares, como o GWAS e a análise de virulência, como estratégias chave para o controle da doença.

SEGUNDA PARTE

Artigo 1 - Elaborado conforme a norma NBR 6022	
Título do artigo:	Regiões genômicas associadas a resistência de linhagens de feijão comum ao cretamento bacteriano comum
Autores:	Ednilson Barros Barroso Reberth Renato da Silva Vinicius Quintão Carneiro Ricardo Magela de Souza Elaine Aparecida de Souza

**ARTIGO 1 – REGIÕES GENÔMICAS ASSOCIADAS A RESISTÊNCIA DE
LINHAGENS DE FEIJÃO COMUM AO CRESTAMENTO BACTERIANO
COMUM**

**GENOMIC REGIONS ASSOCIATED WITH RESISTANCE OF COMOM BEAN
LINE TO COMMON BACTERIAL BLIGHT¹**

Ednilson Barros Barroso

<https://orcid.org/0000-0003-2137-5330>

Reberth Renato da Silva

<https://orcid.org/0000-0002-2594-8768>

Vinicius Quintão Carneiro

<https://orcid.org/0000-0001-9697-1423>

Ricardo Magela de Souza

<https://orcid.org/0000-0003-4667-3502>

Elaine Aparecida de Souza

<https://orcid.org/0000-0002-6463-9976>

Resumo: O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma cultura de grande importância socioeconômica e nutricional, especialmente em países em desenvolvimento. Entre os principais desafios para a produtividade desta cultura no Brasil está o crestamento bacteriano comum (CBC), causado por *Xanthomonas phaseoli* pv. *phaseoli* e *X. citri* pv. *fuscans*, que pode resultar em perdas de até 70%. Estratégias de manejo, como controle químico e biológico, têm sido utilizadas, mas a resistência genética se destaca como a abordagem mais eficaz. Neste sentido, este estudo objetivou identificar regiões genômicas associadas à resistência ao CBC em linhagens elites de feijão comum por meio de mapeamento por associação (GWAS). Foi utilizado um painel de 107 linhagens fenotipadas nos estádios V3 e R8 para a severidade do CBC em casa de vegetação e campo. O delineamento experimental foi em DBC em ambos os experimentos, sendo que em casa de vegetação foram utilizadas duas repetições e com parcelas de três plantas. Em campo, foram utilizadas duas repetições e as parcelas constituídas de duas linhas de dois metros. A partir dos resultados obtidos, 55,1% das linhagens foram resistentes em casa de vegetação e 29% foram moderadamente resistentes em campo. A partir da genotipagem com 3.270 SNPs, foram identificados SNPs significativos nos cromossomos Pv1, Pv6 e Pv9. Genes candidatos próximos aos SNPs foram associados a proteínas relacionadas à defesa, como quinases, citocromo P450 e proteínas com domínios com repetições ricas em leucina (LRR). As linhagens avaliadas apresentaram variabilidade genética significativa, sendo promissoras para programas de melhoramento

¹ Artigo científico apresentado à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas.

visando a resistência ao CBC. As associações genômicas identificadas fornecem alvos potenciais para a seleção assistida por marcadores, contribuindo para o desenvolvimento de cultivares mais resistentes ao CBC. Estudos futuros devem ser realizados para a validação dos marcadores identificados em diferentes populações e ambientes para garantir sua aplicabilidade em larga escala.

Palavras-chave: mapeamento associativo; resistência genética; *Phaseolus vulgaris* L.; *Xanthomonas citri* pv. *fuscans*; *Xanthomonas phaseoli* pv. *phaseoli*.

Abstract: The common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) is a crop of major socioeconomic and nutritional importance, especially in developing countries. Among the main challenges affecting its productivity in Brazil is common bacterial blight (CBB), caused by *Xanthomonas phaseoli* pv. *phaseoli* and *X. citri* pv. *fuscans*, which can lead to yield losses of up to 70%. Although management strategies such as chemical and biological control have been employed, genetic resistance remains the most effective approach. This study aimed to identify genomic regions associated with CBB resistance in elite common bean lines through genome-wide association mapping (GWAS). A panel of 107 lines was phenotyped for disease severity at the V3 and R8 growth stages under greenhouse and field conditions. The experiments were conducted in a randomized complete block design, with two replicates; plots consisted of three plants under greenhouse conditions and two rows with two meters in the field. Based on the results, 55.1% of the lines were classified as resistant under greenhouse conditions and 29% as moderately resistant in the field. Genotyping with 3,270 SNPs led to the identification of significant associations on chromosomes Pv1, Pv6, and Pv9. Candidate genes located near these SNPs were related to defense-associated proteins, such as kinases, cytochrome P450 enzymes, and leucine-rich repeat (LRR) domain proteins. The evaluated lines exhibited significant genetic variability, making them promising for breeding programs aimed at enhancing resistance to CBB. The genomic associations identified provide potential targets for marker-assisted selection, contributing to the development of cultivars with improved resistance. Future studies should focus on validating these markers across different populations and environments to ensure their broad applicability.

Keywords: genome-wide association mapping; genetic resistance; *Phaseolus vulgaris* L.; *Xanthomonas citri* pv. *fuscans*; *Xanthomonas phaseoli* pv. *phaseoli*.

1 INTRODUÇÃO

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma espécie anual de grande importância socioeconômica e nutricional, especialmente em países em desenvolvimento (Assefa *et al.*, 2019; Silva Júnior *et al.*, 2022). No Brasil, essa cultura é amplamente cultivada, devido à sua capacidade de adaptação a diversas condições edafoclimáticas, permitindo o plantio ao longo de todo o ano (De Mio, 2018; EMBRAPA, 2024; Myers; Kmiecik, 2017).

As doenças estão entre os principais fatores associados à baixa produtividade do feijão comum no Brasil (De Mio, 2018; Wendland *et al.*, 2016), resultando em perdas significativas (Silva Júnior *et al.*, 2022; Terefe *et al.*, 2024; Wendland *et al.*, 2016). O cretamento bacteriano comum (CBC), causado por *Xanthomonas phaseoli* pv. *phaseoli* (Xpp) e *Xanthomonas citri* pv. *fuscans* (Xcf) (Constantin *et al.*, 2016), é uma das principais doenças bacterianas (IAC, 2007; Foucher *et al.*, 2022; Silva Júnior *et al.*, 2022; Singh; Schwartz, 2010; Viteri; Singh, 2014), que se desenvolve em condições de alta temperatura e umidade (Belete; Bastas, 2017; Chen *et al.*, 2021; Constantin *et al.*, 2016; Rezende *et al.*, 2017; Silva Júnior *et al.*, 2022), causando perdas de produtividade de até 70% (Silva Júnior *et al.*, 2022; Wendland *et al.*, 2016; Wendland; Lobo Júnior; Faria, 2018). Os patógenos se destacam por serem transmitidos via sementes, persistência no solo e disseminação entre uma planta e outra (Miklas *et al.*, 2006; Singh; Schwartz, 2010), com maior ocorrência na safra das águas (Torres; Maringoni, 2018).

O uso de controle químico, como os ingredientes ativos sulfato ou hidróxido de cobre, ácido salicílico metílico (ASM), óxido cuproso (AGROFIT, 2024) e o fungicida piraclostrobina (Akköprü, 2020; Silva Júnior *et al.*, 2022) e biológicos, como *Rhizobium leguminosarum* pv. *phaseoli*, *Bacillus cereus*, *Pseudomonas veronii*, *P. fluorescens* e *Rhodococcus fascians* (Corrêa *et al.*, 2017; Osdaghi *et al.*, 2011), tem sido utilizado para amenizar a incidência e severidade do CBC no campo (Belete; Bastas, 2017; Terefe *et al.*, 2024). No entanto, o controle eficaz do CBC permanece desafiador, destacando a busca por linhagens/cultivares resistentes como uma das estratégias mais efetivas (Durham *et al.*, 2013; Reinprecht *et al.*, 2024), principalmente quando associada ao plantio de sementes livres de patógeno (Silva Júnior *et al.*, 2022; Torres; Maringoni, 2018).

A herança da resistência genética do feijão comum ao CBC tem sido relatada na literatura como quantitativa, sendo controlada por muitos genes, cujos efeitos podem variar dependendo das condições ambientais, da pressão da doença no campo, dos genótipos

utilizados e do estágio de desenvolvimento da planta (Durham *et al.*, 2013; Monteiro *et al.*, 2020; Singh; Miklas, 2015; Singh; Schwartz, 2010). Plantas resistentes no estágio fenológico V3, foram classificadas como suscetíveis no estágio R8 no trabalho realizado por Alladassi *et al.* (2018), evidenciando a expressão de genes de resistência ao CBC nos estádios iniciais e a não-expressão destes nos estádios finais de desenvolvimento. Além disso, cultivares consideradas resistentes em algumas regiões podem ser suscetíveis em outras, variando conforme a origem dos isolados patogênicos (Silva Júnior *et al.*, 2022). Algumas cultivares com diferentes níveis de resistência ao CBC foram lançadas no mercado (EMBRAPA, 2017; IAC, 2017; IAPAR, 2002; 2019). Contudo, o desenvolvimento de cultivares que sejam resistentes ao CBC e que se adaptem bem às condições brasileiras ainda representa um desafio significativo.

O estudo da genética da resistência a diferentes doenças do feijão comum tem se beneficiado significativamente de avanços na genômica, por meio do mapeamento por associação (GWAS, do inglês Genome-Wide Association Study) (Almeida *et al.*, 2021; Costa *et al.*, 2021; Shafi *et al.*, 2022; Zuiderveen *et al.*, 2016), incluindo ao CBC (Ambachew *et al.*, 2021; Barbosa *et al.*, 2022; Monteiro *et al.* 2021; Reinprecht *et al.*, 2024; Simons *et al.*, 2021).

O GWAS permite investigar associações entre variações genéticas em todo o genoma e fenótipos de interesse, como resistência a doenças, auxiliando as técnicas clássicas de melhoramento no desenvolvimento de cultivares, por meio de marcadores de alta densidade como SNP (Single Nucleotide Polymorphism) (Simons *et al.*, 2021).

Nas últimas décadas, locos de características quantitativas (QTLs) associados à resistência ao CBC em *P. vulgaris* L. têm sido identificados, com mais de 20 QTLs de efeito variado distribuídos em 11 grupos de ligação (Kelly *et al.*, 2003; Miklas *et al.*, 2006; Viteri *et al.*, 2014). Marcadores moleculares próximos a esses QTLs foram relatados, destacando-se pela associação com a resistência ao CBC (Alves *et al.*, 2024; Barbosa *et al.*, 2022; Miklas *et al.*, 2017; Monteiro *et al.*, 2021; Simons *et al.*, 2021). Esses marcadores foram utilizados em trabalhos para seleção de genótipos com resistência ao CBC e aumentaram o nível de resistência ao patógeno. No entanto, até o momento não há relatos de cultivares com resistência completa (Fourie; Herselman, 2011; Miklas *et al.*, 2006; Monteiro *et al.*, 2021; Reinprecht *et al.*, 2024; Simons *et al.*, 2021). Por essa razão, linhagens com resistência múltipla à Xpp e Xcf e os respectivos genes associados a essa

resistência precisam ser investigados e identificados, permitindo seu uso em programas de melhoramento de feijão comum.

Diante do exposto, este estudo tem como objetivo identificar regiões genômicas associadas à resistência ao CBC no feijoeiro nos estádios V3 (em casa de vegetação) e R8 (condições naturais de campo).

2 METODOLOGIA

2.1 Linhagens de feijoeiro na análise genômica da resistência ao CBC

Foram utilizadas 107 linhagens de feijão comum, provenientes do Banco de Germoplasma da Universidade Federal de Lavras (UFLA). Estas linhagens incluíram amostras de ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU), do programa de seleção recorrente para resistência à mancha angular, produtividade e porte da UFLA, além de linhagens de outras instituições de melhoramento genético do feijoeiro, como o Instituto de Desenvolvimento Rural do Paraná (IDR-Paraná), a Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA) e a Universidade Federal de Viçosa (UFV).

O painel é composto por linhagens de diferentes grupos comerciais: grãos do tipo carioca (70), preto (21), roxo (8), vermelho (3), rosinha (3), jalo (1) e rajado (1) (Tabela 1A, Anexo 1).

2.2 Fenotipagem em casa de vegetação, no estádio fenológico V3

O experimento foi realizado em delineamento de blocos casualizados (DBC), em casa de vegetação, com duas repetições e a parcela composta por um vaso contendo três plantas. No estádio fenológico V3, a inoculação foi realizada com suspensão bacteriana, produzida a partir do isolado UFLA 21 (Xcf), coletado a partir de folhas sintomáticas nos experimentos de feijão comum do Centro de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CDCT-UFLA).

Para obter a suspensão de esporos para a inoculação, colônias do isolado UFLA 21 foram cultivadas em meio sólido 523 (Kado; Heskett, 1970) a 28 °C por 48 horas. As células bacterianas foram ressuspensas em solução salina (0,85% de NaCl) esterilizada e a

concentração foi ajustada em espectrofotômetro para $OD_{540} = 0,5$ nanômetros que corresponde a 1×10^8 colony-forming units (CFU) mL^{-1} (Azevedo *et al.*, 2015).

A inoculação das plantas seguiu a técnica adaptada proposta por Zapata (2006), em que o lado direito do folíolo principal de um trifólio foi inoculado com a estirpe da bactéria, utilizando um objeto adaptado com três agulhas espaçadas. O lado esquerdo foi inoculado com água esterilizada, como controle. As plantas foram mantidas em uma câmara úmida por 24 horas antes e após a inoculação, e posteriormente na casa de vegetação, onde foram avaliados aos 28 dias após a inoculação.

A severidade da doença foi avaliada usando a escala diagramática desenvolvida por Zapata (2006), variando de 1 (resistente) a 10 (suscetível) (Zapata; Beaver; Porch, 2011). Plantas com notas médias de doença de 3 ou menos foram consideradas resistentes e superiores a 3, suscetíveis.

2.3 Fenotipagem em campo no estágio fenológico R8

As linhagens foram semeadas na safra das águas de 2022/23. O delineamento experimental foi em DBC, com duas repetições e parcelas constituídas de duas linhas de dois metros. A avaliação dos sintomas da doença, a partir da ocorrência natural do patógeno, ocorreu aos 82 dias após a semeadura (DAS), no estágio fenológico R8, usando uma escala de notas de 1 a 9 (Schoonhoven; Pastor-Corrales, 1987). Linhagens com notas médias até 3,0 foram consideradas resistentes, notas de 3,1 a 6,0 moderadamente resistentes e notas superiores a 6,0, suscetíveis. As cultivares BRSMG Amuleto (resistente) e BRSMG Madrepérola (suscetível) foram usadas como controles.

Dados de precipitação e temperatura durante todo o experimento foram coletados da Estação Climatológica Principal da UFLA, localizada em Lavras, Minas Gerais, a 21°14'S de latitude, 45°00'W de longitude e altitude de 918,84 metros (INMET, 2023).

2.4 Estimativa da coincidência entre as avaliações

A consistência da resistência ao crestamento bacteriano comum (CBC) entre diferentes experimentos e estádios de desenvolvimento das linhagens (V3 e R8) foi verificada utilizando um índice de similaridade. Este índice mede a porcentagem de

linhagens que mantiveram a classificação de resistência ou suscetibilidade nos diferentes experimentos. O índice de coincidência (IC) foi calculado da seguinte forma:

$$IC = \frac{\text{número de genótipos coincidentes}}{\text{número total de genótipos}} \times 100$$

onde "número de genótipos coincidentes" refere-se ao número de linhagens que exibiram uma certa reação de resistência ou suscetibilidade em ambos os estádios avaliados. Como as escalas possuem diferentes níveis de classificação, o cálculo de coincidência foi realizado considerando apenas os grupos de suscetíveis e resistentes. Nesse sentido, as linhagens com resistência moderada em condições de campo foram consideradas resistentes para estimar o índice de coincidência com as linhagens resistentes em casa de vegetação.

2.5 Análises estatísticas dos dados fenotípicos

A análise de variância (ANOVA) foi estimada utilizando o programa GENES (Cruz, 2013), adotando o seguinte modelo estatístico:

$$Y_{ij} = \mu + g_i + b_j + \varepsilon_{ij}$$

em que:

- ✓ Y_{ij} é o valor observado da variável resposta (nota de severidade) para a i-ésima linhagem no j-ésimo bloco;
- ✓ μ é a média geral;
- ✓ g_i é o efeito do i-ésimo genótipo (linhagem), considerado efeito fixo;
- ✓ b_j é o efeito do j-ésimo bloco (repetição), considerado efeito aleatório;
- ✓ ε_{ij} é o erro experimental associado à observação ij.

A normalidade dos resíduos da ANOVA foi verificada pelo teste de Shapiro-Wilk (Shapiro; Wilk, 1965). As notas médias de severidade das linhagens foram agrupadas pelo teste de Scott-Knott ($P \leq 0.05$) (Scott; Knott, 1974), utilizando o programa GENES (Cruz, 2013). Os experimentos foram analisados separadamente, considerando a diferença na amplitude de variação das escalas utilizadas.

2.6 Genotipagem SNP usando o BARCBean6K_3 Illumina beadchip

A genotipagem das linhagens foi realizada anteriormente, utilizando-se 5398 Polimorfismos de Nucleotídeos Únicos (SNPs) (Song *et al.*, 2015) no Illumina BeadChip BARCBEAN6K_3 e detalhes sobre a extração de DNA e demais procedimentos são descritos por Costa *et al.* (2021).

2.7 Análises de associação genômica (GWAS)

Dos 5.398 marcadores de SNPs inicialmente utilizados, a aplicação de critérios de seleção resultou na escolha de 3.270 marcadores polimórficos considerados adequados para a análise de Associação Genômica Ampla (GWAS). A análise foi conduzida utilizando o software R (R Core Team, versão 4.0.5). Para este estudo, foi empregado o modelo misto FarmCPU (*Fixed and random model Circulating Probability Unification*), conforme proposto por Liu *et al.* (2016).

O modelo FarmCPU integra dois tipos de modelos: o Modelo de Efeito Fixo (*Fixed Effect Model* – FEM), que captura os efeitos fixos, e o modelo de efeito aleatório (*Random Effect Model* – REM), que aborda os efeitos aleatórios. Esses modelos interagem de maneira iterativa para identificar associações significativas entre genótipo e fenótipo, sendo considerado uma extensão do método MLM (*Multi-Locus Mixed-Model*) proposto por Segura *et al.*, (2012). Os efeitos de natureza fixa e aleatória do modelo FarmCPU foram incorporados por meio do software GAPIT (Wang; Zhang, 2021).

Para controlar potenciais efeitos da estrutura populacional, foram empregadas técnicas de Análise de Componentes Principais (PCA) em conjunto com a matriz de parentesco. Com o intuito de visualizar os resultados e destacar regiões associadas, foram gerados gráficos de Manhattan utilizando o pacote qqman v0.1.2 (Turner, 2014).

2.8 Identificação de genes candidatos

Após a detecção de marcadores significativamente associados ($P < 0,05$) à reação de resistência ao CBC, foram realizadas buscas por genes candidatos associados aos SNPs significativos de acordo com a posição física dos SNPs. Os genes candidatos foram inferidos utilizando o Jbrowse Phytozome v13.0 (Goodstein *et al.*, 2012) e o genoma *Phaseolus vulgaris* v2.1 (Schmutz *et al.*, 2014), em ambos os estádios fenológicos (V3 e R8).

Uma região foi estabelecida considerando uma janela de 200 Kb centrada em cada SNP. A anotação funcional desses genes foi registrada, visando identificar sua função na determinação da resistência ao CBC.

3 RESULTADOS

3.1 Resistência de linhagens de feijão comum ao CBC

Diferenças significativas foram observadas na análise de variância ($P < 0,05$) entre os genótipos avaliados para a severidade do CBC nos experimentos em casa de vegetação com inoculação artificial do patógeno (estádio V3) e em condições naturais de campo (estádio R8). Os coeficientes de variação (CV) foram de 8,0% e 16,6%, em casa de vegetação e em campo, respectivamente. A herdabilidade no sentido amplo (h^2) foi estimada em 0,58 para o campo e 0,99 para a casa de vegetação (Tabela 1). Conforme dados meteorológicos, durante a safra realizada em campo, a área experimental registrou um volume total de precipitação de 926,8 mm. A umidade relativa do ar e a temperatura média, durante o período de avaliação, foi em torno de 77,06% e 22,8 °C, respectivamente. As temperaturas variaram de 17,9 a 28,4 °C.

Tabela 1 – Resumo da análise de variância para as notas de severidade do crestamento bacteriano comum (CBC) das linhagens de feijoeiro avaliadas em casa de vegetação com inoculação do isolado UFLA 21 (Xcf) e em campo.

Fonte de variação	GL ^a	Severidade do CBC	
		Casa de vegetação (V3)	Campo (R8)
Blocos	2 (1)	0,02	24,9
Genótipos	106	6,8*	3,3*
Erro	212 (106)	0,07	1,4
Média (LI – LS^b)		3,5 (1-10)	7,1(4-9)
CV (%)		8,0	16,6

Legenda: ^a Graus de liberdade entre parênteses referem-se ao experimento de campo; ^b LI: Limite inferior; LS: Limite superior; * Significativo a 5% pelo teste F.

Fonte: Próprio Autor (2025).

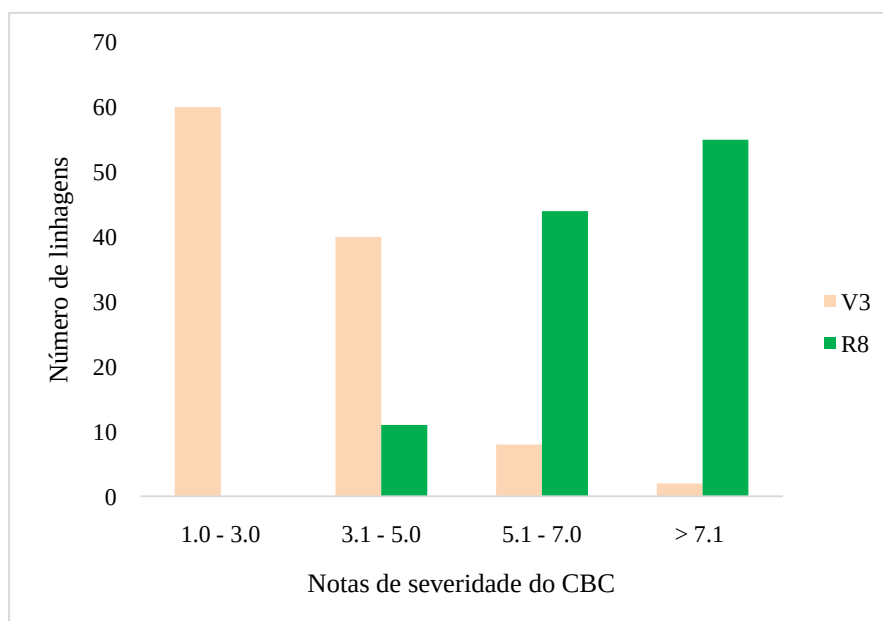
As notas médias de severidade variaram de 1 a 10 na casa de vegetação e de 4 a 9 no campo, e foram agrupadas em oito e dois grupos, respectivamente, pelo teste de Scott-Knott (Tabela 1A, Anexo 1). No estágio V3, as linhagens de feijão comum apresentaram

predominantemente notas de 1 a 3 (Figura 1), com uma proporção expressiva (55,1%) de linhagens classificadas como resistentes (Tabela 1A, Anexo 1). Em condições de campo, as notas mais frequentes foram entre 5,1 e 7 (Figura 1), com 29% das linhagens classificadas como moderadamente resistentes e 71% como suscetíveis (Tabela 1A, Anexo 1).

As cultivares testemunhas BRSMG Amuleto e BRSMG Madrepérola confirmaram a consistência dos resultados, com médias de severidade de 2 e 10 no estágio V3, e 4 e 9 no R8, respectivamente. Informações detalhadas sobre a severidade das linhagens estão disponíveis na Tabela 1A do Anexo 1.

A análise dos resultados dos estádios V3 e R8 revelou que 49,5% das linhagens apresentaram uma reação de resistência e suscetibilidade coincidente. As estimativas de coincidência entre resistentes no V3 e resistentes no R8, bem como suscetíveis no V3 e suscetíveis no R8 foram de 16,8% e 32,7%, respectivamente (Tabela 2). No total, os 18 genótipos que exibiram resistência nos estádios V3 e R8 podem ser explorados como fontes genéticas para resistência ao CBC durante o desenvolvimento de cultivares. O grupo carioca apresentou o maior número de linhagens resistentes e moderadamente resistentes (11 linhagens) nos estádios V3 e R8. Os grupos roxo, preto, jalo e vermelho apresentaram 3, 2 e 1 linhagem com resistência em ambos os estádios (Tabela 2).

Figura 1 – Distribuição de frequência das notas de severidade do crestamento bacteriano comum (CBC) das linhagens avaliado nos estádios V3 e R8.



Fonte: Próprio Autor (2025).

Tabela 2 – Reação das linhagens de feijão comum ao crestamento bacteriano comum (CBC), avaliadas sob condições de casa de vegetação (estádio V3) e em condições naturais de campo (estádio R8).

Tipos de grãos	Resistência ao CBC				Total
	R/R	R/S	S/R	S/S	
Carioca	11	27	9	23	70
Preto	2	9	3	7	21
Roxo	3	2	1	2	8
Vermelho	1	1	0	1	3
Rosinha	0	1	0	2	3
Jalo	1	0	0	0	1
Rajado	0	1	0	0	1
Total	18	41	13	35	107

Legenda: R/R, resistente (V3) e resistente (R8); R/S, resistente (V3) e suscetível (R8); S/R, suscetível (V3) e resistente (R8); S/S, suscetível (V3) e suscetível (R8).

Fonte: Próprio Autor (2025).

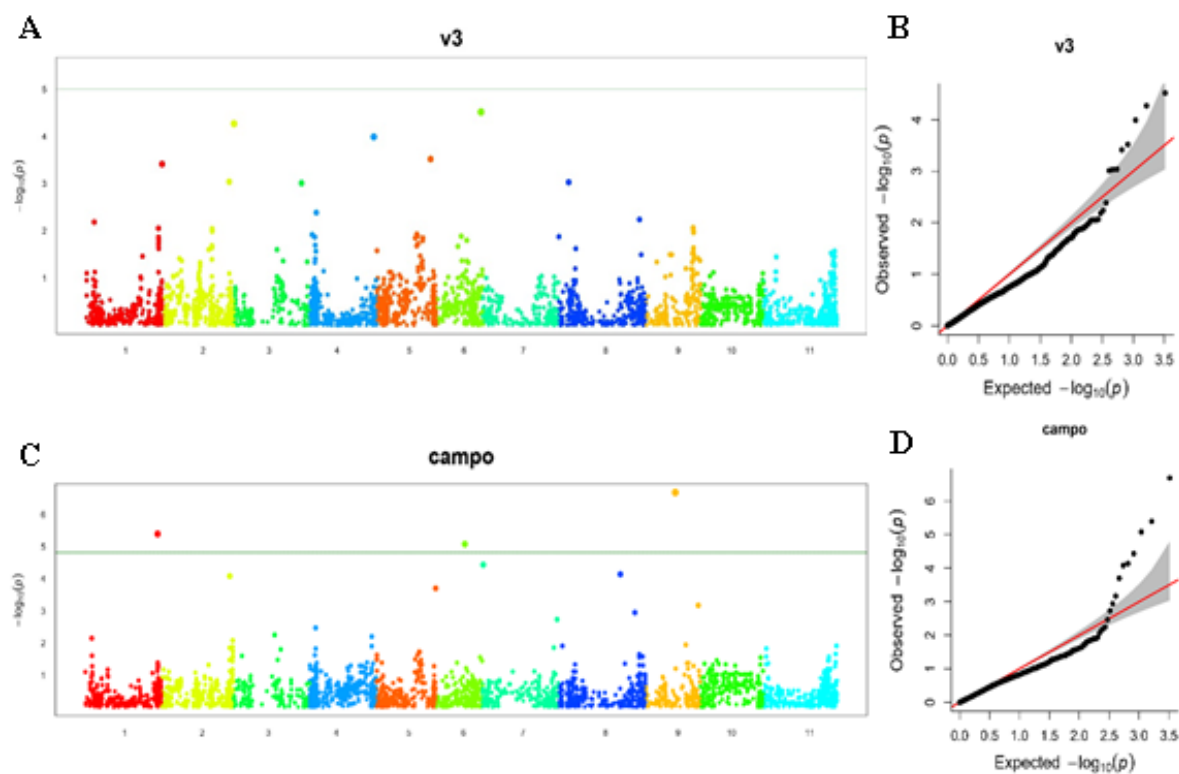
3.2 Associação genômica de SNPs em feijão comum com resistência ao CBC

Do total de marcadores SNPs inicialmente utilizados, 3.270 marcadores polimórficos foram considerados adequados para a análise GWAS. Os resultados das análises foram visualizados por meio dos Manhattan Plot e QQ Plot (Figura 2).

No estágio V3, não foram encontrados SNPs que excedessem a linha de significância "threshold", sugerindo que, neste estágio específico, não foram detectadas altas associações genômicas com a resistência ao crestamento bacteriano comum. No entanto, um SNP no cromossomo Pv6 obteve um p-valor de 3.04E-05, com efeito negativo de 0,57, indicando que ele esteja associado à redução da severidade da doença, explicando 24% da variação fenotípica (Tabela 3).

No estágio R8, três SNPs mostraram associação significativa à resistência ao CBC (p-valor < 0,01), especificamente nos cromossomos Pv1, Pv6 e Pv9, que explicaram 29%, 15% e 31% da variação fenotípica, respectivamente (Tabela 3).

Figura 2 – Manhattan plots e seus respectivos QQ plots da resistência de plantas ao crestamento bacteriano nos estádios V3 (A e B) e R8 (C e D) em um conjunto de linhagens de feijoeiro com 3270 SNPs.



Fonte: Próprio Autor (2025).

No estágio V3, não foram encontrados SNPs que excedessem a linha de significância "threshold", sugerindo que, neste estágio específico, não foram detectadas altas associações genômicas com a resistência ao crestamento bacteriano comum. No entanto, um SNP no cromossomo Pv6 obteve um p-valor de 3.04×10^{-5} , com efeito negativo de 0,57, indicando que ele esteja associado à redução da severidade da doença, explicando 24% da variação fenotípica (Tabela 3).

No estágio R8, três SNPs mostraram associação significativa à resistência ao CBC (p-valor $< 0,01$), especificamente nos cromossomos Pv1, Pv6 e Pv9, que explicaram 29%, 15% e 31% da variação fenotípica, respectivamente (Tabela 3).

Tabela 3 – Marcadores SNPs (V1.0 assembly), obtidos de Associação Genômica (GWAS), usando um conjunto de linhagens de feijão comum da UFLA, avaliados fenotipicamente para o cretamento bacteriano comum em casa de vegetação e em campo.

Estádio	Casa de vegetação						
	SNP	Alelo	Chr. ¹	P.F (bp) ²	p-value	Efeito	R ²
V3	ss715645206	T	Pv06	30547788	3.04E-05	-0,57	0,24
Campo							
R8	ss715645861	C	Pv01	49546017	3.99816E-06	0,65	0,29
	ss715639789	T	Pv06	19794888	8.25673E-06	-0,43	0,15
	ss715648787	A	Pv09	20309120	2.03345E-07	-0,68	0,31

Legenda: ¹ Cromossomo; ² Posição física em pares de base (pb).

Fonte: Próprio Autor (2025).

3.3 Identificação de genes candidatos à resistência ao cretamento bacteriano comum

A análise de associação genômica ampla (GWAS) realizada neste estudo identificou SNPs associados à resistência ao CBC em três cromossomos de *P. vulgaris* L.. No estádio V3, o SNP (ss715645206) foi encontrado associado com a região Pv06:2.97Mb, dentro do gene Phvul.006G201100, que codifica uma proteína flavonol 3-O-glucosiltransferase. O marcador estava próximo a outros seis genes: localizado a 1.908 kb *upstream* do gene Phvul.006G201000 e 12.654 kb, 20.664 kb, 24.259 kb, 84.535 kb e 94.666 kb *downstream* dos genes Phvul.006G200800, Phvul.006G200600, Phvul.006G200500, Phvul.006G202200 e Phvul.006G202300, respectivamente (Tabela 4).

No estádio R8, os SNPs ss715645861, ss715639789 e ss715648787 foram associados às regiões Pv01:4.88Mb, Pv06:1.91Mb e Pv09:2.03MB, respectivamente. A região Pv01:4.88Mb estava próxima a cinco genes candidatos: localizada a 2.477 kb, 10.17 kb e 22.99 kb *downstream* dos genes Phvul.001G234600, Phvul.001G234700 e Phvul.001G235000, respectivamente. No Pv06:1.91Mb a região foi encontrada próxima a oito genes (ver Tabela 4) todos relacionados a proteínas associadas a mecanismos de defesa da planta a doenças, incluindo proteínas com domínio quinase, cytochrome P450, e proteínas com repetições ricas em leucina (LRR). A região Pv09:2.03Mb estava próxima a quatro genes candidatos: a 10.93 kb, 42.87 kb e 160.88 kb *downstream* dos genes Phvul.009G138300, Phvul.009G137900 e Phvul.009G139100, respectivamente (Tabela 4).

Tabela 4 – Anotações dos genes identificados baseados na posição física dos SNPs identificados nos estádios V3 e R8 do feijoeiro da análise de associação genômica (GWAS).

(Continua)

Exp	SNP	P. F (pb)	Chr.	Gene	Distância (kb)	Anotação do gene e função prevista com base no domínio da proteína
V3	ss715645206	29765082	Pv06	Phvul.006G201100	dentro	Flavonol 3-O-glicosiltransferase
		29765082	Pv06	Phvul.006G200500	-24.259	Protein kinase domain, Tyrosine-protein kinase
		29765082	Pv06	Phvul.006G201000	+1.908	Pentatricopeptide repeat domain/PPR repeat family
		29765082	Pv06	Phvul.006G200800	-12.654	Legume lectin domain, Protein kinase domain, Tyrosine-protein kinase
		29765082	Pv06	Phvul.006G200600	-20.664	NAD(P)-binding domain
		29765082	Pv06	Phvul.006G202200	-84.535	MADS box protein, SRF-type transcription factor
		29765082	Pv06	Phvul.006G202300	-94.666	MADS box protein, SRF-type transcription factor
R8	ss715645861	48831978	Pv01	Phvul.001G234600	-2.477	Proteína nuclear localizada com motivo AT-hook
		48831978	Pv01	Phvul.001G234200	+20.00	Legume lectin domain, Protein kinase domain, Tyrosine-protein kinase
		48831978	Pv01	Phvul.001G234700	-10.17	NAD(P)-binding domain
		48831978	Pv01	Phvul.001G235000	-22.99	C2H2-type zinc finger
		48831978	Pv01	Phvul.001G233700	+47.05	Ring zinc finger protein
	ss715639789	19111554	Pv06	Phvul.006G078600	-68.15	Cytochrome P450
		19111554	Pv06	Phvul.006G079200	-3.61	Cytochrome P450
		19111554	Pv06	Phvul.006G079300	-13.74	Zinc finger, CW-type
		19111554	Pv06	Phvul.006G079100	-16.82	Cytochrome P450
		19111554	Pv06	Phvul.006G078800	-53.34	Cytochrome P450
		19111554	Pv06	Phvul.006G078500	+78.44	Basic-leucine zipper domain
		19111554	Pv06	Phvul.006G079600	+50.10	Thioredoxin-like superfamily
		19111554	Pv06	Phvul.006G080200	-98.03	Protein kinase domain, Leucine rich repeat N-terminal domain, Leucine-rich repeat, Tyrosine-protein kinase

Tabela 4 – Anotações dos genes identificados baseados na posição física dos SNPs identificados nos estádios V3 e R8 do feijoeiro da análise de associação genômica (GWAS).

(Conclusão)

Exp	SNP	P. F (pb)	Chr.	Gene	Distância (kb)	Anotação do gene e função prevista com base no domínio da proteína
R8	ss715639789	20848863	Pv09	Phvul.009G137900	-42.87	AP2/ERF domain
		20848863	Pv09	Phvul.009G139100	-160.88	ABC transporter-like
		48831978	Pv01	Phvul.001G234600	-2.477	Proteína nuclear localizada com motivo AT-hook
		48831978	Pv01	Phvul.001G234200	+20.00	Legume lectin domain, Protein kinase domain, Tyrosine-protein kinase
		48831978	Pv01	Phvul.001G234700	-10.17	NAD(P)-binding domain
		48831978	Pv01	Phvul.001G235000	-22.99	C2H2-type zinc finger
		48831978	Pv01	Phvul.001G233700	+47.05	Ring zinc finger protein
		19111554	Pv06	Phvul.006G078600	-68.15	Cytochrome P450
		19111554	Pv06	Phvul.006G079200	-3.61	Cytochrome P450
		19111554	Pv06	Phvul.006G079300	-13.74	Zinc finger, CW-type
		19111554	Pv06	Phvul.006G079100	-16.82	Cytochrome P450
		19111554	Pv06	Phvul.006G078800	-53.34	Cytochrome P450
		19111554	Pv06	Phvul.006G078500	+78.44	Basic-leucine zíper domain
		19111554	Pv06	Phvul.006G079600	+50.10	Thioredoxin-like superfamily
		19111554	Pv06	Phvul.006G080200	-98.03	Protein kinase domain, Leucine rich repeat N-terminal domain, Leucine-rich repeat, Tyrosine-protein kinase
		20848863	Pv09	Phvul.009G138300	-10.93	Protein kinase domain / Tyrosine-protein kinase
		20848863	Pv09	Phvul.009G138532	+60.01	Protein kinase domain, Tyrosine-protein kinase/Serine-threonine/tyrosine-protein kinase catalytic domain
		20848863	Pv09	Phvul.009G137900	-42.87	AP2/ERF domain
		20848863	Pv09	Phvul.009G139100	-160.88	ABC transporter-like

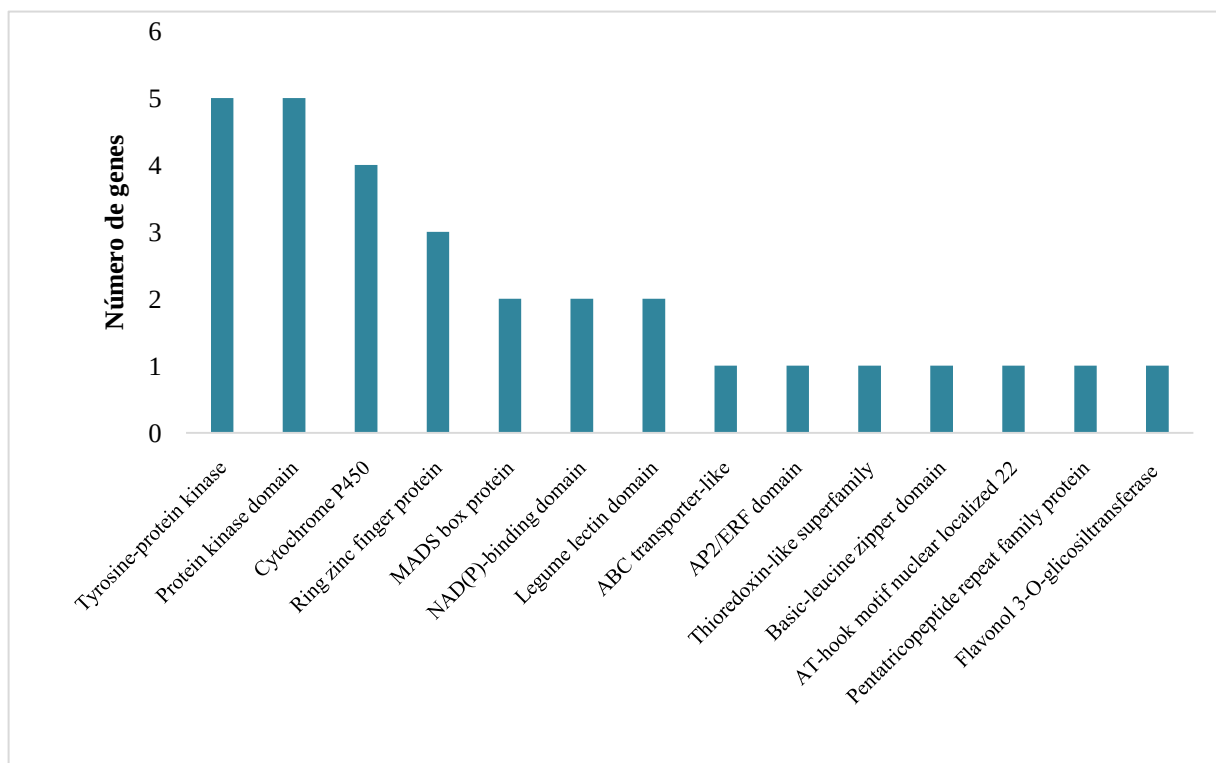
Legenda: ^aEstádios fenológicos; ^bPosição Física do SNP em pares de base (bp); ^cCromossomo; ^dDistância (kb) do SNP em relação ao gene mais próximo; “dentro” indica que está dentro da sequência do gene candidato; “+” indica que está “upstream” em relação ao gene; “-” indica que está “downstream” em relação ao gene.

Fonte: Próprio Autor (2025).

A maioria dos genes candidatos identificados codificam proteínas como Tyrosine-protein kinase e protein kinase domain (Phvul.006G200500, Phvul.001G234200, Phvul.006G080200, Phvul.009G138300, Phvul.009G138532), proteínas citocromo P450

(Phvul.006G078600, Phvul.006G079200, Phvul.006G079300, Phvul.006G079100 e Phvul.006G078800) e ring zing finger protein (Phvul.001G235000, Phvul.001G233700 e Phvul.006G079300) (Figura 3).

Figura 3 – Distribuição do número de genes candidatos identificados próximos aos SNPs significativos, que codificam diferentes proteínas que podem estar associadas a características de resistência a doenças.



Fonte: Próprio Autor (2025).

4 DISCUSSÃO

O painel de diversidade de feijão comum utilizado neste estudo destaca a variabilidade de genótipos de diferentes tipos de grãos obtidos nos programas de melhoramento no Brasil, incluindo linhagens do banco ativo de germoplasma da UFLA e de linhagens/cultivares de feijão comum da EMBRAPA, IDR-Paraná e UFV. Além disso, inclui materiais com fontes de resistência às principais doenças, conforme avaliações anteriores avaliados em diferentes ambientes e estádios de desenvolvimento (Costa *et al.*, 2021; Oliveira *et al.*, 2015; Pádua *et al.*, 2022; Pereira *et al.*, 2018; Pereira *et al.*, 2019).

A presença de diversidade genética é fundamental para os estudos de mapeamento associativo (GWAS), permitindo a identificação de regiões associadas a genes de resistência a doenças de *P. vulgaris* L., como por exemplo o CBC, e a diferentes características agronômicas. Simons *et al.* (2021) utilizaram uma população de melhoramento de 852 cultivares e linhagens iniciais e avançadas do programa de melhoramento de feijão da Universidade Estadual de Dakota do Norte. Os autores identificaram oito QTLs associadas à resistência ao CBC (seis já descritos e dois novos), utilizando mais de 30.000 SNPs e 40.000 SNPs dos pools gênicos andino e mesoamericanos, respectivamente. Em outro estudo, conduzido por Shi *et al.* (2011), um painel de 469 cultivares/linhagens preliminares e avançadas, com 75 SNPs, confirmou 15 QTLs previamente descritos e oito novos QTLs foram identificados. Essas evidências confirmam que populações de melhoramento podem ser usadas para identificação de regiões genômicas por meio do GWAS.

De acordo com os resultados obtidos na fenotipagem, 55,1% das linhagens foram resistentes ao CBC em casa de vegetação e 29% apresentaram uma certa resistência em campo. Apenas 17% das linhagens foram resistentes em ambos os estádios, sugerindo seu potencial como fontes de resistência para o desenvolvimento de cultivares resistentes ao CBC. Resultados similares foram relatados por Simons *et al.* (2021), que identificaram resistência ao CBC em mais de 40% dos genótipos avaliados nos estádios V2 e V3, com 18% das linhagens resistentes em ambos os estádios.

As variações observadas entre estádios e ambientes estão de acordo com os relatados na literatura (Alladassi *et al.* 2018; Almeida *et al.* 2021; Pereira *et al.* 2019). Além disso, estas variações podem estar relacionadas à expressão diferenciada de genes que conferem resistência ao CBC em diferentes estádios de desenvolvimento da planta. A avaliação das linhagens em condições ambientais distintas também pode explicar essa expressão diferenciada, uma vez que em casa de vegetação é possível controlar temperatura e umidade, ao contrário do campo, onde as plantas são expostas a condições mais imprevisíveis.

No experimento de campo, as condições climáticas foram atípicas em comparação aos anos anteriores, favorecendo não apenas o CBC, mas também a ocorrência de doenças fúngicas como antracnose, mofo branco e a mancha angular. A alta pluviosidade foi o principal fator responsável por esse aumento, sendo observada umidade relativa média do ar de 77,06% e temperatura de 22,8 °C (INMET, 2023). Fatores ambientais podem influenciar a regulação da expressão gênica do feijão comum por mecanismos epigenéticos (Almeida *et al.*

2021), que estão associados a fatores como patógenos, estresses abióticos e o estágio de desenvolvimento da planta.

No presente estudo, a maioria das linhagens avaliadas são do tipo carioca (63%) (Tabela 2). Essa informação é importante, uma vez que linhagens/cultivares de grãos carioca constituem o principal grupo, por ser um dos grupos mais cultivados em larga escala. Programas de melhoramento de feijão comum que visam a resistência ao CBC e para múltiplas doenças, podem utilizar essas informações para iniciar um programa de melhoramento e/ou introduzir esses materiais em programas de melhoramento já existentes por meio da piramidação de genes de resistência a diferentes doenças.

Adicionalmente, as linhagens identificadas, embora com resistência intermediária, podem ser utilizadas para iniciar um programa de seleção recorrente com a finalidade de acumular alelos de resistência ao CBC a cada ciclo de seleção e recombinação (Duncan; Singh; Gilbertson, 2007; Melo *et al.*, 2019; Silva *et al.*, 2015), que permite o acúmulo dos alelos de resistência a cada ciclo seleção e recombinação. Além disso, o presente resultado evidencia que é importante realizar GWAS com um maior número de genótipos de feijão comum do tipo carioca bem como das demais classes, como os de grãos preto, a fim de obter mais informações sobre esses grupos quanto a resistência ao CBC.

Estudos recentes têm utilizado o GWAS visando buscar regiões associadas à resistência do feijão comum ao CBC (Alves *et al.*, 2024; Barbosa *et al.*, 2022; Fukuji *et al.*, 2024; Monteiro *et al.*, 2021; Simons *et al.*, 2021). No presente estudo, os mais de 3.000 SNPs utilizados permitiram a identificação dos SNPs promissores. Os quatro SNPs encontrados foram localizados dentro ou próximos de genes candidatos relacionados a famílias de proteínas envolvidas na resposta de defesa das plantas a patógenos. Esses genes estão distribuídos nos cromossomos Pv06, em ambos os estádios, e Pv01 e Pv09 no estádio R8. Estudo realizados por Monteiro *et al.* (2021) relataram a presença de SNPs nesses três cromossomos, dentro de genes relacionados com proteínas como plastid-lipid associated protein (PAP fibrillin) (Pv01), glutamina synthetase (Pv06) e pentatricopeptide repeat Family protein (Pv09). Outros diferentes genes candidatos associados a SNPs próximos aos cromossomos Pv01 e Pv09 foram recentemente identificados (Alves *et al.*, 2024; Fukuji *et al.*, 2024).

Em estudos de GWAS, o tamanho da janela de variação ao redor de SNPs significativos varia conforme o desequilíbrio de ligação (LD) e o fenótipo em análise. Para resistência a doenças em feijão comum, Galeano *et al.* (2012) e Barbosa *et al.* (2022) usaram

100 Kb, enquanto Zuiderveen *et al.* (2016) adotaram 500 Kb para resistência ao oídio. Moghaddam *et al.* (2016) utilizaram 250 Kb para características agronômicas. Inclusive, em populações com LD mais extenso, janelas de até 1 Mb podem ser usadas, ampliando a detecção de genes associados à característica estudada. Neste estudo, a magnitude do LD foi alta, provavelmente devido à autogamia, característica do feijão comum (Perseguini *et al.*, 2016) e ao fato de algumas linhagens serem oriundas de programas de seleção recorrente, com alto grau de parentesco e que demanda frequentes eventos recombinação entre as linhagens, resultando em uma lenta decaída do LD (Costa *et al.*, 2021; Liu *et al.*, 2022; Perseguini *et al.*, 2016). Para este estudo, foi definida uma janela de 200 kb para a busca dos genes candidatos.

Os genes candidatos encontrados próximos à região física dos SNPs codificam proteínas que estão associados à resistência ao CBC e a outras doenças (Abd-El-Haliem; Joosten, 2017; Almeida *et al.*, 2021; Jun *et al.*, 2015; Miranda, 2023; Monteiro *et al.*, 2021; Pádua *et al.*, 2022; Shafi *et al.*, 2022; Simons *et al.*, 2021). A maioria dos genes identificados codificam proteínas como tirosina-proteína quinase, domínio de proteína quinase, citocromo P450 e proteína dedo de zinco. Além dessas, outros genes foram identificados associados a proteínas com LRR, domínio de tiorredoxina, ABC transporter-like, sendo relatados por Shafi *et al.* (2022) como genes importantes associados à resistência do feijão comum contra a antracnose.

No estágio V3, o GWAS não revelou nenhuma associação estatisticamente significativa, conforme relatado anteriormente. No entanto, foi realizada a busca de possíveis genes candidatos próximos ao SNP ss715645206 (P-valor = 3.04E-05), localizado próximo da linha de significância ("threshold"). Monteiro *et al.* (2021) usou procedimento semelhante, buscando por genes próximos à SNPs não significativos. Eles analisaram SNPs com valores de $-\log_{10}(p)$ iguais ou superiores a 0,9 e identificaram genes relacionados à defesa das plantas. Neste estudo, foram encontrados genes com funções biológicas semelhantes: serine/threonine-protein kinase (R8, Phvul.009G138532), pentatricopeptide repeat family protein (V3, Phvul.006G201000), MADS box protein (V3, Phvul.006G202200 e Phvul.006G202300), Legume lectin domain (V3, Phvul.006G200800; R8, Phvul.001G234200) e protein tyrosine kinase (V3, Phvul.006G200500, Phvul.006G200800, Phvul.006G080200; R8, Phvul.001G234200, Phvul.006G080200, Phvul.009G138300, Phvul.009G138532).

Esses genes possuem diversas anotações funcionais e estão envolvidos em diferentes processos moleculares. As funções que podem desempenhar na expressão da resistência ao

CBC precisam ser exploradas em estudos futuros. A maioria dos genes putativos encontrados neste estudo (Figura 3) codificam proteínas pertencente ao grupo das quinases. Essas proteínas compartilham funções relacionadas à fosforilação de proteínas, diferenciando-se pelos aminoácidos específicos (tirosina, serina ou treonina). As quinases desempenham um papel central na resistência das plantas a patógenos, e participa da sinalização durante o reconhecimento de patógenos e na subsequente ativação dos mecanismos de defesa das plantas (Romeis, 2001; Yang *et al.*, 2020). Diferentes famílias de proteínas quinases atuam em diversos níveis celulares, incluindo o reconhecimento de elicitores, a transdução de sinais e a indução de ativação transcricional (Sessa; Martin, 2000). Elas são os principais receptores de reconhecimento de padrões da membrana plasmática, desencadeando respostas a padrões moleculares associados a microrganismos, fornecendo a primeira linha de defesa induzível (Boller; Felix, 2009; Tena *et al.*, 2011). Neste estudo, os SNPs identificados, tanto no estádio V3 quanto no R8, foram localizados próximos a regiões que codificam proteínas com domínio quinase e tirosina-proteína quinase. Na região Pv09:2.08 Mb do SNP ss715648787, foi localizado o gene Phvul.009G138532, que codifica uma serina-treonina quinase. Estes resultados reforçam o papel das quinases na resposta de defesa das plantas à patógenos, destacando seu potencial como alvos para o melhoramento genético visando à resistência a doenças.

No estudo realizado por Simons *et al.* (2021), a principal região associada a resistência ao CBC foi relatada no cromossomo Pv10, contendo um cluster de ortólogos para o mesmo gene, e demais regiões estavam associadas a proteínas contendo domínio NB-ARC, proteína fosfolipase C específica para fosfatidilinositol, proteínas relacionadas à fosfatase de piridoxal fosfato, receptores de quinases tipo LRR e proteínas citocromo P450. Os genes que codificam proteínas receptoras de quinases tipo LRR são alguns dos mais importantes genes de resistência a doenças em plantas (Ng *et al.*, 2011; Wu *et al.*, 2017). O domínio LRR, é conservado evolutivamente e está presente em muitas proteínas associadas à imunidade inata em plantas (Ng *et al.*, 2011). Neste estudo, o SNP (ss715639789), encontrado próximo à região Pv06:1.91 Mb, está localizado a 50.1 kb *upstream* ao gene Phvul.006G080200 que codifica uma proteína LRR.

Outra proteína importante relatada acima é a citocromo P450. Enzimas citocromo P450 em plantas estão envolvidos na via biossintética de fitoalexinas, que são substâncias químicas sintetizadas pelas plantas para combater patógenos (Durst; Benveniste, 1993). Portanto, essas informações indicam que os genes que codificam citocromo P450

desempenham um papel crucial na defesa dos organismos, sintetizando moléculas de defesa nas plantas. Os genes Phvul.006G078600, Phvul.006G079200, Phvul.006G079300, Phvul.006G079100 e Phvul.006G078800 identificados neste estudo próximos à região do SNP (ss715639789), estão intimamente relacionados às proteínas citocromo P450, sugerindo suas possíveis implicações na resistência a doença do CBC. Além dessas duas proteínas, o SNP (ss715639789) está próximo a genes que codificam proteínas de dedo de zinco (*Phvul.006G079300*), proteína com domínios quinase (*Phvul.006G080200*) e proteínas da superfamília do tipo tioredoxina. Esta última foi relatada por Shafi *et al.* (2022) como uma das proteínas relacionadas à imunidade de plantas de feijão comum ao *Colletotrichum lindemuthianum*, agente causal da antracnose. Costa *et al.* (2021) também relatou a presença das proteínas citocromo P450 e com domínio quinases envolvidas na resistência a diferentes isolados da raça 65 de antracnose, localizadas em genes no Pv04.

Dos 4 SNPs encontrados na análise de GWAS, o SNP ss715645861, conforme mapeado por Hagerty (2013), no grupo de ligação 1.3 na posição 2.8 cM, estava localizado próximo a proteínas associadas com a resistência à podridão radicular em feijão-comum. Os demais SNPs não foram relatados na literatura, sugerindo a presença de três novos marcadores SNPs associados com a resistência ao CBC.

A identificação de SNPs significativos e genes candidatos podem ser úteis para programas de melhoramento de feijão comum. Esses marcadores podem ser utilizados na seleção assistida para desenvolver cultivares de feijão comum com resistência ao CBC. Contudo, a validação desses marcadores em diferentes populações e ambientes será uma etapa importante para garantir sua eficácia e aplicabilidade em larga escala. Alguns estudos já identificaram importantes genes candidatos associados à resistência ao CBC distribuídos em diferentes grupos de ligação e codificando proteínas relacionadas a mecanismos de defesa (Tabela 2A, Anexo 1). Até o momento, foram propostos cinco genes candidatos associados a *Xanthomonas phaseoli* pv. *phaseoli* (Xpp) (Alves *et al.*, 2024), treze genes também ligados à resistência a Xpp (Barbosa *et al.*, 2022) e nove genes relacionados a *X. citri* pv. *fuscans* (Xcf) (Monteiro *et al.*, 2021), todos com base em estudos de associação genômica ampla (GWAS) (Tabela 2A, Anexo 1). Esses genes foram localizados em regiões próximas ou diretamente associadas a SNPs relevantes para a resistência (Monteiro *et al.*, 2021; Barbosa *et al.*, 2022; Alves *et al.*, 2024).

A distribuição dos genes candidatos identificados em diferentes grupos de ligação e a diversidade funcional das proteínas codificadas, como NBS-LRRs, proteínas quinases, fatores

de transcrição e proteínas de transporte, reforçam o caráter quantitativo da resistência ao CBC. Essas informações, detalhadas na Tabela 2A do Anexo 1, evidenciam a necessidade de estratégias de piramidação de alelos favoráveis para o desenvolvimento de cultivares com resistência durável e ampla frente à variabilidade patogênica.

5 CONCLUSÃO

Há SNPs significativos nos cromossomos Pv1, Pv6 e Pv9, associados à resistência ao CBC, com destaque para genes candidatos envolvidos em processos de defesa, como quinases, citocromo P450 e proteínas com domínios LRR.

A avaliação nos estádios iniciais sob condições controlas em casa de vegetação são úteis para o descarte inicial de genótipos suscetíveis, visando reduzir o número expressivo de linhagens e locais nos experimentos de campo.

REFERÊNCIAS

- ABD-EL-HALIEM, Ahmed M.; JOOSTEN, Matthieu HAJ. Plant phosphatidylinositol-specific phospholipase C at the center of plant innate immunity. **Journal of Integrative Plant Biology**, v. 59, n. 3, p. 164-179, 2017. <https://doi.org/10.1111/jipb.12520>
- AKKÖPRÜ, Ahmet. Potential using of transgenerational resistance against common bacterial blight in *Phaseolus vulgaris*. **Crop Protection**, v. 127, p. 104967, 2020. <https://doi.org/10.1016/j.cropro.2019.104967>.
- ALLADASSI, Boris M. E *et al.* Identification of common bean genotypes with dual leaf and pod resistance to common bacterial blight disease in Uganda. **African Crop Science Journal**, v. 26, n. 1, p. 63-77, 2018. <https://doi.org/10.4314/acsj.v26i1.5>
- ALMEIDA, Caléo Panhoca de *et al.* Genome-wide association mapping reveals race-specific SNP markers associated with anthracnose resistance in carioca common beans. **PLoS One**, v. 16, n. 5, p. e0251745, 2021. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0251745>
- ALVES, Francisco Henrique Nunes da Silva *et al.* Genes putatively involved in *Phaseolus vulgaris* resistance against *Xanthomonas phaseoli* pv. *phaseoli* revealed by a genome-wide association study. **Plant Pathology**, v. 73, n. 8, p. 2157-2167, 2024. <https://doi.org/10.1111/ppa.13963>
- AMBACHEW, Daniel *et al.* Sources of resistance to common bacterial blight and charcoal rot disease for the production of mesoamerican common beans in the southern united states. **Plants**, v. 10, n. 5, p. 998, 2021. <https://doi.org/10.3390/plants10050998>
- ASSEFA, Teshale *et al.* A review of breeding objectives, genomic resources, and marker-assisted methods in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Molecular Breeding**, v. 39, p. 1-23, 2019.
- AZEVEDO, Cleber Vinicius Giaretta *et al.* Adaptabilidade, estabilidade e resistência a patógenos em genótipos de feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 50, n. 10, p. 912-922, 2015. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2015001000007>
- BARBOSA, Caio Cesar Ferrari *et al.* Association mapping for common bacterial blight in carioca beans. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 22, p. e41712239, 2022. <https://doi.org/10.1590/1984-70332022v22n3a32>
- BELETE, Tibebu; BASTAS, K. K. Common bacterial blight (*Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*) of beans with special focus on Ethiopian condition. **J Plant Pathol Microbiol**, v. 8, n. 2, p. 1000403, 2017. <https://doi.org/10.4172/2157-7471.1000403>.
- BOLLER, Thomas; FELIX, Georg. A renaissance of elicitors: perception of microbe-associated molecular patterns and danger signals by pattern-recognition receptors. **Annual**

review of plant biology, v. 60, n. 1, p. 379-406, 2009.
<https://doi.org/10.1146/annurev.arplant.57.032905.105346>

CHEN, Nicolas WG *et al.* Common bacterial blight of bean: a model of seed transmission and pathological convergence. **Molecular Plant Pathology**, v. 22, n. 12, p. 1464-1480, 2021. <https://doi.org/10.1111/mpp.13067>

CONSTANTIN, E. C. *et al.* Genetic characterization of strains named as *Xanthomonas axonopodis* pv. *dieffenbachiae* leads to a taxonomic revision of the *X. axonopodis* species complex. **Plant Pathology**, v. 65, n. 5, p. 792-806, 2016. <https://doi.org/10.1111/ppa.12461>.

CORRÊA, Bianca Obes *et al.* Interaction between bacterial biocontrol-agents and strains of *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* effects on biocontrol efficacy of common blight in beans. **African Journal of Microbiology Research**, v. 11, n. 32, p. 1294-1302, 2017. <https://doi.org/10.5897/AJMR2017.8565>

COSTA, Larissa Carvalho *et al.* Different loci control resistance to different isolates of the same race of *Colletotrichum lindemuthianum* in common bean. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 134, p. 543-556, 2021. <https://doi.org/10.1007/s00122-020-03713-x>

CRUZ, Cosme Damião. Genes: a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 35, p. 271-276, 2013. <https://doi.org/10.4025/actasciagron.v35i3.21251>

DE MIO, Louise Larissa May. Prefácio. In: PRIA, Maristella Dalla; SILVA, Olavo Corrêa da (Eds.) *Cultura do feijão: doenças e controle* Editora UEPG: Ponta Grossa, 9-10. <https://doi.org/10.5212/7798-229-5>

DUNCAN, Robert W.; SINGH, Shree P.; GILBERTSON, Robert L. Two cycles of recurrent selection for pyramiding common bacterial blight resistance in common bean. **ANNUAL REPORT-BEAN IMPROVEMENT COOPERATIVE**, v. 50, p. 107, 2007.

DURHAM, Kelli M. *et al.* Interaction of common bacterial blight quantitative trait loci in a resistant inter-cross population of common bean. **Plant Breeding**, v. 132, n. 6, p. 658-666, 2013. <https://doi.org/10.1111/pbr.12103>

DURST, F.; BENVENISTE, I. Cytochrome P450 in plants. In: **Cytochrome P450**. Berlin, Heidelberg: Springer Berlin Heidelberg, p. 293-310, 1993. https://doi.org/10.1007/978-3-642-77763-9_19

EMBRAPA ARROZ E FEIJÃO. **Catálogo de cultivares de feijão comum: safra 2016/2017**. 2. ed. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 26 p., 2017. 26 p. Disponível em: <https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/handle/doc/1062715>. Acesso em: 10 mai. 2025

EMBRAPA ARROZ E FEIJÃO. **Dados conjunturais da produção de feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) e feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp) no Brasil (1985 a 2023): área, produção e rendimento**. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e

Feijão, 2024. Disponível em: <<http://www.cnpaf.embrapa.br/socioeconomia/index.htm>>. Acesso em: 13 mai. 2025

FOUCHER, Justine *et al.* Improving common bacterial blight phenotyping by using rub inoculation and machine learning: cheaper, better, faster, stronger. **Phytopathology®**, v. 112, n. 3, p. 691-699, 2022. <https://doi.org/10.1094/PHYTO-04-21-0129-R>

FOURIE, D.; HERSELMAN, L. Pathogenic and genetic variation in *Xanthomonas axonopodis* pv. *Phaseoli* and its fuscans variant in Southern Africa. **African Crop Science Journal**, v. 19, n. 4, p. 393-407, 2011. Disponível em: <https://www.ajol.info/index.php/acsj/article/view/74199>. Acesso em: 05 mai. 2025.

FUKUJI, Karina Kazue Nakamura *et al.* Association mapping of bean reaction to common bacterial blight by SNP markers. **Bragantia**, v. 84, p. e20240120, 2024. <https://doi.org/10.1590/1678-4499.20240120>.

GALEANO, Carlos H. *et al.* Gene-based single nucleotide polymorphism markers for genetic and association mapping in common bean. **BMC genetics**, v. 13, p. 1-11, 2012. <https://doi.org/10.1186/1471-2156-13-48>.

GOODSTEIN, David M. *et al.* Phytozome: a comparative platform for green plant genomics. **Nucleic Acids Research**, [S.l.], v. 40, n. D1, p. D1178–D1186, 2012. <https://doi.org/10.1093/nar/gkr944>. Acesso em: 14 maio 2025.

HAGERTY, Christina H. Mapping QTL for root rot resistance, root traits, and morphological trait in a common bean recombinant inbred population. 2013. Disponível em: https://ir.library.oregonstate.edu/concern/graduate_thesis_or_dissertations/cz30pw66j. Acesso em: 05 mai. 2025.

INSTITUTO AGRONÔMICO DE CAMPINAS. Cultivares IAC. O Agrônomo, Campinas, v. 68, 2017. Disponível em: <https://oagronomico.iac.sp.gov.br/?p=854>. Acesso em: 11 maio 2025.

INSTITUTO AGRONÔMICO DO PARANÁ. IPR Gralha: cultivar de feijão preto. Londrina: IAPAR, 2002. Disponível em: <https://www.idrparana.pr.gov.br/system/files/publico/pesquisa/publicacoes/folder/fld-ipr-gralha/Folder%20Feijao%20IPR%20Gralha.pdf>. Acesso em: 20 mar. 2025.

INSTITUTO AGRONÔMICO DO PARANÁ. IPR Urutau: cultivar de feijão preto. Londrina: IAPAR, 2019. Disponível em: <https://www.idrparana.pr.gov.br/system/files/publico/negocios/folders/feijao/IPR-Urutau.pdf>. Acesso em: 20 mar. 2025.

INSTITUTO NACIONAL DE METEOROLOGIA DO BRASIL – INMET. Normais Climatológicas (1961/1990). Brasília - DF, 2023. Disponível em: <<https://tempo.inmet.gov.br/TabelaEstacoes/A001>>. Acesso em: 28 de set. de 2023.

JUN, X. U.; WANG, Xin-Yu; GUO, Wang-Zhen. The cytochrome P450 superfamily: Key players in plant development and defense. **Journal of Integrative Agriculture**, v. 14, n. 9, p. 1673-1686, 2015. [https://doi.org/10.1016/S2095-3119\(14\)60980-1](https://doi.org/10.1016/S2095-3119(14)60980-1)

KADO, C. I.; HESKETT, M. G. Selective media for isolation of agrobacterium, Corynebacterium, Erwinia, Pseudomonas and Xanthomonas. **Phytopathology**, v. 60, n. 6, p. 969-976, 1970. Disponível em: https://www.apsnet.org/publications/phytopathology/backissues/Documents/1970Articles/P_hyto60n06_969.pdf.

KELLY, J. D. *et al.* Tagging and mapping of genes and QTL and molecular marker-assisted selection for traits of economic importance in bean and cowpea. **Field Crops Research**, v. 82, n. 2-3, p. 135-154, 2003. [https://doi.org/10.1016/S0378-4290\(03\)00034-0](https://doi.org/10.1016/S0378-4290(03)00034-0)

LIU, Xiaolei *et al.* Iterative usage of fixed and random effect models for powerful and efficient genome-wide association studies. **PLoS genetics**, v. 12, n. 2, p. e1005767, 2016. <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1005767>.

MELO, L. C. *et al.* Genetic diversity as an additional selection criterion in a carioca common bean recurrent selection program for resistance to common bacterial blight. **Genetics and Molecular Research**, v. 18, n. 4, p. gmr18368, 2019. <http://dx.doi.org/10.4238/gmr18368>.

MIKLAS, Phillip N. *et al.* Common bean breeding for resistance against biotic and abiotic stresses: from classical to MAS breeding. **Euphytica**, v. 147, p. 105-131, 2006. <https://doi.org/10.1007/s10681-006-4600-5>

MIKLAS, Phillip N. *et al.* Common bacterial blight resistance QTL BC420 and SU91 effect on seed yield, seed weight, and canning quality in dry bean. **Crop science**, v. 57, n. 2, p. 802-811, 2017. <https://doi.org/10.1007/s10681-006-4600-5>.

MINISTÉRIO DA AGRICULTURA, PECUÁRIA E ABASTECIMENTO (AGROFIT). **Sistema de Agrotóxicos Fitossanitários**. Disponível em: http://agrofit.agricultura.gov.br/agrofit_cons/principal_agrofit_cons. Acesso em: 3 mai. 2024.

MIRANDA, Rafael Novais de. **Identificação de região genômica associada à resistência do feijão-comum à Pseudocercospora griseola em condições de campo**. 2023. 70 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2023.

MOGHADDAM, Samira Mafi *et al.* Genome-wide association study identifies candidate loci underlying agronomic traits in a Middle American diversity panel of common bean. **The Plant Genome**, v. 9, n. 3, p. plantgenome2016.02.0012, 2016. <https://doi.org/10.3835/plantgenome2016.02.0012>.

MONTEIRO, Ana Leticia R. *et al.* Genome-wide association study (GWAS) of Phaseolus vulgaris resistance to Xanthomonas citri pv. fuscans. **Plant Pathology**, v. 70, n. 7, p. 1733-1744, 2021. <https://doi.org/10.1111/ppa.13399>.

MONTEIRO, Ana Leticia Rocha *et al.* Sources, spectrum, genetics, and inheritance of *Phaseolus vulgaris* resistance against *Xanthomonas citri* pv. *fuscans*. **Phytopathology**, v. 110, n. 8, p. 1428-1436, 2020. <https://doi.org/10.1094/PHYTO-01-20-0020-R>.

MYERS, James R.; KMIĘCIK, Ken. Common bean: Economic importance and relevance to biological science research. **The common bean genome**, p. 1-20, 2017. https://doi.org/10.1007/978-3-319-63526-2_1.

NG, Aylwin; XAVIER, Ramnik J. Leucine-rich repeat (LRR) proteins: integrators of pattern recognition and signaling in immunity. **Autophagy**, v. 7, n. 9, p. 1082-1084, 2011. <https://doi.org/10.4161/auto.7.9.16464>.

OLIVEIRA, M. de *et al.* Fenotipagem de linhagens de feijoeiro do banco de germoplasma da Universidade Federal de Lavras. 2015. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS, 8., 2015, Goiânia. O melhoramento de plantas, o futuro da agricultura e a soberania nacional: anais. Goiânia: UFG: SBMP, 2015.

OSDAGHI, Ebrahim *et al.* Induction of resistance in common bean by *Rhizobium leguminosarum* bv. *phaseoli* and decrease of common bacterial blight. **Phytopathologia Mediterranea**, v. 50, n. 1, p. 45-54, 2011. Disponível em: <http://www.jstor.org/stable/26458676>. Acesso em: 15 mai. 2025.

PÁDUA, Paula Furtado *et al.* Identification of sources of resistance to race 63-63 of *Pseudocercospora griseola* in common bean lines. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 22, n. 1, p. e36982215, 2022. <http://dx.doi.org/10.1590/1984-70332022v22n1a05>.

PEREIRA, Helton S. *et al.* Genotype by environment interaction for disease resistance and other important agronomic traits supporting the indication of common bean cultivars. **Euphytica**, v. 214, n. 1, p. 12, 2018. <https://doi.org/10.1007/s10681-017-2093-z>.

PEREIRA, Rafael *et al.* Phenotyping for angular leaf spot severity and its implication in breeding common bean for resistance. **Scientia Agricola**, v. 76, p. 415-423, 2019. <http://dx.doi.org/10.1590/1678-992X-2017-0394>.

PERSEGUINI, Juliana Morini Küpper Cardoso *et al.* Genome-wide association studies of anthracnose and angular leaf spot resistance in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **PLoS One**, v. 11, n. 3, p. e0150506, 2016. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0150506>

R CORE TEAM. **R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing**. Vienna, Austria. Disponível em: <<https://www.Rproject.org/>>.

REINPRECHT, Yarmilla *et al.* Mapping yield and yield-related traits using diverse common bean germplasm. **Frontiers in Genetics**, v. 14, p. 1246904, 2024. <https://doi.org/10.3389/fgene.2023.1246904>.

REZENDE, Amanda Alves *et al.* Nutritional and protein quality of dry Brazilian beans (*Phaseolus vulgaris* L.). **Food Science and Technology**, v. 38, p. 421-427, 2017. <https://doi.org/10.1590/1678-457X.05917>.

ROMEIS, Tina. Protein kinases in the plant defence response. **Current opinion in plant biology**, v. 4, n. 5, p. 407-414, 2001. [https://doi.org/10.1016/S1369-5266\(00\)00193-X](https://doi.org/10.1016/S1369-5266(00)00193-X)

SCHMUTZ, Jeremy *et al.* A reference genome for common bean and genome-wide analysis of dual domestications. **Nature genetics**, v. 46, n. 7, p. 707-713, 2014. <https://doi.org/10.1038/ng.3008>.

SCHOONHOVEN, Aart Van; PASTOR CORRALES, Marcial A. Sistema estándar para la evaluación de germoplasma de frijol. 1987. Disponível em: <https://hdl.handle.net/10568/69699>. Acesso em 11 mai. 2025.

SCOTT, Andrew Jhon; KNOTT, Martin. A cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**, p. 507-512, 1974. <https://doi.org/10.2307/2529204>.

SEGURA, Vincent *et al.* An efficient multi-locus mixed-model approach for genome-wide association studies in structured populations. **Nature genetics**, v. 44, n. 7, p. 825-830, 2012. <https://doi.org/10.1038/ng.2314>.

SESSA, Guido; MARTIN, Gregory B. Protein kinases in the plant defense response. **Advances in Botanical Research**. San Diego: Academic Press: v.32, p. 379-404, 2000. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0065229600320304>. Acesso em: 11 maio 2025.

SHAFI, Safoora *et al.* Delineating meta-quantitative trait loci for anthracnose resistance in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Frontiers in Plant Science**, v. 13, p. 966339, 2022. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.966339>.

SHAPIRO, Samuel Sanford; WILK, Martin B. An analysis of variance test for normality (complete samples). **Biometrika**, v. 52, n. 3-4, p. 591-611, 1965. <https://doi.org/10.1093/biomet/52.3-4.591>

SHI, Chun; NAVABI, Alireza; YU, Kangfu. Association mapping of common bacterial blight resistance QTL in Ontario bean breeding populations. **BMC Plant Biology**, v. 11, p. 1-11, 2011. <https://doi.org/10.1186/1471-2229-11-52>.

SILVA JÚNIOR, Tadeu Antônio Fernandes da *et al.* Common bacterial blight of beans: an integrated approach to disease management in Brazil. **Tropical Plant Pathology**, v. 47, n. 4, p. 457-469, 2022. <https://doi.org/10.1007/s40858-022-00504-1>

SILVA, Adélia Cristina F. *et al.* Seleção recorrente para resistência ao cretamento bacteriano comum em feijoeiro-comum do grupo carioca na Embrapa. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS, 8., 2015, Goiânia. O melhoramento de plantas, o futuro da agricultura e a soberania nacional: anais. Goiânia: UFG: SBMP, 2015.

SIMONS, Kristin J. *et al.* Using breeding populations with a dual purpose: cultivar development and gene mapping—a case study using resistance to common bacterial blight in dry bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Frontiers in Plant Science**, v. 12, p. 621097, 2021. <https://doi.org/10.3389/fpls.2021.621097>.

SINGH, Shree P.; MIKLAS, Phillip N. Breeding common bean for resistance to common blight: A review. **Crop Science**, v. 55, n. 3, p. 971-984, 2015. <https://doi.org/10.2135/cropsci2014.07.0502>.

SINGH, Shree P.; SCHWARTZ, Howard F. Breeding common bean for resistance to diseases: a review. **Crop Science**, v. 50, n. 6, p. 2199-2223, 2010. <https://doi.org/10.2135/cropsci2009.03.0163>.

SONG, Qijian *et al.* SNP assay development for linkage map construction, anchoring whole-genome sequence, and other genetic and genomic applications in common bean. **G3: Genes, Genomes, Genetics**, v. 5, n. 11, p. 2285-2290, 2015. <https://doi.org/10.1534/g3.115.020594>.

TENA, Guillaume; BOUDSOCQ, Marie; SHEEN, Jen. Protein kinase signaling networks in plant innate immunity. **Current opinion in plant biology**, v. 14, n. 5, p. 519-529, 2011. <https://doi.org/10.1016/j.pbi.2011.05.006>.

TEREFE, Habtamu *et al.* Vermicompost and bactericide application minimized common bacterial blight development and enhanced nodulation and agronomic performances of bean varieties in Southern Ethiopia. **Agrosystems, Geosciences & Environment**, v. 7, n. 1, p. e20465, 2024. <https://doi.org/10.1002/agg2.20465>.

TORRES, J. P.; MARINGONI, A. C. Crestamento Bacteriano Comum. **Cultura do feijão: Doenças e controle**, p. 15-22, 2010. In: DALLA PRIA, Maristella; DA SILVA, Olavo Corrêa. Cultura do feijão doenças e controle. 2010. <https://doi.org/10.5212/7798-229-5>.

TURNER, Stephen D. qqman: an R package for visualizing GWAS results using QQ and manhattan plots. **Biorxiv**, p. 005165, 2014. <https://doi.org/10.1101/005165>.

VITERI, Diego M. *et al.* A new common bacterial blight resistance QTL in VAX 1 common bean and interaction of the new QTL, SAP6, and SU91 with bacterial strains. **Crop Science**, v. 54, n. 4, p. 1598-1608, 2014. <https://doi.org/10.2135/cropsci2014.01.0008>.

VITERI, Diego M.; SINGH, Shree P. Response of 21 common beans of diverse origins to two strains of the common bacterial blight pathogen, *Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli*. *Euphytica*, v. 200, n. 3, p. 379–388, 2014. <https://doi.org/10.1007/s10681-014-1114-y>.

WANG, Jiabo; ZHANG, Zhiwu. GAPIT version 3: boosting power and accuracy for genomic association and prediction. **Genomics, proteomics & bioinformatics**, v. 19, n. 4, p. 629-640, 2021. <https://doi.org/10.1016/j.gpb.2021.08.005>.

WENDLAND, A. *et al.* Doenças do feijoeiro. **Manual de fitopatologia: doenças das plantas cultivadas**, v. 2, p. 3, 2016. In: AMORIM, L. *et al.* (Eds.). Manual de fitopatologia:

doenças das plantas cultivadas. 5. ed. vol. 2. Ouro Fino: Agronômica Ceres, 2016. p. 383–396.

WENDLAND, Adriane; LOBO JUNIOR, M.; DE FARIA, J. C. Manual de identificação das principais doenças do feijoeiro-comum. Brasília, DF: Embrapa, 2018.

WU, Jing *et al.* Genome-wide association study identifies NBS-LRR-encoding genes related with anthracnose and common bacterial blight in the common bean. **Frontiers in plant science**, v. 8, p. 1398, 2017. <https://doi.org/10.3389/fpls.2017.01398>.

YANG, Penghui *et al.* Regulatory mechanisms of the resistance to common bacterial blight revealed by transcriptomic analysis in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Frontiers in Plant Science**, v. 12, p. 800535, 2022. <https://doi.org/10.3389/fpls.2021.800535>.

ZAPATA, MILDRED. A proposal for a uniform screening procedure for the greenhouse evaluation of variability of *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* and resistance on leaves of *Phaseolus vulgaris*. **Annual Report-Bean Improvement Cooperative**, v. 49, p. 213, 2006.

ZAPATA, Mildred; BEAVER, James S.; PORCH, Timothy G. Dominant gene for common bean resistance to common bacterial blight caused by *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*. **Euphytica**, v. 179, n. 3, p. 373-382, 2011. <https://doi.org/10.1007/s10681-010-0313-x>.

ZUIDERVEEN, Grady H. *et al.* Genome-wide association study of anthracnose resistance in Andean beans (*Phaseolus vulgaris*). **PloS one**, v. 11, n. 6, p. e0156391, 2016. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0156391>.

AGRADECIMENTO

Os autores agradecem às agências Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), Fundação de Amparo à Pesquisa de Minas Gerais (FAPEMIG) e Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pelo apoio financeiro.

Artigo 2 - Elaborado conforme a norma NBR 6022	
Título do artigo:	Virulência de isolados de <i>Xanthomonas</i> spp., agentes causais do cretamento bacteriano comum, em <i>Phaseolus vulgaris</i> L.
Autores:	Ednilson Barros Barroso Akemi Wiermann Okazaki Francisco Cleilson Lopes Costa Ricardo Magela de Souza Elaine Aparecida de Souza

ARTIGO 2 – VIRULÊNCIA DE ISOLADOS DE *Xanthomonas* spp., AGENTES CAUSAIS DO CRESTAMENTO BACTERIANO COMUM EM *Phaseolus vulgaris* L.

VIRULENCE OF *Xanthomonas* spp. ISOLATES, CAUSAL AGENTS OF COMMON BACTERIAL BLIGHT IN *Phaseolus vulgaris* L.²

Ednilson Barros Barroso

<https://orcid.org/0000-0003-2137-5330>

Akemi Wiermann Okazaki

<https://orcid.org/0009-0009-5078-6930>

Francisco Cleilson Lopes Costa

<https://orcid.org/0000-0003-4585-2525>

Ricardo Magela de Souza

<https://orcid.org/0000-0003-4667-3502>

Elaine Aparecida de Souza

<https://orcid.org/0000-0002-6463-9976>

Resumo: O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma cultura de grande importância econômica e nutricional, especialmente em países em desenvolvimento. No entanto, o crestamento bacteriano comum (CBC), causado por isolados de *Xanthomonas* spp., tem se tornado uma das principais doenças responsáveis pela redução da produtividade dessa cultura. A doença provoca significativas perdas econômicas, e a busca por resistência das cultivares de feijão tem sido explorada para o controle dessa doença. Nesse contexto, avaliar a virulência dos isolados de *Xanthomonas* spp e a caracterização das cultivares são importantes para os programas de melhoramento genético de feijão comum e o desenvolvimento de práticas de manejo integradas. Diante disso, este estudo teve como objetivo avaliar a virulência de isolados de *Xanthomonas* spp. em linhagens de feijão comum. A avaliação da severidade foi realizada aos 14 dias após a inoculação, por meio de escala diagramática de 1 a 9, sendo 1 resistente e 9 suscetível. O delineamento foi em blocos casualizados, com três repetições em esquema fatorial 3 x 24, com três cultivares de feijão e 24 isolados de *Xanthomonas* spp. Além da ANOVA utilizou-se o modelo GGE Biplot para testar a interação entre isolados e cultivares. O agrupamento das médias foi realizado pelo teste de Scott e Knott (p=0,05). Houve variação significativa na virulência dos isolados, sendo que os isolados UFLA 05, UFLA 09 e UFLA 23, apresentaram alta virulência, enquanto UFLA 06, UFLA 08 e UFLA 17 foram considerados avirulentos. A cultivar BRS Pérola foi a mais suscetível ao CBC, enquanto BRSMG União e BRSMG Amuleto apresentaram resistência moderada. A análise estatística, incluindo o modelo GGE Biplot, mostrou uma interação significativa entre isolados e cultivares, evidenciando a necessidade de estratégias mais precisas para o controle do CBC.

² Artigo científico apresentado à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas.

Palavras-chave: feijão comum; patogenicidade; interação patógeno-planta; doenças no feijoeiro; resistência de plantas.

Abstract: Common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) is a vital crop, particularly for its economic and nutritional importance in developing countries. However, common bacterial blight (CBB), caused by isolates of *Xanthomonas* spp., significantly reduces common bean yield. Genetic resistance is a primary strategy for CBB control. Therefore, evaluating *Xanthomonas* spp. virulence and characterizing common bean genotypes are crucial for breeding programs and developing integrated disease management strategies. This study aimed to assess the virulence of *Xanthomonas* spp. isolates on common bean genotypes. Disease severity was evaluated 14 days after inoculation using a 1-9 diagrammatic scale, where 1 indicated resistance and 9 susceptibility. A randomized complete block design with three replications was used in a 3 x 24 factorial scheme, comprising three common bean cultivars and 24 *Xanthomonas* spp. isolates. In addition to ANOVA, the GGE Biplot model was employed to analyze genotype-by-environment (GxE) interaction between isolates and cultivars. Mean clustering was performed using the Scott-Knott test ($p=0.05$). Significant variation in isolate virulence was observed; isolates UFLA 05, UFLA 09, and UFLA 23 exhibited high virulence, while UFLA 06, UFLA 08, and UFLA 17 were avirulent. The cultivar BRS Pérola was highly susceptible to CBB, whereas BRSMG União and BRSMG Amuleto displayed moderate resistance. Statistical analyses, including the GGE Biplot, revealed a significant interaction between isolates and cultivars, underscoring the need for more precise strategies to control CBB in common bean.

Keywords: common bean; pathogenicity; pathogen-plant interaction; bean diseases; plant resistance.

1 INTRODUÇÃO

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) desempenha um papel significativo nos aspectos econômicos, sociais e nutricionais, especialmente em países em desenvolvimento da América do Sul, América Central e Sudoeste da África (Uebersax *et al.*, 2023). É um alimento essencial na dieta brasileira, com um consumo médio de 12,7 kg per capita por ano (Silva; Wander, 2025). O país se destaca como um dos maiores produtores e consumidores de feijão comum no mundo, respondendo por cerca de 75% da produção total dos países do Mercosul e 10% da produção mundial (FAO, 2023). Conforme último levantamento, na safra de 2022/23, a produção foi de 2,52 milhões de toneladas e uma produtividade média de 1,68 kg/ha (EMBRAPA, 2024).

Por ser cultivado ao longo de todo o ano em uma ampla variedade de ecossistemas, uma série de fatores podem limitar a produção do feijão comum, tais como, doenças, insetos e plantas daninhas (EMBRAPA, 2023). As doenças, causadas por fungos, vírus, bactérias e nematoides, estão entre as causas principais que limitam essa produção mundialmente (Silva Júnior *et al.*, 2022, EMBRAPA, 2023, Terefe *et al.*, 2024). A relevância de cada doença pode variar dependendo do ano, da estação, da região e da cultivar utilizada (EMBRAPA, 2023).

O cretamento bacteriano comum (CBC) é atualmente a principal bacteriose do feijão comum (Paiva, 2018; Chen *et al.* 2021), causando significativas perdas de produtividade (Silva Júnior *et al.*, 2022). Perdas de produtividade de 30 a 70% já foram registradas no Brasil e no mundo (Singh; Schwarz, 2010; Wendland *et al.*, 2018).

No Brasil, a doença do CBC foi relatada pela primeira vez no estado do Pará (Robbs 1954), e posteriormente, no estado de São Paulo (Paradela Filho; Carvalho; Pompeu, 1967). Essa bacteriose é causada por um grupo complexo de espécies bacterianas, inicialmente identificadas como *Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli* e *X. campestris* pv. *phaseoli* var. *fuscans* (Smith, 1897). Em 1995, após uma revisão taxonômica do gênero *Xanthomonas* baseada na homologia de DNA e em testes fenotípicos, este patovar foi reclassificado como pertencente à espécie *X. axonopodis*, com as cepas *fuscans* sendo consideradas uma variante dentro deste patovar (Young *et al.*, 1978; Vauterin *et al.*, 1995).

Recentemente, um novo estudo taxonômico sobre o complexo de espécies de *X. axonopodis* sugeriu a renomeação de *X. axonopodis* pv. *phaseoli* para *X. phaseoli* pv. *phaseoli* (Xpp), e da variante *fuscans* para *X. citri* pv. *fuscans* (Xcf) (Constantin *et al.* 2016). Tanto Xpp quanto Xcf pertencentes ao filo Proteobacteria, classe Gamma Proteobacteria, ordem

Xanthomonadales, e família Xanthomonadaceae. Ambas são bactérias Gram-negativas, com dimensões que variam de 0,4 µm a 1,0 µm de largura por 1,2 µm a 3,0 µm de comprimento (Agrios, 2005), possuem um flagelo polar e formam colônias amarelo-limão, lisas, convexas e circulares quando cultivadas em meios de culturas (Breed; Murray; Smith, 1994; Schaad; Jones; Chun, 2001).

Algumas cepas desses agentes causadores do CBC produzem um pigmento marrom em meio contendo tirosina, devido ao ácido homogentísico oxidado, um intermediário da via catabólica da tirosina, sendo conhecidas como "*fuscans*". Apesar de que esse pigmento não está diretamente relacionado à virulência (Goodwin; Sopher, 1994; Singh; Miklas, 2015), estudos têm reportado maior virulência em isolados fuscans (Opio; Allen; Teren, 1996; Fourie; Herselman, 2011). Barroso *et al.* (2024) e Okazaki *et al.* (2025) realizaram, respectivamente, a caracterização morfológica e molecular de isolados de *Xanthomonas* spp. obtidos a partir de folhas de feijoeiro com sintomas severos de crestamento bacteriano comum, coletadas entre as safras de 2018 e 2023. Ambos os trabalhos confirmaram a predominância de isolados de *X. citri* pv. *fuscans* (Xcf), destacando sua ampla ocorrência e importância epidemiológica nas áreas cultivadas.

Sementes contaminadas são a principal fonte de disseminação das bactérias e introdução do CBC em áreas livres da doença. A transmissão pode ocorrer a curtas e longas distâncias e, por ser globalmente disseminada, a doença é alvo de medidas de quarentena em vários países europeus, onde não é endêmica. Portanto, o controle do movimento de sementes contaminadas é essencial para evitar a propagação global do patógeno (Paiva *et al.*, 2020). Com efeito no Brasil, plantas doentes têm sido encontradas com maior frequência nas últimas safras brasileiras (comunicação pessoal). A infecção se inicia quando a bactéria se desenvolve no hospedeiro, sob condições de temperaturas entre 28° a 30°C e alta umidade (Rezende *et al.*, 2017; Torres; Maringoni, 2018). A doença torna-se ainda de grande relevância, uma vez que o inóculo pode permanecer viável por vários anos em sementes (Denardin; Agostini, 2013; Chen *et al.* 2021).

Medidas de manejo como rotação de culturas, o uso de sementes saudáveis, manejo adequado da irrigação (Torres; Maringoni, 2018) e o controle químico são algumas medidas comumente recomendadas (Karavina *et al.*, 2011). A diagnose precisa é fundamental para definir estratégias de manejo eficazes que maximizem a eficiência econômica em sistemas de cultivo (Borém; Caixeta, 2016). Alguns métodos foram desenvolvidos para o diagnóstico de

CBC, como o uso de meios semisseletivos (Claflin *et al.*, 1987; Tebaldi; Souza; Machado, 2007), técnicas sorológicas (Marigoni *et al.*, 1994), testes bioquímicos e PCR específico.

O advento das técnicas moleculares, somados às técnicas de rotina, permitiu uma maior eficiência nos estudos de diagnose, assim como em estudos de virulência em patógenos de plantas (Marigoni, 1998). Com essas técnicas, a reação em cadeia da polimerase baseada em sequência repetitiva (rep-PCR) tem sido frequentemente empregada nos estudos de diversidade genética de fitopatógenos. Os primers X4c/X4e, criados por Audy *et al.* (1994), amplificam um fragmento de DNA de 730 pares de bases (pb), permitindo a detecção e identificação de linhagens tanto de fuscans quanto de não-fuscans. A caracterização molecular, realizada por Okazaki *et al.* (2025), por meio desses primers permitiu diferenciar isolados de *Xanthomonas* spp. associados ao CBC. Para a detecção específica da linhagem fuscans, os primers Xf1/Xf2 foram utilizados, que amplificam um fragmento de DNA de 450 pb de todos os isolados de fuscans testados (Toth *et al.*, 1998).

Considerando que ambas as espécies (Xpp e Xcf) causam sintomas e danos semelhantes ao feijão comum (Monteiro *et al.*, 2021; Barbosa *et al.*, 2022; Alves *et al.*, 2024; Barroso *et al.*, 2024), o objetivo deste trabalho foi avaliar os níveis de virulência de isolados de *Xanthomonas* spp. obtidos de plantas de feijão comum, com sintomas de crestamento bacteriano comum e compreender a interação entre diferentes isolados de *Xanthomonas* spp. e cultivares de feijão.

2 METODOLOGIA

2.1 Obtenção dos isolados de *Xanthomonas* spp.

Neste estudo, foram utilizados 24 isolados de *Xanthomonas* spp. sendo que 20 isolados foram obtidos a partir das folhas e vagens com sintomas de CBC, nos ensaios experimentais de feijão comum do programa de Genética e Melhoramento do Feijoeiro, da Universidade Federal de Lavras (UFLA), no Centro de Desenvolvimento Científico e Tecnológico em Agropecuária (CDCTA). As coletas foram realizadas em diferentes safras no período de 2018 a 2023. Adicionalmente, foram utilizados quatro isolados provenientes da coleção do Laboratório de Bacteriologia de Plantas do Departamento de Fitopatologia (DFT/UFLA), incluindo o isolado de referência Xpp CFBP 6165 (UFLA 18) da “*Collection Français de Bactéries Phytopathogènes*” (Tabela 1).

O isolamento da bactéria e a posterior detecção do patógeno do material coletado foram realizadas no Laboratório de Bacteriologia de Plantas do Departamento de Fitopatologia da UFLA e os testes de patogenicidade e de virulência foram realizados no Laboratório de Genética e Melhoramento de Plantas da UFLA.

Tabela 1 – Identificação e origem dos isolados de *Xanthomonas* spp. obtidos de feijão comum.

Identificação	Origem	Ano	Identificação	Origem	Ano
UFLA 01	CDCTA/UFLA	2018	UFLA 13	CDCTA/UFLA	2020
UFLA 02	DFT/UFLA	2002	UFLA 14	CDCTA/UFLA	2020
UFLA 03	CDCTA/UFLA	2022	UFLA 15	CDCTA/UFLA	2019
UFLA 04	DFT/UFLA	2002	UFLA 16	CDCTA/UFLA	2019
UFLA 05	CDCTA/UFLA	2019	UFLA 17	DFT/UFLA	2002
UFLA 06	CDCTA/UFLA	2021	UFLA 18*	CFBP	1998
UFLA 07	CDCTA/UFLA	2023	UFLA 19	CDCTA/UFLA	2019
UFLA 08	CDCTA/UFLA	2022	UFLA 20	CDCTA/UFLA	2019
UFLA 09	CDCTA/UFLA	2018	UFLA 21	CDCTA/UFLA	2018
UFLA 10	CDCTA/UFLA	2021	UFLA 22	CDCTA/UFLA	2021
UFLA 11	CDCTA/UFLA	2020	UFLA 23	CDCTA/UFLA	2021
UFLA 12	CDCTA/UFLA	2023	UFLA 72	CDCTA/UFLA	2002

Legenda: * isolado de referência Xpp CFBP 6165 da “*Collection Française de Bactéries Phytopathogènes*”.

Fonte: Próprio Autor (2025).

O isolamento foi realizado adaptando-se o protocolo proposto por Romeiro (2001). Previamente, foi realizado o teste de exsudação em gotas (Mariano; Souza, 2017) para constatar a presença da bactéria fitopatogênica. Em câmara de fluxo laminar, o material foi cortado com auxílio de uma lâmina em pequenos fragmentos entre os tecidos sadio e sintomático, local onde se encontra o maior número de bactérias em proliferação. Posteriormente, esses fragmentos foliares foram acondicionadas durante 15 segundos em álcool 70%, 30 segundos em hipoclorito de sódio a 2% e a lavagem com água destilada esterilizada. Na sequência, os fragmentos foram distribuídos em uma placa esterilizada, na qual foi depositada uma gota de água sobre os fragmentos, para, então, macerá-los com um bisturi flambado. A repicagem deste macerado foi realizada no meio de cultura 523 (Kado; Heskett, 1970), meio básico 1 (MB1), empregando-se o método de estrias paralelas. Para cada isolado, foram utilizados três repetições. As placas foram incubadas em demanda bioquímica

do oxigênio (B.O.D) a 28°C por 48 h (Romeiro, 2001), condição ideal para o crescimento da bactéria.

Após o crescimento em placa, foi realizada a caracterização fenotípica dos isolados, verificando-se a produção ou não do pigmento marrom. A avaliação foi realizada 72 horas após crescimento em placas (King; Ward; Raney, 1954; Birch *et al.*, 1997). Os ensaios foram repetidos duas vezes.

Os isolados foram preservados em água destilada e em meio líquido peptona-glicerol, para posterior armazenamento a -80°C (Halfeld-Vieira, 1998).

2.2 Teste de patogenicidade

Para assegurar que apenas isolados bacterianos patogênicos fossem comparados, fez-se o teste de patogenicidade antes da caracterização genética. Todos os isolados foram testados para patogenicidade em cultivares de feijoeiro com diferentes níveis de reação ao CBC. Foram utilizadas as cultivares BRSMG Amuleto (moderadamente resistente), BRS Pérola (suscetível) e BRSMG União (moderadamente resistente). Três sementes de cada cultivar foram utilizadas, totalizando nove sementes por isolado. A semeadura das cultivares foi realizada em bandejas contendo substrato. Cada grupo de sementes foi separado por placas de poliestireno expandido para evitar a contaminação entre isolados presentes em uma mesma bandeja. Além disso, para evitar contaminações entre bandejas diferentes, bandejas higienizadas foram utilizadas como barreiras entre as bandejas contendo as sementes. As plantas foram mantidas sob condições de temperatura e umidade controladas em casa de vegetação até atingirem o estágio V2 (7 – 10 dias).

Antes da inoculação, colônias de cada isolado bacteriano foram cultivadas em placas de Petri com meio de cultura MB1 (Kado; Heskett, 1970) pelo método de estrias paralelas e incubadas em B.O.D a 28° C durante 48 horas. Após o crescimento, as suspensões bacterianas foram preparadas em solução salina estéril (NaCl 0,85%) com a concentração ajustada em espectrofotômetro para $A_{600nm} = 0,1$ (Monteiro *et al.*, 2020).

As plantas foram mantidas em câmara de nebulização por 48 horas antes da inoculação e depois, até o dia da avaliação. A inoculação de cada isolado foi realizada durante o estágio V2 (abertura completa das folhas primárias) das plantas como feito em Ribeiro *et al.* (2017), pelo método de incisão com tesoura, proposto por Schoonhoven e Pastor-Corrales (1987). Esse método consiste na realização de três cortes em cada uma das bordas da folha com o

auxílio de uma tesoura previamente mergulhada na suspensão bacteriana. Como controle negativo, foram semeadas, em uma bandeja separada, sementes das três cultivares. Além disso, para finalizar os procedimentos dos Postulados de Koch, foi realizado o reisolamento das bactérias a partir das folhas sintomáticas.

2.3 Virulência dos isolados de *Xanthomonas* spp. ao feijoeiro

Foram utilizadas as cultivares BRSMG Amuleto (moderadamente resistente), BRS Pérola (suscetível) e BRSMG União (moderadamente resistente) para o teste de virulência. Para cada isolado bacteriano, três sementes de cada cultivar foram semeadas, totalizando nove sementes por isolado. A semeadura foi realizada em bandejas contendo substrato adequado, sendo cada grupo de sementes separado por placas de poliestireno expandido, a fim de evitar contaminações cruzadas entre isolados presentes na mesma bandeja. Além disso, bandejas higienizadas foram utilizadas como barreiras entre os diferentes isolados para prevenir contaminações. As plantas foram mantidas sob condições de temperatura e umidade controladas em casa de vegetação até atingirem o estágio V2 (7 – 10 dias após a semeadura).

A metodologia utilizada no teste de virulência seguiu rigorosamente o protocolo descrito no teste de patogenicidade, incluindo o cultivo prévio dos isolados bacterianos, a preparação da suspensão em solução salina estéril e a inoculação pelo método de incisão com tesoura, no estágio V2 das plantas (Ribeiro *et al.*, 2017; Schoonhoven; Pastor-Corrales, 1987). Para controle negativo, foi realizada a semeadura das três cultivares que foram mantidas sem inoculação.

2.4 Avaliação da severidade do crestamento bacteriano comum

As avaliações foram realizadas aos 14 dias após a inoculação (DAI), utilizando-se a escala de notas desenvolvida por Aggour, Coyne e Vidaver (1989). O comprimento das lesões foi medido em milímetros (mm) e as notas foram atribuídas, conforme a seguinte escala: 1 = sem lesão visível; 2 = lesões < 1 mm; 3 = lesões de 1 mm; 4 = lesões de 2 mm; 5 = lesões de 3 mm; 6 = lesões de 4 mm; 7 = lesões de 5 mm; 8 = lesões de 6 mm; 9 = lesões > 7 mm.

2.5 Delineamento experimental e análises estatísticas

O delineamento experimental foi de blocos casualizados (DBC), com três repetições, em um esquema fatorial 3 x 24, composto por três cultivares de feijão e 24 isolados de *Xanthomonas* spp., resultando em 72 tratamentos.

Os dados obtidos a partir da avaliação, foram submetidos à verificação dos pressupostos de normalidade dos resíduos e homogeneidade de variâncias. Atendidos os pressupostos da análise de variância, procedeu-se à ANOVA fatorial simples, adotando o seguinte modelo estatístico:

$$Y_{ijk} = \mu + G_i + A_j + B_k + (GA)_{ij} + \varepsilon_{ijk}$$

em que:

Y_{ijk} representa a observação da severidade para o genótipo i no ambiente (isolado) j , na repetição k ;

μ é o intercepto;

G_i é o efeito fixo do genótipo i ;

A_j é o efeito fixo do ambiente (isolado) j ;

B_k é o efeito aleatório do bloco (repetição) k ;

$(GA)_{ij}$ é o efeito da interação entre genótipo e ambiente;

ε_{ijk} é o erro experimental aleatório.

Foi utilizado o modelo GGE Biplot para observar o comportameto entre isolados e cultivares (Yan; Kang, 2003). O modelo GGE Biplot considera apenas os efeitos dos genótipos e da interação genótipo x isolado, apresentando o efeito de genótipo como um efeito multiplicativo da interação genótipo x isolado (Silva; Benin, 2012).

A equação do modelo é descrita como: $Y_{ij} - \mu - \alpha_i - \beta_j = g_{i1}e_{i1} + g_{i2}e_{i2} + e_{ij}$. Nessa equação, Y_{ij} representa o desempenho do genótipo i no isolado j ; μ é a média geral das observações; α_i é o efeito do genótipo i ; β_j é o efeito principal do isolado j ; g_{i1} e e_{i1} são denominados escores principais do genótipo i e isolado j , respectivamente; g_{i2} e e_{i2} são os escores secundários para o genótipo i e do isolado j , respectivamente; e e_{ij} é o resíduo não explicado por ambos os efeitos (Silva; Benin, 2012).

Para o agrupamento das médias dos isolados e das cultivares foi utilizado o teste de médias Scott e Knott (1974) ao nível de 5% de probabilidade. Todas as análises foram realizadas no programa R (R Core Team, 2025).

3 RESULTADOS

3.1 Reação das linhagens de feijão comum aos isolados de *Xanthomonas* spp.

Diferenças significativas foram observadas entre as cultivares de feijão e os isolados de *Xanthomonas* spp. ($p < 0,05$) para a severidade do CBC. A interação entre cultivares x isolados foi significativa ($p < 0,05$), indicando que a reação das cultivares não foi coincidente nos diferentes isolados inoculados. O coeficiente de variação e a média geral foram de 19,2% e 4,9, respectivamente. As notas médias de severidade variaram de 2,0 a 9,0 entre os genótipos avaliados (Tabela 2). Como a interação foi significativa, a decomposição e o teste de médias foi realizada considerando cultivares dentro de isolados e também, isolados dentro de cultivares.

Os isolados foram agrupados conforme as notas médias de severidade em cada cultivar (Tabela 3). As três cultivares apresentaram médias de severidade distintas, com a BRSMG Amuleto (4,3) e BRSMG União (4,5) apresentando as menores médias, sugerindo uma resistência moderada ao CBC, e BRS Pérola (6,0) apresentando a maior nota média de severidade, considerada suscetível ao CBC (Tabela 3).

Tabela 2 – Resumo da análise de variância para as notas de severidade do cretamento bacteriano comum (CBC) das cultivares de feijoeiro avaliadas em casa de vegetação com inoculação de isolados de *Xanthomonas* spp.

Fonte de variação	GL	QM
Blocos	2	0,78
Isolados (I)	23	19,65*
Cultivar (C)	2	67,81*
C x I	46	5,23*
Erro	142	0,90
CV (%)		19,2
Média (LI – LS)		4,9 (2,0 – 9,0)

Legenda: LI: Limite inferior; LS: Limite superior; * significativo a 5% pelo teste F.

Fonte: Próprio Autor (2025).

Para a cultivar BRSMG União, as maiores médias de severidade foram observadas nos isolados UFLA 05(9,0), UFLA 09 (8,3) e UFLA 23 (7,3). Na BRS Pérola, as maiores médias ocorreram nos isolados UFLA 09 (9,0), UFLA 16 (9,0), UFLA 23 (8,7) e UFLA 72 (8,7). Na

BRS Amuleto, os isolados com as maiores médias foram UFLA 02 (7,0), UFLA 11 (6,7) e UFLA 09 (6,3). Por outro lado, os isolados UFLA 08 (2,0) e UFLA 06 (2,3) apresentaram as menores média de severidade em todas as três cultivares, indicando a baixa virulência desses isolados (Tabela 3).

A análise estatística pelo teste de Scott-Knott ($p < 0,05$) permitiu a formação de grupos homogêneos dentro de cada isolado, indicando diferenças significativas na reação das cultivares aos isolados testados. Para a classificação da severidade da doença, adotou-se o critério de classificação de notas, em que notas de 1 a 3,0 = resistente, notas médias de 3,1 a 5,0 = moderadamente resistente e notas médias superiores a 5,0 = suscetível.

Tabela 3 – Virulência de isolados de *Xanthomonas* spp., avaliada a partir da severidade do crestamento bacteriano comum em três cultivares de feijão.

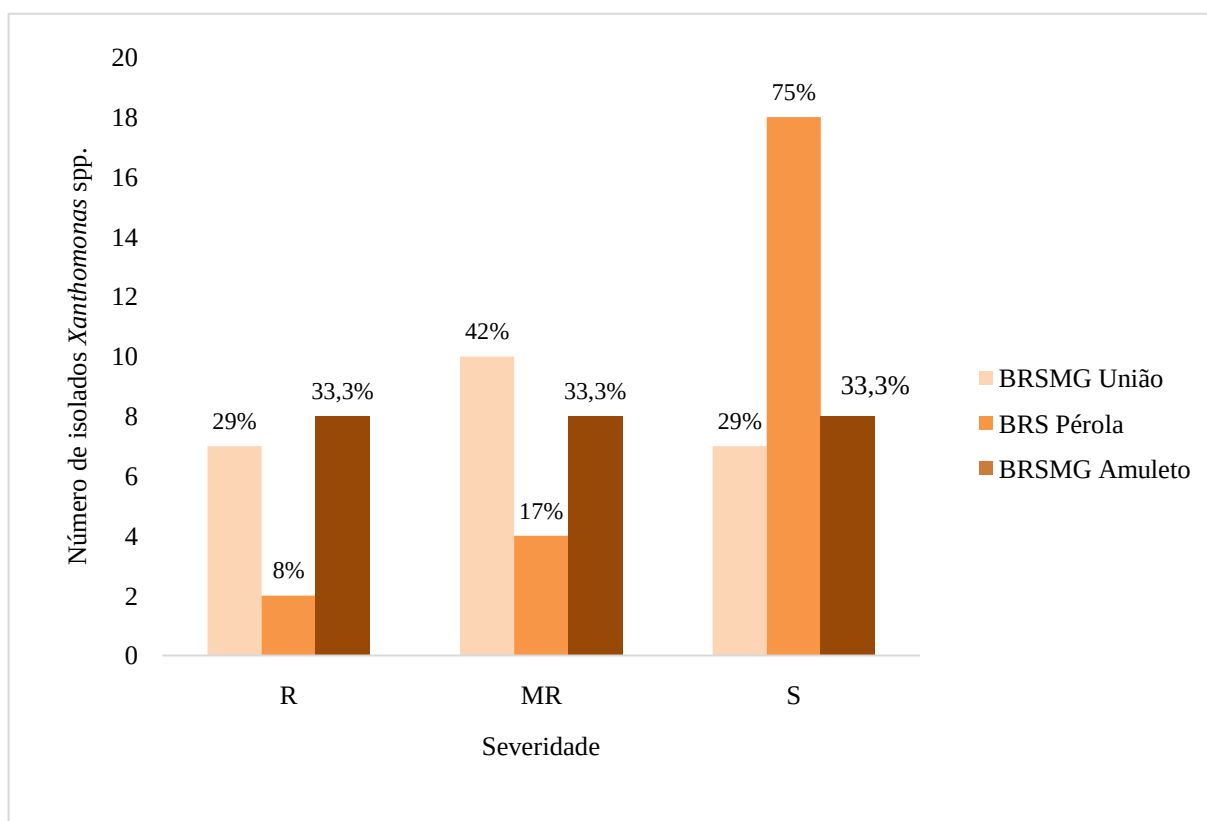
Isolados	Severidade						Média
	BRSMG União		BRS Pérola		BRSMG Amuleto		
UFLA 05	9,0 A a ¹	S ²	6,0 B b	S	4,3 B c	MR	6,4
UFLA 09	8,3 A a	S	9,0 A a	S	6,3 A b	S	7,9
UFLA 23	7,3 B a	S	8,7 A a	S	3,3 C b	MR	6,4
UFLA 15	7,0 B a	S	6,3 B a	S	3,7 C b	MR	5,7
UFLA 18*	6,7 B a	S	4,0 C b	MR	3,0 C b	R	4,6
UFLA 11	6,0 B a	S	7,7 A a	S	6,7 A a	S	6,8
UFLA 16	5,7 B b	S	9,0 A a	S	5,7 B b	S	6,8
UFLA 19	5,0 C b	MR	6,7 B a	S	3,0 C c	R	4,9
UFLA 72	5,0 C b	MR	8,7 A a	S	5,7 B b	S	6,5
UFLA 02	4,7 C b	MR	5,7 B b	S	7,0 A a	S	5,8
UFLA 20	4,3 C b	MR	7,0 B a	S	5,7 B a	S	5,7
UFLA 21	4,3 C a	MR	6,0 B a	S	5,3 B a	S	5,2
UFLA 07	4,0 C a	MR	4,0 C a	MR	4,7 B a	MR	4,2
UFLA 03	3,7 C b	MR	6,7 B a	S	5,7 B a	S	5,4
UFLA 04	3,3 D a	MR	4,7 C a	MR	3,0 C a	R	3,7
UFLA 10	3,3 D a	MR	7,3 B a	S	5,0 B b	MR	5,2
UFLA 12	3,3 D a	MR	4,7 C a	MR	2,0 C b	R	3,3
UFLA 14	3,0 D b	R	6,0 B a	S	3,0 C b	R	4,0
UFLA 01	2,7 D b	R	5,3 C a	S	5,0 B a	MR	4,3
UFLA 06	2,3 D a	R	2,3 D a	R	2,3 C a	R	2,3
UFLA 08	2,0 D a	R	2,0 D a	R	2,0 C a	R	2,0
UFLA 13	2,0 D c	R	5,3 C a	S	3,7 C b	MR	3,7
UFLA 17	2,0 D b	R	6,0 B a	S	3,0 C b	R	3,7
UFLA 22	2,0 D c	R	6,0 B a	S	3,7 C b	MR	3,9
Média	4,5		6,0		4,3		

Legenda: ¹Médias seguidas por letras iguais, maiúsculas nas colunas (isolados) e minúsculas nas linhas (cultivares), não diferem entre si pelo teste de Scott-Knott (5% de probabilidade); ²S = Suscetível; MR = Moderadamente resistente; R = Resistente; * isolado de referência Xpp CFBP 6165 da “*Collection Française de Bactéries Phytopathogènes*”.

Fonte: Próprio Autor (2025).

BRS Pérola agrupou o maior número de isolados com alta virulência (Figura 1 e Tabela 3), sendo classificada como suscetível em 75% dos isolados, moderadamente resistente em 16,7% e resistente em 8,3% dos isolados (Figura 1). Em contraste, BRSMG União e BRSMG Amuleto foram suscetíveis para 29 e 33,3% dos isolados, respectivamente. BRSMG União foi moderadamente resistente em 41,7 % dos isolados e resistente em 29,2%, enquanto BRSMG Amuleto foi resistente e moderadamente resistente em 33,3% dos isolados (Tabela 3 e Figura 1).

Figura 1 – Número de isolados de *Xanthomonas* spp. associados a diferentes níveis de resistência das linhagens de feijão comum ao crestamento bacteriano comum.

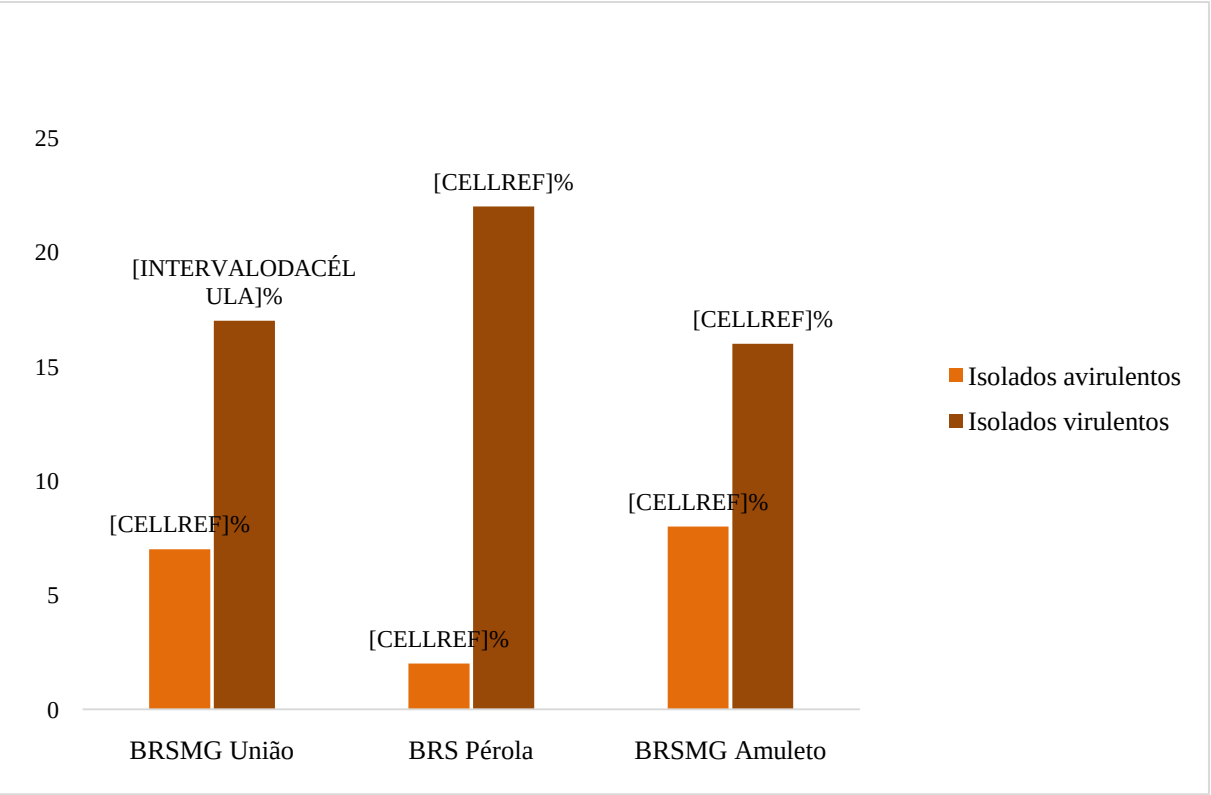


Legenda: S = Suscetível, MR = Moderadamente resistente; R = Resistente.

Fonte: Do Autor (2025).

Quanto a virulência dos isolados, foram considerados avirulentos os isolados com notas médias variando de 1 a 3,0 e virulentos os isolados com notas superiores a 3,0. Na cultivar BRS Pérola, 91% dos isolados foram virulentos, enquanto nas cultivares BRSMG União e BRSMG Amuleto a porcentagem de isolados virulentos foi de 70,8% e 66,7%, respectivamente (Figura 2).

Figura 2 – Frequência de isolados virulentos e avirulentos de *Xanthomonas* spp nas cultivares de feijoeiro (BRSMG União, BRS Pérola e BRSMG Amuleto).

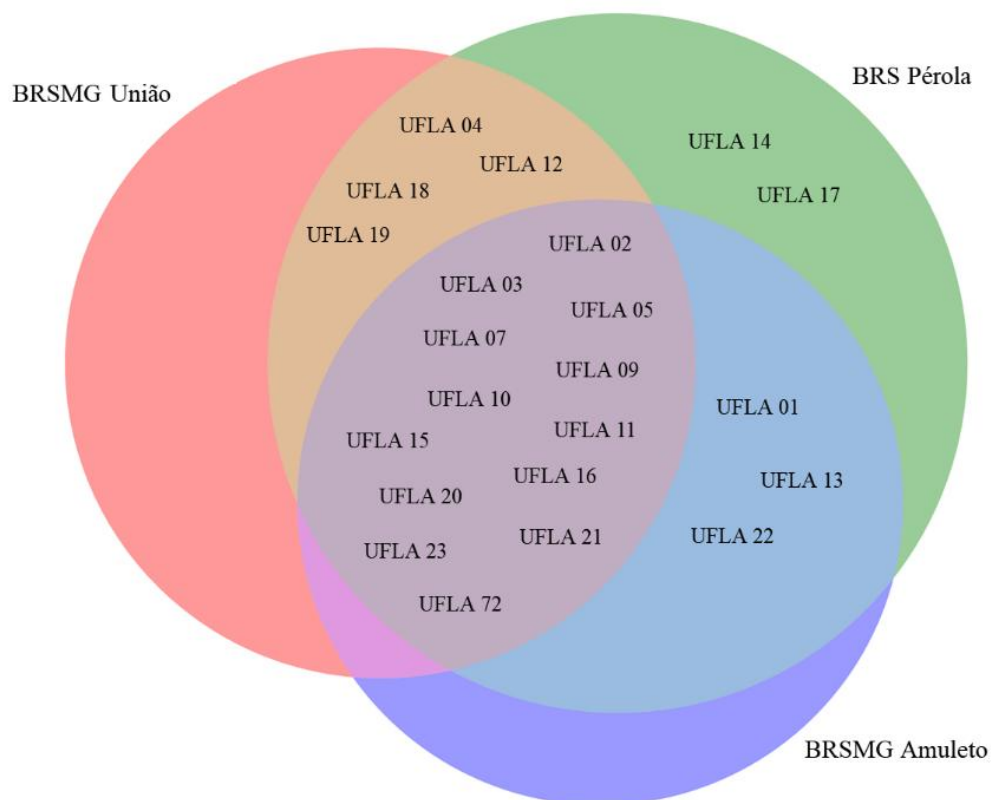


Fonte: Próprio Autor (2025).

O número de isolados de *Xanthomonas* spp. virulentos coincidentes nas diferentes cultivares de feijoeiro avaliadas foi observada por meio do diagrama de Venn (Figuras 3). A reação de suscetibilidade das cultivares foi mais similar entre a maioria dos isolados. Dos 24 isolados avaliados, 13 foram altamente virulentos nas três cultivares, 4 foram mais virulentos nas cultivares BRSMG União e BRS Pérola (UFLA 04, UFLA12, UFLA 18 e UFLA 19), e 3 foram mais virulentos entre BRSMG Amuleto e BRS Pérola (UFLA 01, UFLA 13 e UFLA 22) (Figura 3). Os isolados UFLA 14 e UFLA 17 foram virulentos apenas para a BRS Pérola.

Não houve nenhum isolado com especificidade de virulência apenas para BRSMG Amuleto ou apenas para BRSMG União.

Figura 3 – Diagrama de Venn para o número de isolados de *Xanthomonas* spp. virulentos coincidentes nas diferentes cultivares de feijão avaliadas.

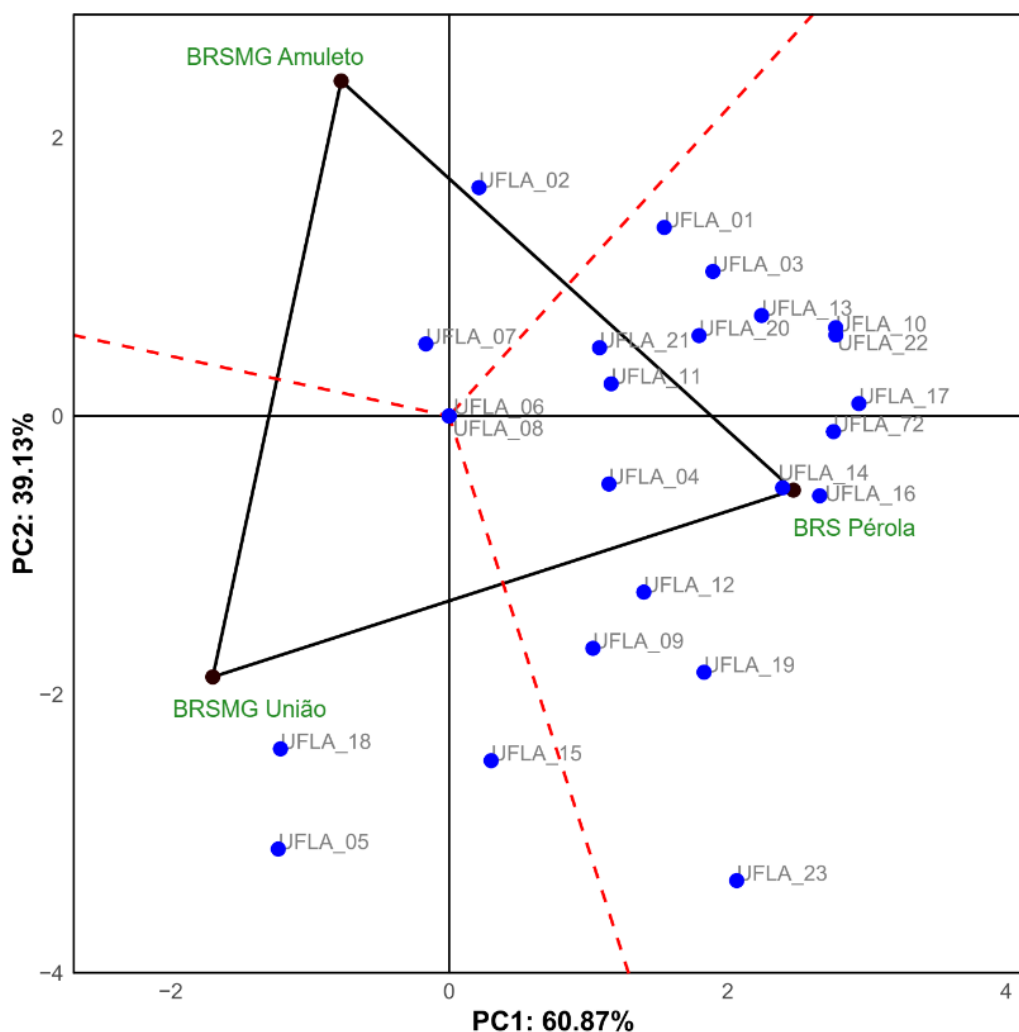


Fonte: Próprio Autor (2025).

O gráfico GGE Biplot (Figura 4) permitiu visualizar a interação entre os 24 isolados de *Xantomonas* spp. e as três cultivares (BRSMG Amuleto, BRSMG União e BRS Pérola), com base nos dados de severidade da doença. O gráfico apresentou os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), que explicaram conjuntamente 100% da variação total observada, sendo que PC1 foi responsável por 60,87% da variação e PC2 por 39,13% (Figura 4). O eixo PC1 refletiu a virulência dos isolados, enquanto o PC2 indicou a estabilidade da reação das cultivares avaliadas aos isolados. As linhas vermelhas tracejadas partem da origem e definem setores que agrupam os isolados de acordo com a cultivar, vértice de maior interação dentro de cada setor. A cultivar BRS Pérola está no setor que contém o maior número de isolados, sugerindo maior suscetibilidade frente a esses isolados. BRSMG Amuleto e BRSMG União ocupam outros vértices do polígono, indicando maior resistência a

grupos específicos de isolados. Isolados localizados próximos à origem apresentaram comportamento similar nas cultivares, enquanto os mais distantes indicam respostas diferenciadas dependendo da cultivar.

Figura 4 – GGE Biplot baseado na análise da interação entre 24 isolados de *Xanthomonas* spp. e três cultivares de feijão comum, avaliadas em casa de vegetação (estádio V2) e inoculadas pelo método de incisão com tesoura.



Fonte: Próprio Autor (2025).

4 DISCUSSÃO

Os resultados obtidos indicaram uma variação significativa na virulência dos isolados de *Xanthomonas* spp., bem como na reação das cultivares de feijão, indicando uma interação do tipo complexa entre as cultivares e os isolados avaliados. Esses resultados corroboram

estudos anteriores que destacam a diversidade de virulência entre isolados de Xpp e Xcf, bem como diferentes níveis de suscetibilidade entre genótipos de feijoeiro (Aritua *et al.*, 2015; Monteiro *et al.*, 2021; Paiva *et al.*, 2018; Viteri *et al.*, 2014; Zamani *et al.*, 2011).

As variações nas médias de severidade entre cultivares sugerem a existência de diferentes mecanismos de resistência, o que reforça a importância de se compreender a base genética dessa interação. A diversidade observada pode estar relacionada à presença de múltiplas cepas do patógeno. Como relatado na literatura, o CBC é causado por quatro cepas pertencentes a duas espécies do gênero *Xanthomonas*: *X. citri* pv. *fuscans* (cepas fuscans, NF2 e NF3) e *X. phaseoli* pv. *phaseoli* (cepa NF1) (Vauterin *et al.*, 1995; Rademaker *et al.*, 2005; Alavi *et al.*, 2008; Constantin *et al.*, 2016). Estudos genômicos indicam que eventos de transferência horizontal de genes contribuíram para a evolução da virulência, principalmente da Xpp, que teria incorporado genes de Xcf ao longo do tempo (Aritua *et al.*, 2015; Chen *et al.*, 2018).

No presente estudo, as cultivares BRSMG Amuleto, BRS Pérola e BRSMG União apresentaram reações distintas frente aos isolados testados. As cultivares BRSMG Amuleto e BRSMG União apresentaram maiores níveis de resistências, com 33,3% e 29% dos isolados, respectivamente, classificados como avirulentos a essas cultivares, destacando-as como potenciais fontes de resistência. Esse desempenho reforça a necessidade de uma caracterização detalhada tanto dos genótipos quanto dos isolados para orientar programas de melhoramento genético.

A caracterização morfológica e molecular dos isolados avaliados, realizada por Barroso *et al.* (2024) e Okazaki *et al.* (2025), respectivamente, indicou uma predominância de Xcf, com 67% dos isolados identificados pela pigmentação marrom e 79,2% por PCR. Embora a pigmentação não esteja diretamente associado à virulência (Gilbertson *et al.*, 1991; Fourie, 2002), estudos indicam que isolados de Xcf tendem a ser mais agressivos (Opio; Allen; Teren, 1996; Birch *et al.*, 1997; Fourie; Herselman, 2011), o que foi confirmado neste trabalho. Dos 24 isolados avaliados, 58,3% foram associados às três cultivares, conforme o agrupamento do diagrama de Venn (Figura 3), sendo todos classificados como Xcf, tanto na caracterização morfológica quanto molecular (Barroso *et al.*, 2024; Okazaki *et al.*, 2025). Dos isolados classificados como Xpp pelos autores (UFLA 18, UFLA 12, UFLA 08, UFLA 10 e UFLA 06), apenas os isolados UFLA 10, UFLA 12 e UFLA 18 foram virulentos nas três cultivares (Figura 3), com notas médias de severidade variando de 3,3 a 7,3, destacando-se

pela maior virulência na cultivar BRS Pérola. Por outro lado, os isolados Xpp UFLA 06 e UFLA 08 foram classificados como avirulentos nas três cultivares (Tabela 3).

Esses resultados evidenciam a alta virulência dos isolados Xcf e a diversidade dos isolados em campo. Além disso, evidencia que a alta virulência desses isolados pode estar relacionada à sua capacidade de colonizar tecidos vegetais e suprimir os mecanismos de defesa da planta (Garavaglia *et al.*, 2010; Monteiro *et al.*, 2021). Essa variação na expressão da virulência também está relacionada à diversidade de efetores bacterianos, que são proteínas que modulam a interação com o hospedeiro (Mhedbi-Hajri *et al.*, 2011; Ruh *et al.*, 2017). Estudos genômicos revelaram efetores exclusivos de Xpp (como XopC2) e de Xcf (como XopF2), além da presença de múltiplos sistemas de secreção relacionados à patogenicidade (Aritua *et al.*, 2015; Alavi *et al.*, 2008; Alves *et al.*, 2024).

A análise do GGE Biplot (Figura 4) permitiu visualizar a interação entre os isolados de *Xanthomonas* spp. e as três cultivares de feijão avaliadas. O componente principal 1 (PC1), que explicou 60,87% da variação, refletiu a virulência média dos isolados, enquanto o componente 2 (PC2), com 39,13%, mostrou a estabilidade da resposta das cultivares frente aos isolados. Isolados como UFLA 05, UFLA 09, UFLA 15 e UFLA 23, localizados no quadrante inferior direito, apresentaram alta virulência. A cultivar BRSMG União foi associada a poucos isolados virulentos (UFLA 05, UFLA 15, e UFLA 18). A BRS Pérola, por sua vez, apresentou alta suscetibilidade, evidenciada pela distribuição de isolados nos vértices do polígono, enquanto a BRSMG Amuleto foi associada a isolados predominantemente pouco virulentos.

De forma geral, isolados mais distantes da origem do biplot apresentaram maior virulência, enquanto os mais próximos ao centro apresentaram uma resposta similar nas três cultivares, com menor impacto, como observado para os isolados UFLA 06 e UFLA 08, ambos avirulentos. A baixa virulência desses isolados pode estar relacionada à expressão de genes dessas cultivares que conferem maior resistência ao CBC (Alladassi *et al.* 2018; Pereira *et al.* 2018; Almeida *et al.* 2021), principalmente no estágio de plântula (V2), como verificado por Barroso (2020), em que a maioria das linhagens de feijão comum avaliadas foram resistentes ao CBC, quando avaliadas em casa de vegetação, estágio V3.

A identificação da virulência de isolados de *Xanthomonas* spp. é crucial para a escolha de genótipos resistentes ao CBC e o avanço de programas de melhoramento genético do feijão comum. Como a resistência ao CBC é uma característica quantitativa, controlada por múltiplos genes (Singh; Schwartz, 2010; Singh; Miklas, 2015, Wendland *et al.*, 2018), a

variabilidade entre isolados de *Xanthomonas* spp. contribui para a complexidade do controle dessa doença. A caracterização detalhada dos níveis de virulência desses isolados possibilita a escolha mais precisa dos isolados a ser inoculados nas primeiras fases de seleção dos genótipos de feijoeiro, permitindo um processo mais eficiente antes da fase de campo.

A fenotipagem criteriosa e a piramidação de genes de resistência, como relatado nas linhagens VAX (Singh; Munoz, 1999), são fundamentais para o manejo integrado e sustentável da produção de feijão comum. Além disso, alguns estudos têm evidenciado o sucesso da seleção recorrente na integração da resistência do feijão comum ao CBC (Duncan; Singh; Gilbertson, 2007; Silva *et al.*, 2015; Melo *et al.*, 2019; Barroso, 2020) e outras doenças, tais como, a antracnose (Costa, *et al.*, 2020; 2021; 2024), morfo branco (Lopes *et al.*, 2019) e mancha angular (Abreu *et al.*, 2023; Lemos *et al.* 2020, Librelon *et al.*, 2020; Pádua *et al.*, 2022; Pereira *et al.*, 2015; 2019).

A identificação de isolados virulentos e a inoculação artificial em condições controladas são ferramentas importantes nesse processo, permitindo a avaliação rápida e eficaz dos genótipos num programa de melhoramento (Costa *et al.*, 2021; Paiva *et al.*, 2018; Librelon *et al.*, 2020). Essa abordagem contribui para a aceleração dos ciclos de seleção, o que, por sua vez, reduz a quantidade de genótipos a ser avaliada em campo, aumentando a eficiência do programa de melhoramento.

5 CONCLUSÃO

Os resultados obtidos neste estudo destacam a ampla variabilidade na virulência de isolados de *Xanthomonas* spp. associados ao cretamento bacteriano comum do feijoeiro, com predominância de isolados *X. citri* pv. *fuscans*, classificados como altamente virulentos.

A interação significativa entre os isolados e cultivares evidencia a complexidade desse patossistema e destaca a importância da identificação da virulência de isolados de *Xanthomonas* spp. para a escolha e seleção de genótipos resistentes ao CBC nos programas de melhoramento genético do feijão comum visando resistência a este patógeno.

REFERÊNCIAS

- ABREU, *et al.* Genetic progress after 18 cycles of recurrent selection for common bean angular leaf spot resistance in Brazil. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, v. 66, p. 3–4, 2023. Disponível em: https://www.bic.uprm.edu/wp-content/uploads/2023/10/BIC_v66_2023.pdf. Acesso em 17 mai. 2025.
- AGGOUR, Ahmed R.; COYNE, Dermot P.; VIDAVER, Anne K. Comparison of leaf and pod disease reactions of beans (*Phaseolus vulgaris* L.) inoculated by different methods with strains of *Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli* (Smith) Dye. **Euphytica**, v. 43, p. 143-152, 1989.
- AGRIOS, G. N. Plant pathology., 5th edn. (Academic Press: San Diego). 2005. <https://doi.org/10.1007/BF00037907>.
- ALAVI, Seyed Mehdi *et al.* Assessment of the genetic diversity of *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* and *Xanthomonas fuscans* subsp. *fuscans* as a basis to identify putative pathogenicity genes and a type III secretion system of the SPI-1 family by multiple suppression subtractive hybridizations. **Applied and Environmental Microbiology**, v. 74, n. 10, p. 3295-3301, 2008. <https://doi.org/10.1128/AEM.02507-07>
- ALLADASSI, Boris M. E *et al.* Identification of common bean genotypes with dual leaf and pod resistance to common bacterial blight disease in Uganda. **African Crop Science Journal**, v. 26, n. 1, p. 63-77, 2018. <https://doi.org/10.4314/acsj.v26i1.5>
- ALMEIDA, Caléo Panhoca de *et al.* Genome-wide association mapping reveals race-specific SNP markers associated with anthracnose resistance in carioca common beans. **PLoS One**, v. 16, n. 5, p. e0251745, 2021. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0251745>
- ALVES, Francisco Henrique Nunes da Silva *et al.* Genes putatively involved in *Phaseolus vulgaris* resistance against *Xanthomonas phaseoli* pv. *phaseoli* revealed by a genome-wide association study. **Plant Pathology**, v. 73, n. 8, p. 2157-2167, 2024. <https://doi.org/10.1111/ppa.13963>
- ARITUA, Valente *et al.* Genome sequencing reveals a new lineage associated with lablab bean and genetic exchange between *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* and *Xanthomonas fuscans* subsp. *fuscans*. **Frontiers in microbiology**, v. 6, p. 1080, 2015. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2015.01080>.
- AUDY, Patrice *et al.* Detection of the bean common blight bacteria, *Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli* and *X. c. phaseoli* var. *fuscans*, using the polymerase chain reaction. **Phytopathology**, v. 84, n. 10, p. 1185-1192, 1994.
- BARBOSA, Caio Cesar Ferrari *et al.* Association mapping for common bacterial blight in carioca beans. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 22, p. e41712239, 2022. <https://doi.org/10.1590/1984-70332022v22n3a32>
- BARROSO, Ednilson Barros. **Reação de linhagens elites de feijoeiro à *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*, agente causal do cretamento bacteriano comum**. 2020. 49 f.

Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2020. Disponível em: <http://repositorio.ufla.br/jspui/handle/1/45816>. Acesso em: 15 maio 2025.

BARROSO, Ednilson Barros *et al.* Morphological characterization of *Xanthomonas* spp. isolates from leaves in common bean. **GENETIC PROGRESS AFTER 18 CYCLES OF RECURRENT SELECTION FOR COMMON BEAN ANGULAR LEAF SPOT RESISTANCE IN BRAZIL** Ângela de Fátima Barbosa Abreu¹, Letícia Prada de Miranda², Magno Antonio Patto Ramalho², Elaine Aparecida de Souza², Fernanda Aparecida Castro Pereira², Vinícius Quintão Carneiro² Disponível em: https://www.bic.uprm.edu/wp-content/uploads/2024/12/BIC_v67_2024.pdf. Acesso em: 15 maio 2025.

BIRCH, Paul RJ *et al.* RAPD PCR-based differentiation of *Xanthomonas campestris* pv. phaseoli and *Xanthomonas campestris* pv. phaseoli var. fuscans. **European Journal of Plant Pathology**, v. 103, p. 809-814, 1997. <https://doi.org/10.1023/A:1008698726790>.

BORÉM, A.; CAIXETA, E. **Marcadores Moleculares**. Viçosa: editora UFV, 2016. 385 p
BREED, R. S.; MURRAY E.G.D.; SMITH, N. R. **Manual of Determinative Bacteriology**. S.L: Lippincott Williams & Wilkins, p. 787, 1994.

CHEN, Nicolas WG *et al.* Common bacterial blight of bean: a model of seed transmission and pathological convergence. **Molecular Plant Pathology**, v. 22, n. 12, p. 1464-1480, 2021. <https://doi.org/10.1111/mpp.13067>

CHEN, Nicolas WG *et al.* Horizontal gene transfer plays a major role in the pathological convergence of *Xanthomonas* lineages on common bean. **BMC genomics**, v. 19, p. 1-20, 2018. <https://doi.org/10.1186/s12864-018-4975-4>

CLAFLIN, L. E.; VIDAVER, A. K.; SASSER, M. M. X. P. MXP, a semi-selective medium for *Xanthomonas campestris* pv. phaseoli. **Phytopathology**, v.77, n.5, p.730-734, 1987. <https://doi.org/10.1094/Phyto-77-730>

CONSTANTIN, E. C. *et al.* Genetic characterization of strains named as *Xanthomonas axonopodis* pv. *dieffenbachiae* leads to a taxonomic revision of the *X. axonopodis* species complex. **Plant Pathology**, v. 65, n. 5, p. 792-806, 2016. <https://doi.org/10.1111/ppa.12461>

COSTA, L. C. *et al.* Effectiveness of recurrent selection for anthracnose resistance in common bean. 2020. Annual Report of the Bean Improvement Cooperative, v. 63, p. 73–74, 2020. Disponível em: https://www.bic.uprm.edu/wp-content/uploads/2020/11/BICv63_2020.pdf. Acesso em: 11 mai. 2025

COSTA, Larissa C. *et al.* Recurrent selection for broad-spectrum resistance to anthracnose in common bean. **Crop Science**, v. 64, n. 6, p. 3073-3085, 2024. <https://doi.org/10.1002/csc2.21319>.

COSTA, Larissa Carvalho *et al.* Different loci control resistance to different isolates of the same race of *Colletotrichum lindemuthianum* in common bean. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 134, p. 543-556, 2021. <https://doi.org/10.1007/s00122-020-03713-x>.

DENARDIN, Norimar D.'Ávila; AGOSTINI, Vanessa Andréia. Detection and quantification of *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* and its variant *fuscans* in common bean seeds. **Journal of Seed Science**, v. 35, p. 428-434, 2013. <https://doi.org/10.1590/S2317-15372013000400003>

DUNCAN, Robert W.; SINGH, Shree P.; GILBERTSON, Robert L. Two cycles of recurrent selection for pyramiding common bacterial blight resistance in common bean. **Annual Report-Bean Improvement Cooperative**, v. 50, p. 107, 2007.

EMBRAPA ARROZ E FEIJÃO. **Dados conjunturais da produção de feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) e feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp) no Brasil (1985 a 2023): área, produção e rendimento**. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2024. Disponível em: <<http://www.cnpaf.embrapa.br/socioeconomia/index.htm>>. Acesso em: 13 mai. 2025

EMBRAPA ARROZ E FEIJÃO. **Feijão**. In: Agência Embrapa de Informação Tecnológica. Cultivos. Brasília, DF: Embrapa, 2023. Disponível em: <https://www.embrapa.br/agencia-de-informacao-tecnologica/cultivos/feijao>. Acesso em: 13 maio 2025.

FAO. Food and Agriculture Organization of the United Nations. FAOSTAT: Crops and livestock products. 2023. Disponível em: <https://www.fao.org/faostat/en/#data/QCL>. Acesso em: 11 maio 2025

FOURIE, D. Distribution and severity of bacterial diseases on dry beans (*Phaseolus vulgaris* L.) in South Africa. **Journal of Phytopathology**, v. 150, n. 4-5, p. 220-226, 2002. <https://doi.org/10.1046/j.1439-0434.2002.00745.x>

FOURIE, D.; HERSELMAN, L. Pathogenic and genetic variation in *Xanthomonas axonopodis* pv. *Phaseoli* and its *fuscans* variant in Southern Africa. **African Crop Science Journal**, v. 19, n. 4, p. 393-407, 2011. Disponível em: <https://www.ajol.info/index.php/acsj/article/view/74199>. Acesso em: 05 mai. 2025.

GARAVAGLIA, Betiana S. *et al.* Shedding light on the role of photosynthesis in pathogen colonization and host defense. **Communicative & integrative biology**, v. 3, n. 4, p. 382-384, 2010. <https://doi.org/10.4161/cib.3.4.12029>

GILBERTSON, R.L.; OTOYA, M.M.; PASTOR-CORRALES, M.A.; MAXWELL, D.P. 1991. Genetic diversity in common blight bacteria is revealed by cloned repetitive DNA sequences. Bean Improvement Cooperative. Annual Report (USA). 34:37-38. Disponível em: <https://hdl.handle.net/10568/88712>. Acesso em: 13 mai. 2025

GOODWIN, P. H.; SOPHER, C. R. Water Stress in Leaves of *Phaseolus vulgaris* Infected with *Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli*. **Journal of Phytopathology**, v. 140, n. 3, p. 219-226, 1994. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0434.1994.tb04811.x>.

HALFELD-VIEIRA, Bernardo de Almeida. **Fitobacteriologia**: Guia de Laboratório. 1998

KADO, C. I.; HESKETT, M. G. Selective media for isolation of agrobacterium, Corynebacterium, Erwinia, Pseudomonas and Xanthomonas. **Phytopathology**, v. 60, n. 6, p. 969-976, 1970. Disponível em: https://www.apsnet.org/publications/phytopathology/backissues/Documents/1970Articles/Phyto60n06_969.pdf.

KARAVINA, C. *et al.* A review of the occurrence, biology and management of common bacterial blight. **Journal of Agricultural Technology**, v. 7, n. 6, p. 1459-1474, 2011. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/256274783_A_review_of_the_occurrence_biology_and_management_of_common_bacterial_blight. Acesso em: 27 jul. 2024.

KING, Elizabeth O.; WARD, Martha K.; RANEY, Donald E. Two simple media for the demonstration of pyocyanin and fluorescin. **The Journal of laboratory and clinical medicine**, v. 44, n. 2, p. 301-307, 1954.

LEMOES, Roxane do Carmo *et al.* A half century of a bean breeding program in the South and Alto Paranaíba regions of Minas Gerais. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 20, n. 2, p. e295420211, 2020. <https://doi.org/10.1590/1984-70332020v20n2c27>.

LIBRELON, Samira Santiago *et al.* Increasing the efficiency of recurrent selection for angular leaf spot resistance in common bean. **Crop Science**, v. 60, n. 2, p. 751-758, 2020. <https://doi.org/10.1002/csc2.20010>.

LOPES, Fernanda Souza *et al.* Recurrent selection in common bean aiming at resistance to white mold in a greenhouse. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 19, p. 95-101, 2019. <https://doi.org/10.1590/1984-70332019v19n1a13>.

MARIANO, R. L. R.; SOUZA, E. B. **Manual de Práticas em Fitobacteriologia**. 3. ed. Recife-PE: UFRP, 2017. 234 p.

MARINGONI, A. C.; KIMATI, Hiroshi; KUROSZAWA, C. Desenvolvimento de meio de cultura semi-seletivo para Xanthomonas campestris pv. phaseoli. **Summa Phytopathologica**, v. 20, n. 1, p. 49, 1994.

MARINGONI, Antonio Carlos. Virulência de isolados de Xanthomonas campestris pv. phaseoli (Smith) Dye em feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 33, n. 6, p. 861-867, 1998.

MELO, L. C. *et al.* Genetic diversity as an additional selection criterion in a carioca common bean recurrent selection program for resistance to common bacterial blight. **Genetics and Molecular Research**, v. 18, n. 4, p. gmr18368, 2019. <http://dx.doi.org/10.4238/gmr18368>.
MHEDBI-HAJRI, Nadia *et al.* Sensing and adhesion are adaptive functions in the plant pathogenic xanthomonads. **BMC Evolutionary Biology**, v. 11, p. 1–12, 2011. <https://doi.org/10.1186/1471-2148-11-67>.

MONTEIRO, Ana Leticia R. *et al.* Genome-wide association study (GWAS) of Phaseolus vulgaris resistance to Xanthomonas citri pv. fuscans. **Plant Pathology**, v. 70, n. 7, p. 1733-1744, 2021. <https://doi.org/10.1111/ppa.13399>.

MONTEIRO, Ana Leticia Rocha *et al.* Sources, spectrum, genetics, and inheritance of *Phaseolus vulgaris* resistance against *Xanthomonas citri* pv. *fuscans*. **Phytopathology**, v. 110, n. 8, p. 1428-1436, 2020. <https://doi.org/10.1094/PHYTO-01-20-0020-R>.

OKAZAKI, Akemi Wiermann *et al.* Molecular characterization of *Xanthomonas* spp. isolates from leaves in common bean. *BIC Annual Report*, in press, 2025.

OPIO, A. F.; ALLEN, David J.; TERI, J. M. Pathogenic variation in *Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli*, the causal agent of common bacterial blight in *Phaseolus* beans. **Plant Pathology**, v. 45, n. 6, p. 1126-1133, 1996. <https://doi.org/10.1046/j.1365-3059.1996.d01-187.x>.

PÁDUA, Paula Furtado *et al.* Identification of sources of resistance to race 63-63 of *Pseudocercospora griseola* in common bean lines. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 22, n. 1, p. e36982215, 2022. <http://dx.doi.org/10.1590/1984-70332022v22n1a05>.

PAIVA, Bruna Alicia Rafael de; WENDLAND, Adriane; BORBA, Tiago C.; ARAÚJO, Luiz G. Molecular characterization and differential interaction of *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* and *Xanthomonas fuscans* subsp. *fuscans* with common beans (*Phaseolus vulgaris*). **Genetics and Molecular Research**, v. 17, n. 1, art. gmr16039871, 2018. <https://doi.org/10.4238/gmr16039871>.

PAIVA, Bruna Alicia Rafael. **Crestamento bacteriano do feijoeiro no Brasil: distribuição, diversidade e detecção de seus agentes causais (*Xanthomonas* spp.)**. 2018. 160 p. Doutorado em Fitopatologia – Universidade de Brasília, Brasília, DF. Disponível em: http://www.realp.unb.br/jspui/bitstream/10482/40240/1/2018_BrunaAl%C3%ADciaRafaeldePaiva.pdf. Acesso em: 27 jul. 2024.

PAIVA, Bruna Alicia Rafael *et al.* Rapid Detection of *Xanthomonas citri* pv. *fuscans* and *Xanthomonas phaseoli* pv. *phaseoli* in Common Bean by Loop-Mediated Isothermal Amplification. **Plant disease**, v. 104, n. 1, p. 198-203, 2020. <https://doi.org/10.1094/PDIS-02-19-0325-RE>.

PARADELA FILHO, O.; CARVALHO, A.; POMPEU, A. Ocorrência de *Xanthomonas phaseoli* var. *fuscans* (Burk.) Starr Burk, em feijões secos no Estado de São Paulo, 1967 . *Bragantia* 26:1-5. <http://dx.doi.org/10.1590/S0006-87051967000100034>

PEREIRA, Helton S. *et al.* Genotype by environment interaction for disease resistance and other important agronomic traits supporting the indication of common bean cultivars. **Euphytica**, v. 214, n. 1, p. 12, 2018. <https://doi.org/10.1007/s10681-017-2093-z>.

PEREIRA, R. *et al.* Aggressiveness of *Pseudocercospora griseola* strains in common bean genotypes and implications for genetic improvement. *Genetics and Molecular Research*, v. 14, n. 2, p. 5044-5033, 2015. <http://dx.doi.org/10.4238/2015.May.12.7>.

PEREIRA, Rafael *et al.* Phenotyping for angular leaf spot severity and its implication in breeding common bean for resistance. **Scientia Agricola**, v. 76, p. 415-423, 2019. <http://dx.doi.org/10.1590/1678-992X-2017-0394>.

R CORE TEAM. **R: A language and environment for statistical computing**. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2025. Disponível em: <https://www.r-project.org/>. Acesso em: 15 jan 2025.

RADEMAKER, J. L. W. *et al.* A comprehensive species to strain taxonomic framework for *Xanthomonas*. **Phytopathology**, v. 95, n. 9, p. 1098-1111, 2005. <https://doi.org/10.1094/PHTO-95-1098>.

REZENDE, Amanda Alves *et al.* Nutritional and protein quality of dry Brazilian beans (*Phaseolus vulgaris* L.). **Food Science and Technology**, v. 38, p. 421-427, 2017. <https://doi.org/10.1590/1678-457X.05917>.

RIBEIRO, Tamires *et al.* Reaction of common bean lines to *Xanthomonas axonopodis* pv. phaseoli and *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. flaccumfaciens. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 17, n. 1, p. 40-46, 2017. <https://doi.org/10.1590/1984-70332017v17n1a6>.

ROBBS, C. F. A bacteriose do feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.) no Distrito Federal. **Agronomia**, Rio de Janeiro, v. 12, p. 445-448, 1954.

ROMEIRO, R.S. **Métodos em bacteriologia de plantas**. 1. ed. UFV, 2001. 279 p.

RUH, Mylène *et al.* *Xanthomonas* adaptation to common bean is associated with horizontal transfers of genes encoding TAL effectors. **BMC genomics**, v. 18, p. 1-18, 2017. <https://doi.org/10.1186/s12864-017-4087-6>.

SCHAAD, Norman W.; JONES, Jeffrey Bryant; CHUN, Wesley. **Laboratory guide for the identification of plant pathogenic bacteria**. 2001.

SCHOONHOVEN, Aart Van; PASTOR CORRALES, Marcial A. Sistema estándar para la evaluación de germoplasma de frijol. 1987. Disponível em: <https://hdl.handle.net/10568/69699>. Acesso em 11 mai. 2025.

SCOTT, Andrew Jhon; KNOTT, Martin. A cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**, p. 507-512, 1974. <https://doi.org/10.2307/2529204>.

SILVA JÚNIOR, Tadeu Antônio Fernandes da *et al.* Common bacterial blight of beans: an integrated approach to disease management in Brazil. **Tropical Plant Pathology**, v. 47, n. 4, p. 457-469, 2022. <https://doi.org/10.1007/s40858-022-00504-1>

SILVA, Adélia Cristina F. *et al.* Seleção recorrente para resistência ao cretamento bacteriano comum em feijoeiro-comum do grupo carioca na Embrapa. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS, 8., 2015, Goiânia. O melhoramento de plantas, o futuro da agricultura e a soberania nacional: anais. Goiânia: UFG: SBMP, 2015.

SILVA, Osmira Fátima da; WANDER, Alcido Elenor. Consumo. In: EMBRAPA ARROZ E FEIJÃO. Consumo de feijão. Embrapa, 2023. Disponível em: <https://www.embrapa.br/agencia-de-informacao-tecnologica/cultivos/feijao/pos-producao/consumo>. Acesso em: 13 maio 2025.

SILVA, Raphael Rossi; BENIN, Giovani. Análises Biplot: conceitos, interpretações e aplicações. **Ciência Rural**, v. 42, p. 1404-1412, 2012. <https://doi.org/10.1590/S0103-84782012000800012>.

SINGH, Shree P.; MIKLAS, Phillip N. Breeding common bean for resistance to common blight: A review. **Crop Science**, v. 55, n. 3, p. 971-984, 2015. <https://doi.org/10.2135/cropsci2014.07.0502>.

SINGH, Shree P.; MUNOZ, Carlos G. Resistance to common bacterial blight among *Phaseolus* species and common bean improvement. **Crop Science**, v. 39, n. 1, p. 80-89, 1999. <https://doi.org/10.2135/cropsci1999.0011183X003900010013x>.

SINGH, Shree P.; SCHWARTZ, Howard F. Breeding common bean for resistance to diseases: a review. **Crop Science**, v. 50, n. 6, p. 2199-2223, 2010. <https://doi.org/10.2135/cropsci2009.03.0163>.

SMITH, E. F. Description of *Bacillus phaseoli* n. sp. **Botanical Gazette**, v. 24, p. 192, 1897.

TEBALDI, Nilvanira D.; SOUZA, Ricardo M.; MACHADO, José C. Detecção de *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* em Sementes de Feijão em Meio de Cultura Semi Seletivo. **Fitopatologia Brasileira**, v. 32, p. 56-58, 2007. <https://doi.org/10.1590/S0100-41582007000100008>.

TEREFE, Habtamu *et al.* Vermicompost and bactericide application minimized common bacterial blight development and enhanced nodulation and agronomic performances of bean varieties in Southern Ethiopia. **Agrosystems, Geosciences & Environment**, v. 7, n. 1, p. e20465, 2024. <https://doi.org/10.1002/agg2.20465>.

TORRES, João Pereira; MARINGONI, Antonio Carlos. **Crestamento bacteriano comum**. In: DALLA PRIA, Maristella; SILVA, Olavo Corrêa da (org.). Cultura do feijão: doenças e controle. Ponta Grossa: Editora UEPG, 2018. p. 15–22. ISBN 978-85-7798-229-5. <https://doi.org/10.5212/7798-229-5>.

TOTH; HYMAN; BIRCH. PCR-based detection of *Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli* var. *fuscans* in plant material and its differentiation from *X. c.* pv. *phaseoli*. **Journal of Applied Microbiology**, v. 85, n. 2, p. 327-336, 1998. <https://doi.org/10.1046/j.1365-2672.1998.00514.x>.

UEBERSAX, Mark A. *et al.* Dry beans (*Phaseolus vulgaris* L.) as a vital component of sustainable agriculture and food security—A review. **Legume science**, v. 5, n. 1, p. e155, 2023. <https://doi.org/10.1002/leg3.155>

VAUTERIN, L. *et al.* Reclassification of xanthomonas. **International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology**, v. 45, n. 3, p. 472-489, 1995.
<https://doi.org/10.1099/00207713-45-3-472>.

VITERI, Diego M. *et al.* A new common bacterial blight resistance QTL in VAX 1 common bean and interaction of the new QTL, SAP6, and SU91 with bacterial strains. **Crop Science**, v. 54, n. 4, p. 1598-1608, 2014. <https://doi.org/10.2135/cropsci2014.01.0008>.

WENDLAND, A. *et al.* Doenças do feijoeiro. **Manual de fitopatologia: doenças das plantas cultivadas**, v. 2, p. 3, 2016. In: AMORIM, L. *et al.* (Eds.). Manual de fitopatologia: doenças das plantas cultivadas. 5. ed. vol. 2. Ouro Fino: Agronômica Ceres, 2016. p. 383–396.

WENDLAND, Adriane; LOBO JUNIOR, M.; DE FARIA, J. C. Manual de identificação das principais doenças do feijoeiro-comum. 2018.

YAN, W.; KANG, M. GGE biplot analysis: a graphical tool for breeders. In: YAN, W.; KANG, M.S. **GGE Biplot Analysis**: a graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists. Boca Raton: CRC Press, p.229-239, 2003.
<https://doi.org/10.1201/9781420040371-10>.

YOUNG, J. M. *et al.* A proposed nomenclature and classification for plant pathogenic bacteria. **New Zealand Journal of Agricultural Research**, v. 21, n. 1, p. 153-177, 1978.
<https://doi.org/10.1080/00288233.1978.10427397>.

ZAMANI, Zahra *et al.* Genetic diversity of the common bacterial blight pathogen of bean, *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*, in Iran revealed by rep-PCR and PCR–RFLP analyses. **World Journal of Microbiology and Biotechnology**, v. 27, p. 2371-2378, 2011.
<https://doi.org/10.1007/s11274-011-0705-7>.

AGRADECIMENTOS

Os autores agradecem às agências Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), Fundação de Amparo à Pesquisa de Minas Gerais (FAPEMIG) e Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pelo apoio financeiro.

TERCEIRA PARTE

3 CONSIDERAÇÕES FINAIS

Esta reuniu estratégias complementares para o enfrentamento do cretamento bacteriano comum (CBC) no feijão comum, integrando ferramentas genômicas e fenotípicas aplicadas à seleção de geótipos resistentes. O artigo 1 demonstrou que há variabilidade genética significativa entre linhagens de feijão comum quanto à resistência ao CBC, com base nas avaliações realizadas nos estádios V3 (casa de vegetação) e R8 (campo). Por meio da análise de associação genômica (GWAS), foram identificados SNPs significativos nos cromossomos Pv1, Pv6 e Pv9, cujos genes candidatos estão relacionados a mecanismos de defesa, como proteínas quinases, citocromos P450 e proteínas com repetições ricas em leucina (LRR). Esses resultados fornecem alvos moleculares relevantes para a seleção assistida por marcadores e para o avanço dos programas de melhoramento genético.

O artigo 2 reforçou a complexidade do patossistema *P. vulgaris* – *Xanthomonas* spp., ao revelar ampla variabilidade na virulência entre os isolados bacterianos avaliados, bem como diferenças significativas na reação das cultivares. A interação genótipo × patógeno, observada no modelo GGE Biplot, demonstra a importância de caracterizar detalhadamente os isolados utilizados nos testes de resistência. A identificação de isolados com diferentes níveis de virulência, aliada à inoculação artificial em estádio jovem de desenvolvimento, mostrou-se uma estratégia eficaz para antecipar o descarte de genótipos suscetíveis, reduzindo custos e tempo nas fases subsequentes do programa de melhoramento.

A combinação dessas abordagens (mapeamento genômico, caracterização fenotípica e avaliação da virulência) representa um avanço metodológico com forte aplicabilidade no melhoramento genético do feijão comum. Os resultados obtidos contribuem para o desenvolvimento de cultivares com bons níveis de resistência, e reforçam o papel das técnicas moleculares como ferramenta aliada à sustentabilidade da produção agrícola. Além disso, os resultados desta tese apontam caminhos promissores para futuras pesquisas, como a validação dos SNPs em populações distintas, a caracterização da resistência de linhagens de feijão comum em diferentes condições ambientais, a integração de resistência múltipla a outras doenças economicamente importantes e o uso da seleção recorrente para a integração da resistência do feijão comum ao CBC.

Em conclusão, a presente tese oferece uma contribuição valiosa para o melhoramento genético do feijão comum, fornecendo ferramentas para o desenvolvimento de cultivares mais resistentes ao CBC e propondo estratégias eficazes para o controle dessa doença. A combinação de abordagens genômicas e fenotípicas abre novas possibilidades para a agricultura sustentável e o fortalecimento da segurança alimentar.

REFERÊNCIAS

ABD-ALLA, M. H.; BASHANDY, S. R.; SCHNELL S. Occurrence of *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*, the causal agent of common bacterial blight disease, on seeds of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) in Upper Egypt. **Folia Microbiology**, v. 55, n. 1, p. 47–52, 2010. <https://doi.org/10.1007/s12223-010-0008-7>.

AKHAVAN, Alireza *et al.* Bean common bacterial blight: pathogen epiphytic life and effect of irrigation practices. **SpringerPlus**, v. 2, p. 1-9, 2013. <https://doi.org/10.1186/2193-1801-2-41>.

ALVES, Francisco Henrique Nunes da Silva *et al.* Genes putatively involved in *Phaseolus vulgaris* resistance against *Xanthomonas phaseoli* pv. *phaseoli* revealed by a genome-wide association study. **Plant Pathology**, v. 73, n. 8, p. 2157-2167, 2024. <https://doi.org/10.1111/ppa.13963>.

BARBOSA, Caio Cesar Ferrari *et al.* Association mapping for common bacterial blight in carioca beans. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 22, p. e41712239, 2022. <https://doi.org/10.1590/1984-70332022v22n3a32>

BELETE, Tibebe; BASTAS, K. K. Common bacterial blight (*Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*) of beans with special focus on Ethiopian condition. **J Plant Pathol Microbiol**, v. 8, n. 2, p. 1000403, 2017. <https://doi.org/10.4172/2157-7471.1000403>

BIANCHINI, A.; MARINGONI, A. C.; CARNEIRO, SMTG. Doenças do feijoeiro. In: KIMATI, H. *et al.* (Eds). **Manual de Fitopatologia**. Doenças das plantas cultivadas. São Paulo: Agronômica , v. 2, n.4, p. 333-360, 2005.

BROUGHTON, William J. *et al.* Beans (*Phaseolus* spp.)—model food legumes. **Plant and soil**, v. 252, p. 55-128, 2003. <https://doi.org/10.1023/A:1024146710611>

CANALE, Maria Cristina *et al.* Pragas e doenças do feijão: diagnose, danos e estratégias de manejo. **Boletim Técnico**, n. 197, 2020.

CHEN, Nicolas WG *et al.* Common bacterial blight of bean: a model of seed transmission and pathological convergence. **Molecular Plant Pathology**, v. 22, n. 12, p. 1464-1480, 2021. <https://doi.org/10.1111/mpp.13067>

CONAB. Acompanhamento da safra brasileira de grãos: v. 5, n. 5. Brasília: Companhia Nacional de Abastecimento, 2018.

CONSTANTIN, E. C. *et al.* Genetic characterization of strains named as *Xanthomonas axonopodis* pv. *dieffenbachiae* leads to a taxonomic revision of the *X. axonopodis* species complex. **Plant Pathology**, v. 65, n. 5, p. 792-806, 2016. <https://doi.org/10.1111/ppa.12461>

COSTA, Joaquim Geraldo Cáprio da *et al.* Reação de genótipos de feijoeiro comum ao cretamento bacteriano comum e à murcha-de-curtobacterium. **Ceres**, v. 55, n. 5, 2008. Disponível em: <https://ojs.ceres.ufv.br/ceres/article/view/3347>. Acesso em 13 mai. 2025

DE RON, Antonio M. *et al.* History of the common bean crop: its evolution beyond its areas of origin and domestication. **Arbor Ciencia, Pensamiento y Cultura**, v. 192, n. 779, p. a317, 2016. <http://dx.doi.org/10.3989/arbor.2016.779n3007>.

DURHAM, Kelli M. *et al.* Interaction of common bacterial blight quantitative trait loci in a resistant inter-cross population of common bean. **Plant Breeding**, v. 132, n. 6, p. 658-666, 2013. <https://doi.org/10.1111/pbr.12103>

DURSUN, Atila; DÖNMEZ, M. Figen; ŞAHİN, Fikrettin. Identification of resistance to common bacterial blight disease on bean genotypes grown in Turkey. *European Journal of Plant Pathology*, v. 108, p. 811–813, 2002. DOI: <https://doi.org/10.1023/A:1020882917342>

EMBRAPA ARROZ E FEIJÃO. **Dados conjunturais da produção de feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) e feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp) no Brasil (1985 a 2023): área, produção e rendimento**. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2024. Disponível em: <<http://www.cnpaf.embrapa.br/socioeconomia/index.htm>>. Acesso em: 14/04/2025.

FAO. Food and Agriculture Organization of the United Nations. FAOSTAT: Crops and livestock products. 2023. Disponível em: <https://www.fao.org/faostat/en/#data/QCL>. Acesso em: 11 maio 2025

FOURIE, D. Distribution and severity of bacterial diseases on dry beans (*Phaseolus vulgaris* L.) in South Africa. **Journal of Phytopathology**, v. 150, n. 4-5, p. 220-226, 2002. <https://doi.org/10.1046/j.1439-0434.2002.00745.x>

FOURIE, D.; HERSELMAN, L. Pathogenic and genetic variation in *Xanthomonas axonopodis* pv. *Phaseoli* and its fuscans variant in Southern Africa. **African Crop Science Journal**, v. 19, n. 4, p. 393-407, 2011. Disponível em: <https://www.ajol.info/index.php/acsj/article/view/74199>. Acesso em: 05 mai. 2025.

HARVESON, R. M. Common bacterial blight of dry beans in Nebraska. **Neb Guide. University of Nebraska Extension Publication. G**, v. 1956, 2009.

INSTITUTO AGRONÔMICO DE CAMPINAS. Cultivares IAC. O Agrônomo, Campinas, v. 68, 2017. Disponível em: <https://oagronomico.iac.sp.gov.br/?p=854>. Acesso em: 11 maio 2025.

KASSAHUN, Asmamaw. Reaction of common bean cultivars to *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* strains and integrated management of common bacterial blight in Eastern Amhara Region, Ethiopia. **Haramaya: Haramaya University**, 2008.

KELLY, J. D. *et al.* Tagging and mapping of genes and QTL and molecular marker-assisted selection for traits of economic importance in bean and cowpea. **Field Crops Research**, v. 82, n. 2-3, p. 135-154, 2003. [https://doi.org/10.1016/S0378-4290\(03\)00034-0](https://doi.org/10.1016/S0378-4290(03)00034-0)

MARINGONI, Antonio Carlos. Virulência de isolados de *Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli* (Smith) Dye em feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 33, n. 6, p. 861-867, 1998.

MIKLAS, Phillip N. *et al.* Common bean breeding for resistance against biotic and abiotic stresses: from classical to MAS breeding. **Euphytica**, v. 147, p. 105-131, 2006. <https://doi.org/10.1007/s10681-006-4600-5>

MONTEIRO, Ana Leticia Rocha *et al.* Sources, spectrum, genetics, and inheritance of *Phaseolus vulgaris* resistance against *Xanthomonas citri* pv. *fuscans*. **Phytopathology**, v. 110, n. 8, p. 1428-1436, 2020. <https://doi.org/10.1094/PHYTO-01-20-0020-R>.

MONTEIRO, Ana Leticia R. *et al.* Genome-wide association study (GWAS) of *Phaseolus vulgaris* resistance to *Xanthomonas citri* pv. *fuscans*. **Plant Pathology**, v. 70, n. 7, p. 1733-1744, 2021. <https://doi.org/10.1111/ppa.13399>.

OPIO, A. F.; ALLEN, David J.; TERI, J. M. Pathogenic variation in *Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli*, the causal agent of common bacterial blight in *Phaseolus* beans. **Plant Pathology**, v. 45, n. 6, p. 1126-1133, 1996. <https://doi.org/10.1046/j.1365-3059.1996.d01-187.x>.

REINPRECHT, Yarmilla *et al.* Mapping yield and yield-related traits using diverse common bean germplasm. **Frontiers in Genetics**, v. 14, p. 1246904, 2024. <https://doi.org/10.3389/fgene.2023.1246904>.

SCHAAD, Norman W.; JONES, Jeffrey Bryant; CHUN, Wesley. **Laboratory guide for the identification of plant pathogenic bacteria**. 2001.

SILVA, Franklin Cordeiro *et al.* Otimização da técnica de PCR para a detecção de *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* em sementes de feijão. **Summa Phytopathologica**, v. 39, p. 45-50, 2013. <https://doi.org/10.1590/S0100-54052013000100008>.

SILVA JÚNIOR, Tadeu Antônio Fernandes da *et al.* Common bacterial blight of beans: an integrated approach to disease management in Brazil. **Tropical Plant Pathology**, v. 47, n. 4, p. 457-469, 2022. <https://doi.org/10.1007/s40858-022-00504-1>

SIMONS, Kristin J. *et al.* Using breeding populations with a dual purpose: cultivar development and gene mapping—a case study using resistance to common bacterial blight in dry bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Frontiers in Plant Science**, v. 12, p. 621097, 2021. <https://doi.org/10.3389/fpls.2021.621097>.

SINGH, Shree P.; MIKLAS, Phillip N. Breeding common bean for resistance to common blight: A review. **Crop Science**, v. 55, n. 3, p. 971-984, 2015. <https://doi.org/10.2135/cropsci2014.07.0502>.

SINGH, Shree P.; SCHWARTZ, Howard F. Breeding common bean for resistance to diseases: a review. **Crop Science**, v. 50, n. 6, p. 2199-2223, 2010. <https://doi.org/10.2135/cropsci2009.03.0163>.

TORRES, João Pereira; MARINGONI, Antonio Carlos. **Crestamento bacteriano comum**. In: DALLA PRIA, Maristella; SILVA, Olavo Corrêa da (org.). *Cultura do feijão: doenças e controle*. Ponta Grossa: Editora UEPG, 2018. p. 15–22. ISBN 978-85-7798-229-5. DOI: 10.5212/7798-229-5.

VITERI, Diego M. *et al.* A new common bacterial blight resistance QTL in VAX 1 common bean and interaction of the new QTL, SAP6, and SU91 with bacterial strains. **Crop Science**, v. 54, n. 4, p. 1598-1608, 2014. <https://doi.org/10.2135/cropsci2014.01.0008>.

VITERI, Diego M.; SINGH, Shree P. Response of 21 common beans of diverse origins to two strains of the common bacterial blight pathogen, *Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli*. *Euphytica*, v. 200, n. 3, p. 379–388, 2014. <https://doi.org/10.1007/s10681-014-1114-y>.

WENDLAND, A. *et al.* Doenças do feijoeiro. **Manual de fitopatologia: doenças das plantas cultivadas**, v. 2, p. 3, 2016. In: AMORIM, L. *et al.* (Eds.). *Manual de fitopatologia: doenças das plantas cultivadas*. 5. ed. vol. 2. Ouro Fino: Agronômica Ceres, 2016. p. 383–396.

WENDLAND, Adriane; LOBO JUNIOR, Murillo; FARIA, Josias Correa de. **Manual de identificação das principais doenças do feijoeiro-comum**. Brasília, DF: Embrapa, p. 49, 2018.

YU, Kangfu; PARK, Soon J.; ZHANG, Bailing; HAFFNER, Margaret; POYSA, Vaino. An SSR marker in the nitrate reductase gene of common bean is tightly linked to a major gene conferring resistance to common bacterial blight. *Euphytica*, v. 138, n. 1, p. 89–95, 2004. DOI: <https://doi.org/10.1023/B:EUPH.0000040501.09796.76>.

ZAPATA, Mildred; BEAVER, James S.; PORCH, Timothy G. Dominant gene for common bean resistance to common bacterial blight caused by *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*. **Euphytica**, v. 179, n. 3, p. 373-382, 2011. <https://doi.org/10.1007/s10681-010-0313-x>.

ANEXOS

Tabela 1A – Reação de linhagens de feijão comum ao crestamento bacteriano comum (CBC), avaliada em casa de vegetação com inoculação do patógeno e sob ocorrência natural em campo.

(Continua)

Linhagens	Tipo de grão	Casa de vegetação		Campo	
BRSMG Madrepérola*	Carioca	10,0	a ¹ S	9,0	a S
VC 27	Carioca	9,0	b S	6,0	b MR
Ouro Negro	Preto	6,0	c S	9,0	a S
ESAL652	Rosinha	6,0	c S	9,0	a S
ESAL664	Rosinha	6,0	c S	9,0	a S
CV-6	Carioca	6,0	c S	8,0	a S
MAIX 10	Carioca	6,0	c S	7,5	a S
MAIX 14	Carioca	6,0	c S	6,0	b MR
CNFP 10794	Preto	6,0	c S	6,0	b MR
CNFJ 15288	Vermelho	5,0	d S	9,0	a S
CXIII 4.484	Carioca	5,0	d S	8,5	a S
ESAL561	Roxo	5,0	d S	8,5	a S
MAX-7	Carioca	5,0	d S	8,0	a S
VP 31	Preto	5,0	d S	8,0	a S
Roxo90	Roxo	5,0	d S	7,5	a S
CXIII 1.7A	Carioca	5,0	d S	7,0	a S
CNFPMG -11-21	Preto	5,0	d S	7,0	a S
BRS Bentivi	Carioca	5,0	d S	6,5	b S
MAIV-15.524	Carioca	5,0	d S	6,0	b MR
CNFP 11979	Preto	5,0	d S	6,0	b MR
IPR Colibbri	Carioca	4,0	e S	9,0	a S
Corinthiano	Preto	4,0	e S	9,0	a S
CXIII 1.1	Carioca	4,0	e S	8,5	a S
MAX-1	Carioca	4,0	e S	8,5	a S
RPXI-38	Carioca	4,0	e S	8,5	a S
VP 30	Preto	4,0	e S	8,5	a S
BRS Ametista	Carioca	4,0	e S	8,0	a S
MAXII- 22	Carioca	4,0	e S	8,0	a S
MAX-5	Carioca	4,0	e S	7,5	a S
RPXI-7	Carioca	4,0	e S	7,5	a S
IPR Uirapuru	Preto	4,0	e S	7,5	a S
MAX-8	Carioca	4,0	e S	7,0	a S

Tabela 1A – Reação de linhagens de feijão comum ao crestamento bacteriano comum (CBC), avaliada em casa de vegetação com inoculação do patógeno e sob ocorrência natural em campo.

(Continuação)

Linhagens	Tipo de grão	Casa de vegetação		Campo	
RPCVIII 13	Carioca	4,0 e	S	7,0 a	S
VC 25	Carioca	4,0 e	S	7,0 a	S
VP 34	Preto	4,0 e	S	7,0 a	S
CNFCMG 11-08	Carioca	4,0 e	S	6,5 b	S
CXII-23	Carioca	4,0 e	S	6,5 b	S
MAXII-7	Carioca	4,0 e	S	6,5 b	S
VC 20	Carioca	4,0 e	S	6,5 b	S
CNFRX 15 275	Roxo	4,0 e	S	6,0 b	MR
MAIII-17.185	Carioca	4,0 e	S	5,5 b	MR
VC 35	Carioca	4,0 e	S	5,5 b	MR
E09/10-28	Carioca	4,0 e	S	4,5 b	MR
MAXII-5	Carioca	4,0 e	S	4,0 b	MR
CXI 18	Carioca	3,7 e	S	6,0 b	MR
CXII-8	Carioca	3,7 e	S	5,5 b	MR
BRS Cometa	Carioca	3,3 f	S	9,0 a	S
BRS Esplendor	Preto	3,3 f	S	5,0 b	MR
CNFP 15677	Preto	3,0 f	R	9,0 a	S
BRS Sublime	Carioca	3,0 f	R	8,5 a	S
CNFPMG -1106	Preto	3,0 f	R	8,5 a	S
ESAL517	Rosinha	3,0 f	R	8,5 a	S
ESAL502	Roxo	3,0 f	R	8,5 a	S
ESAL503	Roxo	3,0 f	R	8,5 a	S
MAIV-18.259	Carioca	3,0 f	R	8,0 a	S
MAX-2	Carioca	3,0 f	R	8,0 a	S
RPCVIII 7	Carioca	3,0 f	R	8,0 a	S
RPXI-1	Carioca	3,0 f	R	8,0 a	S
RPXI-14	Carioca	3,0 f	R	8,0 a	S
BRS Campeiro	Preto	3,0 f	R	8,0 a	S
BRS Valente	Preto	3,0 f	R	8,0 a	S
VP 33	Preto	3,0 f	R	8,0 a	S
CNFP 15194	Preto	3,0 f	R	7,5 a	S
CNFP 15680	Preto	3,0 f	R	7,5 a	S
BRS Radiante	Rajado	3,0 f	R	7,5 a	S

Tabela 1A – Reação de linhagens de feijão comum ao crestamento bacteriano comum (CBC), avaliada em casa de vegetação com inoculação do patógeno e sob ocorrência natural em campo.

(Continuação)

Linhagens	Tipo de grão	Casa de vegetação		Campo	
CXII-1	Carioca	3,0	f R	7,0	a S
CXIII 1.7B	Carioca	3,0	f R	7,0	a S
MAII-23	Carioca	3,0	f R	7,0	a S
MAVIII-78	Carioca	3,0	f R	7,0	a S
VC 18	Carioca	3,0	f R	7,0	a S
VC 19	Carioca	3,0	f R	7,0	a S
CNFP MG 11-08	Preto	3,0	f R	7,0	a S
MAIV-8.102	Carioca	3,0	f R	6,5	b S
MBCI 32/14	Carioca	3,0	f R	6,5	b S
CXIII 1.23	Carioca	3,0	f R	6,0	b MR
MAIII-16.159	Carioca	3,0	f R	6,0	b MR
MAVIII-89	Carioca	3,0	f R	6,0	b MR
VR 20	Vermelho	3,0	f R	6,0	b MR
CNFP MG 11-18	Preto	3,0	f R	5,5	b MR
BRS Pitanga	Roxo	3,0	f R	5,5	b MR
ESAL535	Roxo	3,0	f R	5,5	b MR
CXIII 85.62	Carioca	3,0	f R	5,0	b MR
BRS Uniao	Jalo	3,0	f R	5,0	b MR
MAX-4	Carioca	3,0	f R	4,5	b MR
BRS Timbo	Roxo	3,0	f R	4,5	b MR
Pérola	Carioca	2,7	f R	7,5	a S
BRS Notavel	Carioca	2,3	f R	8,0	a S
BRS Horizonte	Carioca	2,0	g R	8,5	a S
Carioca	Carioca	2,0	g R	8,5	a S
VC 38	Carioca	2,0	g R	8,0	a S
CNFP11978	Preto	2,0	g R	8,0	a S
BRS Uai	Carioca	2,0	g R	7,5	a S
VC 37	Carioca	2,0	g R	6,5	b S
MAVII-127	Carioca	2,0	g R	6,0	b MR
VC 21	Carioca	2,0	g R	6,0	b MR
MAXII-20	Carioca	2,0	g R	5,5	b MR
BRSMG Amuleto**	Carioca	2,0	g R	4,0	b MR
MB 89	Carioca	1,7	g R	8,0	a S

Tabela 1A – Reação de linhagens de feijão comum ao crestamento bacteriano comum (CBC), avaliada em casa de vegetação com inoculação do patógeno e sob ocorrência natural em campo.

(Conclusão)

Linhagens	Tipo de grão	Casa de vegetação		Campo	
CNFCMG-11-06	Carioca	1,0 h	R	8,0 a	S
VR 17	Vermelho	1,0 h	R	8,0 a	S
MAX-11	Carioca	1,0 h	R	7,5 a	S
RPXI-6	Carioca	1,0 h	R	7,5 a	S
EMB9	Carioca	1,0 h	R	6,5 b	S
VC 36	Carioca	1,0 h	R	6,5 b	S
VC 17	Carioca	1,0 h	R	6,0 b	MR
MAX-9	Carioca	1,0 h	R	5,0 b	MR
BRS Esteio	Preto	1,0 h	R	5,0 b	MR

¹Médias seguidas de mesma letra pertencem a um mesmo grupo, de acordo com o teste de Scott-Knott ($p < 0,05$); *Testemunha suscetível; **Testemunha resistente; R=resistente; MR = Moderadamente resistente; S = suscetível.

Fonte: Próprio Autor (2025)

Tabela 2A – SNPs associados à resistência ao crestamento bacteriano comum (CBC) em feijão comum, com seus respectivos genes candidatos, localização e classes de proteínas previstas já relatados na literatura.

(Continua)

SNP	Chr. ¹	Gene	Distância (kb) ²	Anotação do gene e função prevista com base no domínio da proteína	Autor
16	Pv09	<i>Phvul.009 G151200</i>	21976209	Pectin lyase-like superfamily protein	Alves <i>et al.</i> (2024)
74	Pv01	<i>Phvul.001 G085200</i>	15214491	Light regulated Lir1 protein	
300	Pv02	<i>Phvul.002 G083200</i>	12806073	WPP domain-interacting tail-anchored protein 2	
308	Pv01	<i>Phvul.001 G163400</i>	42448516	Proton-dependent oligopeptide transporter family protein	
311	Pv01	<i>Phvul.001 G267900</i>	52001027	Metallo-dependent phosphatase-like protein	
ss71565 0404	Pv07	<i>Phvul.007 G055200.1</i>	4575766	Major facilitator superfamily protein	Barbosa <i>et al.</i> 2022
		<i>Phvul.007 G055300.1</i>	4591318		
		<i>Phvul.007 G055400.1</i>	4592079		
		<i>Phvul.007 G055450.1</i>	4604591	Major facilitator superfamily protein	
		<i>Phvul.007 G055500.1</i>	4622621		
		<i>Phvul.007 G055600.1</i>	4632884	PLAT/LH2 domain-containing lipoxygenase family protein	
		<i>Phvul.007 G055700.1</i>	4645045	allene oxide synthase	
		<i>Phvul.007 G055800.1</i>	4657073	PLAT/LH2 domain-containing lipoxygenase family protein	
		<i>Phvul.007 G055900.1</i>	4666083	photosystem I subunit D-2	
		<i>Phvul.007 G056000.1</i>	4670048	Haloacid dehalogenase-like hydrolase (HAD) superfamily protein	
		<i>Phvul.007 G056100.1</i>	4712605	S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein	

Tabela 2A – SNPs associados à resistência ao cretamento bacteriano comum (CBC) em feijão comum, com seus respectivos genes candidatos, localização e classes de proteínas previstas já relatados na literatura.

					(Conclusão)
SNP	Chr. 1	Gene	Distância (kb) ²	Anotação do gene e função prevista com base no domínio da proteína	Autor
ss7156 50404	Pv07	<i>Phvul.007</i> <i>G056200.1</i>	4726726	Copper amine oxidase family protein	Barbosa <i>et al.</i> 2022
		<i>Phvul.007</i> <i>G056300.1</i>	4738182	Copper amine oxidase family protein	
		<i>Phvul.007</i> <i>G056400.2</i>	4742025	Copper amine oxidase family protein	
		<i>Phvul.007</i> <i>G056500.1</i>	4752337	amine oxidase 1	
		<i>Phvul.007</i> <i>G056600.1</i>	4757237	amine oxidase 1	
		<i>Phvul.007</i> <i>G056700.1</i>	4765815	Sec14p-like phosphatidylinositol transfer family protein	
142	Pv7	<i>Phvul.007</i> <i>G184600</i>	dentro	Serine/threonine-protein kinase, ethylene-responsive protein kinase LeCTR1	Monteiro <i>et al.</i> (2021)
240	Pv6	<i>Phvul.006</i> <i>G155800</i>	dentro	Glutamine synthetase	
155	Pv6	<i>Phvul.006</i> <i>G155800</i>	dentro	Glutamine synthetase	
299	Pv9	<i>Phvul.009</i> <i>G155900</i>	dentro	Pentatricopeptide repeat family protein	
197	Pv1	<i>Phvul.001</i> <i>G058000</i>	dentro	Plastid–lipid associated protein (PAP) fibrillin	
211	Pv11	<i>Phvul.011</i> <i>G034900</i>	–2,576	MYB-like DNA binding protein	
340	Pv11	<i>Phvul.011</i> <i>G035600</i>	dentro	Serine/threonine-protein kinase	
93	Pv10	<i>Phvul.010</i> <i>G007300</i>	dentro	Phosphoserine phosphatase	
191	Pv3	<i>Phvul.003</i> <i>G182700</i>	dentro	MADS box protein, SRF-type transcription factor	
255	Pv8	<i>Phvul.008</i> <i>G188700</i>	832	Legume lectin domain, protein tyrosine kinase, serine/threonine-protein kinase	

Legenda: ¹ cromossomo; ²Distância (kb) do SNP em relação ao gene mais próximo; “dentro” indica que está dentro da sequência do gene candidato; “+” indica que está “upstream” em relação ao gene; “-” indica que está “downstream” em relação ao gene.

Fonte: Próprio Autor (2025)