

# MELHORAMENTO GENÉTICO VEGETAL

## CO-EVOLUÇÃO ENTRE RAÇAS FISIOLÓGICAS DE *COLLETOTRICHUM* *LINDEMUTHIANUM* E FEIJOEIRO <sup>(1)</sup>

ALISSON FERNANDO CHIORATO <sup>(2)</sup>; SERGIO AUGUSTO MORAIS CARBONELL<sup>(2,6)</sup>; RAFAELI RAMOS DE MOURA <sup>(3)</sup>; MARGARIDA FUMIKO ITO <sup>(4,6)</sup>; CARLOS AUGUSTO COLOMBO <sup>(5)</sup>

### RESUMO

O agente causal da antracnose (*Colletotrichum lindemuthianum*) em feijoeiro comum é classificado, assim como seu hospedeiro, em Andino e Mesoamericano, sendo a resposta à infecção dependente da origem genética de um e de outro. Desta forma, o objetivo do presente trabalho foi avaliar 220 acessos do Banco de Germoplasma de feijoeiro (*Phaseolus vulgaris*) do Instituto Agrônomo, IAC, quanto à infecção por três raças fisiológicas do patógeno (31, 65 e 89), caracterizando uma possível co-evolução entre a origem do acesso e do patógeno. No estudo, foram utilizados 120 acessos de origem mesoamericana, 57 andinos e 43 cultivares geneticamente melhoradas. Além dos dados relacionados à infecção, foram avaliados 23 descritores morfo-agronômicos com finalidade de melhor caracterizar os acessos em relação aos seus respectivos centros de origem. As análises estatísticas foram baseadas em componentes principais a fim de exibir graficamente a variabilidade em função da origem do patógeno e dos acessos. Dentre os acessos mesoamericanos, 50% foram suscetíveis às três raças, enquanto nos andinos apenas 33% foram suscetíveis. Entre as cultivares geneticamente melhoradas, 79% foram resistentes a pelo menos uma das raças, provavelmente devido a seleções para resistência ao *C. lindemuthianum*. Nos gráficos da análise de componentes principais, a maioria dos acessos resistentes foi agrupada na região de dispersão dos acessos andinos. Os resultados permitiram estabelecer uma associação entre a origem do feijoeiro e do patógeno da antracnose, ajudando assim no conhecimento biológico da reação dos acessos ao *C. lindemuthianum* e orientando a escolha de genitores para realização de cruzamentos visando à resistência a essa doença.

**Palavras-chave:** *Phaseolus vulgaris*, feijão, antracnose, componentes principais, resistência.

---

<sup>(1)</sup> Recebido para publicação em 26 de janeiro de 2005 e aceito em 23 de junho de 2006.

<sup>(2)</sup> Centro de Análises e Pesquisa Tecnológica do Agronegócio dos Grãos e Fibras, IAC, Caixa Postal 28, 13020-902 Campinas (SP). E-mail: afchiorato@iac.sp.gov.br. \*Autor correspondente; carbonel@iac.sp.gov.br.

<sup>(3)</sup> Aluna de pós-graduação do Instituto Agrônomo, IAC, Campinas (SP). E-mail: rafaeli.ramos@bol.com.br

<sup>(4)</sup> Centro de Pesquisa e Desenvolvimento de Fitossanidade, IAC, Campinas (SP). E-mail: mfito@iac.sp.gov.br

<sup>(5)</sup> Centro de Pesquisa e Desenvolvimento de Recursos Genéticos Vegetais, IAC, Campinas (SP). E-mail: ccolombo@iac.sp.gov.br

<sup>(6)</sup> Bolsista do CNPq.

## ABSTRACT

### CO-EVOLUTION OF PHYSIOLOGICAL RACES OF *COLLETOTRICHUM LINDEMUTHIANUM* AND COMMON BEAN

The causal agent of anthracnose (*Colletotrichum lindemuthianum*) of common bean and its host, are classified as Andean and Mesoamerican. Response to infection depends on the genetic origin of both plant and fungus. The objective this study was to evaluate 220 accessions from Common Bean Germplasm Collection of Instituto Agrônômico, IAC, us to infection by three physiological races of the pathogen (31, 65 and 89), and to investigate a possible co-evolution between the origin of the accessions and the pathogen. One hundred and twenty accessions of Mesoamerican origin, 57 Andean and 43 genetically improved cultivars were used in the study. Besides infection data, 23 morpho-agronomic descriptors were evaluated to characterize the plants. Statistical analyses were based on principal components as a way of showing in graphics the variability related to origin of pathogen and accessions. Fifty percent of the Mesoamerican accessions were susceptible to the three races, while only 33% of the Andean were susceptible. Also, of the genetically improved cultivars 79% were resistant to at least one physiological race, probably due to previous selections for resistance to *C. lindemuthianum*. Diagrams of the analysis of the principal components, showed that most of the resistant accessions clustered in the dispersion region of the Andean accessions. The results allowed the association between the origin of *Phaseolus vulgaris* and the anthracnose pathogen, increasing the biological understanding of the reaction defense to *C. lindemuthianum* infection, and orienting the choice of parents to be used in crossings aiming at resistance to *C. lindemuthianum*.

**Key words:** *Phaseolus vulgaris*, bean, anthracnose, principal components, resistance.

## 1. INTRODUÇÃO

O feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma espécie da família das leguminosas com teor protéico nos grãos ao redor de 22% (CARNEIRO, 1999). Segundo GEPTS (1984), com base em estudos de padrões eletroforéticos da faseolina, essa espécie teria como centros de origem e de domesticação a América Central (Mesoamericano) e os Andes (Andino), este último subdividido em sul e norte.

A distribuição dos feijoeiros do grupo Mesoamericano (MA) abrange o sudeste dos Estados Unidos até o Panamá, tendo como principais zonas o México e a Guatemala. Tais feijoeiros possuem sementes pequenas de coloração preta, marrom-clara, tipo mulatinho e com faseolina do tipo S (GEPTS e BLISS, 1986).

Os Andinos (A) se dividem entre o sul dos Andes, região que abrange desde o norte do Peru até as províncias do noroeste da Argentina e o norte dos Andes, que abrange desde a Colômbia e a Venezuela até o norte do Peru; portanto, são preconizados como duas áreas de domesticação. O feijoeiro originado nestas regiões possui sementes maiores, de tipos variados como Jalo, Pintado e outros, e com faseolina tipos T, C, H e A (GEPTS, 1984).

Entre as doenças que ocorrem no feijoeiro, a antracnose, causada pelo fungo *Colletotrichum lindemuthianum*, é uma das mais importantes devido a sua ocorrência nas principais épocas de cultivo (seca, inverno e águas), causando redução na

produção e na qualidade do grão produzido. O fungo *C. lindemuthianum* caracteriza-se pela grande variabilidade, com mais de 25 raças identificadas no Brasil (RAVA et al., 1994). Muito embora essa ampla variabilidade possa complicar o desenvolvimento de cultivares resistentes ao *C. lindemuthianum*, a existência de genes que conferem resistência às principais raças desse patógeno no germoplasma de feijoeiro acaba minimizando tal problema.

GEPTS (1988) e ALZATE-MARIN et al. (1999) relataram a existência de uma co-evolução entre a origem geográfica do *C. lindemuthianum* e a de seu hospedeiro *P. vulgaris*. BALARDIN e KELLY (1998) também verificaram essa associação por meio de um estudo com 62 genótipos de feijoeiro de diversos países, classificados nos conjuntos gênicos Andino e Mesoamericano, e algumas raças distintas de *C. lindemuthianum*. Os autores constataram que as raças fisiológicas de *C. lindemuthianum* de origem mesoamericana foram mais virulentas em ambos os conjuntos gênicos, e que as raças andinas foram virulentas apenas em genótipos andinos.

No entanto, MAHUKU e RIASCOS (2004) a partir de 200 isolados vindos dos dois conjuntos gênicos de feijoeiro, coletados em diversos países e mantidos na coleção do CIAT, observaram, por meio de Rep-PCR (*DNA sequence of repetitive-elements*) e RAMS (*Random Amplified Microsatellites*), não haver diferenças genéticas marcantes entre isolados andinos e mesoamericanos para serem classificados em grupos distintos.

No contexto do melhoramento genético, YOUNG E KELLY (1997) sugerem a piramidação de genes vindos dos dois conjuntos gênicos, MA e A, a fim de prolongar a resistência à antracnose em uma cultivar. Visando ao melhoramento genético da cultura para obtenção de cultivares resistentes, CARBONELL et al. (1999) coletaram várias amostras de plantas em lavouras com antracnose em diferentes regiões no Estado de São Paulo e constataram que as principais raças que ocorrem são 31, 65 e 89, sendo a última a mais agressiva, com potencialidade de redução de colheita em até 100% (ITO et al., 2002; CARBONELL et al., 1999).

O presente trabalho teve como objetivo avaliar a resposta de acessos de feijoeiro do Banco de Germoplasma do Instituto Agrônomo, IAC, quanto à infecção por raças fisiológicas de *C. lindemuthianum*, visando estabelecer uma associação de co-evolução entre os conjuntos gênicos de *P. vulgaris* e do *C. lindemuthianum*, bem como identificar aqueles acessos com maior potencial para serem empregados como genitores do programa de melhoramento genético do feijoeiro para resistência à antracnose.

## 2. MATERIAL E MÉTODOS

Duzentos e vinte acessos de feijoeiro foram selecionados do Banco de Germoplasma do IAC pela importância de suas características agrônomicas para o melhoramento genético e por apresentarem ampla e diferenciada resposta à infecção de *C. lindemuthianum*. Destes, 57 são representantes do centro de origem Andino da espécie, 120 acessos de origem Mesoamericana e 43 linhagens ou cultivares derivadas de programas de melhoramento genético. Acessos sem a origem cadastrada no Banco de Germoplasma do Instituto Agrônomo foram classificados de acordo com características botânicas de plantas, vagens e sementes, conforme sugerido por SINGH et al. (1989) e SINGH et al. (1991), e VOYSEST et al. (1994) que classificou cerca de 300 genótipos de feijoeiro oriundos da América Latina.

Os isolados do fungo foram provenientes da micoteca do Centro de Pesquisa e Desenvolvimento de Fitossanidade do Instituto Agrônomo. As raças fisiológicas foram confirmadas por meio da inoculação em 12 variedades diferenciadoras e da utilização de um sistema binário de classificação e caracterização da resposta de infecção pelas variantes (raças ou patótipos) de *C. lindemuthianum* (CIAT, 1990). O isolamento do fungo foi realizado em meio BDA + antibiótico (batata-dextrose-ágar + tetraciclina a 250 ppm) mediante o plaqueamento da suspensão de esporos.

Dez sementes de cada acesso e uma testemunha suscetível (Rosinha G<sub>2</sub>) foram germinadas

em papel Germitest à temperatura de 25 °C, onde foram mantidas por um período de três dias. Em seguida, seis plântulas de cada acesso, com 2 a 3 cm de comprimento de radícula, foram transplantadas para caixas plásticas contendo vermiculita esterelizada como substrato. Após cinco dias do transplante, as plântulas foram submetidas à inoculação em ambas as faces das folhas e em toda a superfície das plântulas com uma suspensão de  $1,2 \times 10^6$  conídios/mL com o auxílio de um pulverizador acoplado a uma bomba a vácuo sob pressão. Após inoculação, as plântulas foram mantidas em sala climatizada, com temperatura de  $22 \pm 2$  °C e umidade relativa de no mínimo 90% por um período de 48 horas, e em seguida mantidas nas mesmas condições exceto sob umidade relativa ambiente.

De sete a dez dias após a inoculação as plântulas foram avaliadas quanto à resposta à infecção e classificadas conforme as normas propostas pelo CIAT (1990) e RAVA et al. (1993) adotando-se uma escala de notas de 1 (resistentes e sem sintomas) a 9 (suscetíveis e mortas). A escala é fixa, sendo que as plantas com notas 1, 2 e 3 foram consideradas resistentes e as plantas com nota igual ou maior que 4 foram consideradas suscetíveis.

Além dos dados de infecção ao patógeno, os acessos foram caracterizados em relação a 20 descritores morfoagronômicos referentes a dados de planta, vagem e sementes, com finalidade de melhor classificar as plantas segundo os seus respectivos centros de origem. Em relação aos descritores de sementes, processados após a colheita, avaliaram-se a massa de mil sementes, cor primária, cor secundária, brilho, forma, número de cores, cor do halo, perfil e tamanho da semente. Avaliações nos descritores de vagem foram realizadas para cores primárias, secundárias quando presentes, tom da cor secundária quando presente, comprimento, largura, perfil e número de sementes. Os descritores de planta avaliados foram a cor da asa na flor, formato da bractéola, altura de planta e hábito de crescimento. Os resultados de reação dos acessos às três raças do patógeno foram analisados juntamente com as informações morfoagronômicas, totalizando-se assim, 23 descritores.

Os resultados foram analisados por meio da análise de componentes principais (ACP) tal como utilizado por CHIORATO et al., 2005. De acordo com os escores fornecidos pelas coordenadas principais da análise, foi elaborado um gráfico categorizando a dispersão dos acessos em função da origem e, em seguida, em um segundo gráfico, ilustrando a dispersão em vista da reação de resistência e suscetibilidade às três raças fisiológicas do patógeno. Dessa forma, foi possível fazer uma associação entre os acessos resistentes e suscetíveis e sua origem botânica ou co-evolução.

**Tabela 1.** Tipo de tegumento e reação às raças fisiológicas 31, 65 e 89 do patógeno da antracnose de feijoeiro comum do Banco de Germoplasma do Instituto Agrônômico-IAC, classificados segundo a origem botânica ou se derivam de programas de melhoramento genético da cultura

Tegumento	Mesoamericanos (MA)												Andinos (A)												Melhorados Geneticamente (MG)											
	Raça Fisiológica						Raça Fisiológica						Raça Fisiológica						Raça Fisiológica																	
	31	65	89	31	65	89	31	65	89	31	65	89	31	65	89	31	65	89																		
	R	S	R	S	R	S	R	S	R	S	R	S	R	S	R	S	R	S	R	S	R	S	R	S												
	acessos						acessos						acessos						acessos																	
	n.º																																			
Preto	18	35	13	40	11	42	4	1	1	4	1	4	4	1	1	4	1	4	10	9	10	9	10	9												
Carioca	8	2	8	2	5	5	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	6	6	8	4	4	8												
Amarelo	0	1	0	1	0	1	2	0	0	2	0	2	2	0	0	2	0	2	1	1	0	1	0	1												
Branco	3	1	2	1	1	2	4	3	1	2	2	1	3	1	2	2	1	3	2	0	2	1	1	1												
Creme	8	12	6	14	4	16	10	2	8	7	3	4	6	3	4	6	6	3	1	2	1	2	1													
Marrom	4	2	2	4	3	3	2	1	1	2	0	1	1	1	2	0	1	0	0	0	0	0	0													
Rajado	10	2	8	4	6	3	7	25	15	10	14	11	14	2	0	1	1	14	2	0	1	1	0													
Rosado	6	1	5	2	4	1	5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1													
Vermelho	11	3	8	4	7	2	9	8	5	3	7	1	6	2	2	1	6	2	3	2	1	2	1													
Total	120	45	75	41	79	30	90	57	32	25	34	23	25	32	43	22	21	24	19	19	19	19	24													

R: Resistentes; S: Suscetíveis.

Todas as análises genético-estatísticas realizadas utilizaram os programas computacionais Genes (CRUZ, 2001).

### 3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Para as raças 31 e 65 de *C. lindemuthianum*, 121 (55%) dos 220 acessos avaliados mostraram-se suscetíveis. A raça 89 foi a mais agressiva, infectando 146 (66%) do total de acessos avaliados (Tabela 1). Esse resultado foi coerente com o descrito por CARBONELL et al. (1999), que destacaram a agressividade da raça 89.

A partir desses resultados, foram realizadas observações considerando o centro de origem dos genótipos. Dos 120 acessos mesoamericanos avaliados, 75 (63%) foram suscetíveis à raça 31, enquanto 79 (66%) foram suscetíveis à raça 65. O maior grau de incidência do patógeno foi manifestado para a raça 89, com 75% (90 acessos) de suscetibilidade. No grupo gênico andino, dos 57 acessos analisados, 25 (44%) foram suscetíveis à raça 31, 23 (40%) à raça 65 e 32 (56%) à raça 89.

Os acessos derivados de programas de melhoramento genético poderiam ser classificados como mesoamericanos em função, basicamente, do tipo de grão menor e mais aceito comercialmente no Brasil. No entanto, esses acessos foram classificados separadamente por terem genomas melhorados geneticamente, envolvendo a recombinação entre diversos genitores para características agrônomicas. Desses 43 acessos analisados, 21 (48%) tiveram baixos níveis de resistência à raça 31, enquanto 19 acessos (44%) foram suscetíveis à raça 65 e 24 (56%) à raça 89 (Tabela 1).

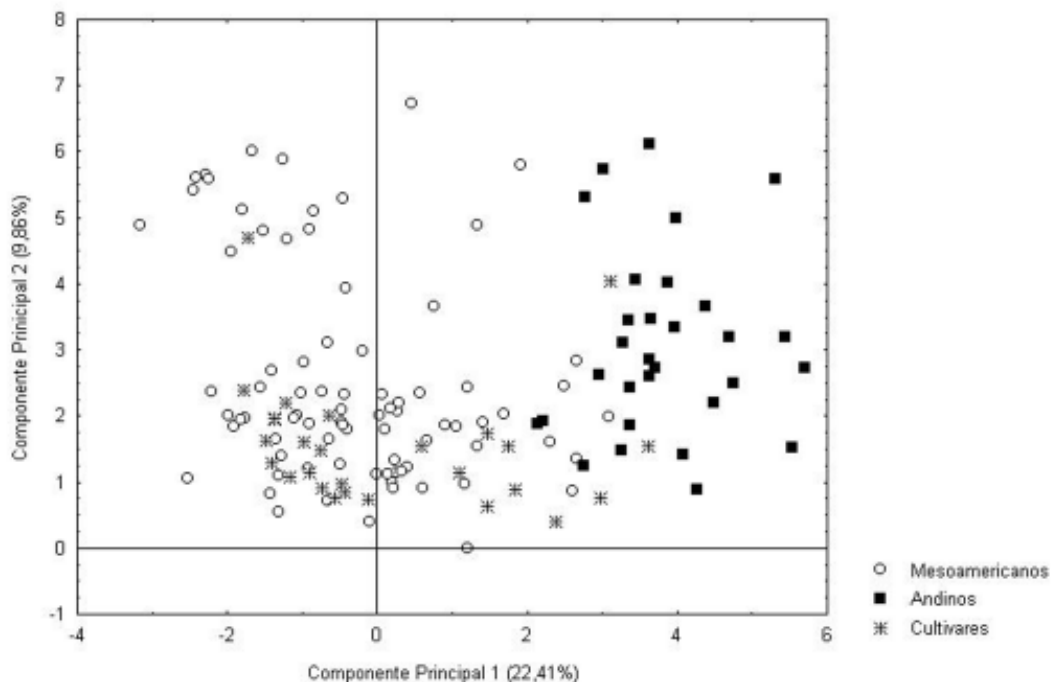
Quando comparamos os resultados observados pelos acessos de origem mesoamericana (MA) com aqueles provenientes de programas de melhoramento e com características mesoamericanas, observamos que a diferença fundamental é relativa à quantidade de acessos resistentes às três raças do fungo. No caso do grupo dos melhorados (MG), esse índice chega a 50% enquanto no grupo dos MA não passa de 32%. Esse resultado é explicado pela seleção de plantas resistentes a *C. lindemuthianum* nos programas de melhoramento. Outro fato interessante observado entre os acessos MG é que a maioria manifestou resistência à raça 65. Essa raça é considerada a mais disseminada no Brasil, e por muito tempo, os programas de melhoramento buscaram cultivares resistentes a essa raça fisiológica por meio da introgressão do gene antigamente designado como ARE (*Co2*) e originalmente identificado na cultivar Cornell 49-242. VOYSEST et al. (1994) relataram que os níveis de diversidade genética

entre as cultivares brasileiras até 1992 eram baixos porque cultivares como Carioca Comum e Cornell 49-242 foram muito usados como genitores na obtenção de genótipos com coloração carioca do tegumento e resistentes à antracnose.

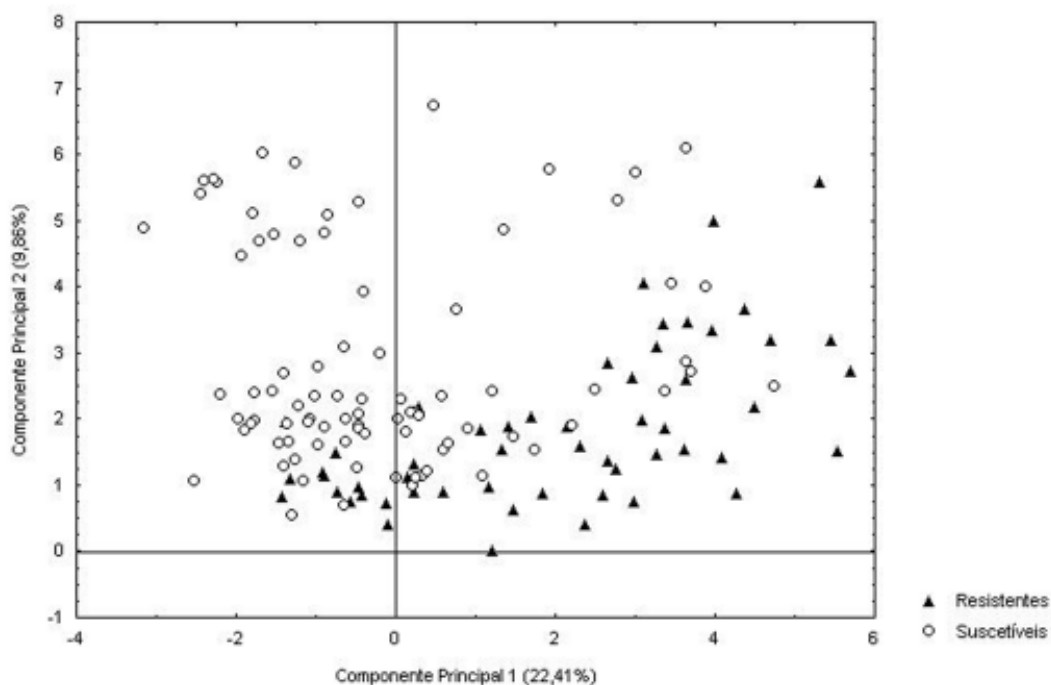
Os acessos de origem andina (A) tiveram maior nível de resistência às três raças avaliadas do que os acessos de origem mesoamericana (30% contra 15% respectivamente), o que era esperado, uma vez que os isolados provavelmente pertencem ao conjunto gênico MA. Para melhor compreensão da provável co-evolução patógeno-hospedeiro foram elaborados gráficos bidimensionais levando em consideração a origem do genótipo e seu nível de reação ao patógeno. A análise de componentes principais com os 23 dados morfoagronômicos foi realizada com 139 acessos, 50 resistentes e 89 suscetíveis às três raças fisiológicas do patógeno. Essa análise revelou resultados em relação à origem dos genótipos (Figura 1), pois com a dispersão dos acessos no plano formado pelos dois primeiros componentes da análise (32% da variação total), observou-se que os feijoeiros andinos (A) agruparam-se distintamente dos mesoamericanos (MA) e que as cultivares melhoradas (MG) se posicionaram, majoritariamente, entre os acessos MA. O agrupamento dos acessos MG e MA já era esperado, uma vez que as cultivares de feijoeiro desenvolvidas nos principais programas de melhoramento genético no Brasil possuem características tipicamente de feijões mesoamericanos.

Os principais descritores utilizados para caracterização dos acessos e responsáveis pela classificação dos mesmos nos dois centros de origem da espécie foram aqueles referentes às características de sementes, sendo a massa de mil sementes para componente 1 e forma da semente para o componente 2, em conformidade com os resultados verificados por SINGH et al. (1991) e CHIORATO et al. (2005).

O descritor reação às raças 31, 65 e 89 do *C. lindemuthianum* também influenciou a separação dos acessos nos primeiros componentes principais, indicando a importância desse caráter para a estruturação genética dos acessos, conforme observado na figura 2. A maioria dos acessos resistentes concentrou-se na área de dispersão dos acessos andinos (A) e das cultivares ou linhagens melhoradas (MG), enquanto a maioria dos suscetíveis concentrou-se entre os acessos mesoamericanos (MA), como apresentado na observação conjunta das figuras 1 e 2. A concentração dos acessos resistentes entre os andinos concorda com os resultados obtidos por SICARD et al. (1997), BALARDIN E KELLY (1998) e MELOTTO E KELLY (2000). Esses autores preconizam a existência de co-evolução patógeno-hospedeiro, ou seja, os genótipos andinos tendem a ser mais resistentes aos isolados mesoamericanos.



**Figura 1.** Dispersão de 220 acessos de feijoeiro comum do Banco de Germoplasma do IAC em plano formado pelos dois primeiros componentes principais da análise realizada a partir de 23 descritores morfoagronômicos obtidos de dados de planta, vagem, sementes e reações à antracnose. Os acessos foram categorizados segundo sua origem botânica em Mesoamericanos (MA) ou Andinos (A) e por serem derivados de programas de melhoramento genético da cultura (MG).



**Figura 2.** Dispersão de 220 acessos de feijoeiro comum do Banco de Germoplasma do IAC em plano formado pelos dois primeiros componentes principais da análise realizada a partir de 23 descritores morfoagronômicos obtidos de dados de planta, vagem, sementes e reações à antracnose. Os acessos foram categorizados segundo a resposta de infecção dos mesmos por três raças fisiológicas do patógeno da antracnose *Colletotrichum lindemuthianum* (31, 65 e 89).

Nos acessos andinos e nos derivados de programas de melhoramento genético verificaram-se níveis semelhantes de resistência e suscetibilidade às três raças avaliadas. Esta semelhança pode ser atribuída à importância que é dada à obtenção de cultivares resistentes à antracnose nos programas de melhoramento. Mesmo realizando seleções para características agrônomicas mais próximas do grupo mesoamericano, principalmente para tipo de semente, as cultivares desejadas também devem possuir resistência aos isolados mesoamericanos ao patógeno, implicando necessidade de introgressão dos conjuntos gênicos andino e mesoamericano.

Embora os resultados estejam em concordância com outros anteriormente descritos, é importante considerar os relatos de MAHUKU e RIASCOS (2004). Esses autores observaram que a maioria dos isolados já identificados são de origem mesoamericana. Além disso, MELOTTO e KELLY (2000) relataram resultados importantes sobre a origem do patógeno da antracnose, descrevendo uma ampla virulência para as raças mesoamericanas, sugerindo que a população ancestral do patógeno se originou na região mesoamericana, o que explicaria o fato dos genótipos mesoamericanos serem mais agressivos.

Portanto, embora alguns autores (MAHUKU e RIASCOS, 2004) não considerem que o agente causal da antracnose em feijoeiro comum seja classificado em Andino e Mesoamericano, nossos resultados apontam para essa assertiva, em concordância com BALARDIN e KELLY (1998) e SICARD et al. (1997). Além disso, os acessos de origem andina tendem a ser mais resistentes aos isolados mesoamericanos. Dessa forma, os resultados aqui apresentados devem ser considerados para atividades de conservação de recursos genéticos em Instituições com coleções ativas do patógeno e da planta em razão da diversidade de resposta às três raças fisiológicas avaliadas. Também, o estudo é importante para o melhoramento genético da cultura do feijoeiro, pois permite identificar genitores com melhores características agrônomicas associados à resistência múltipla a essa importante doença.

## REFERÊNCIAS

ALZATE-MARIN, A.L.; BARROS, E.G.; MOREIRA, M.A. Co-evolution model of *Colletotrichum lindemuthianum* (Melanconiaceae, Melanconiales) races that occur in some Brazilian regions. *Genetics and Molecular Biology*, Local, v.22, n.1, p. 115-118, 1999.

BALARDIN, R.S.; KELLY, J.D. Interaction between *Colletotrichum lindemuthianum* races and gene pool diversity in *Phaseolus vulgaris*. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, Alexandria, v.123, n.6, p.1038- 1047, 1998.

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

CARNEIRO, S.M.T.P.G., Efeito da infecção conjunta de *Phaeoisariopsis griseola* e *Colletotrichum lindemuthianum* nos componentes de produção e nas variáveis de área foliar do feijoeiro. 89f, 1999. Dissertação (Mestrado), Escola Superior de Agricultura Luis de Queiroz, ESALQ, USP, Piracicaba.

CHIORATO, A.F.; CARBONELL, S.A.M.; COLOMBO, C.A.; DIAS, L.A.S.; ITO, M.F.. Genetic diversity of common bean accessions in the germplasm bank of the Instituto Agronômico – IAC. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, Local, v.5, n.1, p.1-9, 2005.

CIAT (Centro Internacional de Agricultura Tropical). *Research constraints provisionally identified by CIAT*. In: WORKSHOP ON ADVANCED Phaseolus BEAN RESEARCH NETWORK, 1990. 30p. (impresso).

CRUZ, C.D. Programa GENES versão Windows: aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa: Editora UFFV, 2001. 648p.

GEPTS, P. Enhanced available methionine concentration associated with higher phaseolin levels in common bean seeds. *Theoretical and Applied Genetics*, Berlin, v.69, p. 47-53, 1984.

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

GEPTS, P. *Phaseolin as an evolutionary markers*. in: GEPTS, P. (edEd). *Genetics resources, domestication and evolution of phaseolus beans*. Dordrecht: Kluwer, 1988. p.215-241.

ITO, M.F.; CARBONELL, S.A.M.; MOURA, R.R.; ITO, M.A. Avaliação de genótipos de feijão quanto à resistência a raças de *Colletotrichum lindemuthianum*. VII Congresso Nacional de Pesquisa de Feijão, Viçosa. Resumos v.1, p.169-171, 2002. Local: quem publicou (ver normas)

MAHUKU, G.S.; RIASCOS, J.J. Virulence and molecular diversity within *Colletotrichum lindemuthianum* isolates from Andean and Mesoamerican bean varieties and regions. *European Journal of Plant Pathology*, Local, v.110, p. 253-263, 2004.

MELOTTO, M.; KELLY, J.D. An allelic series at the *Co-1* locus conditioning resistance to anthracnose in common bean of Andean origin. *Euphytica*, Dordrecht, v.116, p. 143-149, 2000.

RAVA, C.A.; MOLINA, J.; KAUFFMANN, M.; BRIONES, I. Determinación de razas fisiológicas de *Colletotrichum lindemuthianum* en Nicaragua. *Fitopatologia Brasileira*, Local, v.18, n.3, p.388-391, 1993.

RAVA, C.A.; PURCHIO, A.F.; SARTORATO, A. Caracterização de patótipos de *Colletotrichum lindemuthianum* que ocorrem em algumas regiões produtoras de feijoeiro comum. *Fitopatologia Brasileira*, Local, v.19, n.2, p.167-172, 1994.

SICARD, D., MICHALAKIS, Y., DRO, M. & neema, c. Genetic diversity and pathogenic variation of *Colletotrichum lindemuthianum* in three centers of diversity of its host, *Phaseolus vulgaris*. **Phytopathology**, Local, v. 87, p.807- 813, 1997.

SINGH, S.P. Patterns of variation in cultivated common bean (*Phaseolus vulgaris*, FABACEAE). **Economic Botany**, New York, v. 43, n.1, p. 33-57, 1989.

SINGH, S.P.; GEPTS, P.; DEBOUCK, D. Races of common bean (*Phaseolus vulgaris*, FABACEAE). **Economic Botany**, New York, v. 45, n. 3, p. 379-96, 1991.

YOUNG, R.A.; KELLY, J.D. RAPD markers flanking the Are gene for anthracnose in common bean. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, Alexandria, v.121, n.1, p. 37-41, 1996.

YOUNG, R.; KELLY, J.D. RAPD markers linked to three major anthracnose resistance gene in common bean. **Crop Science**, Madison, v.37, p. 940-946, 1997.

YOUNG, R.; MELOTO, M.; NODARI, R.O.; KELLY, J.D. Marker-assisted dissection of the oligogenic anthracnose resistance in the common bean cultivar, 'G2333'. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 96, p. 87-94, 1998.

VOYSEST, O.; VALENCIA, M.C.; AMEZQUITA, M.C. Genetic diversity among Latin American Andean and Mesoamerican common bean cultivars. **Crop Science**, Madison, v. 34, p. 1100-1110, 1994