



**AVALIAÇÃO DE MARCADORES MOLECULARES E SELEÇÃO FENOTÍPICA  
ASSOCIADA A RESISTÊNCIA À ANTRACNOSE EM LINHAGENS AVANÇADAS DE FEIJOEIRO  
COMUM**

Cássia Cristina Augusto **Pereira**<sup>1</sup>, Jean Fausto de Carvalho **Paulino**<sup>2</sup>, Caléo Panhoca de **Almeida**<sup>3</sup>, Alisson Fernando **Chiorato**<sup>4</sup>, Luciana Lasry **Benchimol-Reis**<sup>5</sup>.

**Nº 18104**

**RESUMO** – A antracnose, causada pelo fungo *Colletotrichum lindemuthianum*, é uma das mais importantes doenças do feijoeiro comum devido a perdas expressivas na produção. O presente trabalho teve como objetivo avaliar o uso de marcadores moleculares para a seleção de linhagens superiores com resistência a antracnose. Foi realizada a fenotipagem de uma progênie composta por 91 genótipos obtidos por 2 retrocruzamentos entre a cultivar IAC Formoso (genitor doador e resistente) e a Pérola (genitor recorrente e suscetível). As amostras de DNA de todas os genótipos foram extraídas via CTAB e estão sendo genotipadas através de marcadores microsatélites. O delineamento experimental utilizado para avaliação de severidade da doença foi o de blocos inteiramente casualizados, com 3 repetições, e a inoculação se deu utilizando a raça 65 do patógeno. A ANOVA realizada com os dados da fenotipagem apresentou significância para tratamento evidenciando a variabilidade genética dos genótipos. O item blocos não apresentou significância, evidenciando a possibilidade da utilização do delineando DIC para os próximos experimentos. No total, houve 30 plantas resistentes e 62 suscetíveis no experimento, com uma prevalência de linhagens suscetíveis, o que é esperado devido a utilização do retrocruzamentos. Os DNAs das progênies estão sendo genotipados com 12 marcadores moleculares e será realizado a seleção dos melhores genótipos com base no número de genes de resistência a fim de verificar o grau de resistência dos genótipos selecionados e desta forma possibilitar a avaliação dos marcadores mais promissores para assessorar o programa de melhoramento genético do feijoeiro.

**Palavras-chaves:** *Colletotrichum lindemuthianum*, *Phaseolus vulgaris* L., resistência genética, severidade da doença.

1 Autora, Bolsista PIBIC: Graduação em Ciências Biológicas, UNIARARAS, Araras-SP; cassia.cristina97@hotmail.com

2 Bolsista Doutorado Capes, Pós-graduação em Agricultura Tropical e Subtropical do IAC, Campinas-SP.

3 Bolsista FAPESP Mestrado, Pós-graduação em Agricultura Tropical e Subtropical do IAC, Campinas-SP.

4 Colaborador: Melhorista de Feijão e Chefe do Centro de Grãos e Fibras do IAC, Campinas-SP.

5 Orientadora: Pesquisadora do Centro de Recursos Genéticos Vegetais, Campinas-SP; llasry@iac.sp.gov.br



**12º Congresso Interinstitucional de Iniciação Científica – CIIC 2018**  
**01 a 03 de agosto de 2018 – Campinas, São Paulo**  
**ISBN 978-85-7029-145-5**

**ABSTRACT** – Anthracnose, caused by the fungus *Colletotrichum lindemuthianum*, is one of the most important common bean diseases due to significant losses in production. The present work had as objective to evaluate the use of molecular markers for the selection of superior bean cultivars with anthracnose resistance. Phenotyping of a progeny composed of 91 genotypes obtained by 2 backcrosses between the cultivar IAC Formoso (donor and resistant genitor) and Pérola (recurrent and susceptible genitor) were carried out. DNA samples from all genotypes were extracted with CTAB and have being genotyped through microsatellite markers. The experimental design used to evaluate the severity of the disease was the Randomized Complete Block Design (RCBD), with 3 replicates, and the inoculation was done using the race 65 of the pathogen. The ANOVA performed with the phenotype data presented a significance for treatment evidencing the genetic variability of the genotypes. The subject blocks did not present significant, evidencing the possibility of using CRD in the next experiments. In total, there were 30 resistant and 62 susceptible plants in the experiment, with a prevalence of susceptible lines, which is expected due to backcrossing. The progeny's DNAs have being genotyped with 12 molecular markers and the best genotypes will be selected based on the number of resistance genes in order to verify the degree of resistance of the selected genotypes and thus enable the evaluation of the most promising markers to assist the common breeding program.

**Keywords:** *Colletotrichum lindemuthianum*, *Phaseolus vulgaris* L., genetic resistance, disease severity.