

RAÇAS FISIOLÓGICAS DE *Colletotrichum lindemuthianum* EM FEIJÃO COMUM NO ESTADO DO PARANÁ

Larissa Fernanda Segal Xavier¹; Juliana Parisotto Poletine¹; Silene Tais Brondani²; Marco Antônio Aparecido Barelli³; Valvenarg Pereira da Silva³

¹Universidade Estadual de Maringá – UEM, Departamento de Agronomia, Avenida Colombo, 5790.

CEP: 87020-900, Campus Universitário, Maringá, PR. E-mail: larissafx@gmail.com; jppoletine@uem.br;

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

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

RESUMO: O monitoramento da ocorrência de raças do fungo *Colletotrichum lindemuthianum*, agente causal da antracnose do feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.), nas principais regiões de cultivo é de grande importância para os programas de melhoramento genético, que visam à obtenção de cultivares resistentes, a qual é a principal forma de controle desta doença. Portanto, objetivou-se com este trabalho reunir informações científicas e caracterizar isolados de *C. lindemuthianum* coletados em regiões produtoras de feijão comum do estado do Paraná. Dezenove isolados de *C. lindemuthianum* foram obtidos por meio do processo de isolamento e avaliados de acordo com a sua virulência no conjunto das 12 cultivares diferenciadoras para antracnose no feijão comum. Dos 19 isolados caracterizados, foram identificadas 13 raças de *C. lindemuthianum*: 1, 9, 17, 24, 25, 27, 72, 73, 81, 89, 95, 339 e 345, comprovando a existência de elevada variabilidade do patógeno no estado do Paraná. As raças 17, 25, 27 e 89 foram as mais frequentes. Esse foi o primeiro relato da raça 24 no Paraná e o primeiro relato da raça 345 no mundo. As raças 1, 9, 72 e 73 apresentaram compatibilidade apenas com cultivares Mesoamericanas, enquanto as raças 17, 24, 25, 27, 81, 89, 95, 339 e 345 apresentaram compatibilidade com cultivares Mesoamericanas e Andinas. Portanto, todas as raças caracterizadas neste trabalho são Mesoamericanas. Todos os isolados foram incompatíveis com as cultivares Kaboon, PI 207262, TU, AB 136 e G 2333, evidenciando a importância de seus genes e alelos como fontes de resistência genética a serem utilizados em programas de melhoramento do feijão comum, visando ao controle da antracnose no estado do Paraná.

PALAVRAS-CHAVE: Antracnose, cultivares diferenciadoras, *Phaseolus vulgaris* L.

Colletotrichum lindemuthianum PHYSIOLOGICAL RACES IN COMMON BEAN IN PARANA STATE

ABSTRACT: The constant monitoring of *Colletotrichum lindemuthianum* pathogenic variability, causal agent of anthracnose in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) producing areas is important for breeding programs aiming to development resistant cultivars, the main practice to reach effective control to this disease. Thus, this study aimed to gather scientific information, as well as characterize *C. lindemuthianum* isolates, collected in different production areas of common bean in Parana State. Nineteen isolates of *C. lindemuthianum* were obtained through isolation method and evaluated according to their reaction in the set of 12 anthracnose differential cultivars. The results showed the presence of 13 races of *C. lindemuthianum*: 1, 9, 17, 24, 25, 27, 72, 73, 81, 89, 95, 339 and 345, demonstrating the high pathogenic variability of this fungus in Parana State. There was a higher frequency of races 17, 25, 27 and 89. This is the first report of race 24 in Parana State and the first report of race

345 in the world. Races 1, 9, 72 and 73 only infected Mesoamerican cultivars, while races 17, 24, 25, 27, 81, 89, 95, 339 and 345 showed compatibility with Mesoamerican and Andean cultivars. Therefore, all races characterized in this work are Mesoamerican. All isolates were incompatible with Kaboon, PI 207262, TU, AB 136 and G 2333 cultivars, constituting important sources of resistance to be used in common bean breeding programs for controlling anthracnose in this state.

KEYWORDS: Anthracnose, differential cultivars, *Phaseolus vulgaris* L.

INTRODUÇÃO

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) destaca-se em nível mundial por ser um importante complemento nutricional e a principal fonte vegetal de proteína na dieta humana, também é fonte de ferro, cálcio, magnésio, zinco e vitaminas (Mesquita et al., 2006; Barili et al., 2016).

A produção mundial de feijão comum estimada em 2014 foi de aproximadamente 25 milhões de toneladas (FAO, 2016) e o Brasil apresentou a terceira maior produção, com aproximadamente 2,6 milhões de toneladas durante o período de 2015/2016, considerando as três safras. Dentre os estados brasileiros, o estado do Paraná é destaque como o principal produtor dessa leguminosa, representando 23% do total nacional produzido (CONAB, 2016).

O cultivo do feijão comum pode ser prejudicado pela ocorrência de problemas fitossanitários, sendo as doenças um dos principais fatores associados à baixa produtividade e depreciação na qualidade do produto final. Entre as enfermidades que incidem nesta cultura, a antracnose, cujo agente causal é o fungo *Colletotrichum lindemuthianum* (Saccardo e Magnus) Briosi e Cavara, é muito frequente e proporciona perdas de até 100% da produção, quando o período de cultivo coincide com a utilização de cultivares suscetíveis e ambiente favorável ao desenvolvimento do patógeno (Rava et al., 1994; Kelly e Vallejo, 2004; Singh e Schwartz, 2010).

Dentre as medidas de controle desse microrganismo, a resistência genética é a alternativa mais viável, pois minimiza os custos de produção e os riscos causados ao ambiente (Costa et al., 1999; Vallejo e Kelly, 2009). Dezenove genes de resistência à antracnose foram descritos e mapeados em sete dos 11 cromossomos do feijão comum (Lacanallo e Gonçalves-Vidigal, 2015). Entretanto, a obtenção de cultivares resistentes é dificultada pela ampla variabilidade patogênica do fungo, uma vez que o aparecimento de novas raças pode acarretar na quebra da resistência genética, provocando a redução da vida útil das cultivares resistentes (Menezes e Dianese, 1988; Rava et al., 1994; Gonçalves-Vidigal et al., 2008), além disso,

ainda não existem genes de resistência que abrangem todas as raças do patógeno (Miklas et al., 2006).

No Brasil foram identificadas, até o momento, 85 raças de *C. lindemuthianum* em 15 estados produtores de feijão comum (Nunes, 2013; Felipin-Azevedo et al., 2014; Martiniano-Souza et al., 2016), sendo o Paraná o estado brasileiro que apresenta a maior variabilidade patogênica, com 60 raças identificadas (Rava et al., 1994; Mesquita et al., 1998; Carneiro, 1999; Thomazella et al., 2002; Alzate-Marin e Sartorato, 2004; Talamini et al., 2004; Bonett et al., 2008; Sansigolo et al., 2008; Barcelos et al., 2011; Nunes et al., 2011; Nunes, 2013; Uchôa et al., 2015; Dartibale et al., 2016; Moura et al., 2016).

Além disso, o cultivo do feijão comum nas três épocas distintas (Safrá das “Águas”, “Seca” e “Outono-Inverno”), a ampla distribuição da cultura e as condições climáticas favoráveis, permitem que o patógeno tenha hospedeiros disponíveis o ano todo, possibilitando sua disseminação por todas as regiões produtoras (Nunes e Bergamin Filho, 1996; Nunes, 2013).

Desta forma, o monitoramento da frequência e da distribuição das raças fisiológicas do patógeno é de interesse para os programas de melhoramento genético do feijão comum, que visam à obtenção de cultivares comerciais resistentes à antracnose, pois poderão ser identificados genes que promovem resistências às raças caracterizadas em cada região de cultivo e assim realizar a piramidação desses genes, desenvolvendo cultivares mais estáveis e adaptadas (Rava et al., 1994; Young e Kelly, 1996; Ribeiro et al., 2016).

Diante do exposto, o objetivo deste trabalho foi rever informações relevantes sobre a variabilidade do patógeno e caracterizar isolados de *C. lindemuthianum* coletados em regiões produtoras de feijão comum do estado do Paraná.

FEIJÃO COMUM (*Phaseolus vulgaris* L.)

O gênero *Phaseolus* é de origem americana e existem mais de 70 espécies do gênero, das quais apenas cinco foram domesticadas: *Phaseolus acutifolius*, *Phaseolus coccineus* L., *Phaseolus lunatus* L., *Phaseolus polyanthus* e *Phaseolus vulgaris* L. (Gepts, 1990; Singh, 2001; Freytag e Debouck, 2002).

O feijão comum é classificado como pertencente à ordem Fabales, família Fabaceae, subfamília Faboideae (Papilionoideae), tribo Phaseoleae, subtribo Phaseolineae, gênero *Phaseolus* L. e espécie *Phaseolus vulgaris* L. (Freytag e Debouck, 2002). Essa leguminosa

possui ciclo anual, são plantas autógamas e possuem número diploide de cromossomos igual a $2n = 2x = 22$ (Singh et al., 1991).

Formas ancestrais de feijão comum estão distribuídas ao longo de uma área que se estende do Norte do México até o Noroeste da Argentina (Koenig e Gepts, 1989). Gepts e Bliss (1986) estudaram tipos de proteínas faseolinas em sementes de feijão comum e determinaram a existência de dois grandes Centros de Domesticação para *P. vulgaris* L.: (I) Mesoamericano, que predominam cultivares de sementes pequenas com faseolina do tipo “S”; (II) Andino, onde a maioria dos genótipos apresentaram sementes grandes e faseolina do tipo “T”, podendo ser encontrados os tipos “A”, “C” e “H”.

Singh et al. (1991) por meio de análises agronômicas, morfológicas e moleculares em genótipos silvestres da América Latina, que representavam diversas regiões dos centros de domesticação do feijão comum, determinaram que o feijão comum poderia ser subdividido em seis raças, sendo três correspondentes ao grupo gênico Mesoamericano (raças Mesoamerica, Durango e Jalisco) e as outras três referentes ao *pool* gênico Andino da América do Sul (raças Nova Granada, Peru e Chile). Entretanto, não existe unanimidade entre a comunidade científica quanto a esta classificação, pois para cada marcador utilizado, morfológicos ou moleculares, número de indivíduos e diferentes análises estatísticas, geram resultados diferentes, consequentemente alteram essa classificação (Blair et al., 2013).

Análises com marcadores moleculares mostraram que as populações de feijão comum silvestres encontradas na parte Sul da América Central, em conjunto com a Colômbia e Venezuela, estão relacionadas ao feijão comum da região Mesoamericana, que abrange a metade do Sul do México e a parte Norte da América Central, sendo esse *pool* gênico designado como Mesoamericano. O segundo *pool* gênico foi designado como Andino e compreende a região Sul do Peru, Bolívia e Argentina (Gepts, 1998). Portanto, esses dois *pools* gênicos podem ser distinguíveis morfológicamente e em nível molecular (Gepts e Bliss, 1986; Becerra-Velásquez e Gepts, 1994).

A separação do feijão comum em dois *pools* gênicos representa uma oportunidade aos melhoristas de feijão comum, com o objetivo de obter novas combinações gênicas, por meio da hibridação entre cultivares Andinas e Mesoamericanas (Gepts, 1998), além de compreender a associação de alguns patógenos que afetam a cultura do feijão comum e que também exibem divergência em relação às origens Andina e Mesoamericana (Pastor-Corrales, 1996).

ASPECTOS ECONÔMICOS DA CULTURA

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) destaca-se em nível mundial por ser um importante complemento nutricional e a principal fonte proteica de origem vegetal que compõe a dieta humana, para consumo direto na forma de grãos ou vagens (Broughton et al., 2003). Também é fonte de ferro, cálcio, magnésio, zinco, vitaminas (principalmente do complexo B), carboidratos e fibras (Mesquita et al., 2006; Barili et al., 2016).

Segundo dados da Organização das Nações Unidas para Alimentação e Agricultura (FAO, 2016), a produção mundial estimada em 2014 foi de aproximadamente 25 milhões de toneladas, sendo os sete principais países produtores: Índia (14%), Mianmar (13%), Brasil (11%), EUA, China e México (4%) e Tanzânia (3%) que juntos responderam por aproximadamente 53% da produção média mundial.

O Brasil colheu em média 3,2 milhões de toneladas de feijão comum por ano, durante o período de 2007 a 2015. Enquanto na temporada de 2015/16, considerando as três Safras, a estimativa de produção foi de 2,6 milhões de toneladas, o que representa uma variação negativa de aproximadamente 19% em relação aos períodos anteriores a 2015. Esse resultado deve-se principalmente às adversidades climáticas e por perda de área cultivada, que passaram a ser ocupadas por outras culturas, tais como soja e milho. Para o período de 2015/16, os cinco estados com maior produção foram: Paraná (23%), Minas Gerais (20%), Goiás (11%), Mato Grosso (10%) e Bahia (7%), que juntos corresponderam em média por 70% da produção nacional (CONAB, 2016).

No Brasil, o feijão comum pode ser produzido durante o ano todo, através de três Safras anuais da cultura. Na primeira Safra ou Safra das “Águas”, a colheita é realizada entre os meses de dezembro a maio, época em que ocorrem chuvas constantes. Na segunda Safra, Safra da “Seca” ou “Safrinha”, a colheita ocorre entre os meses de abril a setembro, período com escassez de chuvas. E a terceira Safra, também chamada de Safra “Outono-Inverno”, cujo cultivo é indicado para regiões onde o inverno é ameno e sem ocorrência de geadas, com a colheita realizada entre os meses de junho a outubro (CONAB, 2016). Assim, sempre haverá produção de feijão comum em algum ponto do país, contribuindo para o abastecimento interno.

Entretanto, mesmo o Brasil sendo grande produtor de feijão comum, ainda se faz necessária a importação dos grãos para atender a demanda interna, pois o consumo no país é muito elevado. No período de 2015/2016, cuja produção foi estimada em 2,6 milhões de

toneladas, o consumo interno foi de aproximadamente 2,8 milhões de toneladas, e a importação foi de 325 mil toneladas de feijão comum (CONAB, 2016).

O Paraná, na Região Sul do país, é o principal estado produtor do feijão comum e apresenta 16 municípios que se destacam na produção nacional: Prudentópolis, Irati, Castro, Tibagi, Cândido de Abreu, Reserva, Ivaí, Vitorino, Pato Branco, Bom Sucesso do Sul, Palmeira, Cruz Machado, Itapejara d'Oeste, Renascença, Lapa e Campo Largo. Na Safra 2014/15, esses municípios responderam por 10% do total nacional produzido, com aproximadamente 326 mil toneladas (IBGE, 2016).

Além de ser cultivado em diferentes regiões do país, o feijão comum pode compor diversificados sistemas agrícolas, desde baixo uso tecnológico, geralmente para subsistência, até altamente tecnificado, com o uso de intensa irrigação, controle fitossanitário e colheita mecanizada (Blair et al., 2013). Portanto, o cultivo dessa leguminosa é uma alternativa de renda no campo para os agricultores, pois demanda mão de obra familiar e também contratada.

ANTRACNOSE DO FEIJÃO COMUM

As doenças encontram-se entre os problemas fitossanitários mais importantes associados ao baixorendimento do feijão comum (Costa et al., 1999). Dentre as doenças que incidem na cultura, está a antracnose, uma das doenças de maior importância econômica, pela ocorrência nas diversas épocas de cultivo, por redução considerável da produtividade, por causar depreciação na qualidade dos grãos e podergerar perdas de até 100% nas lavouras (Augustin e Costa, 1971; Singh e Schwartz, 2010; Sousa et al., 2014).

A antracnose é causada pelo fungo *Colletotrichum lindemuthianum* (Saccardo e Magnus) Briosi e Cavara. Saccardo e Magnus, em 1878, foram os primeiros a descreverem esse fungo, denominando-o como *Gloeosporium lindemuthianum*, com base em coletas feitas por Lindemuth em Bonn, Alemanha. Scribner (1889) foi quem o classificou definitivamente como *Colletotrichum lindemuthianum* (Zaumeyer e Thomas, 1957).

O fungo pertence à classe dos Deuteromicetos (fungos imperfeitos), apresenta duas fases reprodutivas, uma assexuada ou imperfeita e outra sexuada ou perfeita. A fase perfeita do patógeno é chamada de *Glomerella cingulata* e é raramente encontrada na natureza. Na fase assexuada, o fungo produz conídios num corpo de frutificação denominado acérvulo. Os conídios formam massa de cor salmão ou mel, são hialinos, unicelulares, oblongos ou cilíndricos, apresentando as extremidades arredondadas (Pastor-Corrales e Tu, 1989; Bianchini et al., 1997).

O patógeno é hemibiotrófico, ou seja, apresenta dois modos de nutrição intracelular: biotrófico e necrotrófico. O início da infecção ocorre com a adesão do conídio à superfície da planta hospedeira, e em condições favoráveis, germina, produzindo o tubo germinativo e em seguida forma o apressório, com duração de 6 a 9 horas. Da base dos apressórios são emitidas as hifas de penetração que perfuram a cutícula e a parede celular da epiderme da planta. Também pode ocorrer a penetração por meio dos estômatos (Zaumeyer e Thomas, 1957; O'Connell et al., 1985).

A hifa de penetração aumenta e origina uma vesícula de infecção, que se expande originando a hifa primária, que se localiza entre a parede celular e a membrana plasmática da célula. Esta primeira fase do desenvolvimento do fungo é chamada de fase biotrófica e dura de 3 a 4 dias, o fungo se nutre dos fluidos apoplásticos (O'Connell et al., 1985).

Na fase conhecida como necrotrófica, a transição ocorre a cerca de seis dias após a inoculação. O fungo desenvolve hifas secundárias dentro das células, as quais secretam enzimas que degradam a parede celular conforme vão avançando, aproximadamente 120 horas após a infecção pode-se visualizar a formação de lesões características da doença (O'Connell et al., 1985).

A doença é favorecida por temperatura ótima de 17°C e umidade relativa do ar acima de 92%. A infecção ocorre em qualquer estágio de desenvolvimento e na parte aérea da planta. Sementes infectadas geralmente são descoloridas e por vezes apresentam lesões de coloração marrom, levemente deprimidas (Pastor-Corrales, 1988; Bianchini et al., 1997).

Em plântulas, lesões pequenas de coloração marrom ou preta aparecem nos cotilédones, já no hipocótilo as lesões são alongadas superficiais ou deprimidas, podendo ocorrer o estrangulamento do hipocótilo e morte da plântula (Pastor-Corrales, 1988; Bianchini et al., 1997).

Os sintomas nas folhas são primeiramente visualizados nas nervuras na face abaxial, podendo aparecer na face adaxial e em ataques severos as lesões se estendem ao limbo foliar, causando a necrose do tecido. No caule e nos pecíolos as lesões são alongadas, escuras e às vezes deprimidas. Nas vagens as lesões são escuras, arredondadas, deprimidas, de tamanho variável, com os bordos escuros e um pouco saliente, circundado por um anel de cor pardo-avermelhado (Pastor-Corrales, 1988; Bianchini et al., 1997). Quando em condições de alta umidade, ocorre a formação de massas róseas de esporos na superfície da lesão (Zaumeyer e Thomas, 1957).

Sementes infectadas são a forma mais importante de sobrevivência do fungo e a maneira mais eficiente de disseminação do patógeno de geração a geração e também a longas distâncias (Rava et al., 1994). O fungo também sobrevive em restos culturais e os esporos produzidos nas lesões podem ser disseminados por vento, chuva, implementos agrícolas, insetos, animais e pelo homem durante as atividades agrícolas (Augustin e Costa, 1971; Pastor-Corrales, 1988).

Estratégias de controle tais como uso de sementes livres da doença, utilização de fungicidas e uso de cultivares resistentes, têm sido utilizadas para prevenir a ocorrência da antracnose. O melhoramento genético para resistência a doenças é considerado prática mais eficaz para o controle da antracnose (Mahuku e Riascos, 2004; Davide e Souza, 2009), por diminuir ou evitar o uso de defensivos agrícolas, contribuindo com menores danos ambientais e menor custo final de produção da lavoura (Ribeiro et al., 2016).

Porém, o melhoramento do feijão comum, para resistência à antracnose é dificultada pela elevada variabilidade patogênica apresentada pelo fungo *C. lindemuthianum*, o que resulta na quebra da resistência genética nas cultivares comerciais (Menezes e Dianese, 1988; Mahuku e Riascos, 2004; Damasceno e Silva et al., 2007; Davide e Souza, 2009). Sendo assim, é necessário diversificar as fontes de resistência, para obtenção de um controle mais efetivo da doença (Balardin e Kelly, 1998; Ansari et al., 2004; Mahuku e Riascos, 2004).

Diversos trabalhos têm sido reportados na literatura com o objetivo de encontrar novas fontes de resistência, tanto em cultivares Andinas, quanto Mesoamericanas. Até o momento, 19 genes de resistência ao *C. lindemuthianum* foram descritos (Gonçalves-Vidigal et al., 2009; Gonçalves-Vidigal et al., 2012; Lacanallo e Gonçalves-Vidigal, 2015). Portanto, os programas de melhoramento genético do feijão comum podem realizar piramidação de genes em cultivares elites para combater a variabilidade do patógeno, sendo necessário o conhecimento prévio das frequências e da distribuição das raças fisiológicas do fungo, possibilitando uma melhor combinação dos genes de interesse para que as cultivares desenvolvidas sejam além de resistentes, mais estáveis e adaptadas às regiões de cultivo (Rava et al., 1994; Young e Kelly, 1996; Ribeiro et al., 2016).

SISTEMA DE CLASSIFICAÇÃO DE RAÇAS DE *Colletotrichum lindemuthianum*

O fungo *C. lindemuthianum* está entre os fungos que possuem elevado número de raças fisiológicas, justificada pela ocorrência de diferenças nos níveis de virulência da antracnose nas cultivares de feijão comum (Rava et al., 1994; Balardin e Kelly, 1998).

A variabilidade em fungos pode ocorrer por diversos mecanismos, como as mutações, além dos que ampliam a variabilidade, como ciclo sexual, anastomoses entre hifas ou conídios e parassexualidade (Roca et al., 2005; Ishikawa et al., 2012).

A forma sexual permite que novas combinações de alelos sejam geradas a cada ciclo de recombinação, conduzindo a um elevado nível de diversidade genética na população deste patógeno, porém, é raramente encontrada na natureza (Souza et al., 2010).

A formação de tubos de anastomoses (CAT's – Conidial Anastomoses Tubes) entre conídios foi observada em *C. lindemuthianum* no final da esporulação. Esse fenômeno permite que genótipos da mesma espécie formem um complexo, que corrobora com o aumento da velocidade de germinação dos esporos, facilita o estabelecimento da colônia, permite a troca de genes e pode gerar fenótipos diferentes (Roca et al., 2005). A formação de CAT's, leva à fusão dos núcleos dos patógenos (heterocários), em consequência há formação de um novo genótipo, ou seja, ocorre a recombinação de genes de forma não meiótica, levando ao surgimento de uma nova raça, auxiliando na geração de variabilidade desta espécie (Ishikawa et al., 2012).

A parassexualidade também é um processo que permite a produção de novos recombinantes sem o desenvolvimento de estruturas sexuais. Inicia-se com a anastomose (fusão de hifas) e o desenvolvimento de heterocários, formando um núcleo diploide heterozigoto instável, permitindo a troca de material genético (*crossing over*). Em seguida, ocorre a haploidização pelo processo de mitose, consequentemente possibilita a recombinação do genoma e a formação de novos genótipos na descendência (Pontocorvo, 1956).

Rosada et al. (2010) estudando ciclo parassexual em isolados da raça 65 de *C. lindemuthianum*, por meio de análises de pareamento de mutantes e marcadores RAPD, encontraram a presença de condições diploides, sugerindo que o processo de parassexualidade pode ser uma fonte alternativa de variabilidade genética de *C. lindemuthianum*, podendo levar ao surgimento de novas raças.

Devido à elevada variabilidade do patógeno, torna-se essencial o monitoramento das raças fisiológicas, visando o descobrimento de fontes de resistência à antracnose e possibilitando o desenvolvimento de cultivares resistentes para determinadas regiões (Rava et al., 1994, Ribeiro et al., 2016).

Barrus (1911) foi o primeiro a relatar diferenças de virulência do fungo *C. lindemuthianum* nos Estados Unidos, através da observação de cultivares de feijão comum resistentes e suscetíveis à antracnose.

Em 1918, Barrus inoculou cultivares de feijão comum com isolados de diferentes procedências e verificou diferenças na patogenicidade, determinando duas raças fisiológicas do patógeno, denominadas Alfa e Beta. Posteriormente, Burkholder (1923), professor da Universidade Cornell, descreveu uma terceira raça, a qual foi denominada Gama. Para a identificação das raças Alfa, Beta e Gama, os estudos foram baseados nas respostas das cultivares americanas Michelite, Dark Red Kidney e Perry Marrow (Quadro 1).

Quadro 1–Reação das cultivares diferenciadoras de feijão comum quanto às raças Alfa, Beta e Gama de *Colletotrichum lindemuthianum* (Augustin e Costa, 1971)

Cultivares	Raça Alfa	Raça Beta	Raça Gama
Michelite	S	R	R
Dark Red Kidney	R	S	S
Perry Marrow	R	R	S

R: Resistente; S: Suscetível.

A quarta raça, denominada Delta, foi identificada por Andrus e Wade (1942), isolada de material oriundo da Carolina do Norte. Yerkes Jr. e Ortiz (1956) relataram a ocorrência de novas raças no México, com base nas reações das cultivares Michelite, Dark Red Kidney, Perry Marrow e mais cinco cultivares diferenciadoras mexicanas (Negro 150, Negro 152, Amarillo 155, Bayo 164 e Canário 101), os autores identificaram 10 raças que foram denominadas como MA-1 à MA-10. As raças de MA-1 até MA-6 foram posicionadas ao grupo Mexicano I, a raça MA-7 ao Grupo Mexicano II e as raças MA-8 à MA-10 ao grupo Mexicano III. Posteriormente, Yerkes Jr. (1958), identificou as raças MA-11, MA-12 e MA-13, pertencentes ao grupo Alfa.

Hubbeling (1976) isolou um mutante da raça Alfa que mais tarde ele denominou de Lambda. Kruger et al. (1977) registraram as raças Capa e Iota em Ebnet (Alemanha). Fouilloux (1979) encontrou uma raça com capacidade de quebrar a resistência do gene ARE (Mastenbroek, 1960), hoje conhecido como *Co-2* (Kelly e Young, 1996), presente na cultivar Cornell 49-242, essa raça foi oriunda do Brasil, assim foi denominada Alfa-Brasil.

No Brasil, Augustin e Costa (1971) encontraram as raças Alfa e Beta, utilizando isolados provenientes do Rio Grande do Sul. Oliveira et al. (1973) identificaram as raças Alfa, Beta, Brasileiro I e Mexicano I, nos estados do Rio Grande do Sul e Santa Catarina e a raça Gama somente em Santa Catarina.

No estado de Minas Gerais, Oliari et al. (1973) registraram a ocorrência dos grupos Alfa, Mexicano II, Brasileiro I e Brasileiro II e subdividiram em sete raças, denominadas BA 1 à BA 7, usando como diferenciadoras as cultivares Michelite, Michigan Dark Red Kidney, Perry Marrow, Emerson 847, *Phaseolus aborigineus* 283 e Costa Rica 1031.

Paradela Filho e Pompeu (1975) identificaram raças de *C. lindemuthianum* que se enquadraram nos grupos Brasileiro I e Alfa, utilizando isolados obtidos em lavouras do estado de São Paulo. Menezes e Dianese (1988) confirmaram a presença das raças Alfa, Delta, Epsilon, Capa e Lambda no Brasil, além de encontrarem mais quatro novas raças denominadas Zeta, Eta, Teta e Mu, avaliando 201 isolados provenientes de diferentes estados brasileiros.

Desde 1911, têm sido reportadas muitas raças de *C. lindemuthianum*, porém, não havia possibilidades de comparações de resultados, pois eram utilizados diferentes cultivares diferenciadoras e também diferentes designações para as raças encontradas. Com o objetivo de cessar esse problema, em 1988, foi realizada a primeira reunião de trabalho, no CIAT, denominada: A antracnose do feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) na América Latina. Naquela oportunidade, foi acordado um sistema padronizado de classificação de raças, o qual foi proposto por Pastor-Corrales (Quadro 2).

Quadro 2 – Diferenciadoras para antracnose no feijão comum, definidas como padrão internacional para a classificação de raças de *Colletotrichum lindemuthianum*.

Cultivares diferenciadoras	Valores binários	Conjuntos gênicos	Genes de resistência	Referências
Michelite	$2^0 = 1$	M	<i>Co-11</i>	Gonçalves-Vidigal et al. (2007).
Michigan Dark Red Kidney	$2^1 = 2$	A	<i>Co-1</i>	McRostie (1919).
Perry Marrow	$2^2 = 4$	A	<i>Co-1³</i>	Melotto e Kelly (2000).
Cornell 49-242	$2^3 = 8$	M	<i>Co-2</i>	Mastenbroek (1960).
Widusa	$2^4 = 16$	A	<i>Co-1⁵</i>	Gonçalves-Vidigal e Kelly (2006).
Kaboon	$2^5 = 32$	A	<i>Co-1²</i>	Melotto e Kelly (2000).
México 222	$2^6 = 64$	M	<i>Co-3</i>	Bannerot (1965). Geffroy et al. (1999); Méndez-Vigo et al. (2005); Alzate-Marin et al. (2007); Rodrigues-Suárez et al. (2008); Geffroy et al. (2009); Campa et al. (2011).
PI 207262	$2^7 = 128$	M	<i>Co-4³, Co-3³</i>	
TO	$2^8 = 256$	M	<i>Co-4</i>	Fouilloux (1976; 1979). Young e Kelly (1996); Young et al. (1998); Alzate-Marin et al.
TU	$2^9 = 512$	M	<i>Co-5</i>	

AB 136	$2^{10} = 1024$	M	<i>Co-6, co-8</i>	(2007). Schwartz et al. (1982); Gonçalves-Vidigal (1994); Kelly e Young (1996); Young e Kelly (1996); Alzate-Marin et al. (1997).
G 2333	$2^{11} = 2048$	M	<i>Co-4², Co-5², Co-3⁵</i>	Vallejo e Kelly (2009).

M: Mesoamericano; A: Andino.

Esse sistema de classificação de raças foi publicado em 1991, sendo formado por 12 cultivares diferenciadoras para antracnose do feijão comum, em conjunto com um sistema binário proposto por Habgood em 1970. Nesse sistema, cada uma das cultivares possui um valor preestabelecido, que corresponde ao valor binário (2^{n-1}). O valor 2 representa o número de classes de resposta à infecção ao *C. lindemuthianum* (resistente ou suscetível). Enquanto o valor n corresponde a ordem das cultivares diferenciadoras, cujos valores variam de 1 a 12. Desta forma, os nomes das raças identificadas serão números (Pastor-Corrales, 1991). Além disso, cada uma das cultivares diferenciadoras selecionadas para compor o conjunto, possui pelo menos um gene de resistência à antracnose, que foram previamente descritos na literatura.

O conjunto das 12 cultivares diferenciadoras é formado por oito cultivares de origem Mesoamericana, sendo elas: Michelite, Cornell 49-242, México 222, PI 207262, TO, TU, AB 136 e G 2333 e quatro cultivares de origem Andina: Widusa, Kaboon, Michigan Dark Red Kidneye Perry Marrow (Figura 1) (Pastor-Corrales, 1991).

Para a caracterização das raças, realiza-se a inoculação do patógeno nas 12 cultivares diferenciadoras, aquelas que apresentarem reações de suscetibilidade, são utilizadas no somatório dos valores binários (Pastor-Corrales, 1991). Por exemplo, considerando um isolado que resultou na raça 89, refere-se ao somatório de $1 + 8 + 16 + 64 = 89$, que correspondem às reações de compatibilidade do patógeno com as cultivares Michelite (*Co-11*), Cornell 49-242 (*Co-2*), Widusa (*Co-1⁵*) e México 222 (*Co-3*), respectivamente.

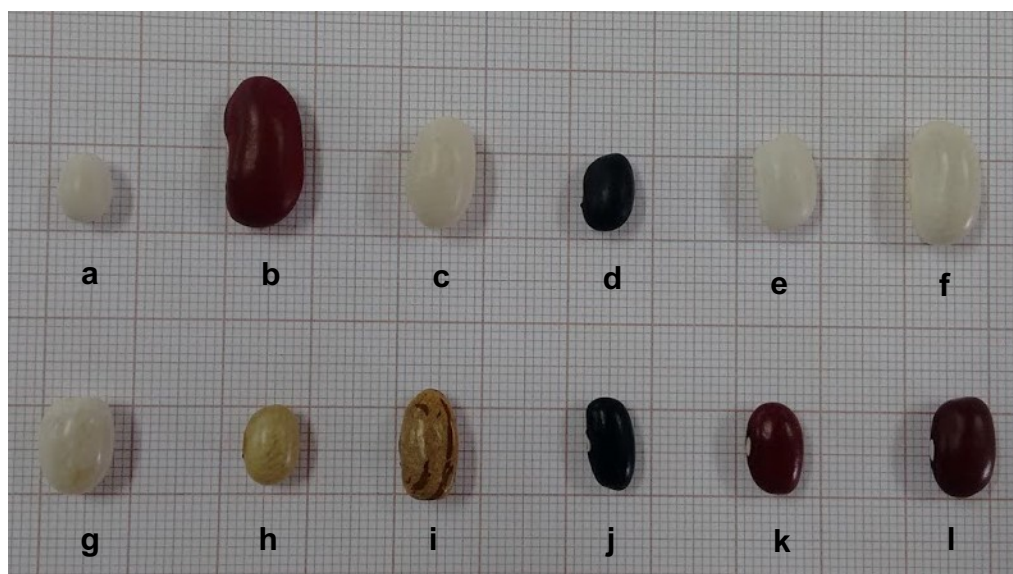


Figura 1– Conjunto das 12 cultivares diferenciadoras para antracnose do feijão comum: a) Michelite; b) MDRK; c) PM; d) Cornell 49-242; e) Widusa; f) Kaboon; g) México 222; h) PI 207262; i) TO; j) TU; k) AB 136 e l) G 2333.

Fonte: Nupagri (2016).

Essa metodologia padronizada permite a comparação de resultados obtidos em diferentes regiões, análise da dinâmica populacional do patógeno e o favorecimento do intercâmbio de materiais genéticos, tanto de sementes de cultivares resistentes e suscetíveis à determinada raça, quanto o intercâmbio de diferentes raças do patógeno, visando estudos científicos sobre o fungo *C. lindemuthianum*.

Rava et al. (1994) demonstraram a equivalência do sistema de denominação clássica das raças, com o novo sistema de classificação binário. Desta forma, determinaram, por exemplo, que as raças Alfa-Brasil, Gama, Delta, Eta, Lambda, Mexicana II, Mu e Brasileira I, foram denominadas pelo sistema binário em 89, 102, 23, 81, 55, 67, 87 e 101, respectivamente.

Um grande número de raças fisiológicas distintas tem sido relatado em trabalhos de caracterização de raças de *C. lindemuthianum* na cultura do feijão comum. Nunes (2013) realizou um levantamento na literatura de todas as raças identificadas entre o período de 1991 a 2013, e encontrou aproximadamente 247 raças, as quais foram citadas em 28 países. No Brasil, até o momento, 85 raças de *C. lindemuthianum* foram caracterizadas, em 15 diferentes estados produtoras do feijão comum. Algumas raças foram identificadas no país, entretanto, não foram citados os locais de obtenção dos isolados (Quadro 3).

No estado do Paraná foram identificadas, até o momento, 60 raças em diferentes municípios produtores de feijão comum, apresentando-se com o maior número de raças fisiológicas de *C. lindemuthianum* dentre os estados brasileiros (Quadro 4).

Pesquisadores sugerem que as raças do patógeno também possuem maior adaptação geográfica, permitindo a inferência de que existe co-evolução das raças com o *pool* gênico de origem do hospedeiro: Andino e Mesoamericano. Portanto, raças de uma origem são capazes de infectar preferencialmente genótipos de feijão comum da mesma origem (Pastor-Corrales, 1996; Sicard et al., 1997; González et al., 1998; Balardin e Kelly, 1998; Araya, 2003; Nunes, 2013).

Porém, existem raças patogênicas capazes de infectar ambas as cultivares de feijão comum, tanto de origem Andina, quanto Mesoamericana, desta forma, Balardin e Kelly (1998) citam que a produção simultânea de feijões Andinos e Mesoamericanos em uma mesma região, pode ter permitido a seleção da virulência de determinadas raças do patógeno, tornando estas virulentas as cultivares dos dois conjuntos gênicos.

Outro fator importante relacionado à distribuição geográfica dos patógenos é a troca de sementes não certificadas em relação à presença da antracnose, entre regiões produtoras (Ferreira et al., 2008), uma vez que o patógeno sobrevive nas sementes por longos períodos, sendo esse o principal meio de disseminação do fungo.

Quadro 3 – Raças de *Colletotrichum lindemuthianum* identificadas no Brasil e sua distribuição entre os estados brasileiros.

Estados	Raças	Referências
Bahia	23, 65, 71, 73, 81, 87, 101, 119 e 585.	Rava et al.(1994); Mesquita et al. (1998); Alzate-Marin e Sartorato(2004); Damasceno e Silva et al. (2005).
Distrito Federal	65, 69, 73, 81, 87, 101 e 119.	Rava et al.(1994); Alzate-Marin e Sartorato (2004); Damasceno e Silva et al. (2005).
Espírito Santo	64, 65, 67, 72, 73, 75, 79, 87 e 585.	Rava et al.(1994); Mesquita et al. (1998); Alzate-Marin e Sartorato (2004).
Goiás	8, 23, 55, 65, 69, 71, 73, 77, 81, 83, 87, 89, 97, 109, 117, 119, 125, 127, 475, 479 e 593.	Rava et al.(1994); Mesquita et al. (1998); Alzate-Marin e Sartorato (2004); Talamini et al. (2004); Damasceno e Silva et al. (2005); Wendland et al. (2011).
Mato Grosso	1, 8, 9, 10, 24, 64, 65, 72, 73, 81 e 114.	Gonçalves-Vidigal et al. (2009a); Felipin-Azevedo et al. (2014); Nunes (2013).
Mato Grosso do Sul	65, 73, 81, 89, 339 e 343.	Rava et al.(1994); Damasceno e Silva et al. (2005).
Minas Gerais	0, 1, 8, 55, 64, 65, 66, 69, 73, 77, 81, 83, 85, 87, 89, 96, 105, 109, 111, 119, 123, 125, 127, 193, 321, 337 e 593.	Rava et al.(1994); Talamini et al. (2004); Alzate-Marin e Sartorato (2004); Damasceno e Silva et al. (2005), Nunes (2013).

Paraíba	65 e 73. 0, 1, 2, 3, 7, 8, 9, 10, 11, 17, 25, 26, 27, 31, 52, 55, 64, 65, 67, 69, 72, 73, 75, 77, 79, 81, 82, 83, 85, 87, 89, 90, 91, 93, 95, 96, 97, 101, 102, 105, 109, 123, 127, 137, 193, 249, 259, 283, 287, 320, 321, 337, 339, 342, 343, 346, 351, 453, 457, 465 e 585.	Rava et al.(1994); Mesquita et al. (1998); Alzate-Marin e Sartorato (2004). Rava et al. (1994); Mesquita et al. (1998); Carneiro (1999); Thomazella et al. (2002); Alzate-Marin e Sartorato (2004); Damasceno e Silva et al. (2005); Sansigolo et al. (2008); Bonett et al. (2008); Barcelos et. (2011); Nunes et al. (2011); Nunes (2013); Uchôa et al.(2015); Moura et al.(2016).
Paraná	2, 7, 8, 9, 10, 23, 64, 65, 72, 73, 81, 85, 87, 89, 117, 119, 139 e 331.	Rava et al.(1994); Alzate-Marin e Sartorato (2004); Martiniano-Souza et al.(2016); Dartibale et al. (2016).
Pernambuco	73	Rava et al. (1994); Alzate-Marin e Sartorato (2004).
Rio de Janeiro	5, 17, 23, 31, 55, 64, 65, 67, 69, 73, 77, 81, 83, 87, 89, 97, 321 e 453.	Rava et al.(1994); Balardin (1997); Mesquita et al. (1998); Somavilla e Prestes (1999); Alzate- Marin e Sartorato (2004); Talamini et al. (2004); Damasceno e Silva et al. (2005).
Rio Grande do Sul	7, 55, 65, 67, 73, 75, 77, 81, 83, 86, 87, 89, 95, 101, 103, 105, 109, 111, 121, 217, 249 e 581.	Balardin et al.(1990); Rava et al.(1994); Damasceno e Silva (2007); Alzate-Marin e Sartorato (2004); Gonçalves-Vidigal et al. (2008).
Santa Catarina	4, 23, 31, 38, 55, 65, 73, 81, 83, 85, 87, 89, 95, 127 e 351.	Carbonell et al. (1999); Talamini et al.(2004); Damasceno e Silva (2007); Ribeiro et al. (2016).
São Paulo	89.	Rava et al.(1994); Alzate-Marin e Sartorato (2004).
Sergipe	329, 513, 529 e 535.	Mahuku e Riascos (2004), Nunes (2013).
Brasil*		

*: Raças sem identificação do estado de origem.

Quadro 4 – Raças de *Colletotrichum lindemuthianum* identificadas no Paraná e sua distribuição entre os municípios paranaenses.

Municípios	Mesorregiões	Raças	Referências
Alto Alegre	Norte Central	65, 81	Carneiro et al. (1999).
Antônio Olinto	Sudeste	27, 64, 73	Sansigolo et al. (2008).
Arapoti	Centro Oriental	11, 81, 83, 87	Carneiro et al. (1999); Sansigolo et al. (2008).
Candói	Centro Sul	64, 73	Sansigolo et al. (2008); Moura et al. (2016).
Capitão Leônidas Marques	Oeste	31	Thomazella et al. (2002).
Cascavel	Oeste	3, 27, 283	Uchôa et al. (2015).
Centenário do Sul	Norte Central	81	Carneiro et al. (1999).
Coronel Vivida	Sudoeste	64, 87	Carneiro et al. (1999).
Curiúva	Norte Pioneiro	69	Carneiro et al. (1999).
Francisco Beltrão	Sudoeste	89	Carneiro et al. (1999).
Guarapuava	Centro-Sul	10, 65, 72, 73, 81, 82, 93	Carneiro et al. (1999); Barcelos et al. (2011); Uchôa et al. (2015); Moura et al. (2016).
Irati	Sudeste	64, 73, 83, 87, 89, 26, 351, 585	Carneiro et al. (1999); Thomazella et al. (2002); Sansigolo et al. (2008); Uchôa et al. (2015); Moura et al. (2016).

Jandaia do Sul	Norte Central	65, 81, 89	Thomazella et al. (2002).
Lapa	Metropolitana	0, 64, 65, 72, 73, 89, 457	Carneiro et al. (1999); Thomazella et al. (2002); Talamini et al. (2004); Sansigolo et al. (2008).
Londrina	Norte Central	9, 65, 72, 81, 87, 321, 343	Carneiro et al. (1999); Nunes (2013).
Mangueirinha	Sudoeste	75	Sansigolo et al. (2008).
Manoel Ribas	Norte Central	81	Carneiro et al. (1999).
Maringá	Norte Central	2, 3, 64, 65, 75, 79, 90, 91, 259, 287, 339, 351	Nunes (2013); Uchôa et al. (2015).
Paranavaí	Noroeste	73, 89	Thomazella et al. (2002).
Pato Branco	Sudoeste	65, 81, 87, 321, 465	Carneiro et al. (1999).
Pinhão	Centro-Sul	321	Barcelos et al. (2011).
Pitanga	Centro-Sul	64, 65	Carneiro et al. (1999); Moura et al. (2016).
Ponta Grossa	Centro Oriental	0, 1, 2, 17, 25, 27, 64, 65, 67, 72, 73, 81, 91, 343, 465	Carneiro et al. (1999); Nunes et al. (2011); Nunes (2013); Dartibale et al. (2016).
Prudentópolis	Sudeste	31, 64, 91, 346	Uchôa et al. (2015); Moura et al. (2016).
Rebouças	Sudeste	65	Carneiro et al. (1999).
Renascença	Sudoeste	81	Carneiro et al. (1999).
Tamarana	Norte Central	72	Nunes et al. (2011).
Taquaruna	Norte Central	87	Carneiro et al. (1999).
Tibagi	Centro Oriental	0, 10	Sansigolo et al. (2008).
Turvo	Centro-Sul	8	Barcelos et al. (2011).
Umuarama	Noroeste	65	Moura et al. (2016).
Uraí	Norte Pioneiro	81	Carneiro et al. (1999).
Vila Velha	Centro Oriental	0, 72	Nunes (2013).
Vitorino	Sudoeste	17, 75, 81	Carneiro et al. (1999); Sansigolo et al. (2008).

Quadro 4, Cont.

São João do Ivaí	Norte Central	69, 81, 89, 95	Thomazella et al. (2002).
São Mateus do Sul	Sudeste	69, 73	Carneiro et al. (1999).
Santo Antônio da Platina	Norte Pioneiro	65	Carneiro et al. (1999).
Santo Inácio	Norte Central	89	Carneiro et al. (1999).
Serra Morena	Norte Pioneiro	65	Carneiro et al. (1999).
Siqueira Campos	Norte Pioneiro	81	Carneiro et al. (1999).
Wenceslau Braz	Norte Pioneiro	65, 81, 465	Carneiro et al. (1999).
Paraná*		0, 1, 7, 10, 11, 17, 26, 27, 31, 52, 55, 64, 65, 67, 69, 72, 73, 77, 81, 83, 85, 87, 89, 93, 95, 96, 97, 101, 102, 105, 109, 123, 127, 137, 193, 249, 320, 321, 337, 342 e 453	Mesquita et al. (1998); Rava et al. (1994); Alzate-Marin e Sartorato (2004); Bonett et al. (2008), Nunes (2013).

*: Raças sem identificação do Município de origem.



As implicações genéticas de co-evolução em cada ambiente são de que as populações de patógenos possuem diferentes mecanismos de patogenicidade (genes de virulência), enquanto seus respectivos hospedeiros também oferecem uma diversidade semelhante (genes de resistência) (Araya et al., 2003).

Assim, os conhecimentos das raças e dos genes de resistência são importantes para o desenvolvimento de cultivares comerciais, combinando dois ou mais genes de resistência de ambos os *pools* gênicos, proporciona resistência a um maior número de raças e também aumenta a longevidade da resistência à antracnose (Balardin e Kelly, 1998; Araya et al., 2003; Padder et al., 2010).

CONCLUSÕES

Neste trabalho foram identificadas as raças: 1, 9, 17, 24, 25, 27, 72, 73, 81, 89, 95, 339 e 345 no estado do Paraná, confirmando a ampla variabilidade patogênica e a capacidade evolutiva do fungo *C. lindemuthianum*. Foi o primeiro relato da raça 24 no estado do Paraná e o primeiro relato da raça 345 no mundo, demonstrando a importância do monitoramento das raças fisiológicas do patógeno nas principais regiões de produção de feijão comum do estado.

Os genes presentes nas cultivares Perry Marrow e Kaboon (origem Andina) e PI 207262, TU, AB 136 e G 2333 (origem Mesoamericana), podem ser incluídos como fontes de resistência nos programas de melhoramento genético do feijão comum que visam ao desenvolvimento de cultivares resistentes à antracnose no estado do Paraná.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALZATE-MARIN, A.L.; BAIA, G.S.; PAULA, T.J.; CARVALHO, G.A.; BARROS, E.G.; MOREIRA, M.A. Inheritance of anthracnose resistance in common bean differential cultivar AB136. **Plant Disease**, v.81, n.9, p.996-998, 1997.

ALZATE-MARIN, A.L.; SARTORATO, A. Analysis of the pathogenic variability of *Colletotrichum lindemuthianum* in Brazil. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, East Lansing, v.47, p.241-242, 2004.

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

ANDRUS, C.F.; WADE, B.L. The factorial interpretation of anthracnose resistance in beans. **Technical Bulletin**, Washington, n.810, p.1-29, 1942.

ANSARI, K.I.; PALACIOS, N.; ARAYA, C.; LANGIN, T.; EGAN, D.; DOOHAN, F.M. Pathogenic and genetic variability among *Colletotrichum lindemuthianum* isolates of different geographic origins. **Plant Pathology**, v.53, p.635-642, 2004.

ARAYA, C.M. Coevolução de interações hospedante-patógeno em feijol común. **Fitopatologia Brasileira**, v.28, n.3, p.221-228, 2003.

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

BALARDIN, R.S. Identificação de raças fisiológicas de *Colletotrichum lindemuthianum* no Rio Grande do Sul – Brasil. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v.22, p.50-53, 1997.

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

BALARDIN, R.S.; PASTOR-CORRALES, M.A.; OTOYA, M.M. Variabilidade patogênica de *Colletotrichum lindemuthianum* no estado de Santa Catarina. **Fitopatologia Brasileira**, v.15, p.243-245, 1990.

BALARDIN, R.S.; JAROSZ, A.M.; KELLY, J.D. Virulence and molecular diversity in *Colletotrichum lindemuthianum* from South, Central and North America. **Phytopathology**, v.87, n.12, p.1184-1191, 1997.

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

BARCELOS, Q.L; SOUZA, E.A.; DAMASCENO E SILVA, K.J. Vegetative compatibility and genetic analysis of *Colletotrichum lindemuthianum* isolates from Brazil. **Genetics and Molecular Research**, v.10, n.1, p.230-242, 2011.

BARILI, L.D.; VALE, N.M.; MOURA, L.M.; PAULA, R.G.; SILVA, F.F.; CARNEIRO, J.E.S. Genetic progress resulting from forty-three years of breeding of the carioca common bean in Brazil. **Genetics and Molecular Research**, v.15, n.3, p.1-11, 2016.

BARRUS, M.F. Variation of varieties of beans in their susceptibility to anthracnose. **Phytopathology**, v.1, n.6, p.190-199, 1911.

BARRUS, M.F. Varietal susceptibility of beans to strains of *Collectotrichum lindemuthianum* (Sacc. and Magn.) Briosi and Cavara. **Phytopathology**, v.8, p.589-614, 1918.

BECERRA-VELAZQUEZ, L.; GEPTS, P. RFLP diversity of common bean (*Phaseolus vulgaris*L.) in its centers of origin. **Genome**, v.37, n.2, p.256-263, 1994.

BIANCHINI, A.; MARINGONI, A.C.; CARNEIRO, S.M.T.P.G. Doenças do feijoeiro – *Phaseolus vulgaris*. In: KIMATI, H.; AMORIM L.; REZENDE, J.A.M; BERGAMIN-FILHO, A. CAMARGO, L.E.A. (Ed.). **Manual de fitopatologia: doenças de plantas cultivadas**. São Paulo: Agronômica Ceres, 1997. p.353-375.

BLAIR, M.W.; BRONDANI, R.V.P.; AZ, L.M.D.; DEL PELOSO, M.J. Diversity and population structure of common bean from Brazil. **Crop Science**, Madison, v.53, p.1983-1993, 2013.

BONETT, L.P.; SCHEWE, I.; SILVA, L.I. Variabilidade de *Colletotrichum lindemuthianum* em feijoeiro comum no Oeste do estado do Paraná. **Scientia Agraria**, v.9, n.2, p.207-210, 2008.

BRIOSI, G.; CAVARA, F.I. *Colletotrichum lindemuthianum*. **I Fungi Parassiti della Pianta Coltivate od utili essicati, Delineati e Descritti**, v.2, p.26-50, 1889.

BURKHOLDER, W.H. The gamma strain of *Colletotrichum lindemuthianum* (Sacc. et Magn.). **Phytopathology**, v.13, p.316-323, 1923.

BROUGHTON, W.J.; HERNÁNDEZ, G.; BLAIR M.; BEEBE, S. GEPTS, P.; VANDERLEYDEN, J. Beans (*Phaseolus* spp.) - model food legumes. **Plant Soil**, v.252, n.1, p.55-128, 2003.

CAMPA, A.; GIRALDEZ, R.; FERREIRA, J.J. Genetic analysis of the resistance to eight anthracnose races in the common bean differential cultivar Kaboon. **Phytopathology**, v.101, n.6, p.757-764, 2011.

CARBONELL, S.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**, v.24, n.1, p.60-65, 1999.

CARNEIRO, S.M.T.P.G. Raças fisiológicas de *Colletotrichum lindemuthianum* no estado do Paraná. **Summa Phytopathologica**, Butucatu, v.25, n.3, p.275-278, 1999.

CASTELLANOS, G.; JARA, C.; MOSQUERA, G. *Colletotrichum lindemuthianum*. Enfermedad: antracnosis. Manejo del hongo en el laboratorio. **International Center for Tropical Agriculture**, v.3, p.3-39, 2011.

CONAB. **Companhia Nacional de Abastecimento**. Disponível em: <http://www.conab.gov.br>. Acesso em: 14, agosto, 2016.

COSTA, J.G.C.; RAVA, C.A.; SARTORATO, A.; ANDRADE, E.M. Linhagens de feijão do grupo preto com resistência conjunta à antracnose, ao crestamento bacteriano comum e com características agrônômicas favoráveis. **Pesquisa Agropecuária Gaúcha**, Porto Alegre, v.5, n.2, p.283-292, 1999.

DAMASCENO E SILVA, K.J.; SOUZA, E.A.; SARTORATO, A.; ISHIKAWA, F.H. Variabilidade patogênica e molecular entre isolados de *Colletotrichum lindemuthianum* oriundos de diferentes regiões produtoras do Brasil. In: VIII CONGRESSO NACIONAL DE PESQUISA DE FEIJÃO, 2005. **Resumos Expandidos**. Goiânia: Embrapa, p.601-604.

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

DARTIBALE, G.B.; MARTINIANO-SOUZA, M.C.; LACANALLO, G.F.; SILVA RAMOS MARTINS, V.S.R.; CASTRO, S.A.L.; CALVI, A.C.; GONÇALVES-VIDIGAL, M.C. Caracterização de isolados de *Colletotrichum lindemuthianum* em feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) oriundos dos estados do Paraná e de Pernambuco. In: XXV ENCONTRO ANUAL DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA, 2016, Maringá. **Resumos**. Maringá: UEM, p.1-4.

DAVIDE, L.M.C.; SOUZA, E.A. Pathogenic variability within race 65 of *Colletotrichum lindemuthianum* and its implications for common bean breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.9, p.23-30, 2009.

FAO. **Faostat database gateway**. Disponível em: <http://faostat3.fao.org>. Acesso em: 14, agosto, 2016.

FELIPIN-AZEVEDO, R.; GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; LACANALLO, G.F.; SOUZA, M.C.M; CASTRO, S.A.L.; CAIXETA, M.P.; VIDIGAL FILHO, P.S. Analysis of diverse *Colletotrichum lindemuthianum* isolates of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) from Mato Grosso State, Brazil. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, v.47, p.143-144, 2014.

FERREIRA, J.J.; CAMPA, A.; PÉREZ-VEJA, E. Reaction of a bean germplasm collection against five races of *Colletotrichum lindemuthianum* identified in Northern Spain and implications for breeding. **Plant Disease**, v.92, n.5, p.705-708, 2008.

FOUILLOUX, G.L' anthracnose du haricot (*Colletotrichum lindemuthianum* Sacc. e Magn.): Nouvelles sources de résistance et nouvelles races physiologiques. **Annales De L'Amélioration des Plantes**, v.26, n.3, p.443-453, 1976.

FOUILLOUX, G. Bean anthracnose: new genes of resistance. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, v.19, p.36-37, 1979.

FREYTAG, G.F.; DEBOUCK D.G. Taxonomy, distribution, and ecology of the genus *Phaseolus* (Leguminosae – Papilionoideae) in North America, Mexico, and Central America. **Botanical Miscellany**, v.23, p.1-300, 2002.

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

GEFFROY, V.; MACADRÉ, C.; DAVID, P.; PEDROSA-HARAND, A.; SÉVIGNAC, M.; DAUGA, C.; LANGIN, T. Molecular analysis of a large subtelomeric Nucleotide-Binding-Site-Leucine-Rich-Repeat family in two representative genotypes of the major gene pools of *Phaseolus vulgaris*. **Genetics**, v.181, n.2, p.405-419, 2009.

GEPTS, P. Biochemical evidence bearing on the domestication of *Phaseolus* (Fabaceae) beans. **Economic Botany**, v.44, n.3, p.28-38, 1990.

GEPTS, P. Origin and evolution of common bean: past events and recent trends. **HortScience**, v.33, n.7, p.1124-1130, 1998.

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

GONÇALVES-VIDIGAL, M.C. **Herança da resistência às raças alfa, delta e capa de *Colletotrichum lindemuthianum* (Sacc. & Magn.) Scrib. no feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.)**. 1994. 52p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 1994.

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

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

GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; THOMAZELLA, C.; VIDIGAL FILHO, P.S.; KVITSCHAL, M.V.; ELIAS, H.T. Characterization of *Colletotrichum lindemuthianum* isolates using differential cultivars of common bean in Santa Catarina State, Brasil. **Brazilian Archives of Biology and Technology**, Curitiba, v.51, n.3, p.883-888, 2008.

GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; VIDIGAL FILHO, P.S.; MEDEIROS, A.F.E.; PASTOR-CORRALES, M.A. Common bean landrace Jalo Listras Pretas is the source of a new Andean anthracnose resistance gene. **Crop Science**, v.49, n.1, p.133-138, 2009.

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

GONZÁLEZ, M.; RODRÍGUEZ, R; ZAVALA, M.E.; JACOBO, J.L.; HERNÁNDEZ, F.; ACOSTA, J.; MARTÍNEZ, O.; SIMPSON, J. Characterization of mexican isolates of *Colletotrichum lindemuthianum* by using differential cultivars and molecular markers. **Phytopathology**, v.88, n.4, p.292-299, 1998.

HABGOOD, H. Designation of physiological races of plant pathogens. **Nature**, v.227, n.19, p.1267-1269, 1970.

HUBBELING, N. Selection for resistance to anthracnose particularly in respect to the "ebnet" race of *Colletotrichum lindemuthianum*. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, v.19, p.49-50, 1976.

IBGE. **Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística**. Disponível em: <http://www.ibge.gov.br/home/default.php>. Acesso em: 22, agosto, 2016.

ISHIKAWA, F.H; SOUZA, E.A.; SHOJI, J.Y.; CONNOLLY, L.; FREITAG, M.; READ, N.D.; ROCA, M. G. Heterokaryon incompatibility is suppressed following conidial anastomosis tube fusion in a fungal plant pathogen. **Plos One**. v.7, p.31175, 2012.

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

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

KOENIG, R.L.; GEPTS, P. Allozyme diversity in wild *Phaseolus vulgaris*: further evidence for two major centers of genetic diversity. **Theoretical and Applied Genetics**, v.78, n.6, p.809-817, 1989.

KRÜGER, J.; HOFFMANN, G.M.; HUBBELING, N. The Kappa race of *Colletotrichum lindemuthianum* and sources of resistance to anthracnose in *Phaseolus* beans. **Euphytica**, v.26, p.23-25, 1977.

LACANALLO, G.F.; GONÇALVES-VIDIGAL, M.C. Mapping of an andean gene for anthracnose resistance (*Co-13*) in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) Jalo Listras Pretas landrace. **Australian Journal of Crop Science**, v.9, n.5, p.394-400, 2015.

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**, v.110, v.3, p.253-263, 2004.

MARTINIANO-SOUZA, M.C.; GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; LACANALLO, G.F.; COSTA, A.F.; DARTIBALE, G.B.; PAULINO, P.P.S. Pathogenic variability of *Colletotrichum lindemuthianum* in the State of Pernambuco, Brazil. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, v.59, n.1, p.63-64, 2016.

MASTENBROEK, C. A breeding programme for resistance to anthracnose in dry shell haricot beans, based on a new gene. **Euphytica**, v.9, p.177-184, 1960.

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

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

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

MENEZES, J.R.; DIANESE, J.C. Race characterization of Brazilian isolates of *Colletotrichum lindemuthianum* and detection of resistance to anthracnose in *Phaseolus vulgaris*. **Phytopathology**, v.78, p.650-655, 1988.

MESQUITA, A.G.G.; PAULA, T.J.R.; MOREIRA, M.A.; BARROS, E.G. Identification of races of *Colletotrichum lindemuthianum* with the aid of PCR based molecular markers. **Plant Disease**, v.82, n.10, p.1084-1087, 1998.

MESQUITA, F.R.; CORRÊA, A.D.; ABREU, C.M.P.; LIMA, R.A.Z.; ABREU, A.F.B. Linhagens de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.): composição química edigestibilidade proteica. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v.31, n.4, p.1114-1121, 2006.

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

MOURA, A.R.; POLETINE, J.P; SAPIA, J.G.; AUGUSTO, J.; BORAZIO, R.F; COSTA, A.R. Variabilidade fisiológica de *Colletotrichum lindemuthianum* na cultura do feijoeiro comum em municípios do Centro Oeste paranaense. **Journal of Agronomic Sciences**, Umuarama, v.5, n.1, p.46-59, 2016.

NUNES, M.P. **Virulência e variabilidade molecular de *Colletotrichum lindemuthianum* em feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.)**. 2013. 84p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento). Universidade Estadual de Maringá, Maringá, 2013.

NUNES, M.P.; GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; LACANALLO, G.F.; PEDROSO, J.; COIMBRA, G.K.; VIDIGAL FILHO, P.S.; SOUSA, L.L. Caracterização de isolados de *Colletotrichum lindemuthianum* oriundos do estado do Paraná. In: VI CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS, 2011, Búzios. **Resumos Expandidos**. Búzios: Sociedade Brasileira de Melhoramento de Plantas. CD-ROOM.

NUNES, W.M.C.; BERGAMIN FILHO, A. Avaliação dos danos causados pela antracnose (*Colletotrichum lindemuthianum*) do feijoeiro. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v.21, n.4, p.436-442, 1996.

O'CONNELL, R.J.; BAILEY, J.A.; RICHMOND, D.V. Cytology and physiology of infection of *Phaseolus vulgaris* by *Colletotrichum lindemuthianum*. **Physiological Plant Pathology**, v.27, n.1, p.75-98, 1985.

OLIARI, L.; VIEIRA, C.; WILKINSON, R.E. Physiologic races of *Colletotrichum lindemuthianum* in the State of Minas Gerais, Brazil. **Plant Disease Reporter**, v.57, p.870-872, 1973.

OLIVEIRA, E.A.; ANTUNES, I.F.; COSTA, J.G.C. Bean anthracnose race survey in South Brazil. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, v.16, p.42-43, 1973.

PADDER, B.A.; SHARMA, P.N.; SHARMA, O.P. Distribution of *Colletotrichum lindemuthianum* race Flora and its implication in deployment of resistant sources across Himachal Pradesh. **Research Journal of Agricultural Sciences**, v.1, n.1, p.1-6, 2010.

PARADELA FILHO, O.; POMPEU, A.S. Ocorrência do Grupo Brasileiro I de *Colletotrichum lindemuthianum* da antracnose do feijoeiro no estado de São Paulo. **Summa Phytopathologica**, v.1, p.195-198, 1975.

PASTOR-CORRALES, M.A. La Antracnosis del frijol común, *Phaseolus vulgaris*, in América Latina. **International Center for Tropical Agriculture**, v.113, p.251, 1988.

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

PASTOR-CORRALES, M.A. Traditional and molecular confirmation of the coevolution of beans and pathogens in Latin America. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, v.39, p.46-47, 1996.

Journal of Agronomic Sciences, Umuarama, v.9, n. especial, p.221-245, 2020.

PASTOR-CORRALES, M.A.; TU, J.C. Anthracnose. In: SCHWARTZ, H.F.; PASTOR-CORRALES, M.A. (Ed.). **Bean production problems in the tropics**. Cali: Centro Internacional de Agricultura Tropical, 1989. p.77-104.

PONTOCORVO, G. The parasexual cycle in fungi. **Annual Review of Microbiology**, v.10, p.393-400, 1956.

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

RIBEIRO, T.; ESTEVES, J.A.F.; SILVA, D.A.; GONÇALVES, J.G.R.; CARBONELL, S.A.M.; CHIORATO, A.F. Classification of *Colletotrichum lindemuthianum* races in differential cultivars of common bean. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v.38, n.2, p.179-184, 2016.

ROCA, M.G.; ARLT, J.; JEFFREE, C.E.; READ, N.D. Cell biology of conidial anastomosis tubes in *Neurospora crassa*. **Eukaryot Cell**, v.4, n.5, p.911-919, 2005.

ROSADA, L.J.; FRANCO, C.C.S.; SANT'ANNA, J.R.; KANESHIMA, E.N.; GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; CASTRO-PRADO, M.A.A. Parasexuality in race 65 *Colletotrichum lindemuthianum* isolates. **The Journal of Eukaryotic Microbiology**, v.57, n.4, p.383-384, 2010.

SACCARDO, P.A.; MAGNUS, P. Fungi novi ex herbarium. **Michelia**, v.1, p.117-132, 1878.

SANSIGOLO, A.; GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; VIDIGAL FILHO, P.S.; GONELA, A.; KVITSCHAL, M.V. New races of *Colletotrichum lindemuthianum* in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) in Paraná State, Brazil. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, v.51, p.192-193, 2008.

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

SICARD, D.; MICHALAKIS, Y.; DRON, M.; NEEMA, C. Genetic diversity and pathogenic variation of *Colletotrichum lindemuthianum* in the three centers of diversity of its host, *Phaseolus vulgaris*. **Phytopathology**, v.87, n.8, p.807-813, 1997.

SINGH, S.P. Broadening the genetic base of common bean cultivars: a review. **Crop Science**, v.41, n.6, p.1659-1675, 2001.

SINGH, S.P.; SCHWARTZ, H.F. Breeding common bean for resistance to diseases: a review. **Crop Science**, v.50, p.2199-2223, 2010.

SINGH, S.P.; GEPTS, P.; DEBOUCK, D.G. Races of common bean (*Phaseolus vulgaris*, Fabaceae). **Economic Botany**, v.45, v.3, p.379-396, 1991.

SOMAVILLA, L.L.; PRESTES, A.M. Identificação de patótipos de *Colletotrichum lindemuthianum* de algumas regiões produtoras de feijão do Rio Grande do Sul. **Fitopatologia Brasileira**, v.24, p.416-421, 1999.

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

SOUZA, E.A.D.; CAMARGO JÚNIOR, O.A.; PINTO, J.M.A. Sexual recombination in *Colletotrichum lindemuthianum* occurs on a fine scale. **Genetics and Molecular Research**, v.9, p.1750-1769, 2010.

TALAMINI, V.; SOUZA, E.A.; POZZA, E.A.; CARRIJO, F.R.F.; ISHIKAWA, F.H.; SILVA, K.J.D.; OLIVEIRA, F.A. Identificação de raças patogênicas de *Colletotrichum lindemuthianum* a partir de isolados provenientes de regiões produtoras de feijoeiro comum. **Summa Phytopathologica**, v.30, p.371-375, 2004.

THOMAZELLA, C.; GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; VIDIGAL FILHO, P.S.; NUNES, W.M.C.; VIDA, J.B. Characterization of *Colletotrichum lindemuthianum* races in Paraná State, Brazil. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.2, p.55-60, 2002.

UCHÔA, E.B; GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; SOUZA, M.C.M; VIDIGAL FILHO, P.S.; CASTRO, S.A.L; POLETINE, J.P. New races of *Colletotrichum lindemuthianum* in common bean from Parana State, Brazil. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, v.58, p.41-42, 2015.

VALLEJO, V.D.; KELLY, J.D. New insights into the anthracnose resistance of common bean landrace G 2333. **The Open Horticulture Journal**, v.2, n.1, p.29-33, 2009.

WENDLAND, A.; ABUD, R.O.G.; MELO, L.C.; PEREIRA, H.S.; DÍAZ, J.L.C. Intraspecific variability of *Colletotrichum lindemuthianum*. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, v.54, p.108-109, 2011.

YERKES JÚNIOR, W.D.; ORTIZ, M.T. New races of *Colletotrichum lindemuthianum* in Mexico. **Phytopathology**, v.46, p.564-567, 1956.

YERKES JÚNIOR, W.D. Additional new races of *Colletotrichum lindemuthianum* in Mexico. **Plant Disease Reporter**, v.42, p.329-329, 1958.

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

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

ZAUMEYER, W.J.; THOMAS, H.R. A monographic study of bean diseases and methods for their control. **Technical Bulletin**, v.868, p.5-15, 1957.