

ANÁLISE GT *BILOT* PARA CARACTERÍSTICAS DE FEIJÃO-  
VAGEM E CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA, MOLECULAR E  
PATOGENICA DE ISOLADOS DE *Fusarium* spp. EM CAMPOS DOS  
GOYTACAZES, RJ

**GABRIELA TAVARES PIRES**

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE  
DARCY RIBEIRO - UENF

CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ  
FEVEREIRO - 2026

ANÁLISE GT *BILOT* PARA CARACTERÍSTICAS DE FEIJÃO-  
VAGEM E CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA, MOLECULAR E  
PATOGENICA DE ISOLADOS DE *Fusarium* spp. EM CAMPOS DOS  
GOYTACAZES, RJ

**GABRIELA TAVARES PIRES**

“Tese apresentada ao Centro de Ciências e  
Tecnologias Agropecuárias da Universidade  
Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro,  
como parte das exigências para obtenção do  
título de Doutora em Genética e Melhoramento  
de Plantas”.

Orientador: Prof. Dr. Geraldo de Amaral Gravina

CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ  
FEVEREIRO – 2026

## FICHA CATALOGRÁFICA

UENF - Bibliotecas

Elaborada com os dados fornecidos pela autora.

P667

Pires, Gabriela Tavares.

ANÁLISE GT BILOT PARA CARACTERÍSTICAS DE FEIJÃO-VAGEM E CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA, MOLECULAR E PATOGÊNICA DE ISOLADOS DE *Fusarium spp.* EM CAMPOS DOS GOYTACAZES, RJ / Gabriela Tavares Pires. - Campos dos Goytacazes, RJ, 2026.

119 f. : il.

Bibliografia: 85 - 102.

Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, 2026.

Orientador: Geraldo de Amaral Gravina.

1. *Phaseolus vulgaris* L.. 2. GT BILOT. 3. Estabilidade fenotípica. 4. *Fusarium fabacearum*. 5. *Neocosmospora falciformis*. I. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. II. Título.

CDD - 631.5233

ANÁLISE GT BIPLLOT PARA CARACTERÍSTICAS DE FEIJÃO-  
VAGEM E CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA, MOLECULAR E  
PATOGENICA DE ISOLADOS DE *Fusarium* spp. EM CAMPOS DOS  
GOYTACAZES, RJ

**GABRIELA TAVARES PIRES**

“Tese apresentada ao Centro de Ciências e  
Tecnologias Agropecuárias da Universidade  
Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro,  
como parte das exigências para obtenção do  
título de Doutora em Genética e Melhoramento  
de Plantas”.

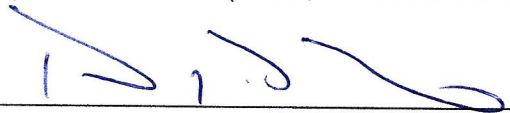
Aprovada em 27 de fevereiro de 2026.

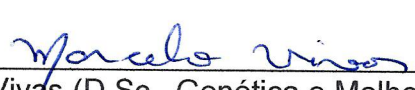
Comissão Examinadora:


Documento assinado digitalmente  
**gov.br** YURE PEQUENO DE SOUZA  
Data: 27/03/2026 13:23:35-0300  
Verifique em <https://validar.it.gov.br>

---

Prof. Yure Pequeno de Souza (D.Sc., Genética e Melhoramento de Plantas) - IFMT

  
Prof. Roberto Ramos Sobrinho (D.Sc., Agronomia-Fitopatologia) - UENF

  
Prof. Marcelo Vivas (D.Sc., Genética e Melhoramento de Plantas) - UENF

  
Dra. Janieli Maganha Silva Vivas (D. Sc., Produção Vegetal) - UENF

Documento assinado digitalmente  
**gov.br** GERALDO DE AMARAL GRAVINA  
Data: 11/05/2026 13:05:14-0300  
Verifique em <https://validar.it.gov.br>

---

Prof. Geraldo de Amaral Gravina (D.Sc., Fitotecnia) - UENF  
(Orientador)

*“Aquele que planta com lágrimas, colherá com alegria.”*

- Salmo 126:5

## DEDICATÓRIA

*À memória do meu avô, Jorge da Silva Pires.  
Agradeço por ter plantado em mim as raízes da curiosidade e o valor do trabalho.  
Sua ausência é sentida, mas sua presença permanece em cada passo que dei  
até aqui. Dedico este trabalho a você, com amor e eterna gratidão!*

## AGRADECIMENTOS

A Deus, pela força, proteção e por permitir a concretização deste sonho.

Aos meus amados: minha mãe, Simone, à minha avó Maria Catarina e, *in memoriam*, ao meu avô, Jorge da Silva Pires. Aos meus tios Esmeraldo e Cristina, que, mesmo distantes, se fazem presentes com apoio e incentivo. Obrigada pela educação e pelo exemplo de dedicação e perseverança que me transmitiram, impulsionando-me a perseguir meus sonhos.

À minha família, pelo suporte e confiança. Cada um de vocês ocupa um lugar especial em meu coração. Recebam minha profunda admiração e gratidão.

Ao meu companheiro Leonardo, que nunca deixou de estar ao meu lado, apoiando-me e acolhendo-me nos momentos mais desafiadores deste processo. Sou imensamente grata por sua presença em minha vida.

À minha amiga Ana Carolina, pelo apoio e amizade compartilhados desde a graduação. À colega e pós-doutoranda do laboratório, Juliana Pacheco, pelo auxílio técnico e pelo acolhimento durante todo o curso.

Aos amigos que caminharam comigo até aqui, aos que encontrei durante esta jornada e a todos que, de alguma forma, torceram e contribuíram para esta e outras conquistas em minha vida, o meu muito obrigada. Vocês são fundamentais para mim.

Ao Derivaldo Pureza da Cruz e à Janieli Vivas, agradeço por todos os conhecimentos compartilhados e pela constante disposição em me auxiliar ao

longo de toda a minha trajetória no doutorado e de pesquisa. Sem vocês, esta jornada seria muito mais árdua.

Ao meu orientador, Prof. Geraldo de Amaral Gravina, pela oportunidade de integrar seu laboratório. Agradeço sinceramente por acreditar em meu potencial, por compartilhar seu saber e por me aconselhar com sabedoria. Sua contribuição foi indispensável para o alcance deste objetivo.

Ao meu coorientador, Prof. Marcelo Vivas, pela valiosa contribuição ao trabalho e à minha formação.

Ao Prof. Roberto Ramos, pelo apoio e auxílio na construção deste trabalho. Ao Dr. Vicente Mussi-Dias, pela colaboração, orientação nas atividades laboratoriais e pela amizade.

Aos servidores da UENF, em especial ao secretário José Daniel Valle de Almeida, pela presteza no atendimento.

À Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, pela oportunidade e pela estrutura fornecida.

À Fundação Carlos Chagas Filho de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio de Janeiro (FAPERJ), pela concessão da bolsa de estudo e auxílio financeiro para a realização desta pesquisa.

O presente trabalho foi desenvolvido com o apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001.

## SUMÁRIO

<b>RESUMO</b> .....	xii
<b>ABSTRACT</b> .....	xiv
<b>1. INTRODUÇÃO</b> .....	1
<b>2. OBJETIVOS</b> .....	4
2.1. Objetivo geral .....	4
2.2. Objetivos específicos .....	4
<b>3. CAPÍTULO</b> .....	5
<b>3.1.1. INTRODUÇÃO</b> .....	5
<b>3.1.2. REVISÃO DE LITERATURA</b> .....	7
3.1.2.1. Origem, classificação botânica e características do feijão-vagem .....	7
3.1.2.2. Melhoramento do feijão-vagem .....	9
3.1.2.4. Análise Multivariada .....	11
3.1.2.5. Interação genótipo x características e a abordagem GT <i>biplot</i> .....	12
<b>3.1.3. MATERIAL E MÉTODOS</b> .....	14
3.1.3.1. Material genético e condução do experimento .....	14
3.1.3.2. Características avaliadas .....	16
3.1.3.3. Análises estatísticas .....	17
<b>3.1.4. RESULTADOS</b> .....	17
<b>3.1.5. DISCUSSÃO</b> .....	36
<b>3.1.6. CONCLUSÕES</b> .....	38
<b>3.2.1. INTRODUÇÃO</b> .....	39
<b>3.2.2. REVISÃO DE LITERATURA</b> .....	41
3.2.2.2. Taxonomia e evolução dos fungos fusarioides .....	43

3.2.2.3. Etiologia e ciclo da murcha-de-fusário .....	45
3.2.2.4. Métodos de identificação: da morfologia à filogenia multilocus .....	47
3.2.2.5. Patogenicidade e métodos de inoculação .....	49
3.2.2.6. Resistência genética e manejo integrado da murcha-de-fusário .....	51
<b>3.2.3. MATERIAL E MÉTODOS</b> .....	<b>53</b>
3.2.3.1. Material vegetal .....	53
3.2.3.2. Isolamento do patógeno .....	54
3.2.3.3. Extração de DNA total .....	55
3.2.3.4. Análise filogenética .....	56
3.2.3.5. Caracterização morfológica e cultural .....	58
3.2.3.6. Teste de patogenicidade .....	60
3.2.3.6.1. Teste de método de inoculação .....	60
3.2.3.6.2. Teste de severidade .....	62
3.2.3.7. Análises estatística .....	64
<b>3.2.4. RESULTADOS</b> .....	<b>65</b>
3.2.4.1. Relação filogenética .....	65
3.2.4.2. Caracterização morfológica e cultural .....	67
3.2.4.3. Teste de patogenicidade .....	72
3.2.4.3.1. Método de inoculação .....	72
3.2.4.3.2. Severidade da doença .....	74
<b>3.2.5. DISCUSSÃO</b> .....	<b>76</b>
3.2.5.1. Relação filogenética .....	76
3.2.5.1.1. Isolado CF/UENF682 .....	78
3.2.5.2. Patogenicidade .....	80
3.2.5.2.1. Método de inoculação .....	80
3.2.5.2.2. Severidade da doença .....	82
<b>3.2.6. CONCLUSÕES</b> .....	<b>83</b>
<b>REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS</b> .....	<b>85</b>

## LISTA DE FIGURAS

<b>Figura 1.</b> Área experimental da Empresa de Pesquisa Agropecuária do Estado do Rio de Janeiro (PESAGRO), em Campos dos Goytacazes, RJ (2023-2024) .....	14
<b>Figura 2.</b> Médias de temperatura, umidade e precipitação no município de Campos dos Goytacazes, RJ, de maio a setembro de 2023.....	26
<b>Figura 3.</b> Médias de temperatura, umidade e precipitação no município de Campos dos Goytacazes, RJ, de maio a setembro de 2024.....	26
<b>Figura 4.</b> <i>Biplot “Which-won-where”</i> indicando o desempenho das linhagens em relação às características avaliadas.....	28
<b>Figura 5.</b> <i>Biplot</i> de produtividade e estabilidade das linhagens “ <i>Means vs. Stability</i> ” .....	30
<b>Figura 6.</b> <i>Biplot</i> de discriminatividade e representatividade “ <i>Discriminativeness vs. Representativeness</i> ” das variáveis avaliadas.....	32
<b>Figura 7.</b> <i>Biplot “Ideal Genotype”</i> representando o genótipo hipotético com os níveis desejáveis para todos os caracteres.....	33
<b>Figura 8.</b> <i>Biplot “Relationship Among Traits”</i> representando a magnitude e o sentido das correlações entre as características agrônômicas.....	35

<b>Figura 9.</b> Monitoramento com <i>Data logger</i> de temperatura e umidade à prova d'água INS-1330. Campos dos Goytacazes, RJ, 2024.....	62
<b>Figura 10.</b> Monitoramento com <i>Data logger</i> de temperatura e umidade à prova d'água INS-1330. Campos dos Goytacazes, RJ, 2025.....	64
<b>Figura 11.</b> Árvore filogenética estruturada pelo método de máxima verossimilhança com sequências concatenadas de TUB2, ITS, TEF1 e RPB2. Campos dos Goytacazes, RJ, 2025.....	67
<b>Figura 12.</b> Características morfológicas das colônias do isolado de <i>Fusarium fabacearum</i> (CF/UENF 683) em meio de cultura. Campos dos Goytacazes, RJ, 2025.....	68
<b>Figura 13.</b> Características morfológicas das colônias do isolado de <i>Neocosmospora falciformis</i> (CF/UENF 686) em meio de cultura. Campos dos Goytacazes, RJ, 2025.....	69
<b>Figura 14.</b> Características morfológicas das colônias do isolado de <i>Fusarium</i> sp. (CF/UENF 682) em meio de cultura. Campos dos Goytacazes, RJ, 2025.....	70

## LISTA DE TABELAS

<b>Tabela 1.</b> Relação de genótipos de feijão-vagem pertencentes à coleção de sementes de feijões especiais da UENF que foram utilizados nos experimentos de campo em Campos dos Goytacazes nos anos de 2023 e 2024.....	15
<b>Tabela 2.</b> Resumo da análise de variância individual das linhagens avaliadas em 2023.....	18
<b>Tabela 3.</b> Resumo da análise de variância individual das linhagens avaliadas em 2024.....	19
<b>Tabela 4.</b> Agrupamento de médias das características agronômicas das linhagens avaliadas em 2023.....	21
<b>Tabela 5.</b> Agrupamento de médias das características agronômicas das linhagens avaliadas em 2024.....	23
<b>Tabela 6.</b> Resumo da análise de variância conjunta das linhagens avaliadas em dois ambientes (2023 e 2024) .....	25
<b>Tabela 7.</b> Isolados fúngicos fusarioides coletados de <i>Phaseolus vulgaris</i> L. (feijão-branco, feijão-comum e feijão-vagem) e <i>Vigna radiata</i> (feijão-mungo). Campos dos Goytacazes, RJ, 2023-2024.....	54

<b>Tabela 8.</b> Primers, sequências e condições de ciclagem utilizados para a amplificação das regiões TEF1, TUB2, RPB2 e ITS. Campos dos Goytacazes, RJ, 2024.....	56
<b>Tabela 9.</b> Isolados do complexo de espécies de <i>Fusarium oxysporum</i> , espécies do gênero <i>Neocosmospora</i> (anteriormente complexo de espécies de <i>Fusarium solani</i> ) e espécies do gênero <i>Fusicolla</i> utilizados no estudo e seus códigos de acesso no GenBank-NCBI. Campos dos Goytacazes, RJ, 2025.....	57
<b>Tabela 10.</b> Dimensões mínimas, máximas e médias de conídios e diâmetro de clamidósporos dos isolados fúngicos de <i>F. fabacearum</i> e <i>F. falciformis</i> avaliados. Campos dos Goytacazes, RJ, 2025.....	71
<b>Tabela 11.</b> Dimensões ( $\mu\text{m}$ ) dos conídios com diferentes números de septos e diâmetro dos clamidósporos do isolado fúngico de <i>Fusarium</i> sp. CF_UENF682. Campos dos Goytacazes, RJ, 2025.....	71
<b>Tabela 12.</b> Análise de variância de isolados fusarioides versus métodos de inoculação para as características avaliadas. Campos dos Goytacazes, RJ, 2024. ....	72
<b>Tabela 13.</b> Agrupamento de médias das características agrônômicas por isolado fusarioide e método de inoculação. Campos dos Goytacazes, RJ, 2024.....	73
<b>Tabela 14.</b> Análise de variância da área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD) para os genótipos BRS Estilo e L22 de feijão-vagem, em função de diferentes isolados fúngicos causadores de fusariose, avaliada em casa de vegetação. Campos dos Goytacazes, RJ, 2025.....	75
<b>Tabela 15.</b> Agrupamento de médias da área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD) para os genótipos BRS Estilo e L22 de feijão-vagem, em função de diferentes isolados fúngicos causadores de fusariose, em condições de casa de vegetação. Campos dos Goytacazes, RJ, 2025.....	76

## RESUMO

PIRES, Gabriela Tavares; D.Sc.: Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; fevereiro de 2026; Análise gt *biplot* para características de feijão-vagem e caracterização morfológica, molecular e patogênica de isolados de *Fusarium* spp. em Campos dos Goytacazes, RJ Orientador: Dr.Sc. Geraldo de Amaral Gravina; Conselheiros: D.Sc. Marcelo Vivas e D.Sc. Rosana Rodrigues.

O feijão-vagem (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma olerícola de grande importância econômica e social, consumida e comercializada na forma de vagens imaturas. Contudo, a produtividade e a estabilidade da cultura são limitadas por fatores genéticos, ambientais e fitossanitários, com destaque para a interação genótipo x características (G x C) e a ocorrência da murcha-de-fusário. O presente estudo teve como objetivo avaliar o desempenho agrônômico de linhagens de feijão-vagem e a interação G x C por meio de análises univariadas e multivariadas, utilizando a abordagem GT *biplot* para a identificação de materiais com perfis fenotípicos equilibrados, além de caracterizar e identificar isolados associados à murcha-de-fusário em Campos dos Goytacazes, RJ. Os experimentos agrônômicos foram conduzidos em 2023 e 2024, sob delineamento de blocos casualizados, tendo sido avaliadas 29 linhagens. Foram aferidas características fenológicas, morfológicas e componentes de rendimento, submetidos à ANOVA conjunta e à análise GT *biplot*. Os resultados evidenciaram variabilidade genética significativa e interação G x A para todas as variáveis. As linhagens L45, L41 e L35 destacaram-se, sendo a L45 identificada como o ideótipo do estudo. A análise multivariada confirmou associações positivas entre os componentes de

rendimento, validando a seleção indireta. Paralelamente, a caracterização polifásica dos isolados associados à murcha-de-fusário envolveu análises macro e micromorfológicas (meios BDA e SNA) e filogenia de Máxima Verossimilhança via concatenação dos marcadores *TEF1*, *TUB2*, *RPB2* e *ITS*, tendo sido identificados *Fusarium fabacearum* e *Neocosmospora falciformis* associados à cultura, e um novo isolado. Após ensaio preliminar, o método do palito colonizado foi selecionado para os testes de severidade em casa de vegetação (blocos casualizados), avaliando a patogenicidade no feijão-comum 'BRS Estilo' e na linhagem de feijão-vagem L22 (testadores suscetíveis). A severidade foi avaliada aos 20 dias (escala de 1 a 9 do CIAT), os dados epidemiológicos foram mensurados via AACPD e as médias, agrupadas pelo teste de Scott-Knott ( $p < 0,05$ ) no software R. Os ensaios revelaram variabilidade na agressividade dos isolados. O estudo permitiu a seleção de genótipos superiores e avanços na etiologia das doenças do sistema radicular do feijão-vagem na região, fornecendo subsídios estratégicos para o melhoramento genético e o manejo fitossanitário.

**Palavras-chave:** *Phaseolus vulgaris* L.; GT *BI PLOT*; Estabilidade fenotípica; *Fusarium fabacearum*; *Neocosmospora falciformis*.

## ABSTRACT

PIRES, Gabriela Tavares; D.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; February 2026; GT *biplot* analysis for green bean characteristics and morphological, molecular, and pathogenic characterization of *Fusarium spp.* isolates in Campos dos Goytacazes, RJ; Advisor: Dr.S. Geraldo de Amaral Gravina; Committee Members: D.Sc. Marcelo Vivas and D.Sc. Rosana Rodrigues.

The snap bean (*Phaseolus vulgaris* L.) is a vegetable crop of great economic and social importance, consumed and marketed in the form of immature pods. However, crop yield and stability are limited by genetic, environmental and phytosanitary factors, with emphasis on genotype x trait interaction (G x C) and the occurrence of fusarium wilt. The present study aimed to evaluate the agronomic performance of snap bean lines and the G x C interaction through univariate and multivariate analyses, using the GT *biplot* approach for the identification of materials with balanced phenotypic profiles, in addition to characterizing and identifying isolates associated with fusarium wilt in Campos dos Goytacazes, RJ. The agronomic experiments were conducted in 2023 and 2024, under a randomized block design, evaluating 29 lines. Phenological and morphological characteristics and yield components were measured, submitted to joint ANOVA and biplot GT analysis. The results showed significant genetic variability and G x E interaction for all variables. The L45, L41 and L35 lineages stood out, and L45 was identified as the ideotype of the study. The multivariate analysis confirmed positive associations between the yield components, validating the indirect selection. At the same time, the polyphasic characterization of the

isolates associated with Fusarium wilt involved macro and micromorphological analyses (BDA and SNA media) and phylogeny of Maximum Likelihood via concatenation of the markers TEF1, TUB2, RPB2 and ITS, identifying *Fusarium fabacearum*, *Neocosmospora falciformis* associated and a new isolate associated with the culture. After a preliminary trial, the colonized stick method was selected for the severity tests in a greenhouse (randomized blocks), evaluating the pathogenicity of the common bean 'BRS Estilo' and the L22 snap bean line (susceptible testers). Severity was assessed at 20 days (CIAT scale 1 to 9), epidemiological data were measured via AUDPC, and means were grouped by Scott-Knott test ( $p < 0.05$ ) in the R software. The study allowed the selection of superior genotypes and advances in the etiology of diseases of the root system of snap beans in the region, providing strategic subsidies for genetic improvement and phytosanitary management.

**Keywords:** *Phaseolus vulgaris* L.; GT BILOT; Phenotypic stability; *Fusarium fabacearum*; *Neocosmospora falciformis*.

## 1. INTRODUÇÃO

O feijão-vagem (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma olerícola de elevada importância econômica e social, amplamente cultivada em regiões tropicais, subtropicais e temperadas. Consumida na forma de vagens imaturas, apresenta elevado valor nutricional e ampla acessibilidade comercial (SINGH, 2001; FILGUEIRA, 2013). Esta cultura se diferencia do feijoeiro comum principalmente pelo uso comercial das vagens ainda em desenvolvimento, que devem apresentar pericarpo tenro e reduzido teor de fibras (VIEIRA et al., 2013).

De origem americana, a espécie *Phaseolus vulgaris* L. apresenta dois centros principais de domesticação, o Mesoamericano e o Andino, cuja evolução resultou na adaptação a distintos ambientes (GEPTS, 2006). Durante os processos de domesticação e melhoramento, o feijão-vagem foi selecionado por atributos agronômicos e comerciais específicos, como produtividade, uniformidade e qualidade de vagem, o que promoveu um estreitamento da base genética das linhagens cultivadas (SINGH, 2001). Essa variabilidade restrita nas cultivares comerciais impõe limitações ao desenvolvimento de materiais com características agronômicas superiores, tornando indispensável a avaliação de novos genótipos para a ampliação do germoplasma disponível nos programas de melhoramento (GEPTS, 2006; SANT'ANNA et al., 2020a).

Entre os principais objetivos do melhoramento genético do feijão-vagem, destacam-se o aumento da produtividade, a estabilidade fenotípica e a adaptação a diferentes condições ambientais, além da incorporação de resistência a

doenças (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). O desempenho dos genótipos é fortemente influenciado pela correlação entre múltiplos traços, o que representa o comportamento diferencial dos materiais genéticos em relação a diversas características agronômicas. Essa relação complexa pode dificultar a seleção de materiais superiores que reúnam simultaneamente alta produtividade e resistência a doenças. Por isso, torna-se necessária a utilização de metodologias como o GT *biplot*, que permite avaliar de forma integrada o perfil de cada genótipo para todas as características de interesse (YAN; KANG, 2002; YAN; RAJCAN, 2002).

No melhoramento genético de feijão-vagem e feijão comum, a abordagem GT *biplot* (*Genotype by Trait*) é uma ferramenta indispensável para a análise multivariada, permitindo a visualização clara das inter-relações entre características e a identificação de genótipos superiores (SANT'ANNA et al., 2020a; ABEBE et al., 2025a). Em estudos com feijão-vagem, a técnica demonstrou que a massa de sementes por planta é um traço crucial para a seleção indireta de produtividade de vagem e grãos (OLIVEIRA et al., 2018a). Além disso, o uso da análise multivariada como um todo auxilia na seleção de genótipos com características agronômicas desejáveis de forma mais eficiente (OLIVEIRA et al., 2018b). O GT *biplot* é também fundamental para a proteção de cultivares e testes de DHE (Distinguibilidade, Homogeneidade e Estabilidade), pois facilita a comparação de linhagens candidatas com testemunhas comerciais (SANT'ANNA et al., 2020b).

Além das limitações genéticas e agronômicas, as doenças fúngicas representam obstáculos severos à cultura, comprometendo a qualidade dos grãos e a viabilidade econômica do feijoeiro. Nesse cenário, programas de melhoramento como o da UENF buscam equilibrar o alto desempenho produtivo com a resistência múltipla a patógenos, com ênfase na murcha-de-fusário (*Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli* L.). Ao colonizar os vasos do xilema e obstruir o transporte de água e nutrientes, esse fungo provoca clorose, murcha progressiva e morte precoce das plantas, resultando em perdas drásticas de rendimento. (LEITÃO et al., 2020; PAULINO et al., 2020a; ABEBE et al., 2025a; SANT'ANNA et al., 2020b).

No entanto, a elevada variabilidade genética, morfológica e patogênica dos fusarioides dificulta tanto a identificação taxonômica quanto o manejo

eficiente da doença. Torna-se, portanto, indispensável uma caracterização integrada, baseada em critérios morfológicos, culturais e moleculares, para delimitar as espécies e compreender a diversidade de patógenos associados à cultura. Essa abordagem, aliada à avaliação da agressividade dos isolados, fornece subsídios fundamentais para a identificação de fontes robustas de resistência e para o sucesso das estratégias de melhoramento genético. (PAULINO et al., 2020a; LEITÃO et al., 2020).

Pela necessidade de aumentar a produtividade e a sanidade do feijão-vagem, a integração entre a avaliação agronômica de genótipos e a caracterização da diversidade patogênica é indispensável. Sob essa perspectiva, a identificação de linhagens com um perfil fenotípico equilibrado permite a seleção de materiais que apresentem desempenho consistente em múltiplas características de interesse simultaneamente (YAN; TINKER, 2006; CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Paralelamente, a determinação da variabilidade e da agressividade de isolados causadores da murcha-de-fusário é essencial para identificar fontes de resistência robustas e desenvolver estratégias de manejo eficazes. Assim, a convergência entre o perfilamento de traços agronômicos e o conhecimento detalhado do patógeno contribui diretamente para o avanço do melhoramento genético e para a sustentabilidade dos sistemas produtivos (PAULINO et al., 2020a; LEITÃO et al., 2020).

Nesse contexto, o presente estudo teve como objetivo avaliar o desempenho agronômico de linhagens de feijão-vagem e a interação genótipo × características por meio de análises univariadas e multivariadas, utilizando a abordagem GT *biplot* para a identificação de materiais com perfis fenotípicos equilibrados. Adicionalmente, buscou-se caracterizar e identificar isolados associados à murcha-de-fusário em Campos dos Goytacazes, RJ, visando à seleção de genótipos superiores e ao fornecimento de subsídios para o aprimoramento de estratégias de manejo e de programas de melhoramento genético da cultura.

## 2.OBJETIVOS

### 2.1. Objetivo geral

Avaliar o desempenho agronômico de linhagens de feijão-vagem e a interação genótipo × características, bem como identificar isolados fusarioides associados à murcha de fusário na região de Campos dos Goytacazes-RJ, visando a subsidiar a seleção de genótipos superiores e ao manejo da doença.

### 2.2 Objetivos específicos

Avaliar o desempenho agronômico de linhagens de feijão-vagem em dois anos agrícolas diferentes, visando a selecionar materiais com características agronômicas superiores.

Analisar a interação entre genótipos e características por meio da análise GT *biplot*.

Fazer a caracterização de isolados associados à murcha-de-fusário, integrando critérios morfológicos e moleculares, para a identificação e delimitação taxonômica dos isolados.

Avaliar a patogenicidade dos isolados associados à murcha-de-fusário e à severidade da doença.

### **3.CAPÍTULO**

#### **3.1 AVALIAÇÃO AGRONÔMICA E ANÁLISE *BI*PLOT DA INTERAÇÃO GENÓTIPO × CARACTERÍSTICAS EM LINHAGENS DE FEIJÃO-VAGEM NA REGIÃO DE CAMPOS DOS GOYTACAZES-RJ.**

##### **3.1.1 INTRODUÇÃO**

O feijão-vagem (*Phaseolus vulgaris* L.) representa um grupo hortícola de elevada importância socioeconômica para a agricultura brasileira, configurando-se como um componente estratégico para a diversificação da olericultura e o fortalecimento da agricultura familiar. Distinguindo-se do feijão comum pelo consumo das vagens imaturas com reduzido teor de fibras (SINGH, 2001; TEIXEIRA et al., 2004), a cultura exige cultivares que conciliem alta produtividade com os rigorosos atributos de qualidade exigidos pelo mercado. Todavia, a produção nacional ainda enfrenta o desafio de uma base genética comercial restrita (ZAUMEYER; MEINERS, 1975) e a escassez de séries estatísticas oficiais, o que dificulta o planejamento estratégico da cadeia produtiva em escala nacional.

A instabilidade de desempenho das cultivares perante variações edafoclimáticas é um dos principais obstáculos para o setor. Por serem características poligênicas, o rendimento e a qualidade das vagens são fortemente influenciados pela interação genótipo  $\times$  ambiente ( $G \times A$ ), o que pode tornar a recomendação de novos materiais incerta entre diferentes regiões ou safras (CRUZ et al., 2020). Nesse cenário, a Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) tem desempenhado papel pioneiro. Desde 2004, o programa de melhoramento de feijões especiais da instituição tem gerado avanços significativos, consolidando-se com o registo e proteção das cultivares 'UENF Goytacá' e 'UENF Norteflu' (SANT'ANNA et al., 2019). Estes materiais, selecionados por meio de metodologias robustas como modelos mistos (REML/BLUP) e índices de seleção, representam um marco na oferta de tecnologia adaptada para as regiões Norte e Noroeste Fluminense (GOMES et al., 2018; CRUZ et al., 2018).

Apesar do sucesso em produtividade, a continuidade dos ganhos genéticos depende da exploração de novas populações e da precisão nas seleções. Estudos recentes do grupo reforçam a importância de avaliar populações segregantes e linhagens avançadas para identificar fontes de variabilidade e prever o comportamento de genótipos superiores (ALBUQUERQUE et al., 2024). Para superar as limitações das análises convencionais na interpretação de múltiplos traços simultaneamente, o emprego de metodologias multivariadas modernas é indispensável.

A abordagem GT *biplot* (*Genotype by Trait*) destaca-se por permitir uma visualização holística da variância total, facilitando a identificação de genótipos que equilibrem produtividade, precocidade e componentes de rendimento ideais (YAN, 2002; ABEBE et al., 2025b). Diferentemente das abordagens que focam apenas na adaptação ambiental, o GT *biplot* possibilita a seleção baseada no perfil fenotípico, garantindo a obtenção de materiais que atendam simultaneamente a diversos critérios agronômicos e comerciais.

Diante da necessidade de expandir o conhecimento sobre a cultura e identificar materiais promissores para o Rio de Janeiro, este estudo adota uma perspectiva multivariada integrativa. Objetivou-se avaliar o desempenho agronômico e selecionar linhagens superiores por meio da abordagem GT *biplot*,

fundamentando a seleção em perfis fenotípicos equilibrados na região de Campos dos Goytacazes, RJ.

### 3.1.2 REVISÃO DE LITERATURA

#### 3.1.2.1 Origem, classificação botânica e características do feijão-vagem

O feijão-vagem compreende um grupo hortícola da espécie *Phaseolus vulgaris* L. (Fabaceae: Papilionoideae), sendo botânica e agronomicamente idêntico ao feijão comum. Sua distinção reside na seleção de tipos comerciais voltados ao consumo das vagens imaturas, caracterizadas por um pericarpo tenro com reduzido teor de fibras e pergaminho (SINGH, 2001; TEIXEIRA et al., 2004). Assim, o feijão-vagem não representa uma unidade taxonômica distinta, mas, sim, um ideótipo selecionado para alta qualidade culinária dentro da espécie *P. vulgaris*.

Geneticamente, a espécie é caracterizada como diploide ( $2n = 2x = 22$ ), apresentando cromossomos reduzidos em comparação com outras dicotiledôneas (VIEIRA et al., 2013). É fundamental distinguir o feijão-vagem do chamado feijão-metro, pois embora compartilhem o uso comercial das vagens, o feijão-metro pertence à espécie *Vigna unguiculata* subsp. *sesquipedalis*, apresentando características genéticas e botânicas distintas de *P. vulgaris*.

*Phaseolus vulgaris* L. é uma espécie de origem americana com dois centros principais de domesticação: o Mesoamericano e o Andino (GEPTS; DEBOUCK, 1991). Esses centros estabeleceram *pools* gênicos distintos que moldam a estrutura genética das variedades atuais (RENDÓN-ANAYA et al., 2017). O feijão-vagem moderno é fruto de seleções intensivas com base em materiais oriundos de ambos os grupos, o que confere à cultura uma base genética heterogênea e uma ampla adaptabilidade (TEIXEIRA et al., 2004).

A caracterização da diversidade genética em *Phaseolus vulgaris* L. fundamenta-se na integração de descritores morfoagronômicos, marcadores moleculares e no perfil proteico da faseolina, ferramenta clássica para a distinção entre os centros de domesticação Andino e Mesoamericano (GEPTS et al., 1986;

SINGH, 1991; CHECA; BLAIR, 2008). No caso do feijão-vagem, a constituição genética é frequentemente mista, refletindo processos de hibridização e seleção, derivados de ambos os *pools* gênicos. Contudo, o germoplasma comercial contemporâneo caracteriza-se por uma base genética estreita, decorrente do uso intensivo de um número restrito de linhagens-base (como 'Tendercrop', 'Blue Lake' e 'Harvest'). Esse estreitamento resulta em uma significativa concentração gênica e elevada vulnerabilidade biótica nos programas de melhoramento atuais, limitando a variabilidade necessária para o enfrentamento de patógenos de solo (ZAUMEYER; MEINERS, 1975; ASFAW et al., 2009).

Morfologicamente, o feijoeiro é classificado em hábito de crescimento determinado (Tipo I) ou indeterminado (Tipos II, III e IV). No segmento comercial do feijão-vagem, predominam genótipos arbustivos (Tipo I), que conferem maior uniformidade de colheita e adequação ao cultivo intensivo (CASTELLANE et al., 1988; FILGUEIRA, 2013). A espécie é predominantemente autógama devido ao mecanismo de cleistogamia, apresentando sistema radicular pivotante superficial e folhas trifolioladas.

O diferencial agrônômico do feijão-vagem reside no consumo das vagens imaturas, colhidas antes da maturação fisiológica (geralmente entre os estádios R7 e R8), quando apresentam mesocarpo suculento, ausência de pergaminho e reduzido teor de fibras (FERNANDEZ et al., 1986). Comercialmente, as cultivares são classificadas pelo hábito de crescimento (determinado ou indeterminado) e pelo formato das vagens, subdividindo-se nos tipos 'macarrão' (cilíndricas) ou 'manteiga' (achatadas), com colorações que variam entre o verde, amarelo e púrpura (VILHORDO et al., 1996; FILGUEIRA, 2013)

O feijão-vagem apresenta ampla adaptação climática, com temperatura ideal entre 18 e 30 °C. No entanto, a cultura é sensível a extremos térmicos: temperaturas acima de 35 °C comprometem a polinização e o pegamento de vagens, enquanto valores inferiores a 15 °C prejudicam a germinação e o vigor vegetativo (PEIXOTO et al., 2002; VIEIRA et al., 2013;).

Socioeconomicamente, a cultura é estratégica para o abastecimento de mercados locais e regionais, sendo um componente fundamental em sistemas de produção de pequena e média escala sob gestão da agricultura familiar, especialmente em cinturões periurbanos. Globalmente, a relevância do grupo é ratificada pela produção expressiva de *string beans*, categoria que consolida as

vagens comestíveis como uma das olerícolas mais difundidas em diferentes continentes (FAO, 2018).

No cenário brasileiro, a escassez de séries históricas oficiais e atualizadas específicas para o feijão-vagem dificulta a análise precisa da dinâmica de produção e área cultivada. Essa lacuna de informações estatísticas ratifica a importância de pesquisas em melhoramento genético e desempenho agrônomo. Tais estudos são essenciais para identificar genótipos com estabilidade e adaptabilidade superior, garantindo a produtividade e a qualidade comercial das vagens frente às oscilações ambientais das regiões produtoras.

### **3.1.2.2 Melhoramento do feijão-vagem**

O melhoramento genético do feijão-vagem tem como principais objetivos o aumento da produtividade, a melhoria da qualidade comercial das vagens e a adaptação dos genótipos a diferentes condições edafoclimáticas. Diferentemente do feijão comum destinado à produção de grãos, no feijão-vagem os critérios de seleção são voltados prioritariamente para características relacionadas à vagem, incluindo comprimento, formato, coloração, textura, ausência de fibras e uniformidade, além do rendimento e da estabilidade produtiva (FILGUEIRA, 2013; Oliveira et al., 2018b).

A obtenção de novas cultivares de feijão-vagem baseia-se na exploração da variabilidade genética via hibridação, seguida da condução de populações segregantes. O método de Pedigree (ou genealógico) é amplamente utilizado quando são desejados um controle rigoroso da ascendência e seleção precoce de caracteres de alta herdabilidade. Complementarmente, o método SSD (*Single Seed Descent*) tem sido estratégico para avançar gerações rapidamente, reduzindo o espaço físico e o tempo necessário para atingir a homozigose (VILELA et al., 2009; RAMALHO; ARAÚJO, 2011).

Recentemente, o uso de modelos mistos (REML/BLUP) revolucionou a seleção de progênies, permitindo prever ganhos genéticos com maior precisão ao isolar os efeitos ambientais (CRUZ et al., 2018). Estudos conduzidos na UENF demonstram que a exploração de populações  $F_2$  é fundamental para identificar precocemente o potencial de segregantes, permitindo o descarte de variáveis de menor importância e o foco em materiais que combinem genes de interesse

(ALBUQUERQUE et al., 2024). Além disso, a análise dialética tem sido utilizada para identificar a capacidade combinatória de genitores, auxiliando na escolha de cruzamentos que maximizem a variabilidade para produtividade e qualidade (GOMES et al., 2019).

Para além do rendimento, o melhoramento contemporâneo abrange objetivos complexos que visam à sustentabilidade da cadeia produtiva. Nesse contexto, temos qualidade fisiológica de sementes, em que a seleção de progênes com superioridade em germinação e vigor é essencial para garantir a emergência uniforme em campo, permitindo que a cultura rivalize com outras espécies tecnologicamente mais avançadas (OLIVEIRA et al., 2020).

Temos também a qualidade nutricional e bioativa, pois há um interesse crescente no aumento da concentração de aminoácidos essenciais, compostos fenólicos totais e atividade antioxidante, agregando valor funcional às vagens (FUKUJI et al., 2019). O uso de bioestimulantes também tem sido estudado para potencializar esses parâmetros de qualidade e valor nutricional (EL SHEIKHA et al., 2022).

Ademais temos a tolerância a estresses abióticos, pois o desenvolvimento de materiais tolerantes ao estresse térmico é prioritário para o cultivo em regiões tropicais e subtropicais, onde as altas temperaturas podem comprometer a fixação das flores e a qualidade das vagens (WASONGA et al., 2012; RICHMOND et al., 2024).

Também há uma crescente demanda por avanços na área de resistência a doenças, visto que a incorporação de resistência múltipla, como a ferrugem (*Uromyces appendiculatus*) e, crucialmente, a murcha-de-fusário (*Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli* L.), é indispensável em razão da estreita base genética das cultivares comerciais atuais (PAULINO et al., 2020; WASONGA et al., 2012).

A integração de ferramentas modernas tem permitido caracterizar a diversidade genética com precisão. O uso de marcadores moleculares (SSR e SNPs) auxilia na identificação da estrutura populacional e no rastreamento de centros de domesticação, facilitando a introdução de novos alelos em programas de melhoramento (WALLACE et al., 2018; HAO et al., 2023).

Para consolidar essas informações, a abordagem GT *biplot* destaca-se como uma ferramenta superior para a seleção simultânea de múltiplos caracteres. Esta metodologia permite identificar genótipos estáveis que reúnam as

características agronômicas, nutricionais e de resistência exigidas, superando as limitações das seleções baseadas em caracteres isolados (SANT'ANNA et al., 2020; ABEBE et al., 2025).

Em suma, o melhoramento do feijão-vagem no Brasil caminha para uma abordagem integrativa, unindo a fenotipagem precisa em campo, a robustez estatística dos modelos mistos e a análise multivariada para entregar à agricultura nacional cultivares competitivas e sustentáveis (OLIVEIRA et al., 2018; ALBUQUERQUE et al., 2024).

#### **3.1.2.4 Análise Multivariada**

A seleção de genótipos superiores em programas de melhoramento de feijão-vagem é uma tarefa complexa, uma vez que o fenótipo ideal não é determinado por um único atributo, mas pela combinação harmônica de múltiplos caracteres agronômicos, comerciais e fitossanitários. Nesse contexto, temos a análise multivariada, definida como o conjunto de métodos estatísticos que permitem o estudo simultâneo de múltiplas variáveis. Sua aplicação é essencial em experimentos fitotécnicos que avaliam diversos caracteres, possibilitando a interpretação das correlações genéticas e facilitando a compreensão de fenômenos biológicos complexos que seriam de difícil visualização em análises univariadas isoladas (HONGYU, 2015; OLIVEIRA et al., 2018).

Entre as técnicas disponíveis, a Análise de Componentes Principais (ACP) destaca-se por utilizar transformações lineares para converter variáveis originais correlacionadas em um novo sistema de eixos independentes e ortogonais. Esses novos componentes são dispostos em ordem decrescente de variância, visando a reter a máxima informação do conjunto de dados em uma dimensão reduzida. Isso permite a exclusão de variáveis redundantes e o foco naquelas que efetivamente explicam a variabilidade do germoplasma (BARSHAN et al., 2011; PRIETO-MORENO et al., 2015; HONGYU, 2015).

A associação da ACP à análise gráfica facilita a detecção de interações complexas, permitindo interpretações mais robustas sobre o ideótipo. Nesse contexto, a metodologia GT *biplot* (*Genotype by Trait*) consolida-se como uma evolução estratégica do modelo GGE *biplot* original. Embora o modelo GGE tenha sido proposto prioritariamente para a interação genótipo × ambiente (YAN et al.,

2000), a lógica matemática "entrada × testador" permite que a técnica seja aplicada para decompor a interação genótipo × características (G×C) (YAN, 2001; YAN; RAJCAN, 2002).

Em suma, a ACP e a abordagem GT *biplot* são ferramentas eficazes para a seleção criteriosa de genótipos. Elas permitem o estudo simultâneo das correlações e a visualização dinâmica da interação G×C, permitindo identificar materiais com perfis fenotípicos equilibrados, ou seja, que reúnem produtividade e resistência a patógenos como o *Fusarium*, otimizando a tomada de decisão no melhoramento genético (SANT'ANNA et al., 2020; ALBUQUERQUE et al., 2024).

### 3.1.2.5 Interação genótipo x características e a abordagem GT *biplot*

A existência da interação Genótipo × Características (GxC) fundamenta-se nas correlações genéticas entre os caracteres, sendo sua análise essencial para compreender como diferentes materiais genéticos se comportam simultaneamente frente a múltiplas variáveis de interesse (YAN; KANG, 2002). No feijão-vagem, é comum observar que o incremento em caracteres de rendimento pode estar correlacionado negativamente a atributos de qualidade, como precocidade ou teor de fibras (SANT'ANNA et al., 2020). Compreender essas inter-relações é crucial para evitar que a seleção de um caráter promova efeitos indesejáveis em outro, fenômeno recorrente em programas com base genética estreita (SINGH, 2001).

Estudos conduzidos na UENF reforçam que a avaliação isolada de caracteres pode levar a conclusões imprecisas sobre o valor genético real de uma linhagem. Nesse sentido, a utilização de modelos mistos (REML/BLUP) tem sido uma aliada importante para estimar parâmetros genéticos e prever ganhos com seleção, considerando a influência dessas correlações (GOMES et al., 2018; CRUZ et al., 2018). Contudo, para uma interpretação holística desses dados complexos, a associação de modelos estatísticos a técnicas multivariadas robustas torna-se indispensável.

A análise *biplot*, fundamentada nos estudos de Gabriel (1971), permite a investigação simultânea das inter-relações entre genótipos e variáveis por meio da representação gráfica de uma matriz de dados em um plano bidimensional (GODOI et al., 2012). Embora o modelo bilinear GGE (*Genotype plus Genotype-*

*by-Environment*) tenha sido concebido originalmente para avaliar a estabilidade fenotípica frente a variações ambientais (YAN et al., 2000), sua versatilidade permite a aplicação em quaisquer conjuntos de dados bidirecionais do tipo entrada × testador (YAN, 2001). Nessa perspectiva, a abordagem GT *biplot* (*Genotype by Trait*) surge como uma extensão estratégica do método GGE, consolidando-se como uma ferramenta de alta precisão para a seleção de materiais superiores (YAN; RAJCAN, 2002).

O diferencial do GT *biplot* reside em sua capacidade de integrar múltiplas variáveis em uma análise única, permitindo a identificação de genótipos com perfis fenotípicos equilibrados (MAIA et al., 2016). A interpretação biológica das correlações é um dos pontos fortes desta ferramenta, tendo em vista que, ao projetar genótipos e variáveis no mesmo gráfico, utiliza a relação angular entre vetores para determinar a natureza das associações. Ângulos agudos ( $< 90^\circ$ ) indicam correlação positiva, ângulos retos ( $90^\circ$ ) sugerem independência e ângulos obtusos ( $> 90^\circ$ ) revelam correlações negativas (YAN; FRÉGEAU-REID, 2008; OLIVEIRA et al., 2018). Essa funcionalidade otimiza o processo seletivo ao detectar características redundantes e identificar variáveis ideais para a seleção indireta de traços de difícil aferição (BADU-APRAKU; AKINWALE, 2011).

Recentemente, a eficiência do GT *biplot* tem sido reafirmada em estudos de alto impacto no feijão-vagem. A metodologia tem sido aplicada para identificar linhagens que conciliam produtividade com qualidade fisiológica de sementes (OLIVEIRA et al., 2020) e valor nutricional, abrangendo teores de aminoácidos e antioxidantes (FUKUJI et al., 2019). Pesquisas atuais também utilizam o GT *biplot* para selecionar materiais que mantenham o desempenho agrônômico sob estresses abióticos e ataques de patógenos, como a murcha-de-fusário (ALBUQUERQUE et al., 2024), além de validar a eficiência de bioestimulantes na melhoria da qualidade comercial da cultura (EL SHEIKHA et al., 2022).

Em suma, o GT *biplot* permanece na vanguarda do melhoramento vegetal para a identificação de "perfis ideais" de cultivares (ABEBE et al., 2025; RICHMOND et al., 2024). A integração desta técnica com modelos estatísticos avançados permite tomadas de decisão mais assertivas, garantindo o desenvolvimento de genótipos que atendam simultaneamente às demandas de produtores e consumidores.

### 3.1.3. MATERIAL E MÉTODOS

#### 3.1.3.1 Material genético e condução do experimento

Para a condução do trabalho, os 29 genótipos de feijão-vagem (constituídos por 19 linhagens e 10 cultivares comerciais) foram instalados na área experimental da Empresa de Pesquisa Agropecuária do Estado do Rio de Janeiro (PESAGRO), em Campos dos Goytacazes, RJ, para a multiplicação das sementes e caracterização morfológica (Figura 1).

Essa etapa experimental foi viabilizada pela estruturação prévia do banco de germoplasma do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF). Inicialmente, o banco contava com 17 acessos, aos quais foram introduzidas 12 cultivares comerciais, totalizando os 29 genótipos avaliados (Tabela 2). Essa introdução estratégica visou incrementar o número de acessos existentes e ampliar a variabilidade genética do atual banco de sementes de feijões especiais da instituição.



**Figura 1.** Área experimental da Empresa de Pesquisa Agropecuária do Estado do Rio de Janeiro (PESAGRO) em Campos dos Goytacazes, nos anos de 2023 e 2024.

**Tabela 1.** Relação de genótipos de feijão-vagem pertencentes à coleção de sementes de feijões especiais da UENF que foram utilizados nos experimentos de campo em Campos dos Goytacazes-RJ nos anos de 2023 e 2024.

<b>Genótipo</b>	<b>Classe</b>	<b>Identificação</b>	<b>Hábito</b>
L01	Linhagem	L01	Indeterminado
L04	Linhagem	L04	Indeterminado
L06	Linhagem	L06	Indeterminado
L07	Linhagem	L07	Indeterminado
L08	Linhagem	L08	Indeterminado
L09	Linhagem	L09	Determinado
L10	Linhagem	L10	Indeterminado
L11	Linhagem	L11	Indeterminado
L12	Linhagem	L12	Indeterminado
L13	Linhagem	L13	Indeterminado
L18	Linhagem	L18	Indeterminado
L21	Linhagem	L21	Indeterminado
L22	Linhagem	L22	Determinado
L23	Linhagem	L23	Indeterminado
L27	Linhagem	L27	Indeterminado
L28	Linhagem	L28	Indeterminado
L31	Linhagem	L31	Indeterminado
L32	Cultivar	Xaxá	Indeterminado
L33	Cultivar	Xirú	Indeterminado
L34	Cultivar	Blueline	Indeterminado
L35	Cultivar	Brasília-Hortitec®	Indeterminado
L36	Cultivar	FELTRIN - Macarrão Trepador	Indeterminado
L37	Cultivar	FELTRIN - Macarrão Rasteiro	Determinado
L38	Cultivar I	ISLA - Favorito Trepador	Indeterminado
L41	Cultivar	ISLA CHAPECÓ - TREPADOR	Indeterminado
L42	Cultivar I	ISLA MANTEIGA BAIXO	Determinado
L43	Linhagem	Produtor-BLUMENAU/SC	Indeterminado
L44	Cultivar	TOPSEED	Determinado
L45	Linhagem	Carangola Crioulo Fz. Brauna	Indeterminado

O delineamento experimental utilizado foi de blocos ao acaso com repetições biológicas (3 blocos), utilizando o espaçamento de 1 metro entre linhas e 0,5 metro entre plantas, conforme o modelo:

$$Y_{ij} = \mu + G_i + B_j + e_{ij},$$

Em que:

$Y_{ij}$ : Valor observado referente à variável Y, que recebeu o tratamento i (i= 1,2, ...,

l) no bloco j (j= 1, 2, ..., J);

$\mu$ : Média geral;

$G_i$ : Efeito fixo do tratamento i;

$B_j$ : Efeito aleatório do bloco j; e

$e_{ij}$ : efeito do erro experimental referente à observação  $Y_{ij}$ .

A parcela experimental foi constituída por 4 metros lineares. Foi feita adubação em sulco de semeadura à base de N-P-K, na formulação 4-14-8, numa proporção de 120 kg por hectare. A irrigação utilizada foi do tipo aspersão com turnos de rega em dias alternados e de acordo com a necessidade hídrica da cultura e a capina foi manual. O tutoramento foi feito utilizando arame liso e barbante assim que as plantas emitiam os ramos. A colheita ocorreu assim que as vagens atingiram o padrão comercial.

### **3.1.3.2 Características avaliadas**

Com base nas instruções para execução dos ensaios de Distinguíbilidade, Homogeneidade e Estabilidade (DHE) de cultivares de feijão, publicadas pelo Ministério da Agricultura e Pecuária (BRASIL, 2015), foram avaliadas as seguintes variáveis:

- Número de dias para a emergência (NDE): obtido pelo intervalo de dias entre a semeadura e a emergência das plântulas;
- Número de dias para o florescimento (NDF): determinado pela contagem de dias da emergência até a antese da primeira flor;
- Número de sementes por vagem (NSV): obtido pela contagem direta de sementes em amostras representativas;
- Peso de sementes por vagem (PSV): determinado a partir de uma amostragem de 10 vagens colhidas aleatoriamente por parcela. O valor foi obtido pela pesagem das sementes limpas da amostra, dividindo o peso total pelo número de vagens amostradas, com resultados expressos em gramas (g);
- Peso de cem sementes (P100S): obtido pela pesagem de 100 sementes colhidas aleatoriamente, utilizando balança de precisão;

- Peso total de sementes (PTS): quantificação da massa total de grãos por planta (g) após a debulha das vagens;
- Peso total de vagens (PTV): mensuração da massa total de vagens por parcela, expressa em gramas (g);
- Comprimento de vagem (COMPV): medida longitudinal das vagens, expressa em centímetros (cm); e
- Diâmetro de vagem (DMV): mensuração da espessura transversal da vagem, expressa em milímetros (mm).

### 3.1.3.3 Análises estatísticas

Os dados gerados foram submetidos à análise de variância e as médias dos tratamentos comparadas pelo teste Scott-Knott ao nível de 5% de probabilidade e feita correlação entre as variáveis.

A análise de componentes principais (CP) foi utilizada para estudar os dados coletados. Foram apresentados os autovalores de todos os componentes principais. Os autovetores foram usados para melhor diferenciar os genótipos para os componentes de produção avaliados. Os dois primeiros CPs (CP1 e CP2) apresentaram as maiores variabilidades nos parâmetros testados e foram utilizados para o agrupamento de genótipos.

O *biplot* foi gerado com base nos valores dos genótipos, baseando em seus valores, utilizando o CP1 no eixo horizontal e o CP2 no eixo vertical.

As análises de variância e as análises aplicadas ao componente principal e ao *biplot* foram realizadas no *software* R, com auxílio dos pacotes “ExpDes.pt” e “Metan”.

### 3.1.4. RESULTADOS

As análises de variância individuais, conduzidas para os anos agrícolas de 2023 e 2024, revelaram efeito significativo ( $p \leq 0,05$ ) do fator genótipo para todas as características avaliadas. Tais resultados confirmam a existência de expressiva variabilidade genética entre as linhagens de feijão-vagem, o que é

fundamental para o sucesso de programas de melhoramento. A detecção dessa divergência fenotípica evidencia que os genótipos apresentam comportamentos distintos para os caracteres analisados, o que viabiliza a identificação e a seleção de materiais superiores com potencial para o lançamento de novas cultivares.

**Tabela 2.** Resumo da análise de variância individual de 29 linhagens de feijão-vagem para as características número de dias para a emergência (NDE) (dias), florescimento (FLO) (dias), número de sementes por vagem (NSV) (unidades), peso de sementes por vagem (PSV) (g), peso de cem sementes (P100S) (g), peso total de sementes (PTS) (g), peso total de vagens (PTV) (g), comprimento de vagens (COMPV) (cm) e diâmetro de vagens (DMV) (mm), avaliadas em 2023.

FV	GL	Quadrados médios								
		NDE	FLO	NSV	PSV	P100S	PTS	PTV	COMPV	DMV
Linhagens	28	1,01*	10,9*	2,25*	23,8*	53,8*	35,9*	84,3*	30,7*	0,05*
Bloco	2	0,07	0,07	1,71	5,3	9,8	58,1	72,01	1,9	0,003
Resíduos	62	0,2	0,15	0,43	1,9	6,8	9,6	32,9	0,7	0,002
Total	92									
CV (%)		9,4	1,1	8,8	13,4	8,9	37,5	45,2	5,5	9,2
<b>Média Geral</b>		<b>4,79</b>	<b>35,9</b>	<b>7,49</b>	<b>10,29</b>	<b>29,16</b>	<b>8,26</b>	<b>12,7</b>	<b>15,05</b>	<b>0,52</b>

\*, significativo a 5% de probabilidade pelo teste F.

Os coeficientes de variação (CV%) referentes ao ano de 2023 (Tabela 2) apresentaram magnitudes de baixa a moderada para a maioria das características, variando de 1,09% (FLO) a 9,38% (NDE). Estes valores evidenciam uma precisão experimental adequada e alta confiabilidade dos dados obtidos. Em contrapartida, foram observadas magnitudes mais elevadas para peso total de sementes (37,5%) e peso total de vagens (45,18%). Tais valores são frequentes em caracteres de rendimento, que têm natureza poligênica e elevada sensibilidade às oscilações ambientais. Contudo, a detecção de efeito significativo para o fator linhagens em todas as variáveis atesta que a variabilidade genética supera o erro experimental, ratificando a precisão e a robustez do ensaio.

A análise de variância individual para o ano agrícola de 2024 também indicou efeito significativo ( $p \leq 0,05$ ) para o fator linhagens em todas as variáveis mensuradas (Tabela 3). Tal significância abrangeu desde caracteres fenológicos (NDE e FLO) e componentes de rendimento (NSV, PSV, P100S e PTS) até atributos comerciais das vagens (PTV, COMPV e DMV). Estes achados confirmam a persistência da variabilidade genética entre os genótipos no segundo ano de avaliação, condição essencial para a seleção assistida de materiais superiores e para a segurança nas predições de ganho genético.

**Tabela 3** Resumo da análise de variância individual de 29 linhagens de feijão-vagem para as características número de dias para a emergência (NDE) (dias), florescimento (FLO) (dias), número de sementes por vagem (NSV) (unidades), peso de sementes por vagem (PSV) (g), peso de cem sementes (P100S) (g), peso total de sementes (PTS) (g), peso total de vagens (PTV) (g), comprimento de vagens (COMPV) (cm) e diâmetro de vagens (DMV) (mm), avaliadas em 2024.

FV	GL	Quadrados médios								
		NDE	FLO	NSV	PSV	P100S	PTS	PTV	COMPV	DMV
Linhagens	28	2.0*	17.5*	1.4*	14.1*	57.6*	30781*	6404*	16.5*	3.1*
Bloco	2	0.2	12.8	1.3	8.38	3.7	9896	319	3.8	0.3
Resíduos	56	0.4	6.3	0.5	1.64	5.9	12630	21110	3.8	0.5
Total	86									
CV (%)		13.8	6.8	9.7	15.8	10.09	55.14	42.02	12.8	7.9
<b>Média Geral</b>		<b>4,5</b>	<b>37</b>	<b>7,4</b>	<b>8,09</b>	<b>24,19</b>	<b>203,8</b>	<b>345,8</b>	<b>15,2</b>	<b>8,5</b>

\*, significativo a 5% de probabilidade pelo teste F.

A exemplo do observado na safra anterior, o efeito de blocos em 2024 não apresentou significância para as variáveis analisadas, o que ratifica a homogeneidade ambiental da área experimental e o rigor na condução do ensaio. Quanto à precisão das estimativas, os coeficientes de variação (CV%) situaram-se em patamares adequados para a maioria dos caracteres, com amplitudes entre 6,8% (FLO) e 12,86% (COMPV). As maiores magnitudes de CV% foram registradas para peso total de sementes (55,14%) e peso total de vagens (42,02%). Essa oscilação é inerente a caracteres de rendimento total, em razão

da sua natureza poligênica e da sua acentuada sensibilidade às variações do ambiente. Todavia, a manutenção da significância para o efeito de linhagens em todas as variáveis confirma que o ensaio foi eficiente em discriminar o potencial genético dos genótipos, conferindo alta confiabilidade aos resultados obtidos.

O grupamento de médias pelo teste de Scott-Knott ( $p < 0,05$ ) para o ano de 2023 (Tabela 4) evidenciou a formação de diferentes grupos entre as 29 linhagens para todas as variáveis. Essa distinção fenotípica reflete a variabilidade genética previamente detectada na análise de variância, permitindo a identificação de materiais com desempenhos contrastantes para caracteres de ciclo, rendimento e morfologia de vagem.

Para as características fenológicas, o número de dias até a emergência (NDE) variou de 3,00 a 6,00 dias. O florescimento (FLO) ocorreu entre 32,33 e 40,00 dias; a linhagem L42 destacou-se pela precocidade, enquanto L6, L7 e L45 compuseram o grupo das mais tardias, com médias de 40 dias para a antese (Tabela 4).

Em relação aos componentes de rendimento, o número de sementes por vagem (NSV) foi superior em linhagens como L10, L4 e L45. Para peso de sementes por vagem (PSV), as linhagens L41 e L45 apresentaram as maiores médias (14,70 e 16,27 g, respectivamente), consolidando-se no grupo estatístico "a". O peso de 100 sementes (P100S) oscilou entre 19,50 e 39,17 g, com superioridade estatística para L13, L41, L42 e L45. No que tange à produtividade total de sementes (PTS), os desempenhos mais expressivos foram registrados para L12, L13, L34 e L45, enquanto a linhagem L6 se situou nos patamares inferiores de produção.

Quanto aos atributos comerciais, a produtividade total de vagens (PTV) foi significativamente superior em um grupo de linhagens que incluem L12, L34, L18 e L21. Para comprimento de vagem (COMPV), as linhagens L10 e L45 sobressaíram-se com médias superiores a 20 cm, valor que atende plenamente às exigências do mercado consumidor para o tipo trepador, em contraste com a linhagem L9, que apresentou o menor comprimento do ensaio (5,40 cm)

**Tabela 4.** Agrupamento de médias das características número de dias para emergência (NDE), florescimento (FLO), número de sementes por vagem (NSV), peso de sementes por vagem (PSV), peso de 100 sementes (g) (P100S), peso total de sementes ( $\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$ ) (PTS), peso total de vagem ( $\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$ ) (PTV), Comprimento da vagem (cm) (COMPV), Diâmetro médio da vagem (cm) (DMV) de 32 linhagens de feijão-vagem, avaliadas em Campos dos Goytacazes, 2023.

Linhasgens	NDE	FLO	NSV	PSV	P100S	PTS	PTV	COMPV	DMV
L1	5.33 a	35.00 d	7.87 a	12.51 b	27.50 c	170.67 b	311.99 b	16.71 c	0.42 e
L4	5.33 a	35.00 d	8.73 a	11.82 b	32.00 b	287.17 b	397.60 a	17.16 c	0.58 c
L6	5.67 a	40.00 a	7.90 a	10.59 b	27.75 c	73.00 b	143.17 b	15.10 d	0.50 d
L7	5.00 a	40.00 a	8.00 a	12.08 b	26.33 c	256.33 b	475.21 a	16.73 c	0.50 d
L8	5.33 a	37.67 b	8.17 a	10.16 b	25.74 c	281.20 b	162.67 b	17.48 c	0.61 c
L9	5.00 a	38.00 b	6.40 b	6.07 d	27.50 c	187.00 b	371.00 b	5.40 h	0.34 e
L10	5.00 a	35.00 d	9.20 a	13.12 b	30.50 b	198.27 b	315.67 b	20.40 a	0.55 d
L11	4.33 b	35.00 d	8.20 a	11.89 b	31.75 b	184.27 b	285.94 b	17.05 c	0.46 d
L12	4.67 a	35.00 d	6.67 b	9.08 c	32.75 b	565.27 a	646.64 a	13.56 e	0.49 d
L13	5.00 a	35.00 d	8.07 a	13.17 b	39.17 a	443.17 a	537.90 a	18.20 c	0.48 d
L18	4.00 b	35.00 d	7.93 a	11.73 b	29.83 b	255.00 b	531.52 a	16.93 c	0.36 e
L21	4.00 b	35.00 d	7.60 a	10.94 b	32.00 b	350.00 a	512.12 a	15.47 d	0.46 d
L22	5.00 a	35.00 d	7.60 a	8.08 c	26.75 c	220.24 b	227.00 b	11.90 f	0.41 e
L23	5.33 a	37.00 c	8.20 a	8.86 c	26.83 c	346.17 a	416.21 a	15.53 d	0.38 e
L27	5.00 a	35.00 d	8.00 a	10.92 b	31.50 b	287.67 b	418.73 a	17.00 c	0.39 e
L28	4.67 a	35.00 d	7.93 a	8.57 c	27.67 c	333.33 a	389.12 a	12.98 f	0.47 d
L31	3.00 c	35.00 d	7.60 a	8.20 c	23.91 d	151.30 b	237.50 b	14.22 e	0.75 b
L32	4.67 a	33.00 e	7.13 b	8.22 c	21.67 d	248.33 b	470.19 a	14.38 e	0.62 c
L33	4.67 a	35.00 d	6.87 b	11.84 b	31.50 b	285.50 b	557.15 a	15.84 d	0.67 c
L34	4.33 b	35.00 d	7.53 a	13.31 b	30.83 b	444.17 a	931.01 a	16.07 d	0.80 a
L35	4.33 b	35.00 d	7.60 a	12.07 b	27.50 c	268.17 b	431.26 a	16.36 d	0.70 b
L36	4.33 b	35.00 d	7.60 a	12.28 b	29.67 b	318.33 a	550.35 a	15.56 d	0.64 c
L37	5.00 a	35.00 d	7.60 a	7.05 d	19.50 d	145.60 b	205.76 b	14.75 e	0.47 d
L38	4.33 b	37.00 c	7.60 a	12.49 b	28.83 c	185.17 b	335.64 b	16.56 c	0.68 c
L41	5.00 a	34.33 d	8.33 a	14.70 a	34.00 a	189.50 b	372.58 b	19.00 b	0.71 b
L42	5.00 a	32.33 f	6.00 c	7.64 c	34.83 a	159.50 b	220.74 b	14.13 e	0.54 d
L43	5.00 a	35.00 d	6.93 b	11.62 b	29.67 b	267.17 b	488.78 a	15.04 d	0.62 c
L44	5.33 a	33.00 e	6.40 b	6.67 d	21.67 d	179.17 b	406.04 a	12.89 f	0.55 d
L45	5.00 a	40.00 a	8.27 a	16.27 a	37.17 a	398.33 a	405.10 a	20.33 a	0.48 d

Médias seguidas da mesma letra, dentro de cada tratamento, não diferem entre si pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade.

Para as características fenológicas, o número de dias até a emergência (NDE) variou de 3,00 a 6,00 dias. O florescimento (FLO) ocorreu entre 32,33 e

40,00 dias; a linhagem L42 destacou-se pela precocidade, enquanto L6, L7 e L45 compuseram o grupo das mais tardias, com médias de 40 dias para a antese.

Em relação aos componentes de rendimento, o número de sementes por vagem (NSV) foi superior em linhagens como L10, L4 e L45. Para peso de sementes por vagem (PSV), as linhagens L41 e L45 apresentaram as maiores médias (14,70 e 16,27 g, respectivamente), consolidando-se no grupo estatístico "a". O peso de 100 sementes (P100S) oscilou entre 19,50 e 39,17 g, com superioridade estatística para L13, L41, L42 e L45. No que tange à produtividade total de sementes (PTS), os desempenhos mais expressivos foram registrados para L12, L13, L34 e L45, enquanto a linhagem L6 se situou nos patamares inferiores de produção.

Quanto aos atributos comerciais, a produtividade total de vagens (PTV) foi significativamente superior em um grupo de linhagens que incluem L12, L34, L18 e L21. Para comprimento de vagem (COMPV), as linhagens L10 e L45 sobressaíram-se com médias superiores a 20 cm, valor que atende plenamente às exigências do mercado consumidor para o tipo trepador, em contraste com a linhagem L9, que apresentou o menor comprimento do ensaio (5,40 cm)

No que se refere ao diâmetro médio de vagens (DMV), a linhagem L34 isolou-se no grupo de desempenho superior com a maior média registrada (0,80 cm), enquanto a linhagem L9 obteve o menor valor (0,34 cm). De modo geral, o conjunto de dados de 2023 revela que as linhagens L45, L41, L13 e L34 se sobressaíram por reunir atributos favoráveis na maioria das variáveis produtivas e morfológicas. Este desempenho consistente indica que tais materiais têm elevado potencial agrônomo e perfis fenotípicos equilibrados, constituindo-se como genótipos promissores para a seleção e avanço no programa de melhoramento genético.

O agrupamento de médias pelo teste de Scott-Knott ( $p < 0,05$ ) para o ano agrícola de 2024 (Tabela 5) confirmou a persistência da variabilidade genética entre as 29 linhagens, com a formação de grupos distintos para todas as variáveis. No que tange à fenologia, a emergência (NDE) ocorreu entre 3,00 e 6,00 dias, enquanto o florescimento (FLO) médio variou de 32,00 a 41,00 dias, com destaque para a precocidade das linhagens L41 e L44.

No que tange aos componentes de rendimento, o número de sementes por vagem (NSV) foi superior nas linhagens L7, L21, L35 e L45, enquanto as

menores médias ocorreram em L37 e L42. Para peso de sementes por vagem (PSV), os materiais L35, L41 e L45 integraram o grupo estatístico superior. O peso de 100 sementes (P100S) apresentou variação de 15,54 a 38,34 g, com a linhagem L45 isolando-se com a maior média, em contraste com L37 e L32, que registraram os menores pesos.

**Tabela 5.** Agrupamento de médias das características número de dias para emergência (NDE), florescimento (FLO), número de sementes por vagem (NSV), peso de sementes por vagem (PSV), peso de 100 sementes (g) (P100S), peso total de sementes ( $\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$ ) (PTS), peso total de vagem ( $\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$ ) (PTV), Comprimento da vagem (cm) (COMPV), Diâmetro médio da vagem (cm) (DMV) de 29 linhagens de feijão-vagem, avaliadas em Campos dos Goytacazes, 2024.

Linhagens	NDE	FLO	NSV	PSV	P100S	PTS	PTV	COMPV	MDV
L1	5,33 a	40,00 a	7,60 a	7,73 c	26,00 b	230,04 a	344,17 b	14,52 c	7,95 c
L4	6,00 a	37,00 a	7,30 b	5,50 d	22,52 c	190,88 b	335,00 b	12,88 c	9,10 b
L6	5,00 a	36,67 a	8,27 a	9,37 b	22,22 c	333,86 a	500,67 a	16,42 c	8,21 c
L7	5,33 a	36,00 b	8,53 a	6,80 d	19,12 d	251,02 a	409,50 a	14,15 c	7,81 c
L8	5,00 a	39,00 a	7,13 b	6,70 d	22,97 c	130,40 b	213,00 b	14,85 c	7,43 c
L9	5,33 a	38,00 a	6,73 b	8,30 c	25,92 b	71,87 b	187,00 b	14,23 c	9,01 b
L10	4,67 a	35,67 b	7,27 b	8,27 c	21,74 c	299,11 a	447,17 a	13,32 c	7,78 c
L11	4,00 b	36,00 b	7,80 a	6,57 d	23,65 c	267,98 a	422,17 a	13,64 c	7,70 c
L12	5,00 a	34,00 b	7,40 a	6,90 d	22,49 c	126,46 b	230,67 b	14,04 c	8,20 c
L13	6,00 a	39,00 a	7,40 a	6,57 d	23,14 c	155,78 b	317,00 b	13,79 c	7,73 c
L18	5,00 a	38,00 a	6,80 b	6,73 d	21,56 c	84,81 b	152,50 b	15,44 c	7,91 c
L21	5,67 a	41,00 a	8,40 a	9,27 b	27,41 b	381,70 a	665,83 a	15,67 c	8,48 c
L22	5,00 a	39,00 a	7,47 a	6,87 d	29,23 b	236,05 a	347,00 b	14,61 c	8,05 c
L23	5,00 a	40,00 a	7,50 a	8,40 c	27,41 b	300,95 a	485,17 a	15,65 c	7,95 c
L27	4,67 a	34,00 b	6,80 b	6,63 d	23,16 c	169,07 b	278,67 b	13,25 c	7,93 c
L28	5,00 a	34,67 b	6,70 b	8,43 c	22,87 c	73,24 b	299,00 b	15,62 c	8,98 b
L31	3,33 b	35,67 b	7,60 a	8,20 c	23,91 c	151,28 b	237,50 b	14,22 c	7,62 c
L32	4,00 b	38,00 a	8,00 a	6,23 d	16,91 d	81,24 b	208,27 b	13,60 c	7,86 c
L33	4,33 b	39,00 a	7,93 a	9,30 b	24,08 c	212,18 a	350,67 b	15,57 c	9,42 b
L34	4,33 b	38,00 a	6,73 b	10,17 b	25,30 b	232,37 a	454,83 a	15,27 c	9,85 b
L35	3,00 b	35,33 b	8,40 a	13,07 a	24,38 c	315,37 a	557,00 a	21,02 b	11,62 a
L36	3,33 b	36,67 a	7,73 a	10,03 b	21,86 c	207,72 a	378,00 a	15,87 c	10,25 b
L37	3,67 b	34,00 b	6,07 b	3,77 d	15,54 d	64,27 b	120,33 b	12,94 c	6,91 c
L38	3,67 b	38,00 a	6,73 b	8,33 c	25,77 b	457,39 a	461,33 a	15,36 c	8,76 c
L41	3,33 b	32,00 b	7,53 a	11,37 a	30,43 b	135,72 b	197,17 b	18,39 b	9,95 b
L42	4,00 b	37,00 a	6,00 b	6,57 d	27,29 b	103,83 b	163,77 b	14,08 c	8,40 c
L43	3,67 b	38,00 a	7,27 b	9,30 b	27,81 b	279,30 a	442,17 a	15,91 c	9,67 b
L44	4,67 a	32,00 b	7,00 b	5,77 d	18,52 d	104,66 b	182,17 b	13,71 c	8,65 c
L45	4,67 a	41,00 a	8,67 a	13,53 a	38,34 a	262,17 a	640,67 a	23,76 a	8,31 c

Médias seguidas da mesma letra, dentro de cada tratamento, não diferem entre si pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade.

No que tange aos componentes de rendimento, o número de sementes por vagem (NSV) foi superior nas linhagens L7, L21, L35 e L45, enquanto as menores médias ocorreram em L37 e L42. Para peso de sementes por vagem (PSV), os materiais L35, L41 e L45 integraram o grupo estatístico superior. O peso de 100 sementes (P100S) apresentou variação de 15,54 a 38,34 g, com a linhagem L45 isolando-se com a maior média, em contraste com L37 e L32, que registraram os menores pesos.

Quanto aos índices de produtividade, as maiores médias de produção total de sementes (PTS) foram verificadas nas linhagens L21, L38, L6 e L35. Padrão semelhante foi observado para a produtividade total de vagens (PTV), em que L21, L45, L35 e L6 apresentaram desempenho superior, consolidando-se como os materiais mais produtivos da safra. Ressalta-se que a linhagem L21 demonstrou um incremento produtivo notável neste ciclo, posicionando-se entre os genótipos de maior teto produtivo.

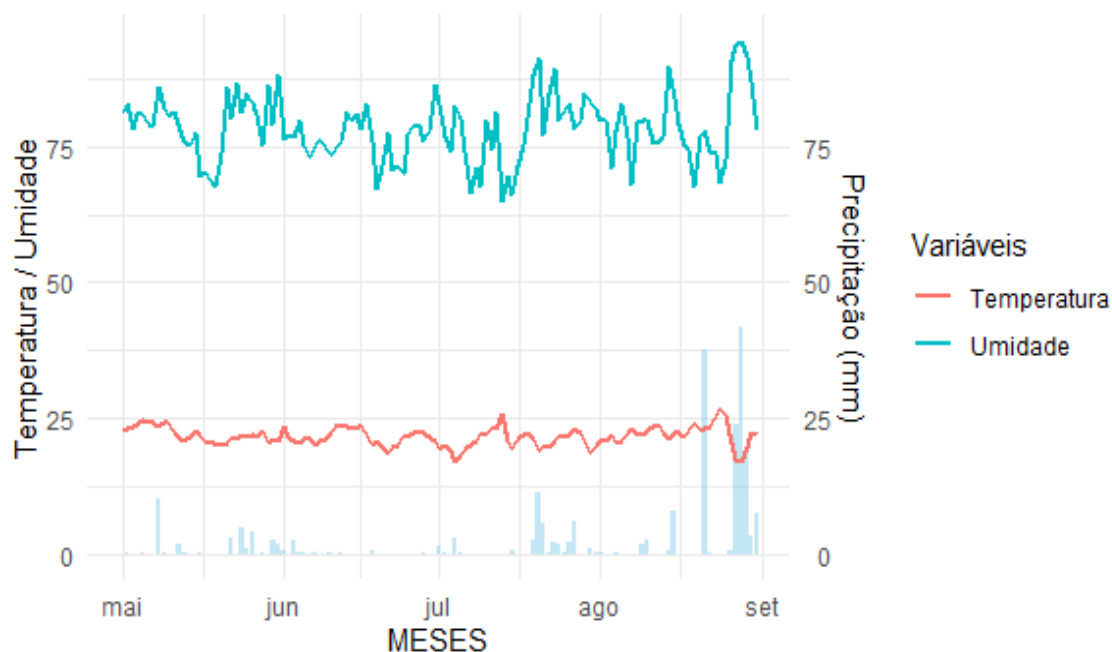
Em relação aos atributos comerciais das vagens, as linhagens L45 e L35 sobressaíram-se em comprimento (COMPV), com médias superiores a 21 cm. Para o diâmetro médio (DMV), a linhagem L35 isolou-se no grupo superior, seguida por L36, L34 e L43. De modo geral, os resultados de 2024 evidenciam que as linhagens L45, L35, L21 e L6 reuniram o melhor desempenho para o conjunto de variáveis produtivas e qualitativas. Em contrapartida, os genótipos L37, L9 e L32 apresentaram as maiores limitações agrônômicas, situando-se nos estratos inferiores de produção e morfologia de vagem no referido ano.

A análise de variância conjunta revelou efeito significativo ( $p < 0,01$ ) para os fatores linhagens, ambientes (anos) e para a interação genótipo x ambiente (G x A) em todas as características avaliadas (Tabela 6). A significância para o fator ambientes indica que as condições edafoclimáticas de 2023 e 2024 (Figuras 2 e 3) promoveram distinções no comportamento médio dos materiais. A ocorrência dessa interação complexa justifica a insuficiência de critérios univariados isolados e fundamenta a aplicação da abordagem multivariada GT biplot, técnica capaz de decompor a variância de maneira gráfica para identificar genótipos que reúnam estabilidade fenotípica e perfis produtivos equilibrados face às pressões ambientais da região.

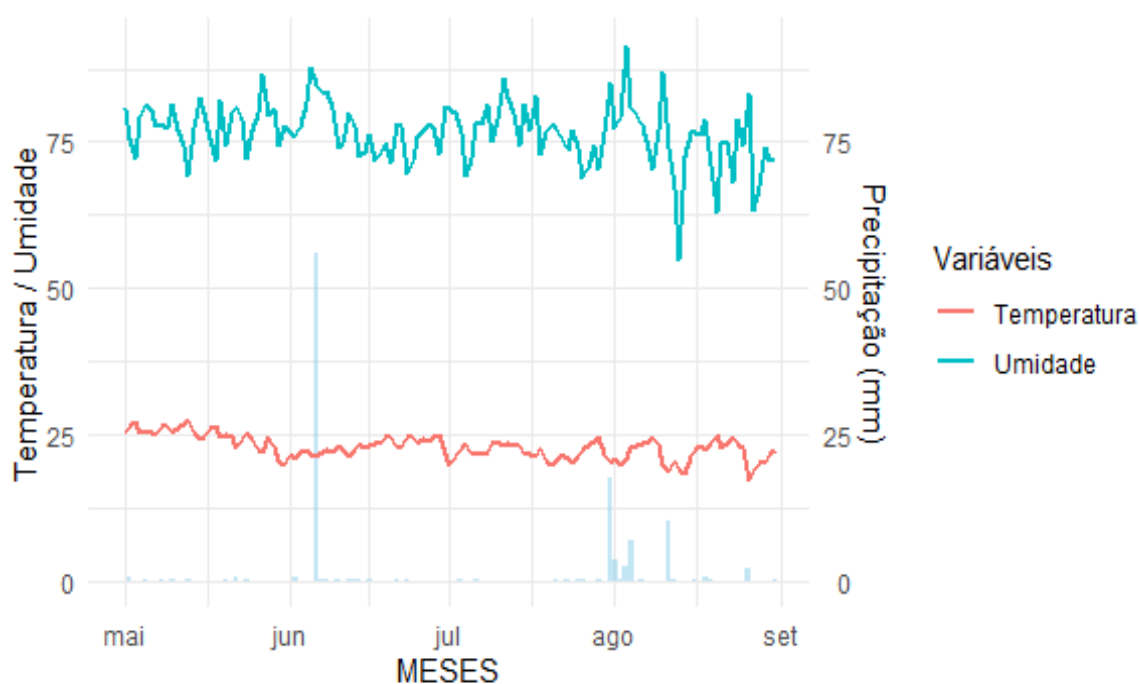
**Tabela 6.** Resumo da análise de variância conjunta de 29 linhagens de feijão-vagem para as características número de dias para a emergência (NDE), florescimento (FLO), número de sementes por vagem (NSV), peso de sementes por vagem (PSV), peso de cem sementes (P100S), peso total de sementes (PTS), peso total de vagens (PTV), comprimento de vagens (COMPV) e diâmetro de vagens (DMV), avaliadas em 2023 e 2024.

FV	GL	Quadrados médios								
		NDE	FLO	NSV	PSV	P100S	PTS	PTV	COMPV	DMV
Bloco/Ambiente	4	0,144	5,333	0,278	2,833	1,167	15,664	58,885	3,100	0,045
Ambiente	1	2,299	84,144**	2,657**	309,122**	1083,9**	39,872**	119,211*	6,210	2566,810**
Genótipo	28	2,012*	18,734*	1,881*	25,770*	92,632*	34,422*	93,310*	26,142*	3,627*
Ambiente x genótipo	28	0,906**	9,906**	1,060**	7,051**	23,771**	36,068**	45,461**	14,241**	5,116**
Resíduo	114	0,284	3,292	0,498	1,993	6,747	5,513	19,573	2,299	0,512
Total	173									
CV %		11,42	5	9,37	14,98	9,73	29,51	38,44	9,83	15,25
Média geral		2,48	65,84	5,31	13,30	69,34	18,68	50,92	23,38	3,35

\*\* , \* , significativo a 1% e 5% de probabilidade pelo teste F, respectivamente.



**Figura 2.** Médias de temperatura (°C), umidade relativa (%) e precipitação (mm) no município de Campos dos Goytacazes, RJ, de maio a setembro de 2023. Fonte: INMET.



**Figura 3.** Médias de temperatura (°C), umidade relativa (%) e precipitação (mm) no município de Campos dos Goytacazes, RJ, de maio a setembro de 2024. Fonte: INMET.

A análise de variância conjunta revelou efeito altamente significativo para o fator ambiente nas variáveis FLO, PSV, P100S, PTS, PTV e DMV, evidenciando que as condições edafoclimáticas de 2023 e 2024 influenciaram distintamente a expressão destes caracteres. Para número de sementes por vagem (NSV), a variação ambiental também foi significativa, embora com menor magnitude.

Os registros meteorológicos revelam variações significativas entre os dois anos de condução experimental. Em 2023, o ambiente apresentou uma dinâmica térmica e hídrica distinta, com temperaturas médias que, em diversos momentos, situaram-se em patamares inferiores aos registrados no mesmo período de 2024. Adicionalmente, o regime de precipitação acumulada divergiu entre as safras, influenciando o balanço hídrico durante os estádios fenológicos críticos do feijão-vagem, como o florescimento e o enchimento de vagens. Essas oscilações térmicas e hídricas configuram ambientes de teste com pressões seletivas contrastantes, o que justifica a magnitude da interação genótipo x ambiente observada na análise conjunta e o comportamento diferencial das linhagens avaliadas.

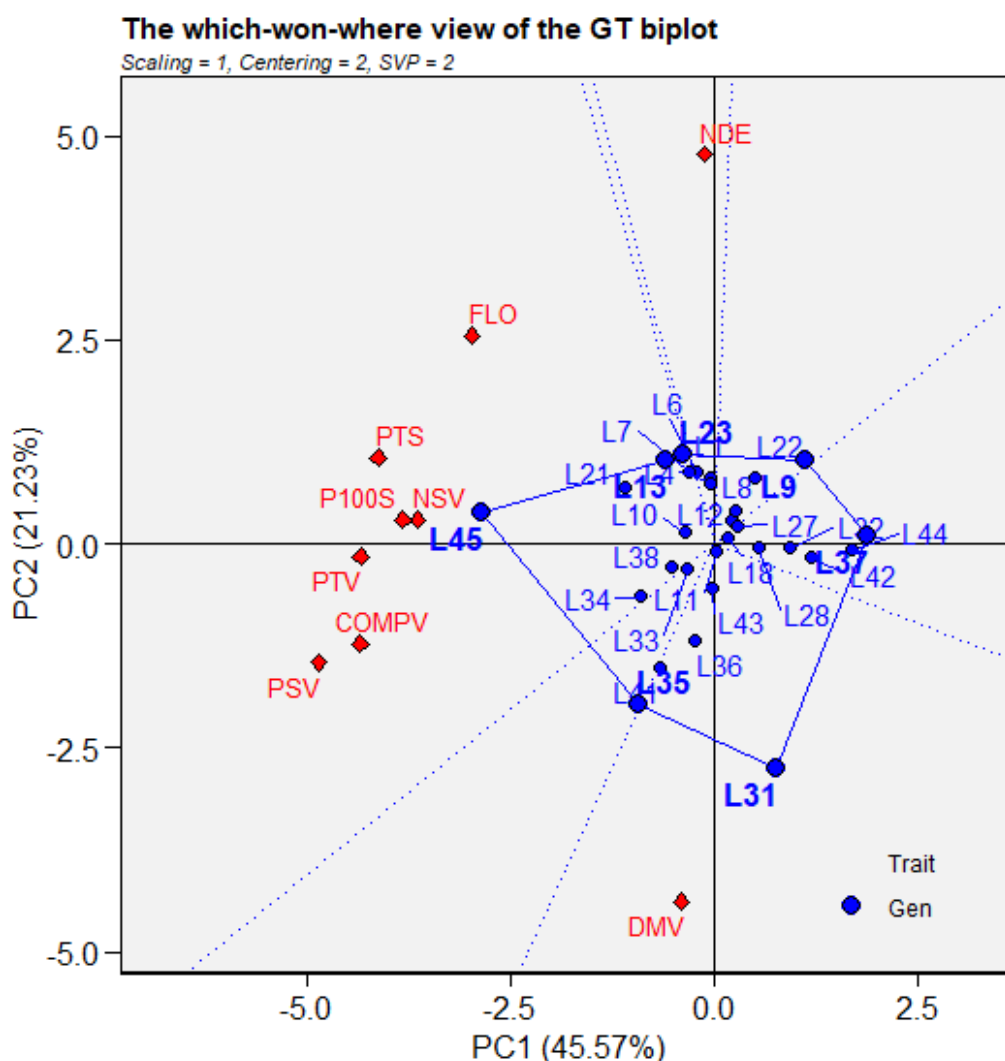
O efeito de genótipo apresentou significância ( $p \leq 0,05$ ) para todas as variáveis analisadas, confirmando a persistência da variabilidade genética no conjunto de linhagens avaliadas ao longo do período experimental. Da mesma forma, a interação genótipo x ambiente (G x A) foi significativa para todas as características, demonstrando que o ranking das linhagens não foi consistente entre os anos de cultivo.

Os coeficientes de variação experimental (CV) oscilaram entre 5,00% (FLO) e 38,44% (PTV). Estes valores são compatíveis com ensaios de campo da cultura, atestando a precisão estatística necessária para a discriminação dos tratamentos. Em suma, a detecção de variabilidade genética, associada a um efeito ambiental expressivo e a uma interação G x A significativa, fundamenta a aplicação de análises multivariadas e modelos *biplo*t para a seleção de materiais superiores."

Na análise GT *biplo*t, os dois primeiros componentes principais (PC) explicaram, somados, 66,8% da variabilidade total. O primeiro componente (PC1) foi responsável por 45,57% da variação, enquanto o segundo (PC2) explicou 21,23%. Segundo Yan e Tinker (2006), quando a soma dos dois componentes principais ultrapassa o limiar de 60%, a representação do espaço multivariado é

considerada robusta, permitindo interpretações consistentes sobre o desempenho e a estabilidade dos genótipos para as características avaliadas.

O *biplot* do tipo '*Which-won-where*' foi construído a partir de um polígono delimitado pelas linhagens L9, L13, L23, L31, L35, L37 e L45, situadas nas extremidades do gráfico (Figura 4). Estas linhagens de vértice apresentam as maiores distâncias em relação à origem e representam os materiais de desempenho mais contrastante para as variáveis avaliadas.



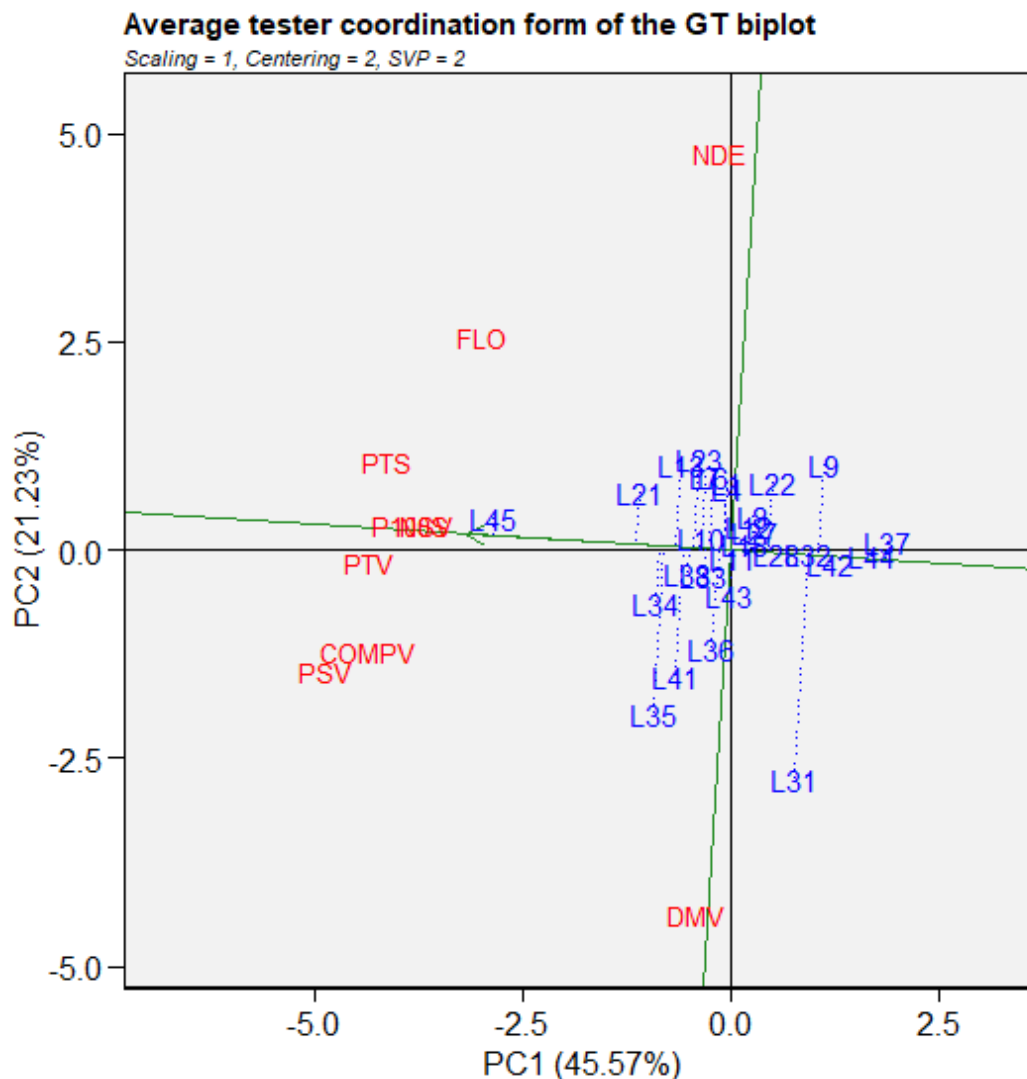
**Figura 4.** Gt- *biplot* "*Which-Won-where*" das características número de dias para emergência (NDE), florescimento (FLO), número de sementes por vagem (NSV), peso de sementes por vagem (PSV), peso de 100 sementes (P100S), peso total de sementes (PTS), peso total de vagem (PTV), comprimento da vagem (COMPV), diâmetro médio da vagem (DMV) de 32 linhagens de feijão-vagem, avaliadas em Campos dos Goytacazes.

Os setores formados pelas perpendiculares às faces do polígono revelam a associação específica entre genótipos e características. As linhagens L13, L23, L35 e L45 posicionaram-se nos setores que contêm os vetores das variáveis agrônômicas, indicando superioridade para esses caracteres. Em contrapartida, embora L9, L31 e L37 também ocupem vértices, elas se situaram em setores desprovidos de variáveis, o que indica um desempenho inferior para o conjunto de características mensuradas. O maior destaque foi observado para a linhagem L45, que reuniu o maior número de características associadas ao seu desempenho global, consolidando-se como o material de maior potencial para a seleção multivariada.

A produtividade e a estabilidade das linhagens foram avaliadas simultaneamente por meio do *biplot 'Means x Stabilities* (Figura 5).

O desempenho médio é representado pela projeção dos genótipos sobre o eixo da Coordenada do Ambiente Médio (AEC - *Average Environment Coordination*), indicado pela linha com uma seta que aponta para o genótipo ideal (YAN; RAJCAN, 2002). Quanto mais à direita da origem e mais próximo à seta o genótipo se posiciona, maior é o seu valor médio para o conjunto de características.

A estabilidade fenotípica é quantificada pelo comprimento da projeção do genótipo em relação ao eixo perpendicular ao AEC. Linhagens com projeções curtas são consideradas mais estáveis e previsíveis, enquanto projeções longas indicam menor estabilidade ou uma resposta específica a determinadas variáveis. O 'genótipo ideal' é aquele que combina o máximo desempenho (extrema direita sobre o eixo AEC) com alta estabilidade (projeção nula).



**Figura 5.** Gt- biplot “Means vs stabilities” das características número de dias para emergência (NDE), florescimento (FLO), número de sementes por vagem (NSV), peso de sementes por vagem (PSV), peso de 100 sementes (P100S), peso total de sementes (PTS), peso total de vagem (PTV), comprimento da vagem (COMPV), diâmetro médio da vagem (DMV) de 29 linhagens de feijão-vagem, avaliadas em Campos dos Goytacazes.

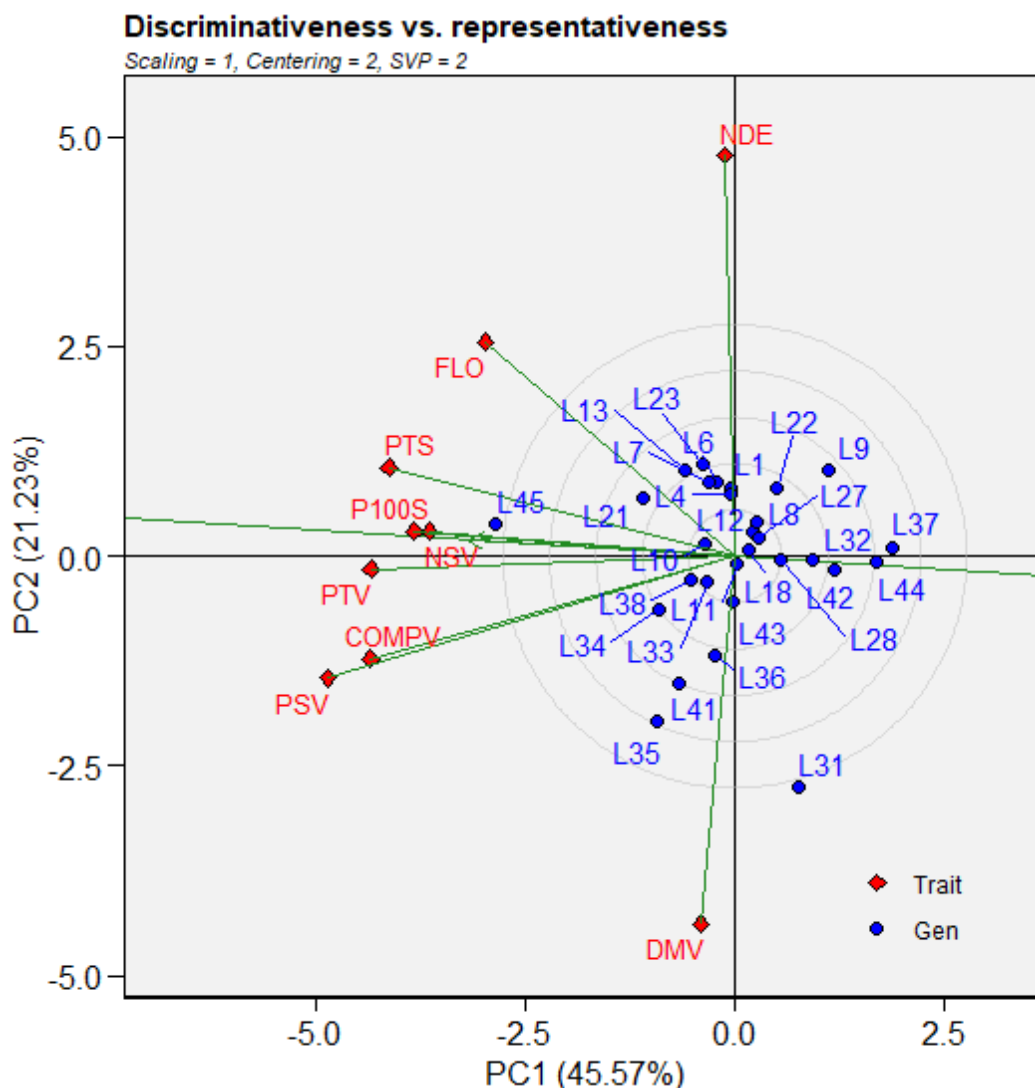
Sob essa ótica, as linhagens situadas à esquerda da origem (sentido oposto à seta) apresentaram baixo desempenho produtivo. Entre elas, as linhagens L17, L28, L32, L37, L42 e L44 demonstraram alta estabilidade, porém em patamares baixos de produtividade, enquanto a L31 se destacou negativamente por reunir o menor desempenho médio associado à baixa estabilidade.

As linhagens situadas à direita da origem e próximas ao eixo AEC, como L1, L4, L6, L8, L10, L21, L34 e L45, são consideradas aptas à seleção por apresentarem desempenho acima da média geral e elevada estabilidade. Em contrapartida, as linhagens L13, L23, L35, L36 e L41, embora ranqueadas com médias superiores, foram classificadas como de baixa estabilidade em razão das longas projeções em relação ao eixo AEC, indicando um desempenho inconsistente ou especializado.

A análise do *biplot 'Discriminativeness vs. Representativeness'* (Figura 6) permitiu identificar o potencial de seleção de cada variável com base na geometria de seus vetores. O poder discriminatório de um caráter é proporcional ao comprimento do seu vetor a partir da origem: vetores extensos indicam variáveis altamente informativas e eficazes na distinção dos genótipos, enquanto vetores curtos revelam caracteres com baixa capacidade de diferenciação ou redundantes (YAN; TINKER, 2006).

A avaliação da representatividade das variáveis foi fundamentada na abscissa da Coordenada do Ambiente Médio (AEC — *Average Environment Coordination*), definida pela média vetorial dos caracteres. O ângulo formado entre o vetor de cada característica e o eixo AEC indica sua representatividade: quanto menor o ângulo, maior a conformidade do caráter com o padrão médio de resposta das linhagens. Segundo Khan *et al.* (2021), o caráter 'ideal' para seleção é aquele que associa um vetor longo (elevada discriminação) à colinearidade com o eixo AEC (máxima representatividade).

No presente estudo, as variáveis NDE e DMV apresentaram os vetores mais extensos e se posicionaram de forma praticamente coincidente ao eixo AEC, situando-se nas proximidades do círculo que delimita o caráter ideal. Tal disposição indica que estas características são altamente discriminatórias e representativas, refletindo fielmente o padrão médio de variação das demais variáveis.

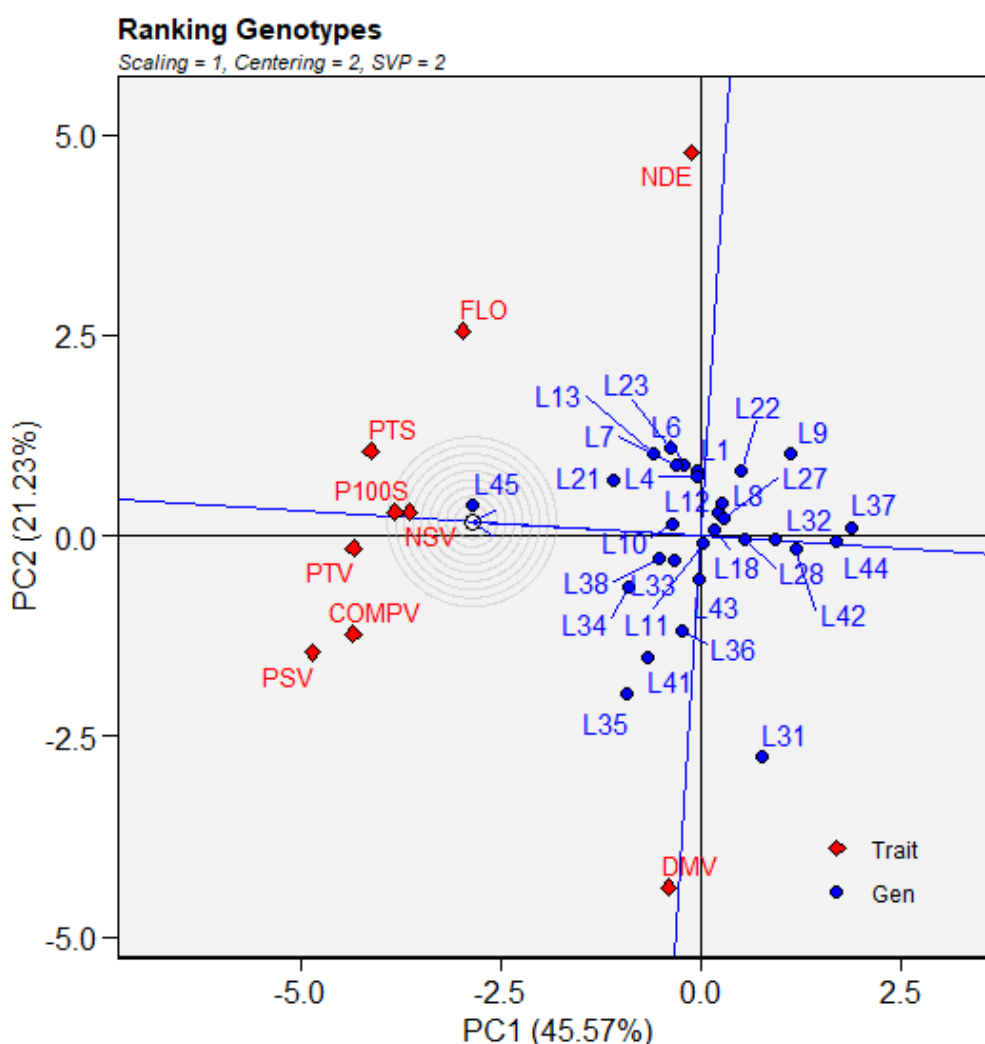


**Figura 6.** *Gt-biplot* “Discriminativeness vs representativeness” das características número de dias para emergência (NDE), florescimento (FLO), número de sementes por vagem (NSV), peso de sementes por vagem (PSV), peso de 100 sementes (P100S), peso total de sementes (PTS), peso total de vagem (PTV), Comprimento da vagem (COMPV), diâmetro médio da vagem (DMV) de 29 linhagens de feijão-vagem, avaliadas em Campos dos Goytacazes.

Em contrapartida, caracteres como PSV, COMPV, PTV, P100S e FLO, embora apresentem menor representatividade em relação ao padrão médio global, são essenciais para a identificação de linhagens com perfis específicos. Estas variáveis podem ser exploradas em índices de seleção voltados ao rendimento ou à adaptação a nichos comerciais particulares. A abundância de informações capturadas confirma a expressiva variabilidade genética no germoplasma e sugere que a resposta das linhagens é multifatorial, o que ratifica

a eficiência da abordagem multivariada (CECCON *et al.*, 2021) na seleção de genótipos superiores de feijão-vagem.

No *biplot*, o círculo concêntrico com o ponto aberto ao centro representa o “*Ideal Genotype*”, definido como um genótipo hipotético que reúne os níveis desejáveis para todos os caracteres (maior rendimento e qualidade de vagens, com ciclo mais precoce) (Figura 7). Essa abordagem é semelhante à adotada por Olivoto e Nardino (2021) em que a seleção se baseia na distância do genótipo a um ideótipo previamente definido.



**Figura 7.** Gt- *biplot* “*Ideal Genotype*” das características número de dias para emergência (NDE), florescimento (FLO), número de sementes por vagem (NSV), peso de sementes por vagem (PSV), peso de 100 sementes (P100S), peso total de sementes (PTS), peso total de vagem (PTV), comprimento da vagem (COMPV), diâmetro médio da vagem (DMV) de 29 linhagens de feijão-vagem, avaliadas em Campos dos Goytacazes.

Sob este critério, a linhagem L45 destacou-se no círculo central, consolidando-se como o ideótipo deste estudo por reunir o melhor equilíbrio entre produtividade e estabilidade fenotípica. As linhagens L35, L21 e L41 também apresentaram elevada proximidade com o centro do alvo, figurando como materiais de alto potencial genético para seleção direta.

Em contrapartida, as linhagens posicionadas nos círculos mais periféricos, como L31, L36, L38, L42 e L44, apresentaram menor mérito agrônômico global nas condições avaliadas. Contudo, tais materiais não devem ser sumariamente descartados, pois eles podem atuar como doadores de alelos específicos em blocos de cruzamento direcionados a nichos que demandam, por exemplo, maior espessura de vagem (DMV) ou precocidade (NDE).

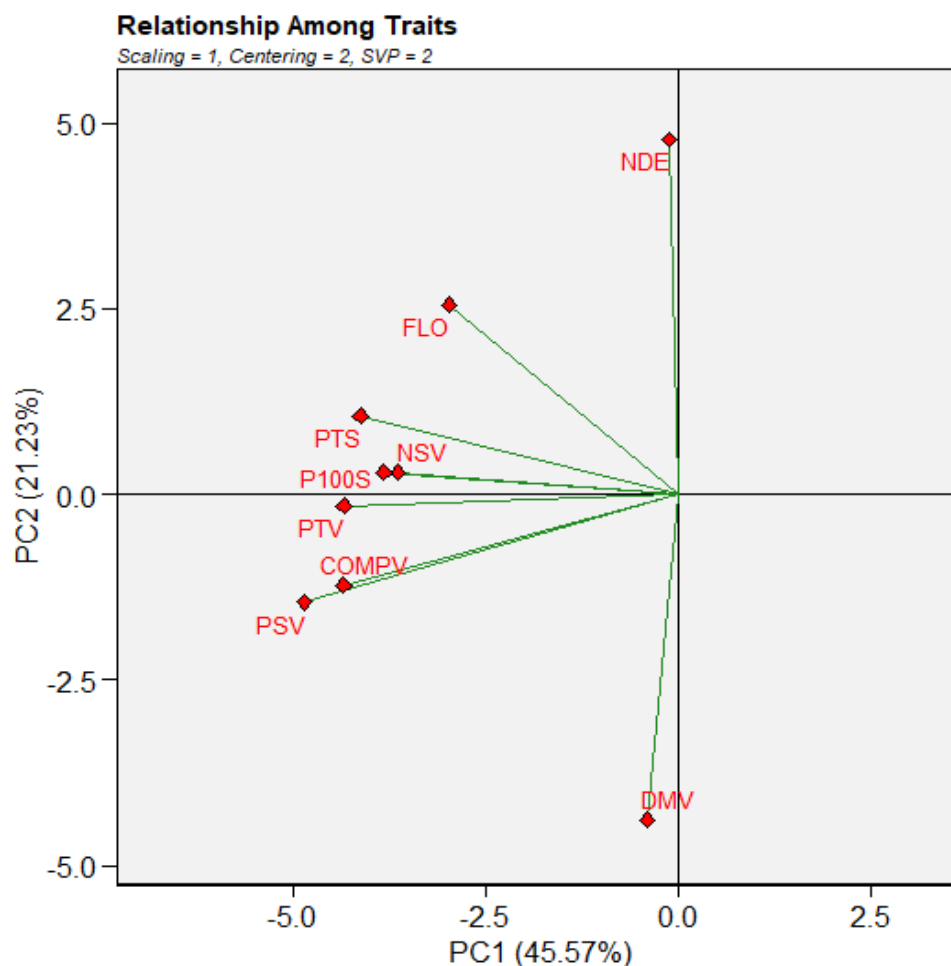
A magnitude e o sentido das correlações entre as características agrônômicas, bem como suas contribuições para a variabilidade total, são determinados pelos ângulos formados entre os vetores (Figura 8). Segundo Yan e Tinker (2006) e Cruz et al. (2020), ângulos agudos ( $< 90^\circ$ ) indicam correlação positiva, ângulos próximos a  $90^\circ$  sugerem independência e ângulos obtusos ( $> 90^\circ$ ) denotam correlação negativa.

No presente estudo, os caracteres PTS, P100S, NSV e PTV apresentaram vetores adjacentes com ângulos de separação reduzidos, evidenciando uma forte correlação positiva. Esse padrão sugere que tais atributos estão integrados a um mesmo complexo fisiológico relacionado ao potencial reprodutivo do feijão-vagem.

Sob o ponto de vista do melhoramento, essa estreita associação indica que a seleção indireta via qualquer um desses componentes poderá resultar em ganhos genéticos correlacionados aos demais, otimizando o processo seletivo (CRUZ et al., 2012). Por outro lado, a independência observada entre esses componentes e as variáveis de ciclo sugere a possibilidade de obtenção de materiais que conciliem precocidade e alta performance produtiva.

Em contraste, as características DMV e NDE posicionaram-se em quadrantes opostos aos componentes de rendimento, com vetores formando ângulos obtusos, o que caracteriza uma associação negativa. Do ponto de vista agrônômico, este padrão é altamente favorável, pois indica que as linhagens com maior precocidade (menor NDE) tendem a apresentar um melhor desempenho

produtivo. Esta correlação é estratégica para sistemas de cultivo com janelas temporais restritas ou sob risco de estresse hídrico (YAN; TINKER, 2006).



**Figura 8.** Gt- biplot “Relationship Among Traits” das características número de dias para emergência (NDE), florescimento (FLO), número de sementes por vagem (NSV), peso de sementes por vagem (PSV), peso de 100 sementes (P100S), peso total de sementes (PTS), peso total de vagem (PTV), comprimento da vagem (COMPV), diâmetro médio da vagem (DMV) de 29 linhagens de feijão-vagem, avaliadas em Campos dos Goytacazes.

A robusta associação positiva entre os principais componentes de rendimento permite inferir que a seleção fundamentada em PTS ou NSV será eficiente para a obtenção de ganhos simultâneos em P100S e PTV. Paralelamente, a correlação negativa com o diâmetro médio sugere que a seleção de linhagens com vagens mais espessas (maior DMV) pode estar associada a

materiais mais precoces, contribuindo para a redução do ciclo da cultura e, conseqüentemente, dos custos operacionais de produção.

Em suma, os resultados do GT- *biplot* indicam que a estratégia de seleção deve priorizar genótipos situados no mesmo quadrante dos caracteres produtivos e em oposição aos vetores de DMV, PSV e COMPV. Esta abordagem permite maximizar ganhos em produtividade e precocidade de forma concomitante, otimizando o progresso genético no programa de melhoramento (OLIVOTO; NARDINO, 2021)

### 3.1.5. DISCUSSÃO

A expressiva variabilidade genética observada, aliada à influência das condições ambientais, evidencia a complexidade da expressão dos caracteres agrônômicos no germoplasma de feijão-vagem avaliado. A significância estatística do efeito de genótipo ratifica essa variabilidade, requisito primordial para ganhos genéticos sustentáveis (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012; ASEFA et al., 2023).

Contudo, observou-se que houve desempenho inconsistente entre as safras de 2023 e 2024. O feijão-vagem é reconhecido por sua sensibilidade a variações hídricas e térmicas durante o ciclo reprodutivo. A elevação da temperatura média observada em 2024 pode ter acelerado o ciclo fenológico das linhagens, alterando o padrão de alocação de fotoassimilados em comparação ao ciclo de 2023, contribuindo para o fenômeno da interação complexa de genótipos em relação às características avaliadas. E a resposta diferencial observada reforça a necessidade de metodologias robustas para a decomposição dessa interação.

Outro ponto importante a salientar é que os elevados coeficientes de variação (CV%) observados para o Peso Total de Vagens (PTV) e Peso Total de Sementes (PTS) confirmam os resultados obtidos por Gomes et al. (2018) e Oliveira et al. (2020). Essa magnitude de erro experimental é frequente em culturas de colheita múltipla e hábito de crescimento indeterminado, em que a desuniformidade de maturação e a sensibilidade a flutuações térmicas durante a fase reprodutiva intensificam a variância residual (SANT'ANNA et al., 2020).

Nesse contexto, o modelo GT biplot mostrou-se eficaz ao integrar o desempenho médio com a estabilidade fenotípica (YAN; TINKER, 2006; PORNSURIYA et al., 2024), uma abordagem confirmada por estudos recentes em feijoeiros (SOUZA et al., 2023; NASCIMENTO et al., 2024). A avaliação multiambiental torna-se, portanto, mandatória para identificar genótipos com estabilidade superior, capazes de manter a produtividade frente às oscilações climáticas típicas de Campos dos Goytacazes, conforme discutido por Rocha; Vello (1999).

Sob essa ótica, a análise comparativa revelou que as cultivares L45, L41 e L35 exibiram um comportamento fenotípico robusto, sustentando médias elevadas para os componentes de rendimento em ambos os anos. Uma vez que a seleção baseada exclusivamente em médias pode ser enviesada pela interação ambiental, a identificação de materiais com ampla adaptação e estabilidade assegura maior previsibilidade à resposta agrônômica (YAN; KANG, 2003; GAYOSSO BARRAGÁN et al., 2025). Assim, as cultivares L45, L41 e L35 se consolidam como materiais promissores para o lançamento de novas cultivares ou para compor blocos de hibridação.

Quanto à relação entre as variáveis, o *biplot "Relationship Among Traits"* revelou uma robusta associação positiva entre os componentes de rendimento (PTS, PTV, PSV, COMPV e NSV). Essa sinergia sugere que tais caracteres podem estar sob controle de efeitos pleiotrópicos, o que favorece a seleção indireta e permite ganhos genéticos simultâneos com menor esforço operacional (HAIR et al., 2009). A forte interdependência entre o peso de sementes e as dimensões das vagens confirma os achados de Oliveira et al. (2018) e Castiano et al. (2023), indicando que a seleção baseada em caracteres de fácil mensuração pode elevar o potencial produtivo global do germoplasma.

A avaliação da divergência genética em genótipos de feijão-vagem é um passo fundamental para o sucesso de programas de melhoramento, permitindo a seleção de genitores com complementaridade alélica (VAZ et al., 2017). O uso de análises multivariadas tem se consolidado como a ferramenta de escolha para quantificar essa variabilidade, possibilitando a integração de diversos descritores fenotípicos e fisiológicos em uma única métrica de distância genética (SILVA et al., 2023). Estudos recentes confirmam que a existência de variabilidade para características agrônômicas em genótipos desta cultura é expressiva, oferecendo

margem para ganho genético em caracteres de rendimento e qualidade de vagem (RIBEIRO et al., 2025).

Aprofundando a capacidade discriminatória, o biplot “Discriminativeness vs Representativeness” demonstrou que PSV, COMPV, PTV e PTS detêm o maior poder de diferenciação genotípica, devendo receber maior ponderação nos índices de seleção (YAN et al., 2007). A análise da coordenada do provador médio (Average Tester Coordination) e a técnica “Which-won-where” ratificaram a proeminência da cultivar L45, que se posicionou como o genótipo vencedor no setor que agrupa os principais caracteres de rendimento. A superioridade da L45, conciliando teto produtivo elevado e resiliência ambiental, encontra paralelo em estudos de elite com leguminosas (ASEFA et al., 2023; PORNURIYA et al., 2024).

De forma integrada, a convergência entre a ANOVA conjunta e as múltiplas perspectivas do GT *biplot* confirma que as cultivares comerciais L45 e L41 apresentaram as melhores contribuições para todas as características avaliadas. Em síntese, a aplicação conjunta de métodos univariados e multivariados demonstrou ser uma estratégia de alta eficiência, mitigando riscos associados à interação G x C e assegurando maior rigor técnico na recomendação de linhagens de feijão-vagem (YAN; KANG, 2003).

### 3.1.6. CONCLUSÕES

Existe variabilidade genética entre as 29 linhagens, assegurando o potencial de seleção e o avanço do programa de melhoramento da UENF.

A cultivar L45 consolidou-se como o ideótipo do estudo por reunir o maior desempenho produtivo e a melhor estabilidade fenotípica frente às variações climáticas de Campos dos Goytacazes-RJ.

As cultivares L35 e 41 confirmaram perfis equilibrados e alto potencial agrônomico para a região, sendo indicadas para blocos de hibridação.

A linhagem 21 também apresentou perfil equilibrado e alto potencial agrônomico, sendo indicada para ensaios de VCU ou blocos de hibridação.

Os caracteres PSV, COMPV, PTV e PTS foram os mais eficazes para discriminar os genótipos, servindo como critérios prioritários para a seleção.

## **3.2 CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA, MOLECULAR E PATOGÊNICA DE ISOLADOS DE *Fusarium spp.* ASSOCIADOS À MURCHA-DE-FUSÁRIO EM FEIJÃO-VAGEM NA REGIÃO DE CAMPOS DOS GOYTACAZES, RJ.**

### **3.2.1 INTRODUÇÃO**

O feijão-vagem (*Phaseolus vulgaris L.*) é uma hortaliça de elevada relevância econômica e social, amplamente cultivada em diversas regiões do mundo, com papel significativo na segurança alimentar e na geração de renda, especialmente em sistemas de agricultura familiar. A produção mundial dessa cultura é estimada em, aproximadamente, 21 milhões de toneladas anuais, evidenciando sua expressiva participação no sistema hortícola global (FAO, 2018). Além de sua importância nutricional, o feijão-vagem apresenta características agrônômicas favoráveis, como ciclo relativamente curto e ampla adaptação a diferentes condições edafoclimáticas (FILGUEIRA, 2013; NASAR et al., 2023).

Apesar desse destaque, a produtividade do feijão-vagem é frequentemente limitada por doenças fúngicas, com ênfase naquelas causadas por fungos fusarioides. Esses patógenos colonizam o sistema radicular, comprometendo o desenvolvimento das plantas, reduzindo o vigor vegetativo, causando a morte precoce dos indivíduos (NEGREIROS et al., 2020; LEITÃO et al., 2020; PAULINO et al., 2020a). Os fungos fusarioides constituem um grupo taxonomicamente diverso, compreendendo gêneros da família Nectriaceae, como

*Fusarium* e táxons filogeneticamente relacionados. Caracterizam-se pela produção de conídios septados e estruturas de resistência, como clamidósporos, que favorecem a persistência no solo e dificultam o controle da doença (CROUS et al., 2021; YILMAZ et al., 2021).

No feijoeiro, a murcha-de-fusário manifesta-se pela clorose foliar, murcha progressiva e necrose vascular, decorrentes da colonização sistêmica dos vasos do xilema pelo patógeno. O desenvolvimento da doença é potencializado por estresses abióticos, como altas temperaturas, deficiência de drenagem e salinidade, além de ocorrer de forma sinérgica com nematoides fitoparasitas, como *Meloidogyne incognita*, que facilitam a penetração e o estabelecimento do fungo nas raízes (RIBEIRO; HAGEDORN, 1979; SCHWARTZ; SINGH, 2013).

As perdas ocasionadas pela fusariose dependem da suscetibilidade do genótipo e das condições edafoclimáticas, podendo comprometer severamente o rendimento e, em casos extremos, inviabilizar a produção em áreas infestadas (PAULINO et al., 2020a; BATISTA et al., 2016). Em razão da elevada persistência dos clamidósporos no solo e da eficácia inconsistente do controle químico, o desenvolvimento e a utilização de cultivares resistentes consolidam-se como a estratégia mais eficiente para o manejo da doença, mitigando o impacto econômico em sistemas de cultivo intensivo (SINGH; SCHWARTZ, 2011).

No Brasil, a fusariose do feijoeiro é causada predominantemente por *Fusarium oxysporum f. sp. phaseoli* L (Fop), integrante do complexo de espécies *Fusarium oxysporum* (FOSC). Entretanto, a presença de outros fungos fusarioides, incluindo espécies dos gêneros *Neocosmospora* e outros táxons correlatos, amplia a complexidade etiológica e dificulta o diagnóstico com base exclusivamente em características morfológicas (LOMBARD et al., 2019; SILVA et al., 2023; PAULINO et al., 2022; SANDOVAL-DENIS; GUARRO, 2020).

A coexistência de distintos fungos fusarioides no sistema radicular do feijoeiro, associada à sobreposição de sintomas e à variabilidade na agressividade dos isolados, dificulta a identificação precisa dos agentes etiológicos e a avaliação consistente de sua patogenicidade. A expressiva diversidade genética desse grupo reforça a necessidade de abordagens integradas, combinando caracteres morfológicos e moleculares para a correta delimitação das espécies (SUMMERELL; LESLIE, 2011; SANDOVAL-DENIS; GUARRO, 2020). Nesse contexto, a associação de métodos moleculares de

identificação, a padronização de técnicas de inoculação e a avaliação da resposta de genótipos são ferramentas fundamentais para a compreensão da interação patógeno-hospedeiro e para o desenvolvimento de estratégias de manejo sustentáveis (PAULINO et al., 2020a; ALVES et al., 2024).

Dessa forma, este trabalho teve como objetivo caracterizar e identificar isolados fusarioides associados à murcha-de-fusário em feijão-vagem na região de Campos dos Goytacazes, RJ.

## **3.2.2 REVISÃO DE LITERATURA**

### **3.2.2.1. Importância socioeconômica e fitossanitária do feijão-vagem**

O feijão-vagem (*Phaseolus vulgaris* L.) destaca-se como uma das principais hortaliças leguminosas cultivadas em escala mundial, assumindo elevada relevância tanto do ponto de vista nutricional quanto socioeconômico. As vagens imaturas apresentam elevado valor nutricional, constituindo fontes importantes de fibras alimentares, vitaminas, especialmente A, C e do complexo B, e minerais essenciais, além de baixo teor calórico, características que contribuem significativamente para a promoção da segurança alimentar e nutricional das populações consumidoras (FILGUEIRA, 2013; SINGH, 2001). Além disso, sua ampla versatilidade culinária, permitindo o consumo in natura, cozido, congelado ou processado, favorece sua aceitação em diferentes mercados e sistemas alimentares, ampliando sua importância na cadeia produtiva de hortaliças (FILGUEIRA, 2013).

Sob a ótica socioeconômica, a cultura do feijão-vagem desempenha papel estratégico para pequenos e médios produtores rurais, especialmente no contexto da agricultura familiar. O ciclo produtivo relativamente curto, a possibilidade de colheitas sucessivas e o elevado valor agregado do produto comercializado in natura tornam essa cultura altamente atrativa para sistemas produtivos intensivos e periurbanos, favorecendo a geração contínua de renda e a diversificação das atividades agrícolas (FILGUEIRA, 2013; NASAR et al., 2023). Além disso, em países em desenvolvimento, o cultivo de hortaliças como o feijão-vagem contribui

para a fixação do produtor no meio rural e para a sustentabilidade econômica das comunidades agrícolas, ao proporcionar oportunidades de emprego e maior estabilidade aos sistemas produtivos familiares (FAO, 2018; NASAR et al., 2023).

Em escala global, o feijão-vagem é amplamente cultivado em regiões tropicais e subtropicais da Ásia, África e Américas, com tendência de expansão da produção impulsionada pela crescente demanda por alimentos frescos e de elevado valor nutricional (FAO, 2018). No Brasil, a produção apresenta distribuição regionalizada, concentrando-se principalmente nas regiões Sudeste e Sul, com destaque para os estados de São Paulo, Minas Gerais, Rio de Janeiro, Paraná e Santa Catarina, além de polos produtores no Centro-Oeste (IBGE, 2024).

A cultura está fortemente associada aos cinturões verdes localizados nas proximidades dos grandes centros urbanos, atendendo predominantemente ao mercado interno, conforme confirmado pelas séries históricas de safras, que destacam o papel da cultura na geração de emprego e renda no setor hortícola (CONAB, 2024; FILGUEIRA, 2013).

Apesar de sua elevada relevância econômica e social, a produtividade e a qualidade do feijão-vagem são severamente limitadas por fatores fitossanitários, com ênfase nas enfermidades de etiologia fúngica. Entre estas enfermidades, a murcha-de-fusário, causada principalmente por *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*, configura-se como um dos maiores entraves à viabilidade da cultura. O patógeno coloniza sistemicamente o xilema, obstruindo o fluxo hídrico e a translocação de nutrientes, o que desencadeia um quadro sintomatológico caracterizado por clorose foliar, murcha progressiva, nanismo, redução da produtividade e, em infestações severas, a morte precoce dos indivíduos (RIBEIRO; HAGEDORN, 1979; BATISTA et al., 2016; PAULINO et al., 2022).

A ocorrência e a gravidade da doença podem variar em função da agressividade do isolado, da suscetibilidade do genótipo e das condições ambientais, evidenciando a complexidade da interação patógeno-hospedeiro e a importância da integração de estratégias de manejo e do melhoramento genético envolvida na resistência (BATISTA et al., 2016; PAULINO et al., 2020; LEITÃO et al., 2020).

Para além das perdas quantitativas, a incidência de patógenos fúngicos compromete severamente a qualidade comercial das vagens, promovendo

desuniformidade, redução do padrão visual e menor aceitação pelo mercado, o que impacta diretamente o valor agregado do produto. A infecção sistêmica por patógenos vasculares, como *Fusarium oxysporum*, prejudica o desenvolvimento fenológico da cultura, resultando em menor vigor vegetativo e prejuízos expressivos tanto à qualidade quanto à produtividade (SCHWARTZ; SINGH, 2013; BATISTA et al., 2016; PAULINO et al., 2020).

O manejo da murcha-de-fusário apresenta-se como um desafio técnico, dadas a elevada capacidade de persistência do patógeno no solo, sua ampla variabilidade genética e a complexa interação com o genótipo hospedeiro. Tais fatores limitam a eficácia de medidas de controle convencionais, reiterando a resistência genética como o pilar mais sustentável e eficiente para o manejo da patologia (LESLIE; SUMMERELL, 2006; LOMBARD et al., 2019; LEITÃO et al., 2020).

Nesse contexto, o desenvolvimento e a adoção de estratégias integradas de manejo são fundamentais para assegurar a sustentabilidade da produção de feijão-vagem e mitigar os prejuízos causados pela murcha-de-fusário. Entre essas táticas, o emprego de cultivares resistentes consolida-se como a medida mais eficaz e economicamente viável, cujo sucesso nos programas de melhoramento genético depende diretamente do aprofundamento do conhecimento sobre a variabilidade genética dos isolados, seus mecanismos de patogenicidade e as interações específicas patógeno-hospedeiro (SCHWARTZ; SINGH, 2013; PAULINO et al., 2021; LEITÃO et al., 2020; CHIWINA et al., 2023).

Por conseguinte, estudos voltados à caracterização morfológica e molecular de isolados, à padronização de protocolos de inoculação e à triagem de genótipos assumem papel central na identificação de fontes de resistência estáveis, contribuindo para o desenvolvimento de cultivares mais resilientes e para a superação dos principais entraves fitossanitários da cultura.

### **3.2.2.2. Taxonomia e evolução dos fungos fusarioides**

Os fungos fusarioides constituem um grupo taxonomicamente complexo e de elevada relevância fitopatológica, abrangendo espécies associadas a doenças de plantas, produção de micotoxinas e interações ecológicas diversas. Tradicionalmente, foram agrupados no gênero *Fusarium* (família Nectriaceae,

ordem Hypocreales) com base em caracteres morfológicos como a produção de macroconídios falciformes, microconídios e clamidósporos (LESLIE; SUMMERELL, 2006; SUMMERELL; LESLIE, 2011). Entretanto, avanços recentes em filogenia molecular, fundamentados em análises multilocus e genômicas, promoveram profundas revisões na classificação do grupo, revelando que o conjunto 'fusarioide' compreende múltiplas linhas evolutivas distintas e altamente diferenciadas (O'DONNELL et al., 1998; LOMBARD et al., 2019; CROUS et al., 2019).

Atualmente, a família Nectriaceae engloba diversos gêneros relacionados, como *Fusarium*, *Neocosmospora*, *Albonectria*, *Fusicolla* e *Cylindrocarpon* lato *sensu*, em uma reorganização sustentada por abordagens filogenômicas. Essa reclassificação permitiu redefinir limites genéricos e específicos de forma consistente com a história evolutiva do grupo (GEISER et al., 2013; MA et al., 2013; CROUS et al., 2022; WANG et al., 2022). Dessa forma, a taxonomia moderna proporcionou maior resolução na delimitação de táxons, superando limitações impostas pela plasticidade morfológica e pela convergência de caracteres, que, historicamente, dificultavam a identificação precisa das espécies.

Um dos principais avanços foi a consolidação do conceito de complexos de espécies, que reconhece linhagens filogeneticamente distintas, embora morfológicamente crípticas. Nesse contexto, o *Fusarium oxysporum* species complex (FOSC) destaca-se como um dos grupos mais investigados, reunindo linhagens geneticamente divergentes com ampla variabilidade patogênica (O'DONNELL et al., 1998; GEISER et al., 2013; LOMBARD et al., 2019). Esse complexo engloba desde isolados patogênicos, organizados em *formae speciales*, até linhagens saprofíticas ou endofíticas, evidenciando a necessidade imperativa de abordagens moleculares para a delimitação taxonômica (MA et al., 2013; CROUS et al., 2022).

De forma análoga, o antigo *Fusarium solani* species complex passou por ampla reavaliação, resultando na transferência de várias espécies para o gênero *Neocosmospora*, linhagem evolutivamente distinta com características biológicas divergentes de *Fusarium stricto sensu* (SANDOVAL-DENIS; CROUS, 2018; WANG et al., 2022).

Estudos genômicos e filogenômicos recentes têm revelado uma diversidade críptica ainda maior do que a estimada apenas por caracteres

morfológicos ou análises multiloci convencionais. A análise comparativa de marcadores conservados e do genoma central '*core genome*' tem permitido compreender com precisão as relações evolutivas e a diversidade funcional dos patógenos, contribuindo para a identificação de linhagens com relevância fitopatológica distinta (GOMEZ-CHAVARRIA et al., 2024; BUGINGO et al., 2025).

A compreensão desta complexidade transcende o âmbito puramente classificatório, constituindo um pilar da fitopatologia moderna. A delimitação precisa de espécies e de complexos filogenéticos influencia diretamente a interpretação de estudos de patogenicidade, a identificação de fontes de resistência estáveis e o desenvolvimento de estratégias eficazes de manejo. Assim, o avanço no conhecimento taxonômico e evolutivo fornece subsídios fundamentais para programas de melhoramento genético e para a mitigação de perdas causadas por doenças vasculares em culturas de importância econômica como o feijoeiro (LESLIE; SUMMERELL, 2006; BUGINGO et al., 2025).

### **3.2.2.3. Etiologia e ciclo da murcha-de-fusário**

A murcha-de-fusário, causada pelo fungo *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*, constitui uma das enfermidades vasculares mais destrutivas do feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.), com impacto direto na produtividade em diversas regiões produtoras. O ciclo patogênico tem início com a penetração do fungo pelas raízes, frequentemente favorecida por ferimentos ou aberturas naturais, seguida pela colonização sistêmica do sistema vascular. Esse processo compromete a translocação de água e nutrientes, desencadeando alterações fisiológicas severas. O patógeno exibe notável resiliência saprofítica no solo, pela formação de estruturas de sobrevivência denominadas clamidósporos, que garantem a persistência do inóculo por longos períodos e dificultam o manejo fitossanitário (RIBEIRO; HAGEDORN, 1979; LESLIE; SUMMERELL, 2006; BATISTA et al., 2016; PAULINO et al., 2020a).

Os sintomas manifestam-se inicialmente por clorose progressiva, frequentemente observada em folhas basais, evoluindo para a murcha epinástica ou flacidez da parte aérea, mesmo sob regimes hídricos adequados. Com o avanço do patossistema, ocorrem a necrose foliar, o nanismo e, em estádios avançados, a morte prematura das plantas (RIBEIRO; HAGEDORN, 1979;

PAULINO et al., 2020a). O sinal patognomônico da doença é a descoloração vascular, observada pelo escurecimento dos feixes xilemáticos em cortes longitudinais do caule, resultante da resposta de defesa da planta e da obstrução física pelo micélio fúngico e produção de conídios (BATISTA et al., 2016; LESLIE; SUMMERELL, 2006).

Do ponto de vista fisiopatológico, a patogênese da murcha-de-fusário está intrinsecamente ligada à colonização e obstrução dos elementos xilemáticos. Após a penetração radicular, o fungo invade os tecidos vasculares e se dissemina sistemicamente via fluxo transpiratório, produzindo micélio e microconídios que se acumulam no lúmen dos vasos, comprometendo o transporte hídrico e a translocação de nutrientes (RIBEIRO; HAGEDORN, 1979; LESLIE; SUMMERELL, 2006; BATISTA et al., 2016). A obstrução vascular decorre tanto da proliferação fúngica quanto das respostas de defesa do hospedeiro, que incluem a formação de tiloses, deposição de gomas e síntese de compostos fenólicos. Esse processo intensifica o déficit hídrico, culminando na murcha e no colapso fisiológico das plantas (PAULINO et al., 2020a).

Um dos principais fatores que asseguram a persistência de *Fusarium oxysporum* em áreas agrícolas é a capacidade de formar clamidósporos, estruturas de resistência com parede espessada, derivadas de hifas ou conídios. Estes propágulos apresentam elevada tolerância a condições ambientais adversas, como a ausência de hospedeiro, desidratação e flutuações térmicas, garantindo a viabilidade do inóculo no solo entre ciclos de cultivo (LESLIE; SUMMERELL, 2006; LOMBARD et al., 2019). A longevidade dessas estruturas de repouso confere ao patógeno sua natureza persistente, tornando as estratégias de manejo cultural e químico, frequentemente, insuficientes para a erradicação do inóculo no sistema produtivo.

Os clamidósporos germinam em resposta a exsudatos radiculares de plantas suscetíveis, reiniciando o ciclo epidemiológico e promovendo a infecção do hospedeiro. Esta característica confere elevada persistência ao patógeno no solo e limita a eficácia de práticas culturais, como a rotação de culturas, especialmente na presença de hospedeiros alternativos ou plantas voluntárias que atuam como reservatórios de inóculo (LESLIE; SUMMERELL, 2006; LOMBARD et al., 2019; PAULINO et al., 2020a). Dessa forma, a longevidade destas estruturas de resistência é o principal fator responsável pela permanência

da murcha-de-fusário em áreas agrícolas, representando um desafio crítico para o manejo sustentável da cultura.

A severidade da murcha-de-fusário é fortemente modulada por fatores edafoclimáticos, que afetam tanto o desenvolvimento do patógeno quanto a resposta fisiológica do hospedeiro. Temperaturas moderadas a elevadas, especialmente entre 25 e 28 °C, favorecem o crescimento micelial, a esporulação e a colonização vascular por *Fusarium oxysporum*, intensificando a progressão dos sintomas (RIBEIRO; HAGEDORN, 1979; LESLIE; SUMMERELL, 2006; BATISTA et al., 2016). Nestas condições, observa-se uma aceleração do ciclo da doença, resultando em maior impacto sobre o vigor e a produtividade das plantas.

Adicionalmente, atributos físicos e químicos do solo desempenham um papel determinante na dinâmica do patossistema. Solos com drenagem deficiente ou compactados favorecem o estresse radicular e comprometem o funcionamento fisiológico do hospedeiro, criando condições propícias à penetração e colonização pelo fungo (RIBEIRO; HAGEDORN, 1979; PAULINO et al., 2020). Fatores de estresse abiótico, como a salinidade e desequilíbrios nutricionais, também podem aumentar a suscetibilidade do feijoeiro, deprimindo os mecanismos de defesa e favorecendo o estabelecimento do patógeno nos tecidos vasculares (BATISTA et al., 2016; LEITÃO et al., 2020).

A interação entre condições ambientais favoráveis ao patógeno e a presença de genótipos suscetíveis culmina na exacerbação dos sintomas e em perdas significativas de rendimento. Nesse contexto, a compreensão integrada da etiologia, do ciclo epidemiológico e da influência das variáveis edafoclimáticas constitui a base fundamental para o desenvolvimento de estratégias de manejo eficazes, incluindo a seleção de cultivares resistentes e a adoção de práticas agrônômicas que reduzam a sobrevivência e a propagação do inóculo no ambiente agrícola (LESLIE; SUMMERELL, 2006; LOMBARD et al., 2019; PAULINO et al., 2020a).

#### **3.2.2.4. Métodos de identificação: da morfologia à filogenia multilocus**

A identificação precisa de fungos fusarioides é um dos principais desafios da fitopatologia moderna, em razão da elevada diversidade genética, da ocorrência de espécies crípticas e da significativa plasticidade fenotípica

observada no grupo. Tradicionalmente, a taxonomia desses fungos baseou-se em atributos morfológicos, como a forma, o tamanho e a septação de macro e microconídios, a presença de clamidósporos e características culturais em meios de cultivo artificiais (LESLIE; SUMMERELL, 2006). Embora esses critérios tenham desempenhado papel fundamental na sistemática clássica, sua aplicação isolada tem se mostrado insuficiente para uma delimitação taxonômica precisa, especialmente diante da complexidade filogenética e da biodiversidade revelada por estudos contemporâneos (GEISER et al., 2013; CROUS et al., 2022).

A identificação baseada exclusivamente em caracteres morfológicos enfrenta limitações inerentes, visto que muitas espécies fusarioides exibem convergência fenotípica, dificultando a distinção segura entre táxons. Esse cenário é agravado pela presença de espécies crípticas dentro de complexos de espécies amplamente distribuídos, como o *Fusarium oxysporum species complex* (FOSC). Nesse grupo, isolados geneticamente distintos podem apresentar morfologia praticamente indistinguível, tornando a identificação fenotípica falha (O'DONNELL et al., 1998; GEISER et al., 2013; LOMBARD et al., 2019). Essa lacuna na precisão diagnóstica evidencia a necessidade de adoção de abordagens integradas que combinem dados morfológicos a análises moleculares robustas.

O advento das ferramentas moleculares representou um marco na identificação e na delimitação taxonômica dos fungos fusarioides, permitindo superar as limitações das abordagens morfológicas. A aplicação de marcadores de DNA possibilitou maior resolução na distinção entre espécies e no esclarecimento das relações evolutivas, contribuindo significativamente para o refinamento da sistemática do grupo (GEISER et al., 2013; MA et al., 2013; CROUS et al., 2022). Entre os marcadores mais utilizados, destaca-se o gene do fator de alongamento da tradução 1-alfa (*TEF1*), reconhecido como o principal código de barras (*barcode*) molecular para *Fusarium*, em razão do seu elevado poder discriminatório em nível específico e da sua consistência filogenética (GEISER et al., 2013; MA et al., 2013).

Além do *TEF1*, regiões gênicas como *RPB2* (subunidade 2 da RNA polimerase II) e *TUB2* ( $\beta$ -tubulina) têm sido amplamente empregadas em análises filogenéticas multiloci (MLSA), fornecendo robustez superior na delimitação de espécies e na resolução de relações evolutivas dentro de complexos taxonômicos

(O'DONNELL et al., 1998; GEISER et al., 2013; WANG et al., 2022). Por outro lado, a região ITS do DNA ribossomal, embora seja o marcador universal para fungos, apresenta baixo poder discriminatório para espécies dentro do gênero *Fusarium*, sendo mais adequado para identificações em níveis taxonômicos superiores ou como marcador complementar (GEISER et al., 2013; CROUS et al., 2022).

A adoção de análises multiloci tem se mostrado essencial para a identificação precisa de espécies fusarioides e para a elucidação de relações filogenéticas complexas, especialmente em grupos caracterizados por elevada diversidade críptica. Estudos recentes, com base em filogenia multilocus e análises genômicas, revelaram a existência de numerosos táxons anteriormente não reconhecidos, evidenciando a complexidade evolutiva do grupo e reforçando a importância dessas ferramentas para a sistemática e a fitopatologia (MA et al., 2013; WANG et al., 2022; BUGINGO et al., 2025).

Nesse contexto, a integração entre dados morfológicos, moleculares e filogenéticos constitui, atualmente, o padrão-ouro para a identificação de fungos fusarioides. Essa abordagem polifásica permite maior precisão taxonômica e contribui diretamente para estudos de patogenicidade, diversidade genética e epidemiologia, fornecendo bases sólidas para o desenvolvimento de estratégias de manejo eficazes e para o avanço do conhecimento sobre a biologia e a evolução desses importantes fitopatógenos (LESLIE; SUMMERELL, 2006; GEISER et al., 2013; CROUS et al., 2022).

### **3.2.2.5. Patogenicidade e métodos de inoculação**

A avaliação da patogenicidade de isolados de fungos fusarioides e a identificação de fontes de resistência em feijoeiro comum dependem diretamente da adoção de métodos de inoculação bem definidos, padronizados e reproduzíveis. A ausência de padronização experimental pode resultar elevada variabilidade nos dados, dificultando a comparação entre estudos e comprometendo a confiabilidade das inferências sobre a agressividade do patógeno e a resposta do hospedeiro (DUTTA et al., 2025; PAULINO et al., 2020b).

Nesse contexto, a escolha da técnica de inoculação constitui um aspecto central nos ensaios de interação patógeno x hospedeiro, tendo em vista que fatores como a concentração do inóculo, o estágio fenológico da planta e as condições ambientais influenciam diretamente a colonização do patógeno e a expressão dos sintomas (RIBEIRO; HAGEDORN, 1979; GORDON; MARTYN, 1997).

Diversas metodologias têm sido empregadas para a inoculação de *Fusarium oxysporum f. sp. phaseoli* L. (*Fop*) em feijoeiro, destacando-se a imersão de raízes em suspensão de conídios e o método do palito colonizado. A técnica de imersão de raízes (*root-dip*) é considerada invasiva, pois envolve o ferimento do sistema radicular, facilitando a penetração do fungo, promovendo maior rapidez na manifestação dos sintomas (PAULINO et al., 2020b). Embora eficiente para a confirmação da patogenicidade, esse método pode superestimar a agressividade dos isolados, uma vez que contorna barreiras estruturais naturais de defesa da planta.

Por outro lado, o método do palito colonizado consiste na inserção de um substrato previamente colonizado pelo patógeno diretamente no caule ou na região próxima ao sistema vascular, permitindo simular de forma mais consistente o processo de colonização sistêmica. Essa técnica tem sido amplamente utilizada em estudos de resistência por possibilitar maior discriminação entre genótipos suscetíveis e resistentes, além de apresentar elevada reprodutibilidade quando rigorosamente padronizada (PASTOR-CORRALES; ABAWI, 1987; PAULINO et al., 2020a; BATISTA et al., 2016).

Estudos comparativos demonstram que fatores como idade das plantas, concentração do inóculo e condições edafoclimáticas influenciam significativamente a severidade da doença, reforçando a importância da descrição detalhada dos protocolos experimentais (GORDON; MARTYN, 1997; DUTTA et al., 2025; LEITÃO et al., 2020).

A padronização dos métodos constitui, portanto, um elemento fundamental para garantir a comparabilidade dos resultados entre diferentes experimentos. Nesse contexto, a quantificação da severidade é frequentemente feita por meio de escalas diagramáticas ou numéricas, como escalas de 1 a 9, que permitem avaliar a progressão dos sintomas desde a ausência de

manifestações visíveis até a morte da planta, contribuindo para reduzir a subjetividade das avaliações (BATISTA et al., 2016; PAULINO et al., 2020a).

Além das avaliações pontuais, a análise do progresso temporal da doença fornece informações mais robustas sobre a dinâmica da infecção e a interação patógeno-hospedeiro. O cálculo da Área Abaixo da Curva de Progresso da Doença (AACPD) constitui uma ferramenta amplamente utilizada para integrar dados de severidade ao longo do tempo, permitindo uma avaliação quantitativa mais precisa da resposta do hospedeiro (MADDEN et al., 2007; ZAR, 2010). Essa abordagem permite sintetizar a evolução da doença em um único parâmetro, reduzindo o efeito de variações pontuais e aumentando o poder discriminatório das análises estatísticas.

Dessa forma, a integração entre métodos de inoculação padronizados e métricas quantitativas de severidade representa uma estratégia essencial para o avanço do conhecimento sobre a interação *Fusarium* x feijoeiro, contribuindo diretamente para a identificação de fontes de resistência, para o sucesso de programas de melhoramento genético e para o desenvolvimento de estratégias de manejo eficazes (PAULINO et al., 2020b; BATISTA et al., 2016).

### **3.2.2.6. Resistência genética e manejo integrado da murcha-de-fusário**

O uso de cultivares resistentes é a estratégia mais eficiente, econômica e ambientalmente sustentável para o manejo da murcha-de-fusário em feijoeiro comum. Considerando a elevada capacidade de sobrevivência de *Fusarium oxysporum f. sp. phaseoli* L. no solo, principalmente pela formação de clamidósporos, métodos de controle químico e cultural apresentam eficácia limitada e resultados inconsistentes a longo prazo (RIBEIRO; HAGEDORN, 1979; LESLIE; SUMMERELL, 2006; LOMBARD et al., 2019).

Além disso, a variabilidade genética e patogênica encontrada entre isolados do patógeno dificulta o controle eficaz por meio de práticas isoladas. Nesse contexto, o melhoramento genético é reconhecido como a principal abordagem para reduzir os impactos da doença e promover maior estabilidade produtiva.

Programas de melhoramento têm explorado tanto fontes tradicionais quanto germoplasma exótico, buscando identificar genótipos com resistência estável e ampla adaptação, o que tem possibilitado o desenvolvimento de cultivares mais tolerantes à murcha-de-fusário em diferentes condições ambientais (SINGH; SCHWARTZ, 2010; SCHWARTZ; SINGH, 2013; LEITÃO et al., 2020). Avanços recentes na caracterização da interação patógeno-hospedeiro, incluindo estudos de patogenicidade e avaliação da resposta diferencial de genótipos, são fundamentais para a identificação de fontes de resistência e para o aprimoramento dos programas de melhoramento (PAULINO et al., 2021; CHIWINA et al., 2023; RENDÓN-ANAYA et al., 2017). Esses avanços permitem maior precisão na seleção de materiais resistentes e fortalecem o desenvolvimento de estratégias sustentáveis de manejo da doença.

A resistência à murcha-de-fusário em feijoeiro é frequentemente modulada pela interação específica entre o genótipo da planta e a variabilidade genética dos isolados do patógeno. Estudos têm demonstrado que isolados de *Fusarium oxysporum f. sp. phaseoli* L. (*Fop*) apresentam ampla diversidade quanto à agressividade e virulência, o que pode resultar em fenótipos de resistência contrastantes para um mesmo genótipo quando desafiado por diferentes isolados (BATISTA et al., 2016; NEGREIROS et al., 2020).

Essa interação genótipo × isolado representa um desafio significativo para os programas de melhoramento, pois cultivares consideradas resistentes em determinadas regiões podem manifestar suscetibilidade quando expostas a populações locais do patógeno que apresentam maior diversidade genética ou maior capacidade de contornar os genes de resistência do hospedeiro. Dessa forma, são imprescindíveis a utilização de múltiplos isolados representativos da variabilidade regional em ensaios de seleção bem como a validação da resistência em diferentes ambientes, no sentido de assegurar maior estabilidade e durabilidade do ganho genético (PAULINO et al., 2022; SILVA et al., 2023).

Além da interação direta entre patógeno e hospedeiro, fatores bióticos do solo desempenham papel relevante na severidade da murcha-de-fusário. A interação entre *Fusarium oxysporum* e outros patógenos do solo pode intensificar o processo infeccioso, especialmente quando há comprometimento prévio do

sistema radicular. Danos estruturais nas raízes, independentemente da origem, favorecem a proliferação do patógeno e sua subsequente colonização do sistema vascular, diminuindo a eficiência dos mecanismos naturais de defesa da planta, acelerando a progressão da doença (RIBEIRO; HAGEDORN, 1979; LESLIE; SUMMERELL, 2006; PAULINO et al., 2020a). Esse efeito combinado resulta, frequentemente, em maior severidade dos sintomas, redução do vigor vegetativo e perdas significativas de produtividade, mesmo em genótipos que apresentam níveis moderados de resistência quando avaliados sob condições controladas.

Nesse contexto, o manejo integrado da murcha-de-fusário deve considerar não apenas a utilização de cultivares resistentes, mas também a adoção de práticas culturais que contribuam para a redução do inóculo e para a manutenção da sanidade radicular, incluindo a rotação de culturas, o manejo físico-químico do solo e o uso de germoplasma geneticamente diversificado (LESLIE; SUMMERELL, 2006; SCHWARTZ; SINGH, 2013; LEITÃO et al., 2020). Essas estratégias são fundamentais para reduzir a pressão de seleção sobre o patógeno e aumentar a durabilidade da resistência genética no campo.

### **3.2.3 MATERIAL E MÉTODOS**

#### **3.2.3.1 Material vegetal**

Foram coletadas plantas de feijoeiros com sintomas característicos da fusariose em diferentes locais da cidade de Campos dos Goytacazes e uma coleta feita na cidade de Bom Jesus de Itabapoana (Tabela 7). Posteriormente as amostras foram levadas à clínica fitossanitária da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (CF/UENF) onde se procedeu ao isolamento do patógeno.

**Tabela 7.** Isolados fúngicos de fusarioides coletados de *Phaseolus vulgaris* L. (Feijão branco, Feijão comum e Feijão-vagem) e *Vigna radiata* (Feijão-mungo) no trabalho. Campos dos Goytacazes-RJ, 2023 e 2024.

ID (Clínica Fitossanitária)	Cultura	Local	Coordenadas
CF/UENF 681	Feijão branco	Bosque das Acácias	21763304 S/41297647 O
CF/UENF 682	Feijão-vagem	CV UENF	214544 S/411716 O
CF/UENF 683	Feijão-vagem	Bom Jesus de Itabapoana	2113697 S/67933 O
CF/UENF 684	Feijão-mungo	PESAGRO/Campos	214449 S/ 411827 O
<i>Fusarium sp.</i> 6	Feijão comum	PESAGRO/Campos	214449 S/ 411826 O
CF/UENF 685	Feijão-vagem	PESAGRO/Campos	214446 S/ 411827 O
CF/UENF 686	Feijão-vagem	PESAGRO/Campos	214446 S/ 411827 O
CF/UENF 687	Feijão-vagem	PESAGRO/Campos	214446 S/ 411827 O
<i>Fusarium sp.</i> 10	Feijão-vagem	PESAGRO/Campos	214446 S/ 411827 O
CF/UENF 688	Feijão-vagem	PESAGRO/Campos	214446 S/ 411827 O

### 3.2.3.2 Isolamento do patógeno

O processo de isolamento dos fungos foi feito pelo método indireto. Fragmentos de tecido vegetal de região de transição entre tecido doente e sadio passaram por desinfestação superficial em álcool 70% durante um minuto e hipoclorito de sódio a 1% por dois minutos. Na sequência, foram transferidos para placas de Petri contendo meio ágar-água a 2% e incubadas a  $28 \pm 1^\circ\text{C}$  e fotoperíodo de 12 horas. A amostra foi acompanhada até que foi possível observar o crescimento de micélios, que foram então transferidos para outras placas de Petri contendo meio BDA estéril. O processo de transferência de massa de micélio foi repetido até que ocorreu apenas o crescimento da colônia de *Fusarium* (ALFENAS; MAFIA, 2016).

Na obtenção das culturas puras, foi utilizado o método de ponta de hifas, visando a assegurar a pureza genética para fins de identificação. Para esse fim, foi feito o cultivo de micélios em meio ágar-água 2%, tendo sido acompanhado diariamente o crescimento de novos micélios. Com o auxílio de um microscópio óptico, foi possível selecionar hifas que se destacavam no crescimento da

colônia, cujas pontas foram cortadas, certificando-se de cortar apenas uma hifa. Em seguida, a ponta da hifa cortada foi transferida para meio de cultura BDA e incubada a  $28\pm 1^\circ\text{C}$  e fotoperíodo de 12 horas.

Para armazenamento, foi utilizado o método de conservação em água destilada estéril (CASTELLANI, 1939).

### 3.2.3.3 Extração de DNA total

O DNA genômico dos fungos foi obtido segundo o protocolo de extração descrito por Pinho *et al.* (2013), utilizando o kit comercial da Promega (WizardGenomic DNA Purification Kit). A quantificação ocorreu utilizando fluorimetria (Qubit®), segundo recomendações do fabricante. Após a extração e quantificação, o DNA permaneceu armazenado a  $-18^\circ\text{C}$  até sua utilização. A PCR (polymerase chain reaction), regiões do fator de alongamento da tradução 1-alfa (*tef1*) e da  $\beta$ -tubulina (*tub2*), foi feita utilizando os pares de primers EF-1/EF-2 (O'DONNELL *et al.*, 1998) e Bt2a/Bt2b (GLASS; DONALDSON, 1995), respectivamente, seguindo as condições de amplificação descritas por Ibrahim *et al.* (2017). A segunda subunidade maior da RNA polimerase II (RPB2) (JAMES T *et al.*, 2006) e a região ITS (Internal Transcribed Spacer – espaçador interno transcrito) têm sido amplamente utilizadas e estabelecidas como o código de barras de DNA de fungos (BEGEROW *et al.*, 2010) (Tabela 8).

Os fragmentos de DNA foram amplificados no termociclador (Veriti® Thermal Cycler). Cada reação continha 50 ng de DNA, tampão PCR 1x, 1.0 U de Taq polimerase, 0,2  $\mu\text{M}$  de primers, 0.2 mM de cada dNTP, 1.0 mM de  $\text{MgCl}_2$ , com o volume final de 25  $\mu\text{l}$ .

Os produtos de PCR foram analisados em gel de agarose a 2% p/v com o marcador de massa Kasvi DNA Ladder, RTU modelo K9-100 L, corados com brometo de etídeo e fotodocumentados em transluminador UV para verificar se ocorreu amplificação do DNA.

Os produtos de amplificação de tamanho esperado foram purificados e submetidos ao sequenciamento de DNA Sanger na ACTGene Análises Moleculares (Nova Alvorada, Rio Grande do Sul, Brasil).

**Tabela 8.** Primers, sequências e condições de ciclagem utilizadas para amplificação das regiões TEF1, TUB2, RPB2 e ITS, conforme referências originais. Campos dos Goytacazes-RJ, 2024.

Região	Primers (sequência 5'–3')	Referência	Condições do PCR
<b>TEF1 (EF-1α)</b>	<b>Ef-1:</b> ATGGGTAAGGAGGACAAGAC <b>Ef-2:</b> GGAAGTACCAGTGATCATGTT	(O'DONNELL et al., 1998)	Desnaturação inicial: 3 min a 94 °C - 30 ciclos de: 1 min a 94 °C (desnaturação), 50 s a 54 °C (anelamento), 1 min a 74 °C (extensão) - Extensão final: 10 min a 72 °C
<b>TUB2 (β-tubulina)</b>	<b>T1:</b> AACATGCGTGAGATTGTAAGT <b>T2:</b> TAGTGACCCTTGGCCCAGTTG	(O'DONNELL et al., 2000)	Desnaturação inicial: 2 min a 96 °C - 30 ciclos de: 1 min a 94 °C, 1 min a 52 °C, 45 s a 72 °C - Extensão final: 10 min a 72 °C
<b>RPB2</b>	<b>5F2:</b> GGGGWGAYCAGAAGAAGGC <b>7CR:</b> CCCATRGCTTGYTTRCCCAT	(LIU et al., 1999; REEB et al., 2004)	Desnaturação inicial: 3 min a 95 °C - 30 ciclos de: 1 min a 95 °C, 45 s a 60 °C, 2 min a 72 °C - Extensão final: 10 min a 72 °C
<b>ITS</b>	<b>ITS1:</b> TTC CGT AGG TGA ACC TGC GG <b>ITS4:</b> TCC TCC GCT TAT TGA TAT GC	(WHITE et al., 1990)	Desnaturação inicial: 2 min a 94 °C - 30 ciclos de: 45 s a 94 °C, 30 s a 55 °C, 35 s a 72 °C - Extensão final: 10 min a 72 °C

### 3.2.3.4 Análise filogenética

As sequências de nucleotídeos foram editadas e corrigidas manualmente no Geneious v.8.1.9, incluindo o ajuste de posições ambíguas com base nas sequências dos primers. Para a identificação molecular, as sequências parciais foram submetidas ao BLASTn (ALTSCHUL, 2016) no banco GenBank. O alinhamento múltiplo (Tabela 9) foi feito no MEGA v.7, utilizando o algoritmo MUSCLE (EDGAR, 2004).

A árvore filogenética de Máxima Verossimilhança (ML) foi concluída a partir de dados de sequências nucleotídicas concatenadas do fator de alongação da tradução (TEF) dos marcadores moleculares, segunda maior subunidade da RNA polimerase II (RPB2), espaçador interno transcrito (ITS) e beta-tubulina (BTUB), usando o IQ-TREE (TRIFINOPOULOS et al., 2016) no servidor web do

IQ-TREE (<http://iqtree.cibiv.univie.ac.at>). Os melhores modelos de substituição de nucleotídeos e a distribuição de heterogeneidade foram escolhidos usando o IQ-TREE, sendo TIM2+F+G4 (TEF), TIM2e+FQ+I+G4 (RPB2), TNe+FQ (ITS) e TNe+FQ+G4 (BTUB) os modelos mais adequados para os conjuntos de dados. Uma análise ultrarrápida bootstrap (MINH et al., 2013) com 1.000 replicações foi utilizada para avaliar o suporte estatístico de cada galho de árvore. Os programas FigTree v.1.4 (<https://ztree.bio.ed.ac.uk/software/figtree>) e Inkscape v.1.1 (<https://inkscape.org/pt/>) foram utilizados para visualizar e editar as árvores filogenéticas.

**Tabela 9.** Isolados de complexo de espécies de *Fusarium oxysporum*, espécies do gênero *Neocosmospora* (anterior complexo de espécies de *Fusarium solani*) e espécies do gênero *Fusicolla* usados no estudo e o código de acesso no Genbank-NCBI. Campos dos Goytacazes-RJ, 2025.

Isolado	Espécie	Marcador			
		ITS	RPB2	TUB2	TEF1
IAC 11,257	<i>F. sp. 1</i>		OM257090	OM257064	OM257103
UFV01	<i>F. sp. 1</i>		OM257100	OM257074	OM257113
IAC 18,001	<i>F. sp. 1</i>		OM257094	OM257068	OM257107
IAC 19,015	<i>F. sp. 1</i>		OM257099	OM257073	OM257112
IAC 11,178	<i>F. sp. 2</i>		OM257089	OM257063	OM257102
LC 13765	<i>F. odoratissimum</i>	MW016599	MW474585	MW533954	MW474585
LC 13764	<i>F. odoratissimum</i>	MW016598	MW474584	MW533953	MW594351
CBS 144135	<i>F. oxysporum</i>		MH484954	MH485136	MH485045
LC13766	<i>F. oxysporum</i>	MW016600	MW474586	MW533955	MW594353
LC13739	<i>F. curvatum</i>	MW024385	MW474558	MW533929	MW594325
CBS 247.61	<i>F. curvatum</i>	MH858040	MH484876	MH485058	MH484967
GDGZP11-2-2	<i>F. grosnichelii</i>	OL744448	OL771381	OL771397	OL771389
GDZJLZ11-2-1	<i>F. grosnichelii</i>	OL744449	OL771382	OL771398	OL771390
CBS 117792	<i>F. veterinarium</i>	MH484824	MH484915	MH485097	MH485006
CBS 109898	<i>F. veterinarium</i>	MH484808	MH484899	MH485081	MH484990
LC13736	<i>F. cugenangense</i>	MW016568	MW474554	MW533925	MW594321
LC13735	<i>F. cugenangense</i>	MW016567	MW474553	MW533924	MW594320
LC2804	<i>F. nirenbergiae</i>	MW016594	MW474580	MW533951	MW594347
LC13760	<i>F. nirenbergiae</i>	MW016593	MW474579	MW533950	MW594346
LC13740	<i>F. duoseptatum</i>	MW016573	MW474559	MW533930	MW594326

Tabela 9. Cont...

Isolados	Espécies	Marcador			
		ITS	RPB2	TUB2	TEF1
LC13741	<i>F. duoseptatum</i>	MW016574	MW474560	MW533931	MW594327
JW 277008	<i>F. triseptatum</i>	MZ890541	MZ921757		MZ921888
CBS 258.50	<i>F. triseptatum</i>		MH484873	MH485055	MH484964
CBS 187.53	<i>F. callistephi</i>	ON981003	MH484875	MH484966	MH485057
CBS 115423	<i>F. callistephi</i>		MH484905	MH484996	MH485087
CPC 25800	<i>F. carminascens</i>		MH484937	MH485119	MH485028
CPC 25792	<i>F. carminascens</i>		MH484934	MH485116	MH485025
CBS 218.49	<i>F. elaeidis</i>	MH856499	MH484871	MH485053	MH484962
CBS 255.52	<i>F. elaeidis</i>	MH857021	MH484874	MH485056	MH484965
CPC 25802	<i>F. fabacearum</i>		MH484939	MH485121	MH485030
CPC 25801	<i>F. fabacearum</i>		MH484938	MH485120	MH485029
CBS 111552	<i>F. contaminatum</i>		MH484900	MH485082	MH484991
CBS 114899T	<i>F. contaminatum</i>		MH484901	MH485083	MH484992
CBS 116.612	<i>F. gossypinum</i>		MH484908	MH485090	MH484999
CBS 116613	<i>F. gossypinum</i>		MH484909	MH485091	MH485000
CBS 132474	<i>F. hoodiae</i>		MH484929	MH485111	MH485020
CBS 32.476	<i>F. hoodiae</i>		MH484930	MH485112	MH485021
CBS 02.028	<i>F. tardichlamydosporum</i>		MH484897	MH485079	MH484988
CBS 214.49	<i>F. glycines</i>	MH856497	MH484869	MH485051	MH484960
CBS 176.33	<i>F. glycines</i>	MH855399	MH484868	MH485050	MH484959
CBS 645.78	<i>F. languescens</i>		MH484880	MH485062	MH484971
CBS 413.90	<i>F. languescens</i>		MH484890	MH485072	MH484981
CPC 28465	<i>F. libertatis</i>		MH484944	MH485126	MH485035
CPC 25782	<i>F. libertatis</i>		MH484932	MH485114	MH485023
CPC 30824	<i>F. pharetrum</i>		MH484952	MH485134	MH485043
CPC 30822	<i>F. pharetrum</i>		MH484951	MH485133	MH485042
LC13831	<i>N. lithocarp</i>	MW016712	MW474698	MW534052	MW620173
LC13832	<i>N. lithocarp</i>	MW016713	MW474699	MW534053	MW620174
LC13833	<i>N. ngaiotongaense</i>	MW016714	MW474700	MW534054	MW620175
LC13834	<i>N. ngaiotongaense</i>	MW016715	MW474701	MW534055	MW620176
LC5930	<i>N. metavorans</i>	MW016716	MW474702	MW534056	MW620177
LC5933	<i>N. metavorans</i>	MW016717	MW474703	MW534057	MW620178
LC13835	<i>N. paraeumartii</i>	MW016719	MW474705	MW534059	MW620180
LC13836	<i>N. paraeumartii</i>	MW016720	MW474706	MW534060	MW620181
LC13838	<i>N. pseudensiforme</i>	MW016723	MW474709	MW534061	MW620184
LC13839	<i>N. pseudensiforme</i>	MW016724	MW474710	MW534062	MW620185

Tabela 9. Cont...

Isolado	Espécies	Marcador			
		ITS	RPB2	TUB2	TEF1
HN33-8-2	<i>N. hunanense</i>	ON564586	ON734373	ON734413	ON734393
HN33-8-2-1	<i>N. hunanense</i>	ON564587	ON734374	ON734414	ON734394
CBS 190.35	<i>N. regularis</i>	LR583762	LR583872		LR583642
CBS 230.34	<i>N. regularis</i>	LR583763	LR583873		LR583643
CBS 237.55	<i>N. neocosmosporiellum</i>	LR583785	LR583892		LR583663
CBS 325.54	<i>N. neocosmosporiellum</i>	KM231803	KM232370		LR583664
JW 75001	<i>N. stercicola</i>	MZ890572	MZ921795		MZ921925
LC5387	<i>N. stercicola</i>	MW016740	MW474726	MW534077	MW620201
NRRL 31156	<i>N. phaseoli</i>	EF408521	FJ240388	EF408451	EF408416
NRRL 22276	<i>N. phaseoli</i>	EF408520	JX171608	EF408450	EF408415
CBS 509.63	<i>N. ramosum</i>	MH858339	KM232369	KM232064	KM231930
NRRL 31779	<i>N. brasiliense</i>	EF408516	KJ511283	EF408446	EF408411
LC3932	<i>N. solani</i>	MW016738	MW474724	MW534076	MW620199
LC3785	<i>N. solani</i>	MW016737	MW474723	MW534075	MW620198
LC11572	<i>N. falciforme</i>	MW016705	MW474691	MW620166	MW620166
LC11569	<i>N. falciforme</i>	MW016704	MW474690	MW620165	MW620165
CBS 110189	<i>Fusicolla meniscoidea</i>	MW827613	MW834010	MW834306	MW834279
CBS 837.85	<i>Fusicolla aquaeductuum</i>	KM231823		KM232094	KM231955
BBA 62201	<i>Fusicolla espistroma</i>		HQ897765		
BBA 64317	<i>Fusicolla betae</i>		HQ897781		

### 3.2.3.5 Caracterização morfológica e cultural

A descrição taxonômica de fungos fusarioides seguiu os critérios morfológicos e filogenéticos atualmente recomendados para Nectriaceae. As características macro e micromorfológicas foram avaliadas com base em culturas monospóricas cultivadas em meios padronizados, incluindo PDA (Potato Dextrose Agar) e SNA (Synthetic Nutrient-poor Agar), incubadas sob condições controladas de temperatura e fotoperíodo.

Para a caracterização das colônias a nível macromorfológico, os isolados foram cultivados em meio de cultura BDA, para nível micromorfológico as colônias foram cultivadas em meio sintético baixo em nutrientes (SNA) (NIREMBERG; O'DONNELL, 1998), com incubação no escuro por 15 dias a 25 °C.

Após o período de incubação, as colônias foram avaliadas quanto ao aspecto de textura e coloração dos micélios produzidos em meio BDA (Nelson et al., 1983), e no meio de cultivo SNA, a avaliação microscópica contemplou a morfologia dos conidióforos, fialídes e conídios, descrevendo o número de septos e a curvatura. Também foram examinados os microconídios, considerando forma e septação. Quando presentes, clamidósporos foram descritos quanto à posição (terminal, intercalar ou em cadeias) e ao diâmetro (LESLIE; SUMMERELL, 2006).

As medidas morfométricas foram obtidas a partir de no mínimo 30 estruturas por tipo (macroconídios, microconídios, fialídes), expressas como intervalos de variação e médias. A terminologia utilizada seguiu as recomendações de Crous et al. (2021) e Leslie; Summerell (2006).

As observações microscópicas foram feitas em um microscópio Olympus U-RFLT-T, acoplado a uma câmera digital Olympus DP72. As imagens foram capturadas e processadas utilizando o software Cell F.

### **3.2.3.6 Teste de patogenicidade**

#### **3.2.3.6.1 Teste de método de inoculação**

O protocolo de inoculação baseou-se em duas técnicas com a cultivar BRS Esteio servindo como controle de suscetibilidade (TORRES et al., 2021). A escolha desta cultivar justifica-se pela alta sensibilidade das linhagens de feijão-vagem à técnica de corte de raiz em ensaios anteriores; nestas linhagens, o trauma mecânico impediu a avaliação cronológica dos sintomas de *Fusarium* spp., pois a senescência das plantas precedeu a colonização pelo patógeno. Por consequência, foi utilizado o feijão-comum para garantir a viabilidade das plantas durante o período de incubação.

Para tal, o experimento foi conduzido em condições de casa de vegetação, em delineamento de blocos ao acaso com três repetições, de acordo com o seguinte modelo:

$$Y_{ij} = \mu + T_i + B_j + e_{ij},$$

em que:

$Y_{ij}$ : valor observado referente à variável Y, que recebeu o tratamento i (i= 1,2, ..., I) no bloco j (j= 1, 2, ..., J);

$\mu$ : média geral do experimento;

T<sub>i</sub>: efeito fixo do tratamento i;

B<sub>j</sub>: efeito aleatório do bloco j; e

e<sub>ij</sub>: efeito do erro experimental, referente à observação.

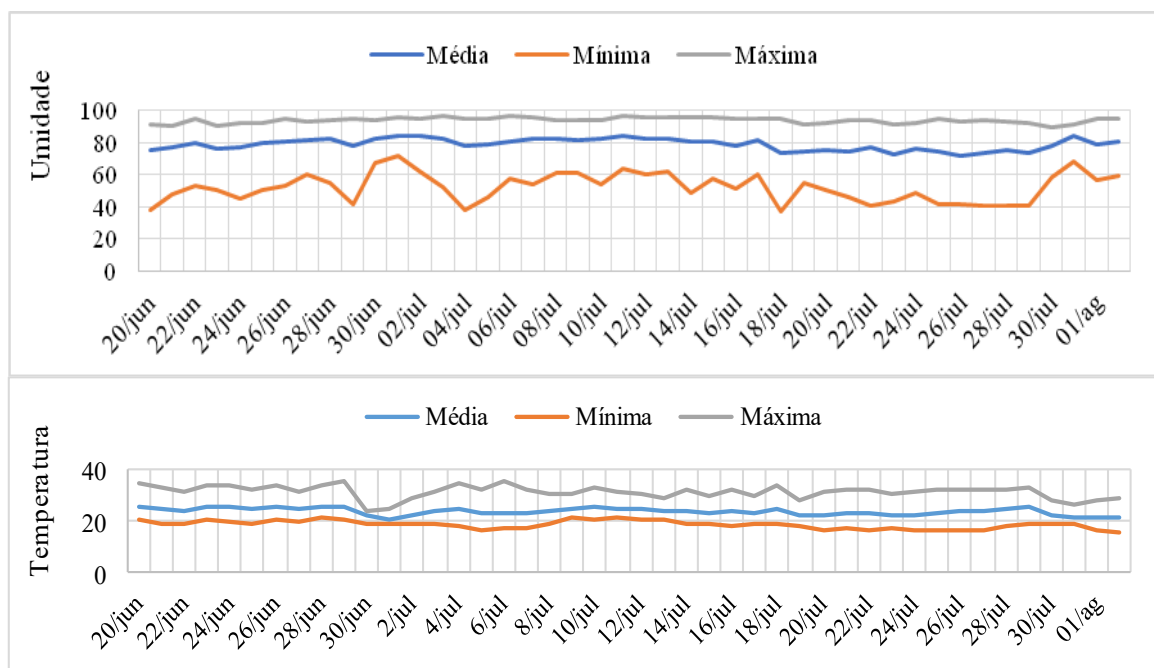
O experimento foi conduzido em casa de vegetação na UAP/UENF, no período de junho a agosto de 2024. Sementes de feijão foram semeadas em bandejas contendo Basaplant, e mudas com 12 dias, no estágio de primeira folha expandida, foram utilizadas nos ensaios.

No primeiro tratamento, as plantas foram removidas da bandeja, as raízes lavadas e podadas em cerca de ¼ do comprimento, sendo posteriormente imersas por 20 minutos em suspensão de conídios ( $1 \times 10^6$  conídios mL<sup>-1</sup>). O inóculo foi produzido em BDA a partir de discos de 0,4 cm incubados por 10 dias a 24 °C sob luz contínua. Plantas controle foram imersas em água destilada. Após a inoculação, as mudas foram transplantadas para vasos de 3 L com solo e mantidas em casa de vegetação (PASTOR-CORRALES; ABAWI, 1987; BORBA *et al.*, 2017).

No segundo tratamento, foi utilizado o método do palito colonizado (COELHO NETO; DHINGRA, 1996). Palitos esterilizados foram colocados sobre BDA e colonizados por micélio durante 14 dias a 25 °C e fotoperíodo de 12 h. Os palitos colonizados foram inseridos no colo do hipocótilo, tendo os controles recebido palitos estéreis.

As plantas foram tutoradas após emissão do ramo principal e irrigadas diariamente por aspersão. As condições de temperatura e umidade foram verificadas diariamente por meio de Data logger (Figura 9)

A avaliação dos sintomas foi feita 42 dias após a inoculação, utilizando a escala de 1 a 9 proposta por Torres *et al.* (2021), adaptada de Pastor-Corrales; Abawi (1987). A severidade foi classificada segundo o índice do CIAT, que define cultivares resistentes, intermediárias ou suscetíveis (PASTOR-CORRALES; ABAWI, 1987). As variáveis analisadas incluíram número de vagens por planta (NV), comprimento e coloração vascular (COMPL, COLV), massa fresca e seca da parte aérea e raízes (MFPA, MSPA, MFRZ, MSRZ) e colonização (COL).



**Figura 9:** Medidas com Data logger de temperatura e umidade à prova D' Água INS-1330. Campos dos Goytacazes-RJ, 2024.

O comprimento da lesão no método do palito foi determinado após corte longitudinal do caule, enquanto a colonização no método de imersão foi avaliada em câmara úmida, tendo sido registrada a presença de conídios de *Fusarium ssp.* Massas frescas foram obtidas no momento da coleta e massas secas após secagem por 72 h a 42 °C.

### 3.2.3.6.2 Teste de severidade

A patogenicidade dos isolados foi determinada por meio da inoculação em plantas suscetíveis de feijão-comum, cultivar BRS Estilo (BATISTA et al., 2016; PAULINO et al., 2020a), e na linhagem L 22 de feijão-vagem, pertencente à coleção de feijões da UENF. A inoculação foi feita pelo método do palito colonizado, previamente selecionado com base nos resultados do experimento comparativo de métodos de inoculação.

A linhagem L22 de feijão-vagem foi selecionada no banco de germoplasma da UENF em razão da sua elevada suscetibilidade natural observada em condições de campo. Durante o cultivo, as plantas apresentaram

sintomas típicos de murcha e colonização vascular, o que permitiu a caracterização e a coleta dos isolados *Fusarium sp.* 10 e CF/UENF 688. Em função desse comportamento fenotípico, a linhagem L22 foi estabelecida como testador suscetível (padrão de suscetibilidade) nos ensaios de severidade, servindo como referência para a avaliação do potencial patogênico dos isolados.

O teste foi conduzido em condições de casa de vegetação, em delineamento de blocos ao acaso, para cada genótipo separadamente, com três repetições, de acordo com o seguinte modelo:

$$Y_{ij} = \mu + T_i + B_j + e_{ij},$$

Em que:

$Y_{ij}$ : valor observado referente à variável Y, que recebeu o tratamento i (i= 1,2, ..., I) no bloco j (j= 1, 2, ..., J);

$\mu$ : média geral do experimento;

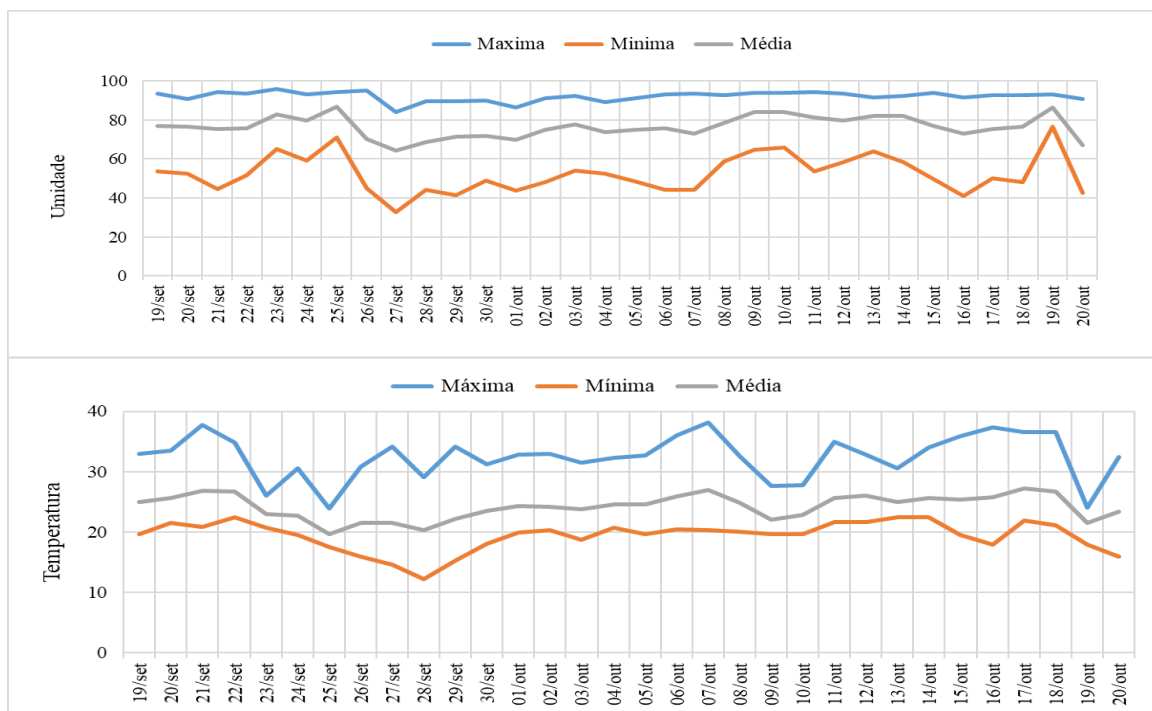
$T_i$ : efeito fixo do tratamento i;

$B_j$ : efeito aleatório do bloco j; e

$e_{ij}$ : efeito do erro experimental, referente à observação.

O experimento foi conduzido em casa de vegetação da Unidade de Apoio à Pesquisa (UAP) da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), entre setembro e outubro de 2025. As sementes foram semeadas em vasos com capacidade de 3 L contendo solo, e as plantas foram mantidas sob condições controladas. Aos 11 dias após a semeadura, no estágio V3, quando o primeiro par de folhas definitivas estava completamente expandido, as plantas foram utilizadas nos ensaios experimentais.

Para o trabalho, foi utilizado o método do palito colonizado (COELHO NETO; DHINGRA, 1996). Palitos esterilizados foram colocados sobre BDA e colonizados por micélio durante 14 dias a 25 °C e fotoperíodo de 12 h. Os palitos colonizados foram inseridos no colo do hipocótilo, tendo os controles recebido palitos estéreis. As condições de temperatura e umidade foram verificadas diariamente por meio de Data logger (Figura 10)



**Figura 10:** Medidas com Data logger de temperatura e umidade à prova D'Água INS-1330. Campos dos Goytacazes-RJ, 2026.

A umidade média atingiu o pico em 25/09/2025 (87,01%), dia que apresentou a temperatura mínima mais baixa de todo o período (19,66°C). Em contraste, a umidade média mais baixa (64,15%) ocorreu em 27/09/2025, dia que registrou a temperatura máxima de 34,1°C.

A avaliação da severidade foi feita 20 dias após a inoculação, utilizando a escala de 1 a 9, proposta por Pastor-Corrales; Abawi (1987). A severidade foi classificada segundo o índice do CIAT, que define cultivares resistentes, intermediárias ou suscetíveis, tendo cultivares com média de 1,0 a 3,0 sido consideradas resistentes, de 3,1 a 6,0 intermediárias e 6,1 a 9,0 suscetíveis (PASTOR-CORRALES; ABAWI, 1987).

### 3.2.3.7 Análises estatística

Os dados foram submetidos aos testes de normalidade de Shapiro–Wilk e homogeneidade de variâncias de O'Neill & Mathews ( $p < 0,05$ ). Atendidas as pressuposições, foram feitos a análise de variância ANOVA e o agrupamento de

médias pelo método de Scott–Knott a 5% de significância, utilizando o pacote ExpDes.pt (Ferreira *et al.*, 2014) no software R (R Core Team, 2016).

Os dados de AACPD (Abaixo da Curva de Progresso da Doença), obtidos de acordo com a fórmula:

$$AACPD = \sum_{i=1}^{n-1} \left[ \frac{(X_i + X_{i+1})}{2} \right] (t_{i+1} - t_i)$$

Em que:

$n$ : número total de avaliações realizadas ao longo do ciclo;

$X_i$  intensidade da severidade da doença na avaliação  $i$ ;

$t_i$ : tempo em dias após a inoculação da observação  $i$ ; e

$(t_{i+1} - t_i)$ : Intervalo de tempo entre duas avaliações consecutivas.

Em seguida, foram analisados quanto aos pressupostos de normalidade dos resíduos (teste de Shapiro-Wilk) e homogeneidade de variâncias (teste de O'Neill-Mathews). As médias foram comparadas pelo teste de Scott-Knott a 5% de significância.

### 3.2.4. RESULTADOS

#### 3.2.4.1 Relação filogenética

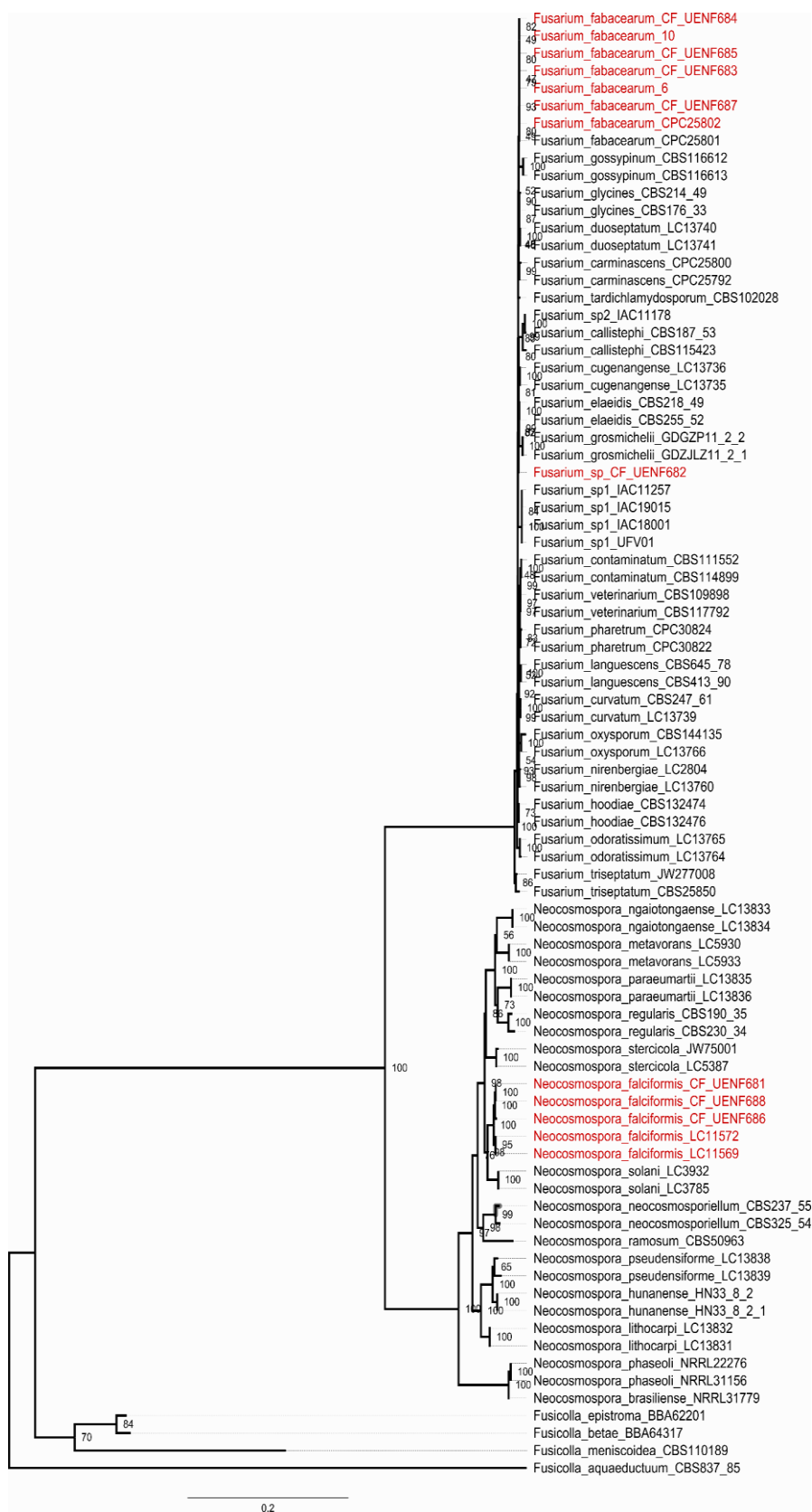
A análise filogenética concatenada das regiões TEF1, RPB2, ITS e TUB2 (Figura 11) apresentou topologia bem resolvida, com elevados valores de suporte para os principais clados (bootstrap > 90% na maioria dos grupos). Os isolados avaliados agruparam-se em clados correspondentes aos gêneros *Fusarium*, *Neocosmospora* e *Fusicolla*, segundo a nova classificação taxonômica proposta para o complexo *Fusarium sensu lato*.

Os isolados CF/UENF683, CF/UENF684, CF/UENF685, CF/UENF687, *Fusarium fabacearum* 6 e *Fusarium fabacearum* 10 formaram um clado robusto com sequências de *Fusarium fabacearum*, exibindo 100% de suporte, confirmando a identificação dessa espécie. Os isolados CF/UENF681, CF/UENF686 e CF/UENF688 agruparam-se de forma consistente com

*Neocosmospora falciformis*, também com alto suporte ( $\geq 98\%$ ), validando sua posição dentro do complexo *Neocosmospora* (Figura 11).

O isolado CF/UENF682 agrupou-se no gênero *Fusarium*, porém formando um ramo próximo, mas distinto, de espécies como *F. oxysporum* e *F. cugenangense*. A presença deste isolado em ramo isolado sugere possível variação intraespecífica ou identidade taxonômica ainda não totalmente definida, demandando análises adicionais.

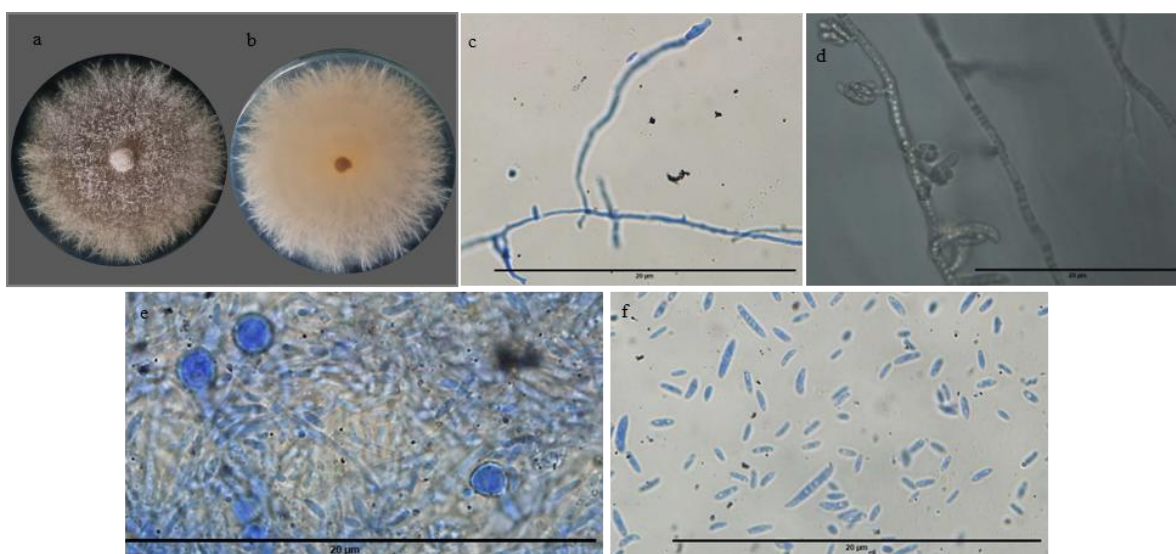
A topologia geral recuperou clados monofiléticos, consistentes com estudos recentes, separando claramente as linhagens de *Fusarium*, *Neocosmospora* e *Fusicolla*, com forte sustentação nos nós internos. No conjunto, os resultados confirmam a acurácia do uso do conjunto multilocus para identificação de isolados associados à cultura do feijão, permitindo discriminação entre espécies filogeneticamente próximas e integrantes de complexos de espécies.



**Figura 11:** Árvore filogenética estruturada pelo método de máxima verossimilhança com sequências concatenadas de TUB2, ITS, TEF1 e RPB2, genes de isolados de *Fusarium* do presente estudo e comparados com os estudos de Lombard et al. (2019), Crous et al. (2021), Paulino et al. (2022), Wang et al. (2022) e Deng et al. (2024). Os valores numéricos representam valores de bootstrap. Campos dos Goytacazes-RJ, 2025.

### 3.2.4.2 Caracterização morfológica e cultural

Os isolados CF/UENF683, CF/UENF684, CF/UENF685, CF/UENF687, *Fusarium fabacearum* 6 e *Fusarium fabacearum* 10, após sete dias de incubação em meio de cultivo BDA. Suas respectivas colônias apresentaram micélios rasteiros, levemente cotonosos e bordas irregulares. A coloração rosa clara uniforme desde o centro da colônia até a borda (Figuras 12a, b) ocorreu para a maioria dos isolados.

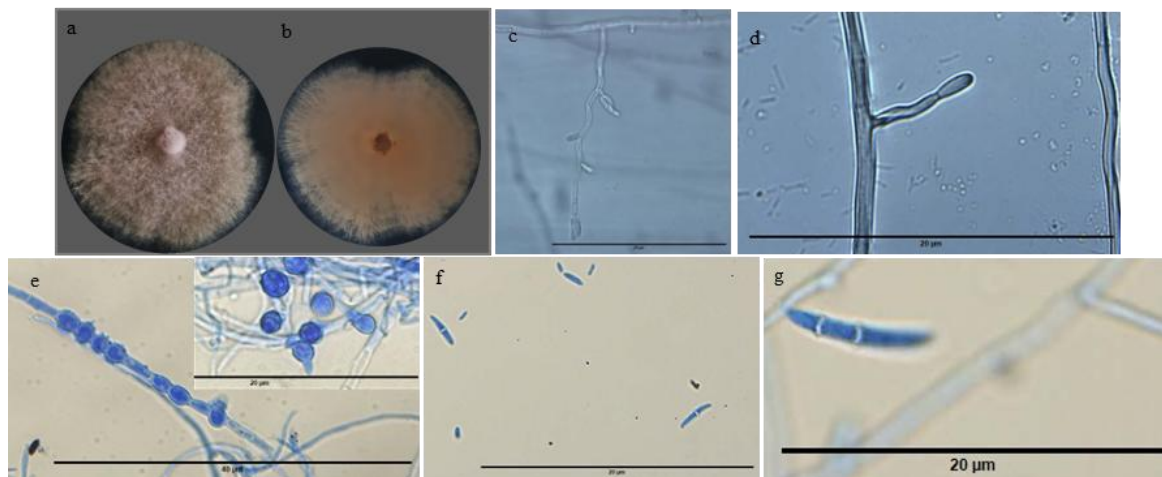


**Figura 12:** *Fusarium fabacearum*, isolado CF/UENF 683. a-b. Colônia em BDA; a. Superfície da colônia em BDA após 7 dias a 24 °C sob condição de luz contínua; b. Reverso da colônia em BDA; c-d. Conidióforos e fiálide; e. Clamidósporos; f-. Microconídeos e Macroconídeos. Barra de escala:20μm. Campos dos Goytacazes-RJ, 2025.

Foi observada ocorrência de macroconídeos levemente curvados a retos com 2 a 3 septos e de microconídeos sem septos em abundância (Figura 12f). Presença de clamidósporos (Figura 12e). Fiálide do tipo monofiálide, ou seja, fiálide simples, sem proliferação apical, que produzem conídios a partir de uma única abertura conidiogênica (Figura 12c), às vezes dispostas em monofiálide laterais ou terminais em conidióforos simples ou pouco ramificados (Figura 12d).

O isolados CF/UENF681, CF/UENF686 e CF/UENF688, da espécie *Neocosmospora falciformis*, cultivados em meio BDA, formaram colônias com

micélios rasteiros, levemente cotonosos e bordas irregulares. A coloração variando de rosa a totalmente branca (Figuras 13a, b).



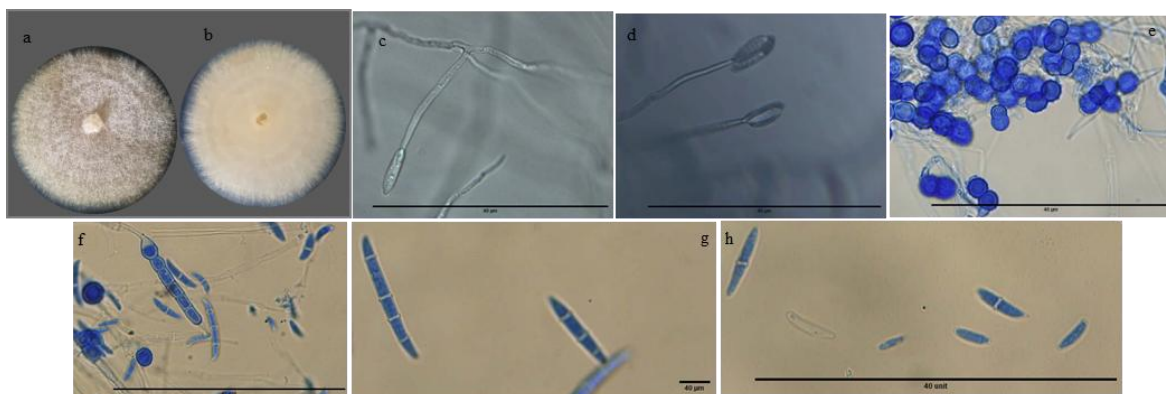
**Figura 13:** *Neocosmospora falciformis*, isolado CF/UENF 686. a-b. Colônia em BDA; a. Superfície da colônia em BDA após 7 dias a 24 °C sob condição de luz contínua; b. Reverso da colônia em BDA; c-d. Conidióforos e fiálides; e. Clamidósporos; f-g. Microconídeos e Macroconídeos. Barra de escala: 20-40µm. Campos dos Goytacazes-RJ, 2025.

Em meio de cultura SNA, foi observada ocorrência de macroconídeos em leve formato de foice com 2 a 3 septos, tendo os microconídeos ocorrido em menor proporção, sem septos e quase sempre ovalados (Figura 13f-g). Presença de clamidósporos, às vezes ocorrendo em cadeia (Figura 13e). Fiálides foram predominantemente monofiálides, hialinas e cilíndricas, com ápice levemente afilado, dispostas de forma terminal ou lateral em conidióforos simples a pouco ramificados (Figura 13c-d).

O isolado CF/UENF682 formou colônias rasteiras, levemente cotonosas, bordas regulares e coloração predominante branca (Figuras 14a, b).

Foi observada ocorrência de macroconídeos em abundância, formato levemente falcado nas células basais, presença de 2 a 4 septos (Figura 14g), microconídeos também ocorreram em abundância, em formato também levemente falcado, variando de 0-1 septo (Figura 14h). Presença de clamidósporos, ocorrendo em abundância e em cadeia eventualmente (Figuras 14e-f). Fiálides foram predominantemente monofiálides, hialinas e cilíndricas, com

ápice levemente afilado, dispostas de forma terminal em conidióforos simples a pouco ramificados (falsas cabeças) (Figuras 14c-d).



**Figura 14:** *Fusarium* sp. Isolado CF/UENF 682. a-b. Colônia em BDA; a. Superfície da colônia em BDA após 7 dias a 24 °C sob condição de luz contínua; b. Reverso da colônia em BDA; c-d. Conidióforos e fiálides; e-f. Clamidósporos; g-h. Microconídeos e Macroconídeos. Barra de escala: 20-40 $\mu$ m. Campos dos Goytacazes-RJ, 2025.

Microscopicamente, os conídios dos isolados CF/UENF 683 (*F. fabacearum*) e CF/UENF 686 (*N. falciformis*) apresentaram dimensões distintas. O isolado CF/UENF 683 exibiu conídios com comprimento variando de 2,2 a 8,2  $\mu$ m (média de 6,0  $\mu$ m) e largura entre 0,3 e 2,6  $\mu$ m (média de 1,8  $\mu$ m). Já o isolado CF/UENF 686 apresentou conídios ligeiramente menores, com comprimento entre 2,2 e 6,5  $\mu$ m (média de 3,9  $\mu$ m) e largura variando de 1,2 a 3,2  $\mu$ m (média de 2,2  $\mu$ m) (Tabela 10).

Os clamidósporos foram observados em ambos os isolados, com diâmetro variando de 5,3 a 8,6  $\mu$ m (média de 6,6  $\mu$ m) em CF/UENF 683 e de 5,5 a 8,7  $\mu$ m (média de 7,1  $\mu$ m) em CF/UENF 686 (Tabela 10).

**Tabela 10.** Dimensões mínimas, máximas e médias de conídios e diâmetro de clamidósporos dos isolados fúngicos *F. fabaceraum* e *F. falciformis* avaliados. C= comprimento mínimo e máximo; C.méd = comprimento médio; L= largura mínima e máxima; L.méd = largura média; D= diâmetro mínimo e máximo; D.méd = diâmetro médio; n = número de estruturas medidas. Campos dos Goytacazes-RJ, 2025.

Estrutura	Isolado	n	C(μm)	C.méd (μm)	L(μm)	L.méd (μm)	D(μm)	D.méd (μm)
Conídios	CF/UENF 683	30	2,2–8,2	6,0	0,3-2,6	1,8	-	-
Conídios	CF/UENF 686	30	2,2-6,5	3,9	1,2-3,2	2,2	-	-
Clamidósporos	CF/UENF 683	30	–	–	–	–	5,3-8,6	6,6
Clamidósporos	CF/UENF 686	30	–	–	–	–	5,5-8,7	7,1

O isolado fúngico CF/UENF682, ainda não identificado ao nível de espécie, apresentou variação morfométrica dos conídios conforme o número de septos, permitindo a distinção entre microconídios (0–1 septo) e macroconídios (2–3 septos) (Tabela 11). Os microconídios asseptados variaram de 5,6–11,6 μm de comprimento (média 8,4 μm) e de 1,2–3,0 μm de largura (média 2,2 μm), e aqueles com 1 septo apresentaram comprimentos de 10,6–24,0 μm (média 15,2 μm) e larguras de 1,9–4,9 μm (média 3,2 μm).

**Tabela 11.** Dimensões (μm) dos conídios com diferentes números de septos e diâmetro dos clamidósporos do isolado de *Fusarium sp.* CF\_UENF682. C = comprimento mínimo e máximo; Cméd = comprimento médio; L = largura mínima e máxima; Lméd = largura média; D = diâmetro mínimo e máximo; Dméd = diâmetro médio; n = número de estruturas medidas. Campos dos Goytacazes-RJ, 2025.

Estrutura	Septos	n	C (μm)	Cméd (μm)	L (μm)	Lméd (μm)	D (μm)	Dméd (μm)
Conídios	0	30	5,6-11,6	8,4	1,2-3,0	2,2	–	–
Conídios	1	30	10,6-24,0	15,2	1,9-4,9	3,2	–	–
Conídios	2	30	20,6-27,1	23,3	3,0-5,5	4,2	–	–
Conídios	3	30	19,8-40,0	28,6	3,0-5,5	4,1	–	–
Clamidósporos	–		–	–	–	–	3,8-5,5	4,8

Os macroconídios com 2 septos variaram de 20,6–27,1 μm de comprimento (média 23,3 μm) e de 3,0–5,5 μm de largura (média 4,2 μm),

enquanto os macroconídios com 3 septos apresentaram comprimentos de 19,8–40,0  $\mu\text{m}$  (média 28,6  $\mu\text{m}$ ) e larguras entre 3,0–5,5  $\mu\text{m}$  (média 4,1  $\mu\text{m}$ ). Os clamidósporos exibiram diâmetro de 3,8–5,5  $\mu\text{m}$  (média 4,8  $\mu\text{m}$ ).

### 3.2.4.3 Teste de patogenicidade

#### 3.2.4.3.1 Método de inoculação

A análise de variância revelou que os isolados fúngicos associados à fusariose em feijoeiro influenciaram diferenças significativas quanto à massa seca da parte aérea e à severidade da doença, evidenciando variabilidade na agressividade dos patógenos. O método de inoculação influenciou significativamente o número de vagens por planta, o comprimento da lesão vascular e a massa fresca da parte aérea, demonstrando diferenças na eficiência de infecção. Foi observada interação significativa entre isolados e métodos de inoculação para as massas fresca e seca da parte aérea, indicando que a resposta das plantas aos isolados foi dependente do método utilizado (Tabela 12).

**Tabela 12.** Análise de variância de isolados fusarioides vs métodos de inoculação para as características número de vagem por planta (NVP), comprimento da lesão vascular (COMPL) e massa fresca da parte aérea (MFPA). Já as características massa seca da parte aérea (MSPA), massa fresca de raiz (MFRZ), massa seca da raiz (MSRZ) e severidade (SEV) em feijão-vagem foram avaliadas em condições de casa de vegetação. Campos dos Goytacazes-RJ, 2024.

FV	GL	QM						
		NVP	COMPL	MFPA	MSPA	MFRZ	MSRZ	SEV
Bloco	2	3,237	7,015	68,815	1,890	2,654	0,152	12,215
Isolado	9	2,026	4,735	40,037	4,709*	2,030	0,372	12,697**
Método	1	20,417*	762,77*	208,82**	4,339	1,531	0,137	15,00
I * M	9	1,166	6,324	100,591**	11,535**	0,972	0,256	6,703
Resíduo	38	1,145	3,492	24,025	1,247	1,213	0,326	3,708
Total	59							
Média		3,35	3,643	19,00	7,351	7,789	5,378	3,133
CV (%)		31,95	51,3	25,79	15,19	14,14	10,62	61,45

(\*\*,\*) significativo a 1% e 5% de probabilidade pelo teste F, respectivamente.

Para massa fresca e seca da parte aérea, foram observadas diferenças significativas entre isolados e entre métodos, confirmando a interação isolado × método detectada na análise de variância. O isolado CF/UENF 686 destacou-se por promover maior redução da biomassa aérea no método 1, enquanto CF/UENF 683, CF/UENF 686 e CF/UENF 688 apresentaram maiores valores no método 2. Quanto à severidade da doença, os isolados CF/UENF 682 e *Fusarium fabacearum* 10 apresentaram os maiores índices em ambos os métodos, caracterizando-se como os mais agressivos (Tabela 13).

**Tabela 13.** Agrupamento de médias das características agrônômicas por isolado fusarioide e método de inoculação: número de vagem por planta (NVP), comprimento da lesão vascular (COMPL), massa fresca da parte aérea (MFPA), massa seca da parte aérea (MSPA), massa fresca de raiz (MFRZ) massa seca da raiz (MSRZ) e severidade (SEV) em feijão-vagem, avaliadas em condições de casa de vegetação. Campos dos Goytacazes-RJ, 2024.

Isolado	Método 1						
	NVP	COMPL	MFPA	MSPA	MFRZ	MSRZ	SEV
CF/UENF 681	3.416Ba	2.250Ba	15.26Aa	7.33Aa	7,886Aa	5,363Aa	3,66Bb
CF/UENF 682	2.833Ba	4.800Ba	19.27Aa	7.79Aa	7,151Aa	5,317Aa	6,00Aa
CF/UENF 683	4.583Ba	2.125Ba	20.36Aa	7.99Aa	7,670Aa	5,358Aa	1,50Bb
CF/UENF 684	3.000Ba	4.266Ba	18.32Aa	7.51Aa	8,423Aa	5,465Aa	2,50Bb
CF/UENF 685	3.100Ba	4.140Ba	20.07Aa	7.92Aa	8,997Aa	5,665Aa	2,40Bb
CF/UENF 686	4.000Ba	3.661Ba	3.56Bb	1.65Bb	7,796Aa	5,332Aa	3,66Bb
CF/UENF 687	3.416Ba	3.550Ba	17.12Aa	7.74Aa	6,913Aa	5,362Aa	1,66Bb
<i>Fusarium fabacearum</i> 10	2.583Ba	3.775Ba	19.79Aa	7.19Aa	8,865Aa	5,450Aa	5,00Aa
CF/UENF 688	3.416Ba	4.641Ba	18.64Aa	7.78Aa	8,273Aa	5,490Aa	2,67Bb
Isolado	Método 2						
	NVP	COMPL	MFPA	MSPA	MFRZ	MSRZ	SEV
CF/UENF 681	3.416Aa	2.250Aa	15.89Ab	4.40Bb	8,103Aa	5,503Aa	3,66Bb
CF/UENF 682	2.833Aa	4.800Aa	15.85Ab	7.31Aa	5,953Aa	4,345Aa	6,00Aa
CF/UENF 683	4.583Aa	2.125Aa	28.02Aa	7.88Aa	7,913Aa	4,708Aa	1,50Bb
CF/UENF 684	3.000Aa	4.266Aa	20.05Ab	7.59Aa	7,818Aa	5,431Aa	2,50Bb

**Tabela 13:** Cont...

Isolado	Método 2						
	NVP	COMPL	MFPA	MSPA	MFRZ	MSRZ	SEV
CF/UENF 685	3.100Aa	4.140Aa	19.82Ab	7.68Aa	7,888Aa	5,558Aa	2,40Bb
CF/UENF 686	4.000Aa	3.661Aa	28.48Aa	9.58Aa	8,118Aa	5,756Aa	3,66Bb
CF/UENF 687	3.416Aa	3.550Aa	18.66Ab	8.06Aa	6,956Aa	5,481Aa	1,66Bb
<i>Fusarium</i> <i>fabacearum</i> 10	2.583Aa	3.775Aa	16.22Ab	7.33Aa	6,841Aa	5,338Aa	5,00Aa
CF/UENF 688	3.416Aa	4.641Aa	23.74Aa	8.21Aa	8,046Aa	5,515Aa	2,67Bb

Letras maiúsculas comparam método dentro de isolados e letras minúsculas comparam isolados dentro de cada método de inoculação. Agrupamento de médias pelo teste Scott-Knott a 5% de probabilidade.

### 3.2.4.3.2 Severidade da doença

A análise de variância revelou efeito significativo dos tratamentos sobre a área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD) para ambos os genótipos avaliados, BRS e L22 ( $p < 0,05$ ), indicando que o progresso da doença foi influenciado pelos tratamentos (isolados fúngicos). Em contraste, o efeito de blocos não foi significativo em nenhuma das análises, demonstrando que a variação observada na AACPD não esteve associada ao fator bloco (Tabela 14).

Para o genótipo BRS, o coeficiente de variação foi de 56,62%, enquanto para L22, foi de 64,03%, indicando elevada variabilidade experimental em ambos os casos. Valores elevados de coeficiente de variação são comuns em avaliações relacionadas à severidade de doenças, em razão da natureza biológica e da influência de fatores ambientais no progresso da doença (Tabela 14).

**Tabela 14.** Análise de variância da área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD) para os genótipos BRS Estilo e L22 de feijão-vagem, em função de diferentes isolados de fungos causadores de fusariose em feijoeiro, avaliados em condições de casa de vegetação. Campos dos Goytacazes–RJ, 2025.

<b>Genótipo</b>	<b>Fonte</b>	<b>GL</b>	<b>QM</b>
<b>BRS</b>	Tratamentos	7	1.499,56*
	Blocos	8	866,69 <sup>ns</sup>
	Resíduo	56	565,49
	Total	71	
	Média	42,00	
	CV (%)	56,62	
	<b>L22</b>	Tratamentos	7
Blocos		8	1.351,30 <sup>ns</sup>
Resíduo		56	1.102,20
Total		71	
Média		51,60	
CV (%)		64,03	

(\*) significativo a 5% de probabilidade pelo teste F. (ns) não significativo

As médias dos isolados foram comparadas pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade. Para BRS, os isolados fúngicos foram agrupados em dois grupos distintos, sendo que os isolados CF/UENF 682, CF/UENF 688, CF/UENF 684 e CF/UENF 685 apresentaram os menores valores de AACPD, caracterizando menor progresso da doença. Por outro lado, os isolados CF/UENF 683, CF/UENF 681, CF/UENF 687 e CF/UENF 686 apresentaram as maiores médias de AACPD, indicando maior severidade da doença (Tabela 15).

Para o genótipo L22, o teste de Scott-Knott também separou os tratamentos em dois grupos. Os tratamentos CF/UENF 683 e CF/UENF 685 apresentaram os menores valores de AACPD, enquanto os tratamentos CF/UENF 684, CF/UENF 681, CF/UENF 687, CF/UENF 682, CF/UENF 688 e CF/UENF 686 apresentaram médias significativamente mais elevadas, indicando maior progresso da doença nesse genótipo (Tabela 15).

**Tabela 15.** Agrupamento das médias da área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD) para os genótipos BRS Estilo e L22 de feijão-vagem, de diferentes isolados de fúngicos causadores de fusariose em feijoeiro, em condições de casa de vegetação. Campos dos Goytacazes–RJ, 2025.

Isolado	BRS Estilo	L22
CF/UENF 681	54,44 a	62,44 a
CF/UENF 682	38,89 b	58,33 a
CF/UENF 683	56,78 a	26,44 b
CF/UENF 684	25,67 b	72,33 a
CF/UENF 685	24,11 b	25,67 b
CF/UENF 686	49,78 a	52,89 a
CF/UENF 687	51,33 a	59,11 a
CF/UENF 688	35,00 a	57,56 a
Médias	42,00	51,60

Médias seguidas da mesma letra, dentro de cada genótipo, não diferem entre si pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade.

### 3.2.5 DISCUSSÃO

#### 3.2.5.1 Relação filogenética

A análise filogenética multilocus permitiu a precisa delimitação taxonômica dos isolados fusarioides avaliados, evidenciando sua distribuição em clados distintos dentro de *Fusarium* stricto sensu e *Neocosmospora*. Observou-se que um grupo de isolados segregou-se no clado correspondente a *Fusarium fabacearum*, apresentando alto suporte de bootstrap e agrupando-se com sequências de referência de bancos de dados genômicos. Este resultado confirma as classificações filogenéticas contemporâneas, que estabelecem *F. fabacearum* como uma espécie distinta no complexo de espécies de *Fusarium*, frequentemente associada a leguminosas (LOMBARD et al., 2019; CROUS et al., 2021, 2022).

Em complemento, um segundo conjunto de isolados agrupou-se de forma consistente no clado de *Neocosmospora falciformis*, também com elevado suporte estatístico e alta similaridade com isolados da espécie. A clara distinção filogenética entre os clados de *Fusarium* e *Neocosmospora* ratifica a necessidade de abordagens baseadas em DNA para a diagnose precisa de patógenos do complexo fusarioide, considerando que a caracterização morfológica, isoladamente, pode conduzir a identificações equívocas, dada a plasticidade fenotípica desses fungos (SANDOVAL-DENIS et al., 2018; LOMBARD et al., 2019).

A presença de isolados patogênicos distribuídos em linhagens filogenéticas distintas indica que a murcha-de-fusário em feijoeiro pode estar associada a um complexo de espécies fusarioides, não a um único táxon. Esse padrão encontra respaldo em literatura prévia, que evidencia a elevada diversidade genética entre isolados associados a doenças vasculares em leguminosas, incluindo o feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.) (O'DONNELL et al., 1998; GEISER et al., 2013; LEITÃO et al., 2020).

Sob a perspectiva epidemiológica e do manejo da doença, tal diversidade filogenética é particularmente relevante, uma vez que diferentes espécies e linhagens dentro do complexo fusarioide podem exibir variações marcantes quanto à agressividade, adaptação ao hospedeiro e suscetibilidade a estratégias de controle, notadamente no que tange à resistência genética. Nesse contexto, estudos recentes de associação genômica em feijoeiro têm demonstrado que a resistência à murcha-de-fusário tem caráter quantitativo, sendo fortemente influenciada por interações específicas entre genótipos do hospedeiro e a diversidade populacional do patógeno (BATISTA et al., 2016; PAULINO et al., 2021; CHIWINA et al., 2023)

Adicionalmente, a rigorosa delimitação taxonômica dos isolados, como executada neste estudo, é imprescindível para assegurar a reprodutibilidade e a comparabilidade entre ensaios de patogenicidade, seleção de genótipos resistentes e padronização de métodos de inoculação. Tal precisão é necessária visto que distintas espécies integrantes do complexo fusarioide podem exibir respostas biológicas divergentes sob condições experimentais controladas (LESLIE; SUMMERELL, 2006; GEISER et al., 2013; CROUS et al., 2022; BUGINGO et al., 2025; DUTTA et al., 2025).

Quanto ao isolado que apresentou posicionamento divergente dentro do gênero *Fusarium*, sem associação direta a uma espécie de referência, os dados sugerem a ocorrência de variação intraespecífica acentuada ou a presença de uma linhagem ainda sub-representada em bancos de dados genômicos públicos. A formação de ramos isolados em topologias moleculares é recorrente, refletindo a escassez de sequências comparativas no GenBank ou o dinamismo taxonômico inerente ao gênero, frequentemente submetido a revisões nomenclaturais (CROUS et al., 2021).

Em conjunto, estes resultados evidenciam a importância das análises multiloci para a resolução de relações evolutivas em grupos taxonômicos que exibem elevada plasticidade morfológica e grande diversidade genética. A identificação de *F. fabacearum* e de *N. falciformis* como linhagens predominantes nos materiais analisados aprimora o entendimento sobre a etiologia das murchas e podridões radiculares em feijoeiro, fornecendo subsídios fundamentais para o refinamento de estratégias de manejo e para o sucesso nos programas de melhoramento visando à resistência genética.

#### **3.2.5.1.1 Isolado CF/UENF682**

O isolado CF/UENF682 posicionou-se em um clado independente em relação a todas as espécies de referência utilizadas nas análises, evidenciando tratar-se de uma linhagem geneticamente distinta. Conforme proposto por Taylor et al. (2000) e O'Donnell et al. (2022), a formação de ramos isolados e estáveis em filogenias baseadas em marcadores conservados (*TEF1*, *RPB2* e *TUB2*) sinaliza a interrupção do fluxo gênico, constituindo um critério robusto para o reconhecimento de novas unidades evolutivas.

A análise morfométrica do isolado CF/UENF682 revelou características distintas em relação aos demais grupos identificados, enquanto os macroconídios de *F. fabacearum* e *N. falciformis* apresentaram comprimentos médios inferiores a 6,0 µm e os macroconídios do isolado CF/UENF682 exibiram um aumento progressivo e significativo conforme a septação, atingindo médias de até 28,62 µm (3 septos). Além da disparidade métrica, a abundância de microconídios em formato falcado e a disposição dos clamidósporos em cadeia reforçam um padrão morfológico que diverge das descrições clássicas para as espécies prevalentes

no patossistema (SANDOVAL-DENIS et al., 2018; LOMBARD et al., 2019). A formação de ramos solitários e estáveis nas filogenias concatenadas, aliada a essas evidências morfológicas, posiciona este isolado como um potencial novo táxon dentro do complexo de espécies fusarioides.

A correta identificação e a descrição de novos patógenos fusarioides associados a plantas cultivadas têm elevada relevância taxonômica e fitopatológica. Por muito tempo, a etiologia da murcha-de-fusário em feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.) foi atribuída a um conjunto restrito de táxons. Entretanto, revisões taxonômicas recentes, alicerçadas em filogenia multilocus e dados genômicos, têm revelado que a diversidade de fungos associados a doenças vasculares é substancialmente maior do que o inicialmente suposto, abarcando uma ampla gama de linhagens crípticas e espécies inéditas (CROUS et al., 2022; WANG et al., 2022; GOMEZ-CHAVARRIA et al., 2024; BUGINGO et al., 2025).

Este cenário de complexidade taxonômica não é exclusivo do feijoeiro, sendo amplamente documentado em culturas de grande importância econômica, como tomateiro, bananeira, algodoeiro e soja. Nesses patossistemas, diferentes espécies e linhagens de fusarioides podem induzir sintomas similares, embora exibam variações cruciais quanto à agressividade, especificidade ao hospedeiro e resposta a estratégias de manejo (LESLIE; SUMMERELL, 2006; SANDOVAL-DENIS et al., 2018; LOMBARD et al., 2019). Identificações taxonômicas imprecisas nestes contextos podem ocultar a real diversidade de patógenos envolvidos, comprometendo a precisão de estudos epidemiológicos, estratégias de controle e a interpretação de ensaios de resistência genética.

Nesse sentido, a descoberta do novo isolado CF/UENF682 na região de Campos dos Goytacazes, área de sucessivos cultivos experimentais de feijoeiro, reforça a hipótese de que a diversidade de patógenos em sistemas produtivos locais pode estar subestimada.

No caso específico do feijoeiro, evidências alicerçadas em abordagens genômicas e filogenéticas multilocus demonstram que a resistência à murcha-de-fusário deriva de interações complexas entre o genótipo do hospedeiro e a diversidade populacional do patógeno, sublinhando a necessidade de uma delimitação precisa das espécies (BATISTA et al., 2016; PAULINO et al., 2021; CHIWINA et al., 2023). Nesse contexto, a adoção de uma abordagem integrativa, combinando filogenia multilocus e caracterização morfológica detalhada, revela-se

indispensável, não apenas para a diagnose confiável de isolados conhecidos, mas também para o reconhecimento de novos táxons associados a plantas cultivadas (GEISER et al., 2013; WANG et al., 2022).

Em síntese, a descrição formal desta espécie é imperativa, transcendendo o refinamento da sistemática do gênero *Fusarium*, tendo em vista que ela constitui um subsídio fundamental para a compreensão da etiologia da murcha no Norte Fluminense. Este avanço é determinante para o desenvolvimento de protocolos de triagem mais rigorosos em programas de melhoramento, assegurando que a seleção de genótipos superiores, a exemplo da linhagem L45, contemple a resistência a este patógeno emergente (GEISER et al., 2021; O'DONNELL et al., 2022).

### **3.2.5.2 Patogenicidade**

#### **3.2.5.2.1 Método de inoculação**

A padronização dos métodos de inoculação é um pilar fundamental em estudos fitopatológicos, uma vez que a via de introdução do patógeno modula a cinética de colonização, a severidade dos sintomas e a reprodutibilidade dos ensaios. A seleção da técnica deve ser intrínseca ao ciclo biológico do patógeno e ao seu sítio preferencial de infecção. Nesse sentido, para fungos habitantes do solo como as espécies do complexo *Fusarium* e *Neocosmospora*, métodos que privilegiam o contato direto com o sistema radicular, como a imersão de raízes em suspensão de conídios ou a infestação controlada do substrato, são cruciais para mimetizar as condições naturais de infecção e a posterior colonização vascular (RIBEIRO; HAGEDORN, 1979; LESLIE; SUMMERELL, 2006; PAULINO et al., 2020a).

Além de mitigar o erro experimental, protocolos de inoculação rigorosamente padronizados asseguram que a severidade observada seja atribuída, de forma fidedigna, ao potencial patogênico do isolado avaliado, conferindo maior robustez às análises de resistência do hospedeiro (GORDON; MARTYN, 1997; PAULINO et al., 2021). Por óbvio, o rigor metodológico nesta etapa é imperativo para a elucidação dos mecanismos de patogênese e fornece os subsídios técnicos necessários para o desenvolvimento de estratégias de

manejo e para o sucesso de programas de melhoramento genético (DUTTA et al., 2025).

Os resultados demonstram que o método de inoculação exerce influência significativa na expressão da murcha-de-fusário em feijão-vagem, modulando de forma distinta a biomassa da parte aérea. A significância estatística do efeito do método e da interação 'isolado × método' para massa fresca e seca indica que a via de introdução do patógeno altera a eficiência de infecção e colonização por *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*, confirmando estudos que enfatizam a necessidade de padronização rigorosa em ensaios fitopatológicos (GEISER et al., 2013; MACHADO et al., 2019; CROUS et al., 2022; BUGINGO et al., 2025).

O método de corte de raízes (Método 1) promoveu a expressão mais severa dos sintomas em determinados isolados, refletida pela redução acentuada da biomassa aérea. Este resultado é consistente com a literatura, visto que métodos de inoculação que promovem injúrias radiculares facilitam o acesso direto do patógeno aos tecidos vasculares, acelerando o ciclo de colonização e intensificando a sintomatologia (PASTOR-CORRALES; ABAWI, 1987; DI PIETRO et al., 2003; DUTTA et al., 2025). Conseqüentemente, este método se revela superior quando o objetivo experimental é maximizar a diferenciação de agressividade entre isolados ou superar potenciais barreiras físicas de resistência, forçando a expressão do potencial patogênico do fungo.

Em contrapartida, o método do palito colonizado (Método 2) apresentou vantagens operacionais relevantes, destacando-se pela maior praticidade de execução, minimização de danos mecânicos ao sistema radicular e maior potencial de reprodutibilidade entre ensaios. Embora promova uma colonização mais gradual em comparação ao corte de raízes, este método demonstrou sensibilidade suficiente para diferenciar isolados em relação à agressividade, consolidando-se como uma ferramenta eficaz para avaliações comparativas. Estudos recentes enfatizam que métodos de inoculação menos traumáticos reduzem o estresse fisiológico não associado ao patógeno, conferindo maior consistência aos dados fenotípicos, permitindo inferências mais acuradas sobre a resistência do hospedeiro (ABAWI; PASTOR-CORRALES, 1990; LESLIE; SUMMERELL, 2006; SINGH et al., 2023).

Embora a extensão da lesão vascular seja um critério clássico de avaliação da murcha-de-fusário, a elevada variabilidade observada nesta variável

pode ter limitado a discriminação estatística entre os isolados. A literatura indica que este parâmetro é fortemente influenciado pelo estágio fenológico do hospedeiro e pelo momento da avaliação, sendo recomendado que sua interpretação seja sempre integrada a outras métricas, como a severidade dos sintomas foliares e a redução da biomassa (PAULINO et al., 2020b; LEITÃO et al., 2020).

Em síntese, os resultados obtidos indicam que o método do palito colonizado é altamente recomendável para ensaios de patogenicidade e triagens de germoplasma em larga escala, pois alia eficácia na indução da murcha à viabilidade operacional e a uma maior reprodutibilidade. Alternativamente, o método de corte de raízes configura-se como uma ferramenta robusta para estudos que exijam pressão elevada de inóculo ou uma caracterização minuciosa da agressividade de isolados de *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*, permitindo a distinção de variações sutis na virulência sob condições de alta severidade (CASTELLANOS et al., 2016; CHIWINA et al., 2023)

### **3.2.5.2.2 Severidade da doença**

Os isolados que apresentaram os maiores valores de AACPD podem ser classificados como os mais agressivos no patossistema *Phaseolus vulgaris* L. × *Fusarium* spp., considerando que promoveram taxas de progresso da doença mais acentuadas ao longo do tempo. Em especial, o isolado CF/UENF 684 destacou-se por induzir os níveis mais elevados de AACPD no genótipo L22, evidenciando uma capacidade superior de colonização vascular e de estabelecimento da infecção neste hospedeiro. De forma análoga, os isolados CF/UENF 681 e CF/UENF 687 exibiram alta patogenicidade em ambos os genótipos avaliados, consolidando-se como linhagens representativas para estudos epidemiológicos e de triagem de resistência em feijoeiro (ABAWI; PASTOR-CORRALES, 1990; LESLIE; SUMMERELL, 2006).

A expressiva variabilidade fenotípica observada entre os isolados confirma a plasticidade patogênica intrínseca aos fungos do complexo *Fusarium*, fenômeno extensivamente documentado em fitopatologia (RIBEIRO; HAGEDORN, 1979; SINGH; SCHWARTZ, 2011). Essa diversidade afeta diretamente os programas de melhoramento, posto que a resistência de um

genótipo pode ser superada ou mascarada conforme o potencial de agressividade do inóculo. Linhagens que expressam resistência parcial frente a isolados de baixa virulência podem exibir suscetibilidade quando submetidas a isolados de alta severidade, o que demanda cautela e rigor na seleção de fontes de resistência estáveis (NEGREIROS et al., 2020; DUTTA et al., 2025).

Nesse contexto, a utilização de isolados de agressividade superior, como o CF/UENF 684, o CF/UENF 681 e o CF/UENF 687, torna-se estratégica, pois incrementa a pressão de seleção nos ensaios de melhoramento. O emprego de inóculos de alto potencial patogênico confere maior poder discriminatório ao experimento, reduzindo a probabilidade de selecionar genótipos com resistência instável ou baseada em "escape", os quais seriam erroneamente classificados como promissores sob condições de baixa pressão de infecção (HENRIQUE et al., 2015; PAULINO et al., 2021; CHIWINA et al., 2023).

Embora o isolado CF/UENF 682 não tenha figurado entre os mais agressivos, seu comportamento diferencial entre a cultivar BRS Estilo e a linhagem L22 evidencia a importância da interação genótipo × isolado na modulação da doença. Considerando, ainda, que este isolado ocupou um posicionamento filogenético independente, sua inclusão em ensaios futuros é indispensável. Tal análise poderá elucidar se este táxon tem padrões específicos de adaptação ao hospedeiro, contribuindo para uma compreensão mais holística da diversidade funcional e evolutiva dos fusarioides associados ao feijoeiro (LOMBARD et al., 2019; O'DONNELL et al., 2022).

Em suma, os resultados reforçam que a seleção criteriosa de isolados, priorizando aqueles com maior agressividade, é um passo fundamental para o avanço das investigações sobre a epidemiologia da murcha-de-fusário e para a obtenção de genótipos com resistência horizontal robusta e durável.

### 3.2.6 CONCLUSÕES

A análise multilocus identificou *Fusarium fabacearum* e *Neocosmospora falciformis* como as espécies predominantes associadas à murcha-de-fusário na região de Campos dos Goytacazes-RJ.

O isolado CF/UENF 682 apresentou filogenia independente e morfologia divergente, consolidando-se como um novo táxon dentro do complexo de espécies *Fusarium oxysporum*.

O palito colonizado destacou-se pela alta viabilidade operacional e reprodutibilidade, enquanto o corte de raízes maximizou a severidade ao quebrar barreiras físicas radiculares.

Os isolados CF/UENF 684, CF/UENF 681 e CF/UENF 687 foram os mais agressivos, induzindo maior progresso da doença (AACPD).

A interação genótipo x hospedeiro influenciou a expressão da doença, evidenciada pelo comportamento diferencial do isolado CF/UENF 682 entre o feijão-comum 'BRS Estilo' e a linhagem de feijão-vagem L22.

A etiologia da murcha-de-fusário está associada a um complexo de espécies, tornando a diagnose molecular mandatória para orientar programas de melhoramento visando à resistência durável.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Abawi, G. S., Pastor-Corrales, M. A. (1990) Compendium of bean diseases. Saint Paul: APS Press. 73p.
- Abebe, T., Fenta, B. A., Setotaw, T. A., Feyissa, T., Mukankusi, C., Tumesa, K. (2025a) Traits profiling and genotype selection in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) in Ethiopia using the GT and GYT biplot analyses. *Legume Science*. 7: e70056.
- Abebe, T., Tarekegn, G., Mulualem, T. (2025b) Genotype by trait (GT) biplot analysis for selecting superior common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) genotypes. *Scientific Reports*. 15:1-12.
- Acosta-Gallegos, J. A., Kelly, J. D., Gepts, P. (2007) Pré-melhoramento em feijão comum e uso da diversidade genética de germoplasma selvagem. *Crop Science*. 47:44–59.
- Albuquerque, D. P., Entringer, G. C., Gravina, G. A., Cruz, D. P., Pereira, I. M., Leite, C. L., Teixeira, D. H. L., Vivas, M., Daher, R. F. (2024) F2 population of snap bean (*Phaseolus vulgaris* L.) potential for use in breeding programs. *Genetics and Molecular Research*. 23:gmr2301.
- Alfenas, C. A., Mafia, R. G. (2016) Métodos em fitopatologia. Vol. 2, Viçosa-UFV, 516p.

- Allard, R. W. (1971) Princípios do melhoramento genético das plantas. Rio de Janeiro: Edgard Blucher. 381p.
- Altschul, S. F. (2016) Basic Local Alignment Search Tool. *Journal of Molecular Biology*. 215:403-410.
- Alves, A. L., Silva, T. V., Mattos, J. L. S., Santos, A. C. S., Melo, R. F. R., Tiago, P. V. (2024) Fusarioid fungi in soils of agroecological polycultures and tropical dry forest in rural Triunfo, Brazil: insights into sustainable agricultural management. *Acta Botanica Brasilica*. 38: e20230165.
- Asefa, T. T., Obsa, B. T., Fenta, B. A., Abdullahi, I. A. (2023) GT BIPLLOT analysis for yield stability of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) varieties in Hararghe, Eastern Ethiopia. *SSRN Electronic Journal*. doi:10.2139/ssrn.4335871.
- Asfaw, A., Blair, M. W., Almekinders, C. (2009) Diversidade genética e estrutura populacional de variedades crioulas de feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) das terras altas da África Oriental. *Genética Teórica e Aplicada*. 120:1–12.
- Badu-Apraku, B., Akinwale, R. (2011) Cultivar evaluation and trait analysis of tropical early maturing maize under *Striga*-infested and *Striga*-free environments. *Field Crops Research*. 121:186-194.
- Barshan, E., Ghodsi, A., Azimifar, Z., Jahromi, M. Z. (2011) Supervised principal component analysis: Visualization, classification and regression on subspaces and submanifolds. *Pattern Recognition*. 44:1357-1371.
- Batista, R. O., Cruz e Oliveira, A. M., Silva, J. L. O., Nicoli, A., Carneiro, P. C. S., Carneiro, J. E. S., Paula Júnior, T. J., Queiroz, M. V. (2016) Resistência à murcha-de-fusarium em feijoeiro comum. *Melhoramento de Culturas e Biotecnologia Aplicada*. 16:226–233.
- Batista, R. O., Leite, T. S., Nicoli, A., Carneiro, J. E. S., Carneiro, P. C. S., Paula Júnior, T. J., Queiroz, M. V. (2019) Infection and colonization of common bean by EGFP transformants of *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*. *Genetics and Molecular Research*. 18: gmr18370.

- Becker, H. C., Leon, J. (1988) Stability analysis in plant breeding. *Plant Breeding*. 101:1-23.
- Begerow, D., Nilsson, H., Unterseher, M., Maier, W. (2010) Current state and perspectives of fungal DNA barcoding and rapid identification procedures. *Applied Microbiology and Biotechnology*. 99-108.
- Borém, A., Miranda, G. V. (2005) *Melhoramento de Plantas*. 4. ed. Viçosa: Editora UFV, v. 1. 525 p.
- Borba, M. C., Garces-Fiallos, F. R., Stadnik, M. J. (2017) Reactions of black bean seedlings and adult plants to infection by *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*. *Crop Protection*. 96:221-227.
- Brasil. (2015) Ato no. 4 de 13 de julho de 2015. Instruções para execução dos experimentos de distinguibilidade, homogeneidade e estabilidade de cultivares de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.). Diário Oficial da República Federativa do Brasil. seção 1:2-4.
- Bugingo, C. et al. (2025) From Morphology to Multi-Omics: A New Age of *Fusarium* Research. *Pathogens*. 14:762.
- Castellane, P., Carvalho, N. (1988) Feijão-vagem (*Phaseolus vulgaris* L.): Cultivo e produção de sementes. Ed. Funep. p.60.
- Castellani, A. (1939) Viability of some pathogenic fungi in distilled water. *Journal of Tropical Medicine and Hygiene*. 42:225-226.
- Castellamos, G., Jara, C., Mosquera, G. (2016) *Patógenos do feijão: guia prático para trabalho em laboratório e estufa*. 2ª edição. Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT). Cali, CO.
- Castiano, B. U. L., Kimurto, P. K., Ojwang, P. P. O. (2023) Stability of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) genotypes for root system architecture and seed yield in multi-environments. *Field Crops Research*. 293:108863.
- Ceccon, F., Davide, L. M. C., Gonçalves, M. C., Santos, A. D., Lourente, E. P. R. (2021) GGE-biplot de índice multivariado para seleção de progênies de milho

para associação eficiente com *Azospirillum brasiliense*. Revista Caatinga. 34:739–751.

Chaves, L. J. (2001) Interação de genótipos com ambientes. In: Recursos genéticos & melhoramento de plantas. Rondonópolis: Fundação MT. 1183p.

Checa, O. E., Blair, M. W. (2008) Mapping QTL for climbing ability and component traits in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Molecular Breeding. 22:201-205.

Chiwina, K., Xiong, H., Bhattarai, G., Dickson, R. W., Phiri, T. M., Chen, Y., Alatawi, I., Dean, D., Joshi, N. K., Chen, Y., Riaz, A., Gepts, P., Brick, M., Byrne, P. F., Ogg, J. B., Otto, K., Fall, A., Gilbert, J., Shi, A. (2023) Estudo de associação genômica ampla e predição genômica da resistência à murcha-de-fusarium em uma coleção central de feijão comum. International Journal of Molecular Sciences. 24:153.

Coelho Neto, R. A., Dhingra, O. D. (1996) Method for evaluating bean genotype reaction to *Macrophomina phaseolina*. Fitopatologia Brasileira. 21:236-242.

Conab. (2024) Série Histórica das Safras. Companhia Nacional de Abastecimento.

Crous, P. W. et al. (2019) Folhas de descrição do Fungal Planet: 951–1041. Personônia. 43:223–425.

Crous, P. W. et al. (2021) *Fusarium* mais do que um nó ou uma célula do pé. Estudos em Micologia. 100:100116.

Crous, P. W. et al. (2022) Fungal Planet description sheets: 1383-1435. Persoonia. 48:261-371.

Crous, P. W. et al. (2024) *Mjuua agapanthi* gen. et sp. nov., a biotrophic mycoparasite of *Fusarium* spp. Fungal Systematics and Evolution. 13:153-161.

Cruz, C. D., Carneiro, P. C. S. (2003) Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa: Ed. UFV, v. 2, 585 p.

- Cruz, C. D., Regazzi, A. J. (2001) Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 2. ed. Viçosa: UFV, 390p.
- Cruz, C. D., Regazzi, A. J., Carneiro, P. C. S. (2006) Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 4. ed. Viçosa: UFV, 390 p.
- Cruz, C. D., Regazzi, A. J., Carneiro, P. C. S. (2012) Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. v. I. 3 ed. Viçosa: UFV, 480p.
- Cruz, C. D., Regazzi, A. J., Carneiro, P. C. S. (2020) Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa: UFV, v. 1, p. 1-635.
- Cruz, D. P., Gravina, G. A., Oliveira, T. R. A., Gomes, A. B. S., Silva, C. Q., Vivas, M., Araújo, K. C., Daher, R. F., Gravina, L. M., Moraes, R., Silva, V. B. (2018) Selection of progenies of snap beans using mixed models (REML/BLUP). *Genetics and Molecular Research*. 17:gmr16039914.
- Cruz, D. P., Gravina, G. A., Vivas, M., Amaral Júnior, A. T., Daher, R. F., Souza Filho, B. F., Leite, C. L., Freitas, R. S., Santos, P. R., Costa, A. F., Melo, L. C. (2020) Análise da adaptabilidade e estabilidade fenotípica de linhagens de feijão-caupi através da abordagem biplot GGE. *Euphytica*. 160. doi:10.1007/s10681-020-02693-9.
- Di Pietro, A., Madrid, M. P., Caracuel, Z., Delgado-Jarana, J., Roncero, M. I. (2003) *Fusarium oxysporum*: exploring the molecular arsenal of a vascular wilt fungus. *Molecular Plant Pathology*. 4:315-325.
- Dutta, R., Jayalakshmi, K., Kumar, S., Tiwari, S. K., Chandrakanth, N., Upadhyay, R. K., Singh, M., Sharma, J. P., Rai, A. B. (2025) Standardization of inoculation protocols for artificial infection by *Fusarium acutatum* and *Fusarium falciforme* causing onion basal rot. *Scientific Reports*. 15:39648.
- Dyulgerova, B., Dyulgerov, N. (2023) Biplot genótipo x rendimento\*característica para avaliação de genótipos em cevada de inverno. *AGROFOR International Journal*. 8:61–68.
- Eberhart, S. A., Russell, W. A. (1966) Stability parameters for comparing varieties. *Crop Science*. 6:36-40.

- Edgar, R. C. (2004) MUSCLE: Multiple sequence alignment with high accuracy and high throughput. *Nucleic Acids Research*. 32:1792–1797.
- El Sheikha, A. F., Allam, A. Y., Taha, M., Varzakas, T. (2022) How Does the Addition of Biostimulants Affect the Growth, Yield, and Quality Parameters of the Snap Bean (*Phaseolus vulgaris* L.)? How Is This Reflected in Its Nutritional Value. *Applied Sciences*. 12:776.
- FAOSTAT. (2018) Statistical Databases. Food and Agriculture Organization of the United Nations.
- Fernandez de C., F., Gepts, P., Lopez, M. (1986) Etapas de desenvolvimento da planta de feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.). Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT). Cali, CO.
- Ferreira, D. F., Demérito, C. G. B., Manly, B. R. J., Machado, A. A., Vencovsky, R. (2006) Statistical models in agriculture: biometrical methods for evaluating phenotypic stability in plant breeding. *Cerne*. 12:373-388.
- Ferreira, E. B., Cavalcanti, P. P., Nogueira, D. A. (2014) ExpDes.pt: Pacote Experimental Designs (Portuguese). *Applied Mathematics*. 05:2952–2958.
- Filgueira, F. A. R. (2013) Novo manual de Olericultura: agrotecnologia moderna na produção e comercialização de hortaliças. 3. ed. rev. ampl. Viçosa: UFV, 421p.
- Fukuji, A. Y. S., Constantino, L. V., Zeffa, D. M., Andrade, F. A., Silva, M. B., Gonçalves, L. S. A. (2019) Amino acid concentration, total phenolic compound content and antioxidant activity of snap bean genotypes. *Brazilian Journal of Food Technology*. 22:e2018069.
- Gabriel, K. R. (1971) The biplot graphic display of matrices with application to principal component analysis. *Biometrika*. 58:453-467.
- Gayosso Barragán, O., Acosta Gallegos, J. A., Alcalá Rico, J. S. G. J., Jiménez Hernández, Y., Chávez Aguilar, G., Chávez Díaz, I. F., Aranda Lara, U. (2025) Genotype x Environment interaction and yield stability of “Pinto” bean

- (*Phaseolus vulgaris* L.) lines in a semi-arid region of Mexico. *Agriculture*. 15:2150.
- Geiser, D. M. et al. (2013) One Fungus, One Name: Defining the Genus *Fusarium* in a Scientifically Robust Way That Preserves Longstanding Use. *Phytopathology*. 103:400-408.
- Geiser, D. M. et al. (2021) Phylogenomic analysis of a 55.1-kb 19-gene dataset resolves a monophyletic *Fusarium* that includes the *Fusarium solani* species complex. *Phytopathology*. 111:1064-1079.
- Gepts, P. (2006) Conservação e utilização de recursos genéticos vegetais. *Crop Science*. 46:2278–2292.
- Gepts, P., Debouck, D. G. (1991) Origin, domestication, and evolution of the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). In: *Common beans: research for crop improvement*. Cali: CIAT, p. 7-53.
- Gepts, P., Osborn, T. C., Rasca, K., Bliss, F. A. (1986) Phaseolin-protein variability in wild forms and landraces of the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.): evidence for multiple centers of domestication. *Economic Botany*. 40:451-468.
- Glass, N. L., Donaldson, G. C. (1995) Development of primer sets designed for use with the PCR to amplify conserved genes from filamentous ascomycetes. *Applied and Environmental Microbiology*. 61:1323-1330.
- Gomes, A. B. S., Oliveira, T. R. A., Cruz, D. P., Gravina, G. A., Daher, R. F., Araújo, L. C., Araújo, K. C. (2018) Genetic gain via REML/BLUP and selection indices in snap bean. *Horticultura Brasileira*. 36:195-198.
- Gomes, A. B. S., Oliveira, T. R. A., Gravina, G. A., Cruz, D. P., Sant'anna, C. Q. S. S., Daher, R. F., Araújo, L. C., Araújo, K. C., Oliveira, G. H. F., Rocha, R. S., Pereira, I. M. (2019) Combining ability in snap bean lines in Brazil. *Genetics and Molecular Research*. 18:gmr18214.
- Gomez-Chavarria, D. A., Rua-Giraldo, A. L., Alzate, J. F. (2024) An evolutionary view of the *Fusarium* core genome. *BMC Genomics*. 25:304.

- Gordon, T. R., Martyn, R. D. (1997) The evolutionary biology of *Fusarium oxysporum*. Annual Review of Phytopathology. 35:111-128.
- Hair, J. F., Black, W. C., Babin, B. J., Anderson, R. E., Tatham, R. L. (2009) Análise multivariada de dados. 6. ed. Porto Alegre: Bookman.
- Hamasaki, R. I., Braz, L. T., Purquerio, L. F. V., Peixoto, N. (1998) Comportamento de novas cultivares de feijão-vagem em Jaboticabal-SP. In: Congresso Brasileiro de Olericultura, 38. Petrolina: SOB.
- Hao, J., Song, F., Cui, X., Hua, Z., Wu, Z., Wang, J., Chen, M., Zhang, X. (2023) Genetic diversity and population structure of snap bean (*Phaseolus vulgaris* L.) from China revealed by microsatellite markers. Crop Science. 63:1340-1356.
- Hassanpanah, D. (2010) Analysis of GxE interaction by using the additive main effects and multiplicative interaction in potato cultivars. International Journal of Plant Breeding and Genetics. 4:23-29.
- Henrique, F. H., Carbonell, S. A. M., Chiorato, A. F., Gonçalves, J. G. R., Perina, E. F., Carneiro, P. C. S., Barros, E. G., Moreira, M. A. (2015) Classificação das raças fisiológicas de *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli* L. em feijoeiro comum. Bragantia. 74:84–92.
- Hongyu, K. (2015) Comparação do GGE biplot ponderado e AMMI-ponderado com outros modelos de interação genótipo x ambiente. Tese (Doutorado) - ESALQ, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 155p.
- Hoogerheide, E. S. S. (2004) Estabilidade fenotípica de cultivares de algodoeiro herbáceo em diferentes sistemas de produção no estado do Mato Grosso. Dissertação (Mestrado) - ESALQ, Universidade de São Paulo, 90p.
- IBGE. (2024) Produção de feijão. Rio de Janeiro: Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística.
- Ibrahim, M., Kotas, P., Mäkelä, K. (2017) Communities of fungal endophytes in leaves of *Fraxinus ornus* are highly diverse. Fungal Biology. 121:325-337.

- James, T. Y., Kauff, F., Schoch, C. L., et al. (2006) Reconstructing the early evolution of Fungi using a six-gene phylogeny. *Nature*. 443:818-822.
- Khan, M. M. H., Rafii, M. Y., Izan, S. M., Jusoh, M., Al-Mamun, M. (2021) Análise de biplot AMMI e GGE para avaliação do desempenho de rendimento e estabilidade de genótipos selecionados de amendoim-bambara (*Vigna subterranea* L. Verdc.) em ensaios multiambientais. *Scientific Reports*. 11:22791.
- Lavoranti, O. J., Dias, C. T. S., Vencovsky, R. (2002) Estudo da estabilidade e adaptabilidade fenotípica de progênies de *Eucalyptus grandis*, via metodologia AMMI. *Boletim de Pesquisa Florestal*. 44:107-124.
- Leitão, S. T., Dantas, A. K., Rubiales, D., Vaz Patto, M. C. (2020) Exploring the diversity of *Phaseolus vulgaris* L. resistance to *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*. *Frontiers in Plant Science*. 11:574753.
- Leslie, J. F., Summerell, B. A. (2006) Morphological Characters. *The Fusarium Laboratory Manual*. John Wiley & Sons, Ltd, pp 111–119.
- Liu, Y. J., Whelen, S., Hall, B. D. (1999) Phylogenetic relationships among ascomycetes: evidence from an RNA polymerase II subunit. *Molecular Biology and Evolution*. 16:1799–1808.
- Lombard, L., Sandoval-Denis, M., Lamprecht, S. C., Crous, P. W. (2019) Epitypificação de *Fusarium oxysporum* – esclarecendo o caos taxonômico. *Persoonia*. 43:1–47.
- Ma, B. L., Yan, W., Dwyer, L. M., Fregeau-Reid, J., Voldeng, H. D., Dion, Y., Nass, H. (2004) Graphic analysis of genotype, environment, nitrogen fertilizer, and their interactions on spring wheat yield. *Agronomy Journal*. 96:169-180.
- Ma, L.-J. et al. (2013) *Fusarium* Pathogenomics. *Annual Review of Microbiology*. 67:399-416.
- Madden, L. V., Hughes, G., Van den Bosch, F. (2017) *The Study of Plant Disease Epidemics*. Saint Paul: APS Press, 423 p.

- Maia, M. C. C., Araújo, L. B. D., Dias, C. T. D. S., Oliveira, L. C. D., Vasconcelos, L. F. L., Carvalho Júnior, J. E. V. D., Simeão, M., Bastos, Y. G. M. (2016) Selection of mango osa genotypes in a breeding population using the multivariate-biplot method. *Ciência Rural*. 46:1689-1694.
- Minh, B. Q. et al. (2013) Métodos de bootstrap filogenético. *Biologia Molecular e Evolução*. 30:1188–1195.
- Muniz, C. A. S. D., Queiroz, S. A., Mascioli, A. D. S., Zadra, L. E. F. (2014) Análise de componentes principais para características de crescimento em bovinos de corte. *Semina*. 35:1569-1576.
- Nasar, S., Shaheen, H., Murtaza, G., Tinghong, T., Arfan, M., Idrees, M. (2023) Avaliação socioeconômica do cultivo do feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) na provisão de meios de subsistência sustentáveis para as populações montanhosas do Himalaia da Caxemira. *Plants*. 12:213.
- Nascimento, M. R., Daher, R. F., Amaral Júnior, A. T., Gravina, G. A., Souza Filho, B. F., Souza, A. G., Ambrósio, M., Santana, J. G. S., Vidal, A. K. F., Freitas, R. S., Leite, C. L., Santos, P. R., Costa, A. F., Melo, L. C. (2024) Selection of black bean pre-cultivars based on adaptability and stability for the State of Rio de Janeiro. *Brazilian Journal of Biology*. 84:1-9.
- Negreiros, M. M., Benedetti, A. R., Carvalho, B. M., Silva, A. G., Carvalho, M. C. C. G., Torres, J. P. (2020) Reação de cultivares comerciais de feijoeiro comuns a isolados de *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*. *Pesquisa, Sociedade e Desenvolvimento*. 9:e531997506.
- Nirenberg, H. I., O'Donnell, K. (1998) New *Fusarium* species and combinations within the *Gibberella fujikuroi* species complex. *Mycologia*. 90:434–458.
- O'Donnell, K., Cigelnik, E., Nirenberg, H. I. (1998) Sistemática molecular e filogeografia do complexo de espécies *Gibberella fujikuroi*. *Mycologia*. 3:465–493.
- O'Donnell, K., Whitaker, B. K., Laraba, I., Proctor, R. H., Brown, D. W., Broders, K., Kim, H. S., McCormick, S. M., Busman, M., Aoki, T., Torres-Cruz, T. J.,

- Geiser, D. M. (2022) Identificação de *Fusarium* baseada em sequências de DNA: um trabalho em andamento. *Doenças de Plantas*. 106:1597–1609.
- Oliveira, T. R. A., Gravina, G. A., Oliveira, G. H. F., Araújo, K. C., Araújo, L. C., Daher, R. F., Vivas, M., Gravina, L. M., Cruz, D. P. (2018a) The GT biplot analysis of green bean traits. *Ciência Rural*. 48:e20170757.
- Oliveira, T. R. A. de, Gravina, G. de A., Oliveira, G. H. F., Araújo, L. C., Araújo, K. C., da Cruz, D. P., do Amaral Junior, A. T., Vivas, M., Daher, R. F. (2018b) Multivariate analysis used as a tool to select snap bean (*Phaseolus vulgaris* L.) genotypes. *Australian Journal of Crop Science*. 12:67–73.
- Oliveira, T. R. A. O., Gravina, G. A., Cruz, D. P., Silva, N. D., Oliveira, G. H., Sant'anna, C. Q. S. S., Magalhães, M. M., Berbet-Molina, M. A., Alcântara Neto, F. (2019) The performance of beans pod lineage inoculated with *Gluconacetobacter diazotrophicus* PAL5. *Scientia Horticulturae*. 249:65-70.
- Oliveira, S. S. C., Bueno, E. S., Bottega, D. B., Ponciano, V. F. G., Cruz, S. J. S. (2020) Selection of snap beans progenies to improve physiological quality of seeds. *Semina: Ciências Agrárias*. 41:2003-2016.
- Olivoto, T., Nardino, M. (2021) Toward an effective multivariate selection in biological experiments. *Bioinformatics*. 37:1383-1389.
- Pastor-Corrales, M. A., Abawi, G. S. (1987) Reactions of selected bean germ plasms to infection by *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*. *Plant Disease*. 71:990-993.
- Paulino, J. F. C., Almeida, C. P., Bueno, C. J., Song, Q., Fritsche-Neto, R., Carbonell, S. A. M., Chiorato, A. F., Benchimol-Reis, L. L. (2021) Estudo de associação genômica ampla revela regiões genômicas associadas à resistência à murcha-de-Fusarium em feijão comum. *Genes*. 12:765.
- Paulino, J. F. C., Almeida, C. P., Gonçalves, G. M. C., Bueno, C. J., Carbonell, S. A. M., Chiorato, A. F., Bechimol-Reis, L. L. (2020a) Avaliação da resistência do feijão comum a *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli* L. utilizando diferentes

métodos de inoculação e avaliação. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*. 20:e337620311.

- Paulino, J. F. C., Vivas, M., Sant'anna, C. Q. S. S., Silveira, S. F., Daher, R. F., Gravina, G. A. (2020b) Resistance of snap bean genotypes to *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*. *Scientific Reports*. 10:16584.
- Paulino, J. F. C., Almeida, C. P., Santos, I. L., Gonçalves, J. G. R., Carbonell, S. A. M., Chiorato, A. F., Benchimol-Reis, L. L. (2022) Combinação de resistência a doenças e características de qualidade pós-colheita por meio de retrocruzamento precoce assistido por marcadores em feijão carioca. *Scientia Agrícola*. 2:e20200233.
- Peixoto, N., Braz, L. T., Banzatto, D. A., Moraes, E. A., Moreira, F. D. M. (2002) Resposta de feijão-vagem a diferentes níveis de fertilidade. *Horticultura Brasileira*. 20:593-596.
- Pereira, H. S., Melo, L. C., Del Peloso, M. J., Faria, L. C., Costa, J. G. C., Díaz, J. L. C., Rava, C. A., Wendland, A. (2009) Comparação de métodos de análise de adaptabilidade e estabilidade fenotípica em feijoeiro comum. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*. 44:374-383.
- Pinho, D., Dutra, D., Pereira, O. (2013) Notes on *Ceratocystis paradoxa* causing internal post-harvest rot disease on immature coconut in Brazil. *Tropical Plant Pathology*. 38:152–157.
- Pornsuriya, P., Chittawanij, A., Yemor, T., Chinaworn, S., Tira-Umphon, A. (2024) GT BIPLLOT analysis of genotype by environment interaction and yield stability of yardlong bean lines under nine environments. *International Journal of Agricultural Technology*. 20:315-328.
- Prieto-Moreno, A., Llanes-Santiago, O., García-Moreno, E. (2015) Principal components selection for dimensionality reduction using discriminant information applied to fault diagnosis. *Journal of Process Control*. 33:14-24.

- Teófilo, E. M., Mamede, F. B. F., Sombra, N. S. (1999) Hibridação natural em feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp - Fabaceae). *Ciência e Agrotecnologia*. 23:1010-1011.
- Thorburn, P. J., Biggs, J. S., Webster, A. J., Biggs, I. M. (2011) An improved way to determine nitrogen fertiliser requirements of sugarcane crops to meet global environmental challenges. *Plant and Soil*. 339:51-67.
- Ramalho, M. A. P., Santos, J. B. dos, Zimmermann, M. J. de O. (1993) *Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicações ao melhoramento do feijoeiro*. Goiânia: UFG, 271p.
- Reeb, V., Lutzoni, F., Roux, C. (2004) Contribution of RPB2 to multilocus phylogenetic studies of the euascomycetes (Pezizomycotina, Fungi) with special emphasis on the lichen-forming Acarosporaceae and evolution of polyspory. *Molecular Phylogenetics and Evolution*. 32:1036–1060.
- Rendón-Anaya, M., Montero-Vargas, J. M., Saburido-Álvarez, S., Vlasova, A., Capella-Gutiérrez, S., Ordaz-Ortiz, J. J., Aguilar, O. M., Vianello-Brondani, R. P., Santalla, M., Delaye, L., Gabaldón, T., Gepts, P., Winkler, R., Guigó, R., Delgado-Salinas, A., Herrera-Estrella, A. (2017) A história genômica da origem e domesticação do feijão comum revela sua espécie irmã mais próxima. *Genome Biology*. 60. doi:10.1186/s13059-017-1190-6.
- Resende, M. D. V. (2007) *Matemática e estatística na análise de experimentos no melhoramento genético*. 1ª. ed. Colombo: Embrapa, v. 1, 561p.
- Resende, M. D. V., Ramalho, M. A. P., Carneiro, P. C. S., Carneiro, J. E. S., Batista, L. G., Gois, I. B. (2016) Índice de seleção com efeitos de genitores, populações, progênies e gerações no melhoramento de plantas autógamas. *Crop Science*. 56:530–546.
- Ribeiro, N. D., Cargnelutti Filho, A., Poersch, N. L., Rosa, S. S., Jost, E., Maziero, S. M., Rosa, D. P., Jost, R. (2025) Variabilidade genética para características agronômicas em genótipos de feijão-vagem. *Revista Ciência Agronômica*. 56:1–12.

- Ribeiro, R. de L. D., Hagedorn, D. J. (1979) Screening for resistance to and pathogenic specialization of *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*, the causal agent of bean yellows. *Phytopathology*. 69:272-276.
- Richmond, J., Maness, N., Goad, C., Brandenberger, L., Mason, T., Kathi, S., Chrz, D., Hu, B. (2024) Yield and Quality of Snap Bean (*Phaseolus vulgaris* L.) Cultivars from Successive Harvests in Spring and Fall Production Seasons in Oklahoma. *Hort Science*. 59:1815-1822.
- Rocha, M. M., Vello, N. A. (1999) Interação genótipos e locais para rendimento de grãos de linhagens de soja com diferentes ciclos de maturação. *Bragantia*. 58:69-81.
- Sandoval-Denis, M., Crous, P. W. (2018) Removing chaos from confusion: assigning names to common human and animal pathogens in *Neocosmospora*. *Persoonia*. 41:109-129.
- Sandoval-Denis, M., Guarro, J., Cano-Lira, J. F., Sutton, D. A., Wiederhold, N. P., De Hoog, G. S., Abbott, S. P., Decock, C., Sigler, L., Gené, J. (2016) Filogenia e revisão taxonômica de Microascaceae com ênfase em fungos sinematosos. *Studies in Mycology*. 83:193–233.
- Sandoval-Denis, M., Lombard, L., Crous, P. W. (2018) De volta às raízes: uma reavaliação de *Neocosmospora*. *Persoonia*. 43:90–185.
- Sant'anna, C. Q. S. S., Gravina, G. A., Cruz, D. P., Oliveira, T. R. A., Gravina, L. M., Gomes, A. B. S., Entringer, G. C., Vivas, M., Daher, R. F., Araújo, K. C., Silva, M. G. M. (2019) Snap bean cultivar UENF Goytacá: a new choice for small farmers. *Horticultura Brasileira*. 37:239-242.
- Sant'anna, C. Q. S. S., Oliveira, T. R. A., Gravina, G. A., Cruz, D. P., Gomes, A. B. S., Daher, R. F., Vivas, M., Oliveira, G. H. F., Entringer, G. C., Coelho, F. C. (2020a) Distinctness, uniformity and stability and GT biplot tests for the selection of snap bean lines. *Horticultura Brasileira*. 38:370-377.

- Sant'anna, C. Q. S. S., Gravina, G. A., Cruz, D. P., Oliveira, T. R. A., Vivas, M., Daher, R. F. (2020b) GT biplot analysis in the selection of snap bean lines. *Revista Caatinga*. 33:681-689.
- Schwartz, H. F., Singh, S. P. (2013) Melhoramento do feijão comum para resistência ao mofo branco: uma revisão. *Crop Science*. 53:1832–1844.
- Sena, M. M., Frighetto, R. T. S., Valarini, P. J., Tokeshi, H., Poppi, R. J. (2002) Discrimination of management effects on soil parameters by using principal component analysis: a multivariate analysis case study. *Soil and Tillage Research*. 67:171-181.
- Silva, A. C., Salvador, F. V., Souza, M. H., Marçal, T. S., Dias, F. S., Mello, V. L., Carneiro, P. C. S., Carneiro, J. E. S. (2023) Selection of common bean parents and segregating populations targeting fusarium wilt resistance and grain yield. *Agronomy Science and Biotechnology*. 9:1-20.
- Silva, P. C., Lima, N. D., Masetto, T. E., Gonçalves, M. C., Cândido, L. S. (2023) Análise multivariada aplicada à avaliação da variabilidade genética para o traço de qualidade fisiológica de sementes de feijão comum. *Journal of Seed Science*. 45:e202345031.
- Silva, W. C. J., Duarte, J. B. (2006) Métodos estatísticos para estudo de adaptabilidade fenotípica em soja. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*. 41:23-30.
- Singh, S. P. (2001) Broadening the Genetic Base of Common Bean Cultivars: A Review. *Crop Science*. 41:1659-1675.
- Singh, S. P., Schwartz, H. F. (2011) Revisão: melhoramento do feijão comum para resistência a pragas de insetos e nematoides. *Canadian Journal of Plant Science*. 91:239–250.
- Singh, S. P., Nodari, R., Gepts, P. (1991) Diversidade genética no feijão comum cultivado: I. Aozimas. *Crop Science*. 31:19–23.
- Souza, A. G., Daher, R. F., Silva Santana, J. G., Ambrósio, M., Rodrigues Nascimento, M., Faria Vidal, A. K., Souza Filho, B. F., Melo, L. C., Gravina, G.

- de A., Santos, R. M., Leite, C. L., Calaça Farias, J. E., Sales Rocha, R. (2023) Adaptability and stability of black bean genotypes for Rio de Janeiro, by GT BIPLOT analysis. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*. 23:e43972323.
- Summerell, B. A., Leslie, J. F. (2011) Cinquenta anos de *Fusarium*: como nove espécies poderiam ter sido suficientes?. *Diversidade Fúngica*. 50:135–144.
- Taylor, J. W., Jacobson, D. J., Kroken, S., Kasuga, T., Geiser, D. M., Hibbett, D. S., Fisher, M. C. (2000) Reconhecimento filogenético de espécies e conceitos de espécies em fungos. *Genética e Biologia de Fungos*. 31:21–32.
- Teixeira, A. B., Amaral Júnior, A. T., Rodrigues, R., Pereira, T. N. S., Bressan-Smith, R. E. (2004) Genetic divergence in snap-bean (*Phaseolus vulgaris* L.) evaluated by different methodologies. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*. 4:57-64.
- Torres, F. E., Sagrilo, E., Teodoro, P. E., Ribeiro, L. P., Cargnelutti Filho, A. (2015) Número de repetições para avaliação de caracteres em genótipos de feijão-caupi. *Bragantia*. 74:161-168.
- Torres, M. H. R. M., Souza, T. L. P. O. de, Melo, L. C., Pereira, H. S. (2021) Combining ability for resistance to *Fusarium* wilt and yield in black bean. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*. 56:e02591.
- Trifinopoulos, J., Nguyen, L.-T., Von Haeseler, A., Minh, B. Q. (2016) W-IQ-TREE: a fast online phylogenetic tool for maximum likelihood analysis. *Nucleic Acids Research*. 44:W232-W235.
- Vaz, D. C., Moraes Júnior, O. P., Peixoto, N. (2017) Caracterização agromorfológica e avaliação de divergência genética em genótipos de feijão-vagem. *Pesquisa Agropecuária Tropical*. 47:134–144.
- Vencovsky, R., Barriga, P. (1992) *Genética biométrica no fitomelhoramento*. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 496p.
- Verma, M. M., Chahal, G. S., Murty, B. R. (1978) Limitations of conventional regression analysis: a proposed modification. *Theoretical And Applied Genetics*. 53:89-91.

- Vieira, C., Paula Júnior, T. J., Borém, A. (2013) Feijão. 2. ed. atual. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 600 p.
- Vilhordo, B. W., Mikusinski, O. M. F., Burin, M. E., Gandolf, V. H. (1996) Morfologia. In: Cultura do feijoeiro: fatores que afetam a produtividade. Ed. Associação Brasileira para pesquisa da potassa e do fosfato, p. 669-700.
- Vilela, F. O. (2008) Melhoramento Genético de Feijão-vagem (*Phaseolus vulgaris* L.) Avanço de Gerações via SSD, uso de Índices de Seleções Estatísticas P1 na identificação de Genótipos Superiores. Tese (Doutorado) – UENF, Campos dos Goytacazes, RJ, 160p.
- Vilela, F. O., Amaral Júnior, A. T., Freitas Júnior, S. P., Viana, A. P. (2009) Selection of snap bean recombined lines by using EGT and SSD. *Euphytica*. 165:21-26.
- Wallace, L., Arkwazee, H., Vining, K., Myers, J. R. (2018) Genetic Diversity within Snap Beans and Their Relation to Dry Beans. *Genes*. 9:587.
- Wang, M. M. et al. (2022) *Fusarium* and allied genera from China: species diversity and distribution. *Persoonia*. 48:1-53.
- Wasonga, C. J., Pastor-Corrales, M. A., Porch, T. G., Griffiths, P. D. (2012) Multi-environment Selection of Small Sieve Snap Beans Reduces Production Constraints in East Africa and Subtropical Regions. *Hort Science*. 47:1000-1006.
- White, T. J., Bruns, T., Lee, S., Taylor, J. (1990) Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. In: *PCR Protocols: A Guide to Methods and Applications*. San Diego: Academic Press, 315-322.
- Yan, W., Hunt, L. A., Sheng, Q., Szlavnic, Z. (2000) Cultivar evaluation and megaenvironment investigation based on the GT BILOT. *Crop Science*. 40:597–605.
- Yan, W., Kang, M. S. (2003) *GT BILOT Analysis: a graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists*. Boca Raton: CRC Press, 271p.

- Yan, W., Rajcan, I. (2002) Biplot evaluation of test sites and trait relations of soybean in Ontario. *Crop Science*. 42:11-20.
- Yan, W., Tinker, N. A. (2006) Análise biplot de dados de ensaios multiambientais: princípios e aplicações. *Canadian Journal of Plant Science*. 86:623–645.
- Yan, W., Frégeau-Reid, J. (2008) Breeding Line Selection Based on Multiple Traits. *Crop Science*. 48:417-423.
- Yang, H., Harrington, C. A., Vartanian, K., Coldren, C. D., Hall, R., Churchill, G. A. (2008) Randomization in laboratory procedure is key to obtaining reproducible microarray results. *PLoS One*. 3:1-11.
- Yilmaz, N., Sandoval-Denis, M., Lombard, L., Visagie, C. M., Wingfield, B. D., Crous, P. W. (2021) Redefinindo os limites das espécies no complexo de espécies *Fusarium fujikuroi*. *Persoonia*. 46:129–162.
- Zambom, A. F., Campos, J. P. M. A., Olímpio, S. O., Carvalho, T. A., Junger, D. P., Paula, E., Souza Neto, J. D., Moulin, M. M. (2025) Caracterização molecular e variabilidade genética de acessos tradicionais de feijoeiro. *Revista DELOS*. 18:1–20.
- Zar, J. H. (2010) *Análise Bioestatística*. 5ª Edição, Prentice-Hall/Pearson, Upper Saddle River, xiii, 944 p.
- Zaumeyer, W. J., Meiners, J. P. (1975) Disease resistance in beans. *Annual Review of Phytopathology*. 13:313–334.