

XU Congresso Fluminense de Iniciação Científica e Tecnológica

28º

Encontro de Iniciação Científica da UENF

20º

Circuito de Iniciação Científica do IFFluminense

16ª

Jornada de Iniciação Científica da UFF



U III Congresso Fluminense de Pós-Graduação

23ª

Mostra de Pós-Graduação da UENF

8ª

Mostra de Pós-Graduação do IFFluminense

8ª

Mostra de Pós-Graduação da UFF

Screening de vagens de *Phaseolus vulgaris* resistentes à *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*

Karina Kazue Nakamura Fukuji, Anderson Yusei Suzuki Fukuji, Leandro Simões Azeredo Gonçalves, Vania Moda-Cirino, José dos Santos Neto, Cláudia Pombo Sudré, Rosana Rodrigues

O crestamento bacteriano comum (CBC) do feijoeiro, causado por *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*, é a doença bacteriana mais importante para a cultura, sendo responsável por gerar perdas significativas nas lavouras de feijão do Brasil. Para conter o avanço do patógeno, medidas como o uso de sementes saudáveis e certificadas, a rotação de culturas não hospedeiras, a eliminação dos restos culturais e principalmente a utilização de cultivares resistentes, são consideradas as mais eficazes. O objetivo desta pesquisa foi testar a reação de genótipos de feijão-comum em relação ao CBC e identificar genótipos resistentes para a inserção em programas de melhoramento da cultura. O experimento foi conduzido em casa de vegetação, no Instituto de Desenvolvimento Rural (IDR-PR), antigo Instituto Agrônomo do Paraná (IAPAR), em Londrina-PR, no período de fevereiro a abril de 2022. O delineamento experimental foi em blocos ao acaso, com quatro repetições. Foram utilizados 137 genótipos de *Phaseolus vulgaris*, pertencentes ao Banco de Germoplasma do IDR-PR, e mais um controle suscetível, a cultivar de feijão-de-vagem Alessa. Para produção do inóculo, foi utilizado o isolado Xap 139-y da coleção bacteriológica do Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal da UENF, cultivado em placa de Petri, contendo meio de cultura DYGS, incubado a 28 °C por 36 h em estufa bacteriológica. A inoculação foi realizada em três vagens por plantas, após 45 dias de desenvolvimento, por infiltração com agulha entomológica contendo a cultura bacteriana, sendo realizadas três perfurações superficiais equidistantes. A lesão ocasionada pela progressão da doença foi aferida sete dias após a inoculação, com o auxílio do paquímetro. Utilizou-se a escala de notas para classificar o nível de resistência ao CBC, conforme o tamanho da lesão: 1-resistente (≤ 1 mm), 2-moderadamente resistente (>1 e ≤ 2 mm), 3-moderado suscetível (>2 e ≤ 3 mm), 4-suscetível (>3 e ≤ 4 mm) e 5-altamente suscetível (>4 mm). Os dados foram submetidos à análise de variância e ao teste de agrupamento de médias Scott-Knott a ($p \leq 0,05$). Os genótipos foram classificados em cinco grupos: **a)** 18 genótipos altamente suscetíveis; **b)** 45 genótipos suscetíveis; **c)** 53 genótipos moderadamente suscetíveis; **d)** 14 genótipos moderadamente resistentes; e **e)** sete genótipos resistentes. Os genótipos resistentes podem ser utilizados em programas de melhoramento de feijão.

Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro
Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas
CAPES, FAPERJ, CNPq, UENF.

ORGANIZAÇÃO E REALIZAÇÃO:



APOIO:

