



**UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL
DE PERNAMBUCO**
PRÓ-REITORIA DE PESQUISA E PÓS-GRADUAÇÃO



**PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO
EM FITOPATOLOGIA**

Tese de Doutorado

**CONTROLE GENÉTICO DO FEIJÃO-CAUPI AO *Cowpea
aphid-borne mosaic virus***

JEFERSON ARAÚJO SILVA

**RECIFE – PE
2020**

JEFERSON ARAÚJO SILVA

**CONTROLE GENÉTICO DO FEIJÃO-CAUPI AO *Cowpea*
*aphid-borne mosaic virus***

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Fitopatologia da Universidade Federal Rural de Pernambuco, como parte dos requisitos para obtenção do título de Doutor em Fitopatologia.

COMITÊ DE ORIENTAÇÃO:

Orientadora: Prof^a.Dr^a. Lilian Margarete Paes Guimarães

Coorientadora: Prof^a. Dr^a. Ana Maria Benko Iseppon

Coorientador: Dr. Antonio Félix da Costa

RECIFE – PE

JULHO – 2020

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação
Universidade Federal Rural de Pernambuco
Sistema Integrado de Bibliotecas
Gerada automaticamente, mediante os dados fornecidos pelo(a) autor(a)

S586c

Silva, Jeferson Araújo

Controle genético do feijão-caupi ao Cowpea aphid-borne mosaic virus / Jeferson Araújo Silva. - 2020.
115 f. : il.

Orientadora: Lilian Margarete Paes Guimaraes.

Coorientadora: Ana Maria Benko Iseppon.

Inclui referências e apêndice(s).

Tese (Doutorado) - Universidade Federal Rural de Pernambuco, Programa de Pós-Graduação em Fitopatologia,
Recife, 2020.

1. CABMV. 2. Melhoramento genético. 3. Resistência genética. 4. Vigna unguiculata. I. Guimaraes, Lilian Margarete Paes, orient. II. Iseppon, Ana Maria Benko, coorient. III. Título

CDD 632

CONTROLE GENÉTICO DO FEIJÃO-CAUPI AO *Cowpea aphid-borne mosaic virus*

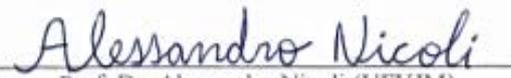
JEFERSON ARAÚJO SILVA

Tese defendida e aprovada pela Banca Examinadora em 30/07/2020.

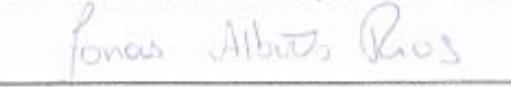
ORIENTADORA:

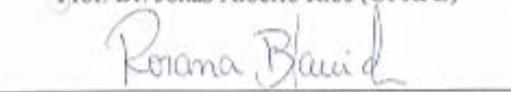

Prof.^a Dr.^a Lilian Margarete Paes Guimarães

EXAMINADORES:


Prof. Dr. Alessandro Nicoli (UFVJM)


Prof. Dr. Alexandre Sandri Capucho (UNIVASF)


Prof. Dr. Jonas Alberto Rios (UFRPE)


Prof.^a Dr.^a Rosana Blawid (UFRPE)

RECIFE – PE

JULHO – 2020

A Deus, por ter me dado sabedoria e força para chegar até aqui.
À minha mãe Mariza, ao meu pai Marinaldo e à minha irmã Jessica.
Às minhas avós Maria e “Mocinha”, aos meus avós Damião e Inácio (In Memoriam).
Às minhas tias e tio, primas e primos.
A Ulisses, meu companheiro de vida.
À minha afilhada Heloísa e ao meu sobrinho Gabriel.

Porque família é tudo!

Dedico

AGRADECIMENTOS

A **Deus**, pelo dom da vida, por me dar forças nos momentos mais difíceis e permitir a bênção da realização de mais um projeto.

Aos **meus familiares**, por estarem sempre ao meu lado me apoiando nessa caminhada.

À Professora **Dr^a. Lilian Guimarães**, pela boa vontade, motivação e compreensão.

Ao Professor **Dr. Alessandro Nicoli** minha eterna gratidão, pela confiança, paciência, partilha de conhecimentos, dedicação, compreensão e por estar sempre presente.

Ao **Dr. Antonio Félix**, pelo apoio, ensinamentos e exemplo de pesquisador dedicado.

À Professora **Dr^a. Ana Benko**, pelos ensinamentos e parceria.

Aos colegas do Laboratório de Genética e Biotecnologia Vegetal (LGBV/UFPE): **Dr^a. Flávia Araújo**, **Dr. José Ribamar Neto**, **Dr^a. Mitalle Matos** e **Wilson Dias** pela acolhida, ensinamentos, ajuda e bom convívio. Às técnicas **Jaysa Araújo** e **Vanessa Souza** pelo apoio.

Ao pesquisador **Francisco Rodrigues Freire Filho** (Embrapa Amazônia Oriental) e aos professores **Leonardo Corrêa da Silva** (IFTO) e **Renata Oliveira Batista** (UFVJM), pelas valiosas orientações em relação ao método descendente de uma única vagem (*single pod descende*) e desenvolvimento das linhagens endogâmicas recombinantes (RILs).

À **Dr^a. Francismar Correa Marcelino Guimaraes** (Embrapa Soja), pela parceria e a oportunidade na futura genotipagem e mapeamento genético das RILs.

A todos os professores do programa de Pós Graduação em Fitopatologia, em especial aos professores participantes da banca: **Dr. Jonas Rios** e **Dr^a. Rosana Blawid**. A **Romildo**, secretário do PPGF, pela atenção e competência.

À **Universidade Federal Rural de Pernambuco** (UFRPE), minha querida “Ruralinda” pela oportunidade concedida para a realização do curso de Doutorado.

Ao **Instituto Agrônomo de Pernambuco** (IPA), pelo apoio institucional na sua sede em Recife. A **Luiz Gilvan da Silva** pelo apoio nos experimentos em casa de vegetação.

A **Valdenilson das Neves**, em nome de todos os **servidores do Programa Feijão na Estação Experimental de Belém de São Francisco-PE**.

À **CAPES** (Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior, Programa BioComputacional), ao **CNPq** (Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico) e à **FACEPE** (Fundação de Amparo à Ciência e Tecnologia do Estado de Pernambuco) pelo apoio a parceiros do projeto, na forma de recursos para pesquisa e bolsas.

A **Carmem Lúcia**, pela preciosa amizade, conversas, risadas e apoio.

A **Marcelo Garcia**, meu irmão, pelo apoio, carinho, cuidado e ensinamentos.

Muito obrigado!!!

SUMÁRIO

	página
CAPÍTULO I.....	11
Introdução Geral.....	12
1. O feijão-caupi (<i>Vigna unguiculata</i>).....	12
2. <i>Cowpea aphid-borne mosaic virus</i> (CABMV).....	14
3. Controle genético: resistência, herança e melhoramento.....	17
4. Marcadores moleculares.....	19
5. Linhagens Endogâmicas Recombinantes (RILs).....	21
6. Referências Bibliográficas.....	22
CAPÍTULO II.....	37
Seleção de genótipo de feijão-caupi com resistência ao <i>Cowpea aphid-borne mosaic virus</i> ..	38
Resumo	39
Abstract.....	39
Introdução	40
Material e Métodos	41
Resultados e Discussão	42
Conclusão.....	44
Agradecimentos.....	44
Referências Bibliográficas	45
CAPÍTULO III	56
Herança da resistência do feijão-caupi ao <i>Cowpea aphid-borne mosaic virus</i>	57
Resumo	58
Abstract.....	58
Introdução	59
Material e Métodos	60
Resultados e Discussão	62

Conclusão.....	64
Agradecimentos.....	64
Referências Bibliográficas	64
CAPÍTULO IV.....	73
Caracterização morfoagronômica de linhagens endogâmicas recombinantes resistentes e suscetíveis ao CABMV e de seus polimorfismos genômicos em feijão-caupi	74
Resumo	75
Abstract.....	75
Introdução	76
Material e Métodos	78
Cruzamentos	78
Obtenção e caracterização das RILs	78
Análise de marcadores moleculares.....	80
Resultados e Discussão	81
Conclusões e Perspectivas	84
Referências Bibliográficas	84
CAPITULO V- Conclusões Gerais	114

LISTA DE TABELAS

CAPÍTULO II

Tabela 1. Genótipos de feijão-caupi, suas origens e as reações ao *Cowpea aphid-borne mosaic virus* no primeiro e no segundo experimento.....51

CAPÍTULO III

Tabela 1. Análise de segregação para resistência ao CABMV em populações derivadas do cruzamento entre o genótipo resistente IT85F-2687 e o suscetível BR14-Mulato.....72

CAPÍTULO IV

Tabela 1. Caracterização morfoagronômica das 174 RILs de feijão-caupi resistentes ao *Cowpea aphid-borne mosaic virus*. Belém de São Francisco, PE.....93

Tabela 2. Caracterização morfoagronômica das 212 RILs de feijão-caupi suscetíveis ao *Cowpea aphid-borne mosaic virus*. Belém de São Francisco, PE.....100

Tabela 3. Análise de segregação para resistência ao CABMV na população F₇.....108

Tabela 4. Agrupamento das 174 RILs resistentes ao *Cowpea aphid-borne mosaic virus* pelo método de Tocher com base na matriz do quadrado da distância euclidiana média. Belém de São Francisco, PE.....109

Tabela 5. Agrupamento das 212 RILs suscetíveis ao *Cowpea aphid-borne mosaic virus* pelo método de Tocher com base na matriz do quadrado da distância euclidiana média. Belém de São Francisco, PE.....110

Tabela 6. Influência relativa dos caracteres para a dissimilaridade genética entre as 174 RILs resistentes e as 212 RILs suscetíveis ao *Cowpea aphid-borne mosaic virus*, pelo método de Singh (1981). Belém de São Francisco, PE.....111

LISTA DE FIGURAS

CAPÍTULO II

- Figura 1.** Frequência de classes de reações de 72 genótipos de feijão-caupi ao *Cowpea aphid-borne mosaic virus* sob condições de casa de vegetação.....54
- Figura 2.** Genótipos de feijão-caupi apresentando resistência (A, B, C, D) e suscetibilidade (E, F) ao CABMV em casa de vegetação. A: Bajão; B: Casa Amarela 5; C: IT81D-1053; D: Manteiguinha; E: BR14-Mulato; F: BRS Xiquexique.....55

CAPÍTULO IV

- Figura 1.** Frequência observada das características qualitativas avaliadas nas 386 linhagens endogâmicas recombinantes.....112
- Figura 2.** Variação na cor da flor, semente e vagem da população F₇.....113

RESUMO GERAL

O feijão-caupi (*Vigna unguiculata*) é uma leguminosa de grande importância socioeconômica na Região Nordeste do Brasil. No entanto, sua produção é afetada pelo mosaico causado pelo *Cowpea aphid-borne mosaic virus* (CABMV). Para o controle desta doença recomenda-se o uso de cultivares resistentes. Os objetivos deste trabalho foram: identificar genótipos de feijão-caupi resistentes ao CABMV, estudar a herança genética da resistência a essa virose, desenvolver RILs e caracterizá-las quanto à resistência ao CABMV, estabelecendo suas características agronômicas. Foram avaliados 72 genótipos de feijão-caupi cujas plantas foram inoculadas mecanicamente com o extrato de folhas infectadas com CABMV. A avaliação sintomatológica foi realizada mediante caracterização e descrição dos sintomas típicos. Quatro cultivares se destacaram como resistentes (Bajão, Casa Amarela 5, IT81D-1053 e Manteiguinha). O estudo de herança da resistência foi conduzido a partir do cruzamento entre os genótipos parentais BR14-Mulato (suscetível) e IT85F-2687 (resistente), gerando uma população F₁, F₂, e os retrocruzamentos com os dois parentais (RC_R e RC_S). As plantas de todas as gerações foram inoculadas com o CABMV e avaliadas por meio de caracterização e descrição dos sintomas característicos. A partir da classificação fenotípica das plantas foi empregado o teste do qui-quadrado, sendo aceita uma taxa de segregação de 1 : 3 (resistente : suscetível) na população F₂, admitindo-se assim ser uma herança monogênica recessiva. Uma população segregante de RILs em geração F₇ (plantas F₆ e sementes F₇) foi oriunda do cruzamento entre os genótipos parentais BR14-Mulato e IT85F-2687 e avaliada quanto à resistência ao CABMV e às suas características morfoagronômicas, cor da flor, cor da vagem seca, cor da semente, comprimento médio e número de grãos por vagem, e peso de 100 sementes. Cada genótipo parental teve o seu DNA extraído e testado para amplificação via *polymerase chain reaction* (PCR) para um conjunto de *primers* do tipo microssatélites, visando identificar polimorfismo. Entre as 386 RILs obtidas, 174 foram resistentes e 212 suscetíveis ao CABMV. Houve a formação de 21 grupos distintos entre as RILs resistentes e 17 grupos distintos entre as RILs suscetíveis, sendo o comprimento de vagem a variável que mais contribuiu para a dissimilaridade. Foi observada uma taxa de segregação 1 : 1 de resistência e suscetibilidade ao CABMV, confirmando uma herança monogênica recessiva e complementando o estudo com a população F₂ e os retrocruzamentos. Quarenta e quatro (35%) dos marcadores foram capazes de detectar polimorfismo entre o DNA dos parentais, podendo ser utilizados no mapeamento genético da resistência do feijão-caupi ao CABMV.

Palavras-chaves: CABMV, melhoramento genético, resistência genética, *Vigna unguiculata*.

GENERAL ABSTRACT

Cowpea (*Vigna unguiculata*) is a legume of great socioeconomic importance in the Northern of Brazil. However its production is affected by the virus caused by *Cowpea aphid-borne mosaic virus* (CABMV). To control this disease, the use of resistant cultivars is recommended. The objectives of this work were: to identify cowpea genotypes resistant to CABMV, to study the genetic inheritance of resistance to this virus, to develop RILs and to characterize them in terms of resistance to CABMV, also establishing their agronomic features. 72 cowpea genotypes were evaluated, whose plants were mechanically inoculated with a CABMV-infected leaf extract. The symptomatological evaluation was performed by characterizing and describing typical symptoms. Four cultivars stood out as resistant (Bajão, Casa Amarela 5, IT81D-1053 and Manteiguinha). The study of resistance inheritance was conducted from the crossing between the parental genotypes BR14-Mulato (susceptible) and IT85F-2687 (resistant), generating F₁ and F₂ populations, besides backcrosses with the two parental accessions (BC_R and BC_S). Plants of all generations were inoculated with CABMV and evaluated by characterizing and describing the characteristic symptoms. Based on the phenotypic classification of plants, the chi-square test was used, accepting a segregation rate of 1 : 3 (resistant : susceptible) in the F₂ population, thus assuming that the resistance presents monogenic recessive inheritance. A segregating population of RILs in F₇ generation (F₆ plants and F₇ seeds) came from the cross between the parental genotypes BR14-Mulato (susceptible) and IT85F-2687. The RILs were evaluated for resistance to CABMV and their morpho-agronomic characteristics such as flower color, dry pod color, seed color, average length and number of grains per pod, as well as weight of 100 seeds. Each parental genotype had its DNA extracted and tested for amplification via polymerase chain reaction (PCR) for a set of microsatellite-type primers, in order to identify polymorphic markers. Among the 386 RILs obtained, 174 were resistant and 212 susceptible to CABMV, in addition to having significant genetic diversity. It was formed 21 different groups among the resistant RILs and 17 different groups among the susceptible RILs, being the average length pod the variable that most contributed to the dissimilarity. A 1 : 1 segregation rate of resistance and susceptibility to CABMV was observed, confirming a recessive monogenic inheritance and complementing the study with the F₂ population and backcrosses. Forty-four (35%) of the markers were able to detect polymorphism between the parental DNA, and will be used for genetic mapping of cowpea resistance to CABMV.

Keywords: CABMV, genetic resistance, plant breeding, *Vigna unguiculata*.

CAPÍTULO I

Introdução Geral

CONTROLE GENÉTICO DO FEIJÃO-CAUPI AO *Cowpea aphid-borne mosaic virus*

INTRODUÇÃO GERAL

1. O feijão-caupi (*Vigna unguiculata*)

O feijão-caupi é uma planta herbácea, autógama, anual, cuja região de origem mais provável situa-se na parte oeste e central da África. Aproximadamente há 50 anos, o feijão-caupi foi relatado como uma leguminosa tropical relativamente de menor expressão agrícola. No entanto, nos últimos anos, emergiu como uma das leguminosas alimentares mais importantes do século XXI. Isso se deve ao fato de ser uma das leguminosas mais adaptadas, versáteis e nutritivas, representando a principal fonte de proteína para milhões de pessoas nos países em desenvolvimento e sendo um componente essencial dos sistemas de produção nas regiões secas dos trópicos, que cobrem parte da Ásia, Estados Unidos, Oriente Médio e Américas Central e do Sul (BOUKAR et al., 2013; SINGH, 2010; SINGH et al., 2002).

Mundialmente, a área ocupada com feijão-caupi é acima de 12,5 milhões de hectares, sendo 98% na África, com a Nigéria colhendo 3,7 milhões de hectares por ano. Dados disponíveis sobre a produção de feijão-caupi entre os anos de 2012 e 2016 indicam que a cultura atingiu a média de 7,0 milhões de toneladas por ano. O principal país produtor de feijão-caupi é a Nigéria, que é responsável por 49% da produção mundial. Em seguida, o Níger com 24% do volume total médio e em terceiro Burkina Faso com 8%. As três nações respondem por 81% da produção mundial de feijão-caupi seco. Em 2017 foram produzidos mais de 7,4 milhões de toneladas de feijão-caupi, com a África produzindo quase 7,1 milhões (FAO, 2020; IITA, 2020).

Nos últimos anos o cultivo do feijão-caupi tem se expandido para as regiões do Cerrado, Norte, Oeste baiano e Centro-Oeste do Brasil, onde é incorporado como entressafra após a colheita da soja, arroz e milho, embora possa ser a cultura principal em alguns locais. Na região do Cerrado, especialmente quando cultivado como entressafra, o feijão-caupi tem um custo muito competitivo, o que contribuiu para aumentar o interesse dos agricultores. A disponibilidade de um produto padronizado de alta qualidade, com quantidade e regularidade, despertou o interesse do agronegócio de diferentes regiões, contribuindo para abrir novos mercados para esse produto (FREIRE FILHO et al., 2012).

Segundo a Companhia Nacional de Abastecimento (CONAB), no Brasil a área plantada na safra 2019/2020 foi de 1.285,9 mil hectares, com uma produção de 610,8 mil toneladas. A

região Nordeste é a maior produtora de feijão-caupi com cerca de 1.057,0 mil hectares plantados e uma produção média de 386,5 mil toneladas. Os maiores produtores nessa região são os Estados do Ceará (97,8 mil ton), Bahia (97,7 mil ton) e Piauí (73,3 mil ton). No Estado de Pernambuco, a área cultivada com feijão-caupi na mesma safra foi de 136,8 mil hectares e a produção foi de 42,9 mil toneladas (CONAB, 2020).

O cultivo é realizado por pequenos agricultores que, na sua maioria, têm preferência por cultivares de porte prostrado, devido ao ciclo mais prolongado, que permite mais de uma colheita por ciclo de produção. Na região norte de Minas Gerais é tradicional cultivar feijão-caupi em alternativa ao feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.), uma vez que a cultura se adapta melhor às condições de clima semiárido. Essa região possui expressivo mercado consumidor e uma produção considerável. Em geral, o cultivo é conduzido por pequenos agricultores familiares, constituindo o feijão-caupi um dos principais componentes da dieta da população local (SILVA et al., 2018; SOUZA et al., 2018). Em Roraima o feijão-caupi é cultivado em pequenas áreas quase sempre consorciado com outras culturas, principalmente com milho ou mandioca. Apesar da cultura ser tradicionalmente de subsistência, a demanda aumenta a cada ano e tem sido uma alternativa de baixo custo em cultivos de sucessão para os produtores que utilizam alta tecnologia (ALVES et al., 2009; NECHET, 2007). O Estado do Mato Grosso, embora não apresente a maior área colhida, tem alta produção devido à maior produtividade, resultado direto do emprego de tecnologias adequadas no sistema de produção da cultura. Em contraste, no Nordeste, Estados como o Ceará e Piauí, maiores consumidores dessa leguminosa no Brasil, alcançam menores níveis de produtividade, em função do baixo emprego de tecnologia, irregularidades pluviométricas, entre outros fatores (SILVA; ROCHA; MENEZES JÚNIOR, 2016).

As culturas agrícolas estão sujeitas a inúmeras doenças e pragas, e por mais cuidados que se tenha e inovações tecnológicas que se empreguem na produção, os fatores fitossanitários ainda são os principais entraves na produção agrícola, ocasionando grandes perdas para o produtor. Embora seja considerada uma cultura rústica, o feijão-caupi apresenta incidência de várias doenças que podem limitar a produção. Dentre os vários fatores que limitam sua produção encontram-se as doenças bióticas, as quais influenciam na qualidade e na quantidade do feijão-caupi produzido (BARROS, 2010; NECHET, 2006).

Várias doenças são consideradas importantes no feijão-caupi, podendo causar grandes danos, destacando-se na região norte a mela (*Rhizoctonia solani* Kühn); nos cerrados da região meio-norte a antracnose causada por *Colletotrichum gloeosporioides* (Penz.) e cercosporiose

(*Pseudocercospora cruenta* (Sacc.) Deigtom); no sertão pernambucano a murcha-de-fusarium (*Fusarium oxysporum* f. sp. *tracheiphilum*) e no Estado do Piauí a mancha bacteriana (*Xanthomonas campestris* pv. *vignicola*) e a pústula-bacteriana (*Xanthomonas* sp.) (NECHET; HALFELD-VIEIRA, 2006; ATHAYDE SOBRINHO; VIANA; SANTOS, 2005). Entre os principais fitonematoides responsáveis pela redução de produção ou pela depreciação da qualidade do produto a ser comercializado destacam-se os nematoides-das-galhas como *Meloidogyne incognita* e *M. javanica*, os quais possuem extensa disseminação em áreas de cultivo de feijão-caupi. Os nematoides-das-lesões-radiculares (gênero *Pratylenchus*) e os nematoides-reniformes da espécie *Rotylenchulus reniformis* também são importantes na cultura (SILVA, 2005; PONTE, 1988).

Dentre os vírus que infectam a cultura do feijão-caupi merecem destaque, pela severidade e pela ampla ocorrência, respectivamente o *Cowpea severe mosaic virus* (CPSMV) e o *Cowpea aphid-borne mosaic virus* (CABMV), os quais causam mosaicos (BARROS et. al., 2013). São as doenças mais importantes na cultura do feijão-caupi, facilmente reconhecidas em campo, pois elas apresentam nas folhas sintomas desde pequenas deformidades associadas a áreas de cor verde-escura alternadas com áreas de cor verde-clara (mosaico) até um severo encrespamento ou rugosidade (deformidade semelhante a bolhas) com forte mosaico. Em outras situações, as folhas podem se mostrar totalmente amarelas (douradas) sem que apresente encrespamento/bolhosidade. Em alguns casos, quando as plantas são infectadas em estágios fenológicos iniciais, podem apresentar nanismo e sem produção de grãos (NEVES et al., 2011).

As viroses ocorrem em todas as áreas produtoras de feijão-caupi, pois os vírus que causam a doença estão muitas vezes em hospedeiros como plantas daninhas que ocorrem naturalmente no campo próximo ao plantio. Os insetos alimentando-se dessas plantas adquirem o vírus e passam a disseminá-lo para o plantio de feijão. O controle das viroses é preventivo e consiste na semeadura de cultivares desenvolvidas e recomendadas por instituições de pesquisa, além do monitoramento e manejo adequado dos insetos vetores dessas viroses no campo. A eliminação de plantas daninhas espontâneas em áreas próximas ao plantio também é importante, pois evita que a doença se dissemine para o campo de cultivo de feijão-caupi (NEVES et al., 2011).

2. *Cowpea aphid-borne mosaic virus* (CABMV)

O CABMV é classificado como um vírus de RNA de fita simples e senso positivo, pertencente à família Potyviridae e gênero *Potyvirus* (VIRALZONE, 2020). Apresenta partículas filamentosas e flexuosas, com dimensões de 720 nm a 850 nm de comprimento e 12 nm a 15 nm de diâmetro, genoma viral constituído por uma única fita positiva de RNA (ssRNA+) e a proteína do capsídeo apresenta aproximadamente 34 KDa, representando 95% da constituição química da partícula (LIMA; SITOLLIN; LIMA, 2005). Ligada à sua extremidade 5' está a proteína VPg e à extremidade 3', uma cauda poliA. O RNA codifica uma poliproteína que é autoclivada liberando um conjunto de proteínas funcionais que desempenham papéis fundamentais durante o ciclo de infecção viral (SOUZA, 2017).

A proteína P1 possui massa molecular entre 32 kDa e 64 kDa, é uma protease e está relacionada à sintomatologia. A P3 possui 37 KDa e está relacionada à patogenicidade. A HC-Pro, com massa molecular variando de 56 kDa a 58 kDa possui várias funções: transmissão por afídeo, movimento sistêmico, sinergismo com outros vírus, desenvolvimento de sintomas e supressão do silenciamento gênico. A proteína CI possui massa molecular de 70 kDa e é responsável pela formação dos corpos de inclusão citoplasmática além do movimento célula-célula. A VPg, que pode variar de 21 kDa a 24 kDa, funciona como um *primer* para a replicação ao interagir com fatores de tradução eIF4E e também está envolvida com a supressão do silenciamento gênico. A NIa possui uma massa molecular de 49 kDa e é responsável pela interação proteína-proteína. Por sua vez, NIb possui 58 kDa e é responsável pelos corpos de inclusões nucleares, além de ter a função de RNA polimerase dependente de RNA e está envolvida na replicação do genoma. A proteína da capa proteica é responsável pelo movimento viral, amplificação do genoma e transmissão pelo vetor. As proteínas 6K1 e 6K2 possuem massa molecular de 6 kDa. A primeira é necessária para a replicação viral e a segunda é responsável pela ancoragem do complexo de replicação (CUI & WANG, 2016; URCUQUI-INCHIMA; HAENNI; BERNARDI, 2001).

O processo de replicação desse tipo de vírus ocorre da seguinte forma: ao entrar na célula o RNA é liberado do capsídeo, os genes do vírus são reconhecidos e traduzidos pela maquinaria biossintética celular. Em seguida, as proteínas virais envolvidas na replicação recrutam o RNA viral e associam-se a proteínas da célula hospedeira, formando o complexo replicativo que produz as fitas de RNA complementares à fita do genoma do vírus, que são usadas como molde para a síntese de novas fitas de RNA viral, as quais são posteriormente envolvidas pelo capsídeo, formando novas partículas do vírus (MEDEIROS et al., 2015).

O CABMV é transmitido por pulgões, sementes e por inoculação mecânica. Entre os pulgões se destaca o *Aphis craccivora* Koch. Os sintomas em plantas infectadas pelo vírus CABMV podem manifestar-se de diversas formas, tais como: mosqueado, mosaico, manchas cloróticas, bolhosidade e deformação foliar, dependendo da cultivar envolvida, da época e da forma de inoculação (LIMA; SITOLLIN; LIMA, 2005). Ocorre na África (Quênia, Uganda e Nigéria), Europa (Itália) e Ásia (Índia, Irã e Japão) (VIRALZONE, 2020). No Brasil é relatado principalmente na Região Nordeste, onde se destacam estudos realizados nos Estados de Alagoas, Ceará, Paraíba, Pernambuco e Piauí (MAIA et al., 2017; BARBOSA, 2012; LIMA et al., 2011; NOGUEIRA et al., 2011; FREITAS et al., 2012; BARRETO e SANTOS, 1999).

O CABMV é o responsável por umas das viroses mais comuns e importantes que afetam o feijão-caupi, causando perdas substanciais da produtividade (MAIA et al., 2017; ORAWU et al., 2013). Pio-Ribeiro et al. (2016) constataram que o mosaico ocasionado pelo CABMV é responsável por perdas acima de 50% do feijão-caupi dependendo da interação entre variedades e estirpe do vírus bem como da época de início da infecção. Em Burkina Faso as perdas de rendimento foram de até 60% (NÉYA et al., 2015). Foi relatada redução de 63% em cultivares comerciais de feijão-caupi (TAIWO e AKINJOGUNLA, 2006) e perdas de 87% na produção de grãos na África subsaariana em plantios infectados com esse vírus (KAISER e MOSSAHEBI, 1975).

Além de afetar o cultivo do feijão-caupi, o CABMV também é o causador de doenças importantes em outras culturas como a soja (SOUSA; LIMA; CAMPOS, 1996), o amendoim (PIO-RIBEIRO et al. 2000; BARROS et al. 2011), o gergelim (GONZÁLEZ-SEGNANA et al. 2013) e o maracujazeiro, onde as perdas causadas pelo endurecimento dos frutos podem chegar a 60% (VIANA et al. 2014; PORTO; SANTOS; OLIVEIRA, 2018). Experimentalmente, a mucuna-preta e a mucuna-cinza, amplamente difundidas no Brasil, por serem empregadas na adubação verde, foram relatadas como novos potenciais reservatórios do CABMV no campo (SILVA et al., 2012).

No manejo da doença causada pelo vírus CABMV, o uso de cultivares resistentes é considerada a forma mais econômica e ecologicamente correta (ORAWU et al., 2013). Alguns genótipos de feijão-caupi foram identificados como resistentes ao CABMV: TVu379, TVu382, TVu966, TVu3961, V-17, Lot. 7909-Purple, Buch Purple Hull, Dixiecream, Cowpea 535 (LIMA; SANTOS, SILVEIRA, 1986b); IT85F-2687 e IT86D-716 (ROCHA et al., 2003). Inoculações mistas envolvendo o *Cucumber mosaic virus* (CMV) e CABMV permitiram identificar seis genótipos resistentes: Patativa, TE97-309G-22, TE97-309G-9, TVu 382, TVu

966 e IT85F-2687. Enquanto na inoculação mecânica com o isolado de CABMV, os genótipos IT85F-2687, Patativa, TE97-309G-22, TE97-309G-9, TVu 379, TVu 382, TVu 410 e TVu 966 não apresentaram os sintomas da doença (OLIVEIRA et al., 2012).

A resistência das plantas a diversas doenças causadas por potyvírus têm sido relacionada aos fatores produzidos pelo hospedeiro e que são requeridos pelos vírus de RNA em seu ciclo de vida. Um deles é o fator de iniciação da tradução (eIF4E), que está relacionado ao movimento célula-célula e à replicação viral. A proteína VPg ligada à extremidade 5' do mRNA viral pode funcionar como um CAP do mRNA celular e interagir com o eIF4E, promovendo a síntese de proteínas virais. Mutações em aminoácidos desse fator ou da VPg incapacitam essa interação e levam à resistência da planta devido à redução ou ausência da replicação do vírus (TAVERT-ROUDET et al., 2017; CHANDRASEKARAN et al., 2016; SOARES, 2012; GRZELA et al., 2006; GAO et al., 2004). A proteína HC-Pro, que é um dos principais determinantes da expressão dos sintomas em uma planta suscetível além de ser responsável pela supressão dos mecanismos silenciadores de genes, pode ter a sua função interferida por meio de mutações e por consequência a planta exibirá sintomas atenuados (VALLI et al., 2018; YAMBAO et al., 2008; RUIZ-FERRER et al., 2005).

3. Controle genético: resistência, herança e melhoramento

De acordo com Van der Plank (1963), duas categorias de resistência de plantas a patógenos foram propostas, vertical e horizontal. A resistência vertical é uma característica à raça específica do patógeno, com herança monogênica ou oligogênica, por ser condicionada por um ou poucos genes, os quais têm efeito bastante acentuado (genes de maiores efeitos), apresentando uma resistência qualitativa. Por outro lado, a resistência horizontal é uma característica a raças inespecíficas do patógeno e de herança poligênica, pois é condicionada por vários genes que individualmente têm efeito reduzido, porém em conjunto, são efetivos, apresentando uma resistência quantitativa.

A obtenção de cultivares resistentes depende do desenvolvimento de programas de melhoramento para incorporação de genes de resistência em cultivares comerciais. Assim sendo, precede à realização desses programas a identificação de fontes de resistência e caracterização do tipo de herança desse caráter em cada fonte (CASTRO; MENEZES, COELHO, 2003). Diversos trabalhos acerca da herança da resistência às viroses em feijão-caupi têm sido realizados ao longo dos anos (ANTOINE et al., 2016; OGUNSOLA, 2015; ORAWU et al., 2013;

ADEYANJU, 2009; ASSUNÇÃO et al., 2005; OUATTARA, CHAMBLISS, 1991; JIMÉNEZ; BORGES; DEBROT, 1989). O estudo da herança genética da resistência é de grande importância para aplicação nos programas de melhoramento. Por exemplo, se a herança for condicionada por um único gene, a resistência em programas de melhoramento pode ser atingida pelo método conhecido como retrocruzamento (CAIXETA e ZAMBOLIM, 2014). No caso de viroses, muitas vezes a natureza recessiva da herança da resistência é consequência da ausência de algum fator essencial para o vírus se replicar ou se movimentar no hospedeiro (FRASER, 1992).

No CABMV, tem sido relatado que a resistência no feijão-caupi é governada por um único gene dominante ou recessivo (FISHER; KYLE, 1994, 1996). Lima et al. (2011) estudando a resistência de 33 genótipos de feijão-caupi ao CABMV observaram que 70% foram imunes ou resistentes a um isolado desse vírus obtido em plantas de feijão-caupi na cidade de Fortaleza e apenas 33% se mostraram imunes ou resistentes a outro isolado obtido na cidade de Cascavel, concluindo-se que a resistência ou imunidade seja provavelmente controlada pelo mesmo gene. Ao realizar cruzamentos entre genótipos de feijão-caupi resistentes e suscetíveis ao CABMV, Orawu et al. (2013) verificaram em sete populações F₂ que um único gene recessivo é responsável pela resistência. Nogueira et al. (2011) confirmaram que a resistência ao CABMV na linhagem TE97-309-G e na cultivar Patativa é condicionada por um gene recessivo. Antoine et al. (2016) realizaram cruzamentos entre dois genótipos resistentes e dois suscetíveis ao CABMV e verificado na geração F₂ uma taxa de segregação de 15 plantas resistentes para uma planta suscetível, admitindo-se uma herança monogênica dominante. O conhecimento da herança genética é necessário quando se desenvolvem variedades de feijão-caupi resistentes ao CABMV (PATEL et al., 1982). Além disso, o resultado relacionado com a base genética da resistência pode ser aplicado em futuras pesquisas como o mapeamento genético e validações de marcadores moleculares para seleção assistida, além da clonagem do gene e caracterização da sua proteína de resistência.

Quanto aos trabalhos de melhoramento, Leão et al. (2016) realizaram cruzamentos entre genótipos de feijão-caupi resistentes ao CABMV e ao CPSMV e genótipos com características agronômicas comerciais. Quatro descendentes produziram sementes com alto valor comercial e foram resistentes aos dois fitovírus. Em outro trabalho visando incorporar a resistência a esses dois vírus em cultivares melhoradas e crioulas de feijão-caupi, Nogueira et al. (2016) realizaram cruzamentos entre cinco cultivares com boas características agronômicas e dois genótipos resistentes aos fitovírus. Após a avaliação para resistência destacaram-se 32 progênies altamente

resistentes a ambos os vírus. Enquanto em ensaios que avaliaram o valor de cultivo e a produtividade, destacaram-se nove linhagens. Barros et al. (2013) realizaram oito cruzamentos seguidos de retrocruzamentos utilizando a linhagem TE97-309G-9 e a cultivar Patativa como genitores resistentes ao CABMV e CPSMV. Todos os retrocruzamentos foram considerados promissores para produção de cultivares resistentes a esses vírus. Além disso, algumas plantas se destacaram ao apresentar características que possibilitam a seleção de linhagens com grãos de bom padrão comercial e altamente produtivas.

4. Marcadores moleculares – desenvolvimento e aplicações

Marcador molecular é uma sequência de nucleotídeos localizada numa posição específica do genoma, a qual deve apresentar variabilidade suficiente entre genótipos para que seu padrão de herança possa ser analisado (SCHULMAN, 2007). Os marcadores moleculares devem satisfazer os seguintes critérios para que possam ser utilizados de forma satisfatória: ter elevado nível de polimorfismo genético; apresentar padrão de herança codominante, de modo que os heterozigotos possam ser distinguidos dos homozigotos, apresentar distinção clara entre alelos, de modo que diferentes alelos possam ser facilmente identificados; apresentar distribuição uniforme em todo o genoma; ser de fácil detecção, de modo que todo o processo possa ser automatizado; apresentar baixo custo de desenvolvimento e genotipagem; e apresentar reprodutibilidade alta, de modo que os dados possam ser acumulados e compartilhados entre laboratórios (XU, 2010).

Estudos com marcadores moleculares têm revelado polimorfismos genéticos importantes na caracterização de feijão-caupi. A detecção de polimorfismos de DNA por meio de marcadores pode ser feita de diferentes formas. Marcadores como RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*), ISSR (*Inter Simple Sequence Repeat*), SNP (*Single Nucleotide Polymorphism*) e SSR (*Simple Sequence Repeats*) são alguns dos mais utilizados em feijão-caupi (ARAÚJO et al., 2019; SEIDO; SANTOS, 2019; DAMARANY et al., 2018; CHEN et al., 2017b; ADETUMBI et al., 2016; WAMALWA; MUOMA; WEKESA, 2016; ONOFRE 2002).

Marcadores direcionados a microssatélites como SSR ou a sítios de microssatélites marcados por sequências (STMS – *Sequence Tagged Microsatellite Site*) consistem de pequenas sequências repetidas (motifs) organizadas “in tandem” no genoma de eucariotos de um a seis nucleotídeos de comprimento. (FERREIRA; GRATAPAGLIA, 1998). Esses marcadores apresentam grandes vantagens quando comparados aos demais marcadores moleculares, pois são

altamente polimórficos e informativos; apresentam herança codominante; são multialélicos; são abundantes no genoma dos eucariotos; são baseados em PCR, necessitando de uma pequena quantidade de DNA; são altamente reproduzíveis; não requerem radioatividade; se encontram bem dispersos pelo genoma, estando presente em regiões codificadoras como também em regiões não codificadoras; os locos são frequentemente bem conservados entre espécies relacionadas (BUSO et al., 2003).

Em plantas, os microssatélites são muito frequentes e distribuídos ao acaso ao longo do genoma, também sendo amplamente utilizados nos estudos de diversidade genética, genômica comparativa, construção de mapas genéticos, mapeamentos de genes, seleção assistida por marcadores e QTLs (GUPTA; GOPALAKRISHNA, 2010; BROGIN, 2005). Esses marcadores têm sido amplamente utilizados para caracterização de germoplasmas do feijão-caupi (BADIANE et al. 2012).

Em diversos estudos foi possível identificar polimorfismos entre genótipos de feijão-caupi por meio do uso de marcadores moleculares (ALGHAMDI et al., 2019; OLIVEIRA, 2019; DAMARANY et al., 2018; MAFAKHERI et al., 2017; UMA et al., 2009; XAVIER et al., 2005). O polimorfismo dos marcadores microssatélites é revelado via PCR utilizando-se dois iniciadores específicos e complementares aos flancos do microssatélite. Os genótipos são diferenciados pelo tamanho dos alelos, podendo haver vários por locus. Os produtos da PCR são visualizados em géis de agarose ou poliacrilamida, que exige coloração pela prata, de modo a permitir a detecção do real número de alelos por locus, o que é essencial na análise de polimorfismos de repetições dinucleotídicas (VIEIRA, HANAI, DINIZ, 2017). O conhecimento da variabilidade genética é de fundamental importância para a identificação de genótipos superiores no início de um programa de melhoramento genético das culturas em geral (DIAS et al., 2015).

Os marcadores SSR são frequentemente utilizados na análise da diversidade genética do feijão-caupi (TAN et al., 2012). No estudo de Chen et al. (2017) foram desenvolvidos 100 desses marcadores, dos quais 27 foram polimórficos e utilizados para avaliação da diversidade genética e estrutura populacional de 105 acessos de feijão-caupi. Badiane et al. (2012) desenvolveram um conjunto de 49 combinações de *primers* SSR para analisar a diversidade genética e relações filogenéticas entre 22 variedades e linhagens de feijão-caupi. 44 combinações foram capazes de detectar polimorfismos. Damasceno-Silva et al. (2016) estimaram a diversidade genética e selecionaram genitores entre 38 genótipos de feijão-caupi de porte semiprostrado e semiereto, através da genotipagem via marcadores SSR. Mendes et al. (2015) estabeleceram a variabilidade

genética de 14 populações de feijão-caupi por meio de um conjunto de 13 pares de *primers* para marcadores microssatélites. Foram gerados 257 locos, sendo 247 polimórficos. A análise UPGMA permitiu a separação dos genótipos em três grupos, demonstrando a presença de diversidade genética entre as populações estudadas. Araújo et al. (2019) avaliaram a diversidade genética de 52 variedades tradicionais de feijão-caupi utilizando 25 marcadores microssatélites. Desse total, 14 amplificaram 80 bandas, das quais 61 foram polimórficas, gerando uma taxa de polimorfismo de 76%. Os marcadores selecionados foram eficientes em identificar a variabilidade genética entre as variedades avaliadas. Sawadogo et al. (2010) utilizaram 16 combinações de *primers* SSR para amplificação por meio da reação em cadeia da polimerase em 16 genótipos de feijão-caupi, resultando em um total de 96 (76,3%) bandas polimórficas. Algumas dessas combinações foram capazes de discriminar cultivares resistentes a *Striga gesnerioides* de suscetíveis. Utilizando 16 pares de *primers* SSR polimórficos, Haruna, Asare e Kusi (2020) avaliaram a relação genética entre 46 genótipos de feijão-caupi, distinguindo os resistentes dos suscetíveis a *S. gesnerioides*. Esses dados serão úteis na elaboração de estratégias para o melhoramento do feijão-caupi, especificamente, para a introgressão do traço de resistência. Em uma triagem realizada por Amorim (2013) envolvendo 110 pares de *primers* SSR, 72 (62,5%) foram polimórficos e 38 (34,5%) monomórficos. Entre eles, 68 pares de *primers* capazes de detectar polimorfismos entre os genótipos parentais de feijão-caupi foram usados na população de linhagens endogâmicas recombinantes (RILs, *Recombinant Inbred Lines*).

O uso de marcadores moleculares fornece uma abordagem muito confiável para distinguir genótipos de feijão-caupi, para a conservação de germoplasma e para a identificação de linhagens parentais para uso em melhoramento genético (ASARE et al., 2010). Os recentes avanços na biologia molecular e a atual disponibilidade de aplicações de tecnologias de marcadores moleculares, os quais fornecem um elevado número de polimorfismo, permitirão grandes avanços na caracterização molecular e no mapeamento genético de feijão-caupi (BOUKAR et al. 2017; AMORIM, 2009), sendo que algumas aplicações de DNA e tecnologias de marcadores foram iniciadas em diferentes programas, incluindo caracterização molecular de germoplasma, desenvolvimento de mapas de características genéticas e quantitativas (QTL, *Quantitative Trait Loci*) (BOUKAR et al., 2017).

5. Linhagens endogâmicas recombinantes (RILs)

Uma linhagem endogâmica recombinante (RIL) pode ser obtida por meio do cruzamento de duas linhagens puras seguido de autofecundações sucessivas ou do cruzamento entre irmãos, gerando uma série de linhagens homozigotas, cada uma contendo uma combinação única de segmentos cromossômicos vindos dos progenitores (BROMAN, 2005). As RILs podem servir como ferramentas muito úteis no mapeamento genético. Estudos envolvendo RILs de grão de bico desenvolveram marcadores estritamente ligados a genes de resistência contra *Fusarium oxysporum* f.sp. *ciceri* e identificaram marcadores intimamente ligados a um QTL que codifica resistência contra *Ascochyta rabiei* (BENKO-ISEPPON et al., 2003; RAKSHIT et al. 2003). Duzentos e quinze RILs foram utilizadas para construção de um mapa genético que identificou 16 QTLs para características relacionadas à domesticação do feijão-caupi (LO et al. 2018). Trezentos e noventa e três RILs de *P. vulgaris* foram caracterizadas morfoagronomicamente, sendo relatada uma variabilidade genética para as características avaliadas. Essa variabilidade será crucial para estudos futuros envolvendo mapeamento genético e identificação e análise de locus de características quantitativas (Silva et al., 2016).

Os objetivos do trabalho foram: a) identificar genótipos de feijão-caupi resistentes ao CABMV; b) estudar a herança genética da resistência do feijão-caupi ao CABMV; c) desenvolver linhagens endogâmicas recombinantes (RILs), identificar materiais contrastantes quanto à resistência e suscetibilidade ao CABMV e caracterizá-las agronomicamente, visando ao mapeamento genético do feijão-caupi por meio de marcadores moleculares.

6. Referências Bibliográficas

ADETUMBI, J. A.; AKINYOSOYE, S. E.; OLOWOLAFE, M. O.; OLOYEDE-KAMIYO, Q. O.; AGBELEYE, O. A. Genetic linkage map of cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp) using SNP markers. **African Journal Biotechnology**, Nairobi, v. 15, p. 830-834, 2016.

ADEYANJU, A.O. Genetics of Harvest and Leaf-Yield Indices in Cowpea. **Journal of crop improvement**, Abingdon, v. 23, p. 266-274, 2009.

ALGHAMDI, S. S.; KHAN, M. A.; MIGDADI, H. M.; EL-HARTY, E. H.; AFZAL, M.; FAROOQ, M. Biochemical and molecular characterization of cowpea landraces using seed storage proteins and SRAP marker patterns. **Saudi Journal of Biological Sciences**, Riadi, v. 26, p. 74-82, 2019.

ALVES, J. M. A.; ARAÚJO, N. P.; UCHÔA, S. C. P.; ALBUQUERQUE, J. A. A.; SILVA, A. J.; RODRIGUES, G. S.; SILVA, D. C. O. Avaliação agroeconômica da produção de cultivares de feijão-caupi em consórcio com cultivares de mandioca em Roraima. **Revista agro@mbiente on-line**, Boa Vista, v. 3, p. 15-30, 2009.

AMORIM, L. L. **Construção de um mapa genético para feijão-caupi com marcadores moleculares ISSR, DAF e CAPS**. 2009, 105f. Dissertação (Mestrado em Ciências Biológicas) – Universidade Federal de Pernambuco, Recife.

AMORIM, L. L. **Análise estrutural e funcional do genoma do feijão-caupi: mapa genético e elementos transponíveis**. 2013, 168f. Tese (Doutorado em Ciências Biológicas) – Universidade Federal de Pernambuco, Recife.

ANTOINE B.; LA SALLE T. J. B.; ZAKARIA D.; ZAKARIA K.; LEANDRE P.; MAHAMADOU S. Inheritance and allelic relationship of resistance to *Cowpea aphid-borne mosaic virus* (CABMV) in two cowpea genotypes, K VX640 and K VX396-4-5-2D, in Burkina Faso. **International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences**, Tamilnadu, v. 5, p. 285-292, 2016.

ARAÚJO, L. B. R.; FIEGE, L. B. C.; SILVA, A. V. A.; BERTINI, C. H. C. M. Genetic diversity in cowpea landraces analyzed by ISSR markers. **Genetics and molecular research**, Ribeirão Preto, v. 18, p. 1-10, 2019.

ASARE, A. T.; GOWDA, B. S.; GALYUON, I. K. A.; ABOAGYE, L. L.; TAKRAMA, J. F.; TIMKO, M. P. Assessment of the genetic diversity in cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp.) germplasm from Ghana using simple sequence repeat markers. **Plant Genetic Resources**, Cambridge, p. 1-9, 2010.

ASSUNÇÃO, I. P.; M-FILHO, L. R.; RESENDE, L. V.; BARROS, M. C. S.; LIMA, G. S. A.; COELHO, R. S. B.; LIMA, J. A. A. Genes diferentes podem conferir resistência ao *Cowpea severe mosaic virus* em caupi. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 30, n. 3. p. 274-278, 2005.

ATHAYDE SOBRINHO, C; VIANA, F. M. P.; SANTOS, A. A. **Doenças fúngicas e bacterianas**. In: FREIRE FILHO, F. R.; LIMA, J. A. A.; RIBEIRO, V. Q. (Eds.). **Feijão-caupi: Avanços tecnológicos**. 1ª. ed. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2005. cap.12 , p. 463-487.

BADIANE, F. A.; GOWDA, B. S.; CISSÉ, N.; DIOUF, D.; SADIO, O.; TIMKO, M. P. Genetic relationship of cowpea (*Vigna unguiculata*) varieties from Senegal based on SSR markers. **Genetics na Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 11, n. 1. p. 292-304, 2012.

BARBOSA, A. O. Caracterização molecular de isolados de *Cowpea aphid-borne mosaic virus* que infectam maracujazeiro (*Passiflora* spp.) e feijão-caupi (*Vigna unguiculata*). 2012, 50f. Monografia (Bacharelado em Ciências Biológicas) – Universidade Federal do recôncavo da Bahia, Cruz das Almas.

BARRETO, P. D.; SANTOS, A. A. **Avaliação de genótipos de feijão-de-corda sob infecção simultânea por “*Cowpea aphid-borne mosaic virus*” e “*Cucumber mosaic virus*”**. Fortaleza: Embrapa-CNPAT, 1999. 18p. (Boletim de pesquisa, 25).

BARROS, F. R.; ANUNCIÇÃO FILHO, C. J.; ROCHA, M. M.; NUNES, J. A. R.; SILVA, K. J. D.; FREIRE FILHO, F. R. Potencial genético de progênies de feijão-caupi segregantes quanto ao tipo da inflorescência. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 46, p. 182-189, 2011.

BARROS, G. B. **Identificação e caracterização de plantas de feijão-caupi obtidas por meio de retrocruzamento resistentes aos vírus *Cowpea severe mosaic virus* (CPSMV) e *Cowpea aphid borne mosaic virus* (CABMV)**. 2010, 54f. Dissertação (Mestrado em Ciências) – Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, Seropédica.

BARROS, G. B.; NOGUEIRA, M. S. R.; OLIVEIRA, C. R. R.; FREIRE FILHO, F. R.; RIBEIRO, V. Q.; VEIGA, C. F. M.; BRIOSO, P. S. T.; EIRAS, M. Obtenção de plantas de feijão-caupi resistentes ao *Cowpea severe mosaic virus* e ao *Cowpea aphid-borne mosaic virus*. **Summa Phytopatologica**, Botucatu, v. 39, p. 130-136, 2013.

BENKO-ISEPPON, A. M.; WINTER, P.; HUETTEL, B.; STAGINNUS, C.; MUEHLBAUER, F. J.; KAHL, G. Molecular markers closely linked to fusarium resistance genes in chickpea show significant alignments to pathogenesis-related genes located on Arabidopsis chromosomes 1 and 5. **Theoretical and Applied Genetics**, Amsterdã, v. 107, p. 379-386, 2003.

BOUKAR, O.; BHATTACHARJEE, R.; FATOKUN, C.; KUMAR, P. L.; GUEYE, B. **Cowpea**. In: SINGH, M.; UPADHYAYA, H. D.; BISHT, I. S. (Eds.). **Genetic and Genomic Resources of grain legume improvement**. 5ª. ed. Londres: Elsevier, 2013. cap. 6, p. 137-156.

BOUKAR, O.; BELKO, N.; CHAMARTHI, N.; TOGOLA, A.; BATIENO, J.; OWUSU, E.; HARUNA, M.; DIALLO, S.; UMAR, M. .; OLUFAJO, O.; FATOKUN, C. Cowpea (*Vigna unguiculata*): Genetics, genomics and breeding. **Plant Breeding**, Nova Deli., v.1, p.1-10, 2017.

BROMAN, K. W. The genomes of recombinant inbred lines. **Genetics**, Rockville, v. 169, p. 1133-1146, 2005.

BROGIN, R. L. **Mapeamento de genes de resistência à ferrugem e de QTLs envolvidos na resistência à septoriose em soja**. 2005, 93f. Tese (Doutorado em Agronomia) – Universidade São Paulo, Piracicaba.

BUSO, G. S. C.; CIAMPI, A. Y.; MORETZSOHN, M. C.; AMARAL, Z. P. S. **Protocolo para desenvolvimento de marcadores microssatélites. Desenvolvimento e aplicação de microssatélites em maçaranduba**. Brasília: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnológicos, 2003. 11p. (Circular Técnica, 20).

CAIXETA, E. T.; ZAMBOLIM, E. M. **Melhoramento genético de plantas visando resistência a doenças**. In: ZAMBOLIM L, JESUS-JÚNIOR WC, RODRIGUES FA (Eds.). **O essencial da fitopatologia: controle de doenças de plantas**. Viçosa: Suprema Gráfica e Editora, 2014. cap.16, p. 553-576.

CASTRO, N. R.; MENEZES, G. C.; COÊLHO, R. S. B. Herança da resistência genética do caupi à cercosporiose. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 28, n. 5. p. 553-554, 2003.

- CHANDRASEKARAN, J.; BRUMIN, M.; WOLF, D.; LEIBMAN, D.; KLAP, C.; PEARLSMAN, M.; SHERMAN, A.; ARAZI, T.; GAL-ON, A. Development of broad virus resistance in non-transgenic cucumber using CRISPR/Cas9 technology. **Molecular Plant Pathology**, Worcester, v. 17, p. 1140-1153, 2016.
- CHEN, H.; CHEN, H.; HU, L.; WANG, L.; WANG, S.; WANG, M. L.; CHENG, X. Genetic diversity and a population structure analysis of accessions in the Chinese cowpea [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] germplasm collection. **ScienceDirect**, Amsterdã , p.363-372, 2017.
- CHEN, H.; WANG, L.; LIU, X.; HU, L.; WANG, S.; CHENG, X. De novo transcriptomic analysis of cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp.) for genic SSR marker development. **BMC Genetics**, Nova York , v. 68, p.1-12, 2017b.
- CONAB. COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Acompanhamento da safra brasileira de grãos**. v.7, n.2. Brasília: Conab, 2020. Disponível em: <<http://www.conab.gov.br/Downloads/GrosZfevereiroZcompleto.pdf>>. Acesso em: 19 jun. 2020.
- CUI, H.; WANG, A. The Plum Pox Virus 6K1 Protein Is Required for Viral Replication and Targets the Viral 1 Replication Complex at the Early Infection Stage. **Journal of Virology**, Califórnia, p.1-34, 2016.
- DAMASCENO-SILVA, K. J.; CORREIA, C. N.; SILVA, M. D.; ROCHA, M. M.; KIDO, E. A. Seleção de genitores e diversidade genética entre linhagens de feijão-caupi de porte ereto e prostrado via marcadores moleculares EST-SSR. In: CONGRESSO NACIONAL DE FEIJÃO-CAUPI, 5., 2016, Sorriso. **Anais...CONAC**, 2016. p. 187.
- DAMARANY, A.; EL-DKAESHY, M. H. Z.; ATTALLAH, S. Y.; HARIDY, A. G. Molecular markers and genetic variation revealed by RAPD-PCR in seven cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) cultivars. **International Journal of Biosciences**, Raipur, v. 13, p.66-74, 2018.

DIAS, F. T. C.; BERTINI, C. H. C. M.; SILVA, A. P. M.; CAVALCANTI, J. J. V. Variabilidade genética de feijão-caupi de porte ereto e ciclo precoce analisada por marcadores RAPD e ISSR. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 46, p. 563-572, 2015.

FAO. FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS. **FAOSTAT: Crops. Cow peas, dry**. Disponível em: <<http://fao.org/faostat/es/#data/QC>>. Acesso em: 06 abr. 2020.

FERREIRA, M. E.; GRATTAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética**. 3^a. ed. Brasília: Embrapa, 1998. 221p.

FISHER, M. L.; KYLE, M. M. Inheritance of resistance to potyviruses in *Phaseolus vulgaris* L. III. Cosegregation of phenotypically similar dominant responses to nine potyviruses. **Theoretical and Applied Genetics**, Amsterdã, v. 89, p. 7-8, 1994.

FISHER, M. L.; KYLE, M. M. Inheritance of resistance to potyviruses in *Phaseolus vulgaris* L. IV. Inheritance, linkage, relations, and environmental effects on systemic resistance to four potyviruses. **Theoretical and Applied Genetics**, Amsterdã, v. 92, p. 204-212, 1996.

FRASER, R. S. S. The genetics of plant-virus interactions: implications for plant breeding. **Euphytica**, Wageningen, v. 63, p. 175-185, 1992.

FREIRE FILHO, F. R.; RIBEIRO, V. Q.; ROCHA, M. M.; SILVA, K. J. D.; NOGUEIRA, M. S. R.; RODRIGUES, E. V. **Production, Breeding and Potential of Cowpea Crop in Brazil**. Teresina: Embrapa Meio-Norte, 2012. 54p. (Documentos 216)

FREITAS, A. S.; CEZAR, M. A.; AMBRÓSIO, M. M. Q.; SILVA, A. K. F.; ARAGÃO, M. L.; LIMA J. A. A. Ocorrência de vírus em cultivos de feijoeiro-caupi no sertão da Paraíba. **Tropical Plant Pathology**, Brasília, v. 37, p. 286-290, 2012.

GONZÁLEZ-SEGNANA, L. R.; FARIÑA, A. E.; GONZÁLEZ, D. D.; MELLO, A. P. O. A.; REZENDE, A. M.; KITAJIMA, E. W. Alternative hosts of *Cowpea aphid-borne mosaic virus*

Cowpea aphid-borne mosaic virus (CABMV) in sesame (*Sesamum indicum*) crops grown in Paraguay. **Tropical Plant Pathology**, Brasília, v. 38, p. 539-542, 2013.

GRZELA, R.; STROKOVSKA, L.; ANDRIEU, J. P.; DUBLET, B.; ZAGORSKI, W.; CHROBOCZEK, J. Potyvirus terminal protein VPg, effector of host eukaryotic initiation factor eIF4E. **Biochimie**, Paris, v. 88, p. 887-896, 2006.

GUPTA, S. K.; GOPALAKRISHNA, T. Development of unigene-derived SSR markers in cowpea (*Vigna unguiculata*) and their transferability to other *Vigna* species. **Genome**, Ottawa, v.53, p. 508-523, 2010.

HARUNA, P.; ASARE, A. T.; KUSI, F. Assessment of *Striga gesnerioides* (Willd.) Resistance and Genetic Characterization of Forty-Six Cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) Genotypes in Ghana. **International Journal of Agronomy**, Londres, v. 2020, p. 1-9, 2020.

IITA. **International Institute of Tropical Agriculture**. Cowpea *Vigna unguiculata*: Oyo State: International Institute of Tropical Agriculture, 2020. Disponível em: <<http://iita.org/cropsnew/cowpea/>>. Acesso em: 31 mar. 2020.

JIMENÉZ, C. C. M.; BORGES, O. L.; DEBBROT, E. A. Herencia de La resistencia Del frijol (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) al virus del mosaic severo del caupi. **Fitopatologia Venezuelana**, Caracas, v.2. p. 5-9, 1989.

KAISER, W. J.; MOSSAHEBI, G. H. (1975) Studies with *Cowpea aphid-borne mosaic virus* and its effect on cowpea in Iran. **Plant Protection Bulletin FAO**, Roma, v. 23, p. 33-39, 1975.

LEÃO, U. S.; EIRAS, M.; FREIRE FILHO, F. R.; NOGUEIRA, M. S. R.; RODRIGUES, L. K.; RIBEIRO, V. Q.; LOPES, A. C. A. Selection of phenotypic traits and resistance to *Cowpea severe mosaic virus* and *Cowpea aphid-borne mosaic virus* in cowpea [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] seeds with rugose white coat. **Australian Journal of Crop Science**, Queensland, v.10, p. 470-481, 2016.

LIMA, J. A. A.; SANTOS, C. D. G.; SILVEIRA, L. F. S. Comportamento de genótipos de Caupi em relação aos dois principais vírus que ocorrem no Ceará. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 11. p. 151-161, 1986b.

LIMA, J. A. A.; SITOLLIN, I. M.; LIMA, R. C. A. Diagnose e Estratégias de Controle de Doenças Ocasionadas por Vírus. In: FREIRE FILHO, F. R.; LIMA, J. A. A.; RIBEIRO, V. Q. (Eds.). **Feijão-caupi: Avanços tecnológicos**. 1ª. ed. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2005. p. 405-459.

LIMA, J. A. A.; SILVA, A. K. F.; ARAGÃO, M. L.; FERREIRA, N. R. A.; TEÓFILO, E. M. Simple and multiple resistances to viruses in cowpea genotypes. **Pesquisa agropecuária brasileira**, Brasília, v.46, n.11. p.1432-1438, 2011.

LO, S.; MUÑOZ-AMATRIÁIN, M.; BOUKAR, O.; HERNITER, I.; CISSE, N.; GUO, Y. N.; ROBERTS, P. A.; Xu, S.; FATOKUN, C.; CLOSE, T. J. Identification of QTL controlling domestication-related traits in cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp). **Scientific Reports**, Carolina do Norte, v. 8, p. 1-9, 2018.

MAFAKHERI, K.; BIHAMTA, M. R.; ABBASI, A. R. Assesment of genetic diversity in cowpea (*Vigna unguiculata* L.) germplasm using morphological and molecular characterization. **Soil & Crop Sciences**, Colorado , v.3, p.2-20, 2017.

MAIA, L. M.; LIMA, J. A. A.; NASCIMENTO, A. K. Q.; RABELO FILHO, A. C. Biological differences and unilateral cross-protection between biotypes of *Cowpea aphid-borne mosaic virus*. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 48, p. 310-317, 2017.

MEDEIROS, R. B. **Replicação, organização e expressão gênica**. In: MEDEIROS, R. B.; RESENDE, R. o.; CARVALHO, R. C. P.; DIANESE, E. C.; COSTA, C. L.; SGRO, J. Y. (Eds.). **Virologia Vegetal: conceitos, fundamentos, classificação e controle**. 1ª. ed. Brasília: UnB, 2015. cap. 8, p. 219-254.

MENDES, R. F. M.; BRITTO, F. B.; FREIRE FILHO, F. R.; LIMA, P. S. C. Genetic variability of indigenous cowpea genotypes as determined using inter-simple sequence repeats markers. **African Journal of Biotechnology**, Nairobi, v. 14, p. 2652-2661, 2015.

NECHET, K. L.; HALFED-VIEIRA, B. A. Caracterização de isolados de *Rhizoctonia* spp., associados à mela do feijão-caupi (*Vigna unguiculata*), coletados em Roraima. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 31, p. 505-508, 2006.

NECHET, K. L. **Doenças do feijão-caupi em Roraima**. Boa Vista: Embrapa Roraima, 2006. 16 p. (Circular técnica 02).

NECHET, K. L. **Variedades de feijão-caupi tolerantes à mela nas condições de Roraima**. Campinas: Infobibos, 2007. 1p. Disponível em:
<<http://www.infobibos.com/artigos/2007/caupi/index.htm>.> Acesso em 08 abr. 2020.

NEVES, A. C.; CÂMARA, J. A. S.; CARDOSO, M. J.; SILVA, P. H. S.; ATHAYDE SOBRINHO, C. **Cultivo do Feijão-caupi em Sistema Agrícola Familiar**. Teresina: Embrapa Meio-Norte, 2011. 15p. (Circular técnica 51).

NÉYA, B. J.; ZIDA P.E.; SÉRÉMÉ D.; LUND O.S.; TRAORÉ O. Evaluation of yield losses caused by *Cowpea aphid-borne mosaic virus* (CABMV) in 21 cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) varieties in Burkina Faso. **Pakistan Journal of Biological Sciences**, Dubai, v. 18, p. 304-313, 2015.

NOGUEIRA, M.S.R.; FREIRE FILHO, F. R.; OLIVEIRA, C. R. R.; BARROS, G. B.; BRIOSO, P. S. T.; RIBEIRO, V. Q. Avaliação da reação de genótipos de feijão-caupi a infecção por vírus por meio dos efeitos qualitativos. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS, 6., 2011, Búzios. **Anais...** Piracicaba: SBMP, 2011. p. 1-4.

NOGUEIRA, M.S.R.; BRIOSO, P. S. T.; RIBEIRO, V. Q; FREIRE FILHO, F. R. Incorporação de genes de resistência em cultivares de feijão-caupi. In: CONGRESSO NACIONAL DE FEIJÃO-CAUPI, 4., 2016, Sorriso. **Anais...**, 2016. p. 177.

OGUNSOLA, K. E. **Evaluation and inheritance of single and multiple resistance to viral diseases of cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp)**. 2015, 174 f. Tese (Doutorado em Proteção de Plantas) – Universidade de Ibadan, Ibadan.

OLIVEIRA, C. R. R. FREIRE FILHO, F. R.; NOGUEIRA, M. S. R.; BARROS, G. B.; EIRAS, M.; RIBEIRO, V. Q.; LOPES, A. C. A. Reação de genótipos de feijão-caupi revela resistência às coinfeções pelo *Cucumber mosaic virus*, *Cowpea aphid-borne mosaic virus* e *Cowpea severe mosaic virus*. **Bragantia**, Campinas, v. 71, n.1, p. 59-66, 2012.

OLIVEIRA, W. D. **Desenvolvimento e validação de marcadores moleculares tipo microssatélites a partir do transcriptoma de *Vigna unguiculata* (L.)**. 2019, 65f. Monografia (Ciências Biológicas) - Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife.

ONOFRE, A. V. C. **Desenvolvimento de marcadores de DNA para mapeamento genético e caracterização da diversidade em feijão-caupi**. 2002, 144f. Tese (Doutorado em Ciências Biológicas) – Universidade Federal de Pernambuco, Recife.

ORAWU, M.; MELIS, R.; LAING, M.; DERERA, J. Genetic inheritance of resistance to *Cowpea aphid-borne mosaic virus* in cowpea. **Euphytica**, Wageningen, v. 189, p. 191-201, 2013.

OUTTARA S.; CHAMBLISS O.L. Inheritance of Resistance to *Blackeye Cowpea Mosaic Virus* in White AcreBVR' Cowpea. **HortScience**, Praga, v. 26, p. 194-196, 1991.

PATEL, P. N. Sources of resistance, inheritance, and breeding of cowpea for resistance to a strain of *Cowpea aphid-borne mosaic virus* from Tanzania. **Indian Journal of Genetics in Plant Breeding**, Nova Deli, v. 42, p. 221-229, 1982.

PIO-RIBEIRO, G.; ASSIS FILHO, M. F.; ANDRADE, G. P. **Doenças do Feijão-Caupi**. In: AMORIM, L.; REZENDE, J. A. M.; BERGAMIM FILHO, A.; CAMARGO, L. E. A. (Eds.). **Manual de Fitopatologia: doenças das plantas cultivadas**. 5ª. ed. São Paulo: Agronômica Ceres, v. 2, 2016. cap. 38, p. 373-382.

PIO-RIBEIRO G.; PAPPU S. S.; PAPPU H. R.; ANDRADE G. P.; REDDY D. V. R. (2000) Occurrence of *Cowpea aphid-borne mosaic virus* in peanut in Brasil. **Plant Disease**, Minnesota, v. 84, p. 760-766, 2000.

PONTE, J. J. **Nematoides do caupi**. In: ARAÚJO, J. P. P.; WATT, E. E. (Org.). **O caupi no Brasil**. Brasília: IITA/Embrapa, 1988. cap. 11, p. 591-601.

PORTO A. C. M.; SANTOS M. L.; OLIVEIRA A. C. Quality of phytopathometric variables generated from a ranking scale for the CABMV-passionfruit pathosystem. **Revista Agro@mbiente On-line**, Boa Vista, v. 12, p. 58-67, 2018.

RAKSHIT, S.; WINTER, P.; TEKEOGLU, M.; JUAREZ MUÑOZ, J.; PFAFF, T.; BENKO-ISEPPON, A.M.; MUEHLBAUER, F. J.; KAHL, G. DAF marker tightly linked to a major locus for Ascochyta blight resistance in chickpea (*Cicer arietinum* L.). **Euphytica**, Amsterdã, v. 132, p. 23-30, 2003.

ROCHA, M. M.; LIMA, J. A. A.; FREIRE FILHO, F. R.; ROSAL, C. J. S.; LOPES, A. C. A. Resistência de genótipos de Caupi (*Vigna unguiculata* L. Walp.) de tegumento branco a isolados de vírus das famílias *Bromoviridae*, *Comoviridae* e *Potyviridae*. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 8, p. 85-92, 2003.

RUIZ-FERRER, V.; BOSKOVIC, J.; AFONSO, C.; RIVAS, G.; LLORCA, O.; LÓPEZ-ABELLA, D.; LÓPEZ-MOYA, J. J. Structural Analysis of Tobacco Etch Potyvirus HC-Pro Oligomers Involved in Aphid Transmission. **Journal of Virology**, Califórnia, p.3758-3765, 2005.

SCHULMAN, A. H. Molecular markers to access genetic diversity. **Euphytica**, Wageningen, v. 58, n. 3, p. 313-321, 2007.

SEIDO, S. L.; SANTOS, C. A. F. Genetic linkage map and mapping of the locus of biological nitrogen fixation inefficiency in cowpea. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 41, p. 1-8, 2019.

SILVA, G. S. **Nematoides**. In: FREIRE FILHO, F. R.; LIMA, J. A. A.; RIBEIRO, V. Q. (Eds.). **Feijão-caupi: Avanços tecnológicos**. 1. ed. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2005. cap. 13, p. 487-497.

SILVA, K. J. D.; ROCHA, M. M.; MENEZES JÚNIOR, J. A. N. **Socioeconomia**. In: BASTOS, E. A. (Coord.). **A cultura do feijão-caupi no Brasil**. Teresina: Embrapa Meio Norte, 2016. cap.1 , p. 6-12.

SILVA, L. A.; GARCÊZ, R. M.; CHAVES, A. L. R.; COLARICCIO, A.; EIRAS, M. Transmissão experimental revela novos potenciais reservatórios do *Cowpea aphid-borne mosaic virus*. **Summa Phytopathologica**, Botucatu, v. 38, p. 168-169, 2012.

SILVA, L. C.; BATISTA, R. O.; ANJOS, R. S. R.; SOUZA, M. H.; CARNEIRO, P. C. S.; SOUZA, T. L. P. O.; BARROS, E. G.; CARNEIRO, J. E. S. Morphoagronomic characterization and genetic diversity of a common bean RIL mapping population derived from the cross Rudá x AND 277. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 15, p. 1-13, 2016.

SILVA, M. B. O.; CARVALHO, A. J.; ROCHA, M. M.; BATISTA, P. S. C.; SANTOS JÚNIOR, P. V.; OLIVEIRA, S. M. Desempenho agrônômico de genótipos de feijão-caupi. **Revista de Ciências Agrárias**, Lisboa, v. 41, p. 1059-1066, 2018.

SINGH, B. B.; EHLERS, J. D.; SHARMA, B.; FREIRE FILHO, F. R. **Recent progress in cowpea breeding**. In: FATOKUN, C. A.; TARAWALI, S. A.; SINGH, B. B.; KORMAWA, P. M.; TAMÒ, M. (Eds.). **Challenges and opportunities for enhancing sustainable cowpea production**. Ibadan: IITA, 2002. cap.1 , p. 22-40.

SINGH, B. B. The quiet revolution. **IITA Research to Nourish Africa**, R4D Review. Ibadan: IITA, 2010. Disponível em: <<http://r4dreview.iita.or/index.php/2010/09/29/the-quiet-revolution/>>. Acesso em: 06 abr. 2020.

SOARES, M. O. **Identificação dos genes eIF4E e eIF(iso)4E em *Solanum habrochaites* f. *glabratum* e introgressão do alelo de resistência ao PepYMV (*Pepper yellow mosaic virus*)**

em tomateiro. 2012, 48f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

SOUSA A. E. B. A.; LIMA J. A.; CAMPOS F. A. P. Caracterização de um estirpe de “*Cowpea aphid-borne mosaic virus*” obtida de soja no Ceará. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 21, p. 470-478, 1996.

SOUZA, J. M. **Caracterização molecular e biológica de vírus da família potyviridae infectando leguminosas forrageiras da espécie *Stylosanthes guianensis*.** 2017, 81f. Dissertação (Mestrado em Fitopatologia) – Universidade de Brasília, Brasília.

SOUZA, V. B.; CARVALHO, A. J.; SILVA, K. J. D.; ROCHA, M. M.; LACERDA, M. L.; PEREIRA FILHO, I. A. Agronomic performance of cowpea elite lines in the states of Minas Gerais and Mato Grosso, Brasil. **Revista Caatinga**, Mossoró, v. 31, p. 90-98, 2018.

SOWADAGO, M.; OUEDRAOGO, J. T.; GOWDA, B. S.; TIMKO, M. P. Genetic diversity of cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp) cultivars in Burkina Faso resistant to *Striga gesnerioides*. **African Journal of Biotechnology**, Nairobi, v. 9, p. 8146-8153, 2010.

TAIWO M. A.; AKINJOGUNLA O. J. Cowpea viruses: quantitative and qualitative effects of single and mixed viral infections. **African Journal of Biotechnology**, Nairobi, v. 5, p. 1749-1756, 2006.

TAN, H.; TIE, M.; LUO, Q.; ZHU, Y.; LAI, J.; LI, H. A Review of Molecular Markers Applied in Cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp.) Breeding. **Journal of Life Sciences**, Nova Deli, v. 6, p. 1190-1199, 2012.

TAVERT-ROUDET, G.; ANNE, A.; BARRA, A.; CHOVIN, A.; DEMAILLE, C.; MICHON, T. The Potyvirus particle recruits the plant translation initiation factor eIF4E by means of the Vpg covalently linked to the viral RNA. **Molecular Plant-Microbe Interactions**, Minnesota, v.30, p.754-762, 2017.

UMA, M. S.; HITTALAMANI, S.; MURTHY, B. C. K.; VISWANATHA, K. P. Microsatellite DNA marker aided diversity analysis in cowpea [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.]. **Indian Journal of Genetics**, Nova Delhi, v.69, p.35-43, 2000.

URCUQUI-INCHIMA, S.; HAENNI, A. L.; BERNARDI, F. Potyvirus proteins: a wealth of functions. **Virus Research**, Amsterdã, v. 74, p.157-175, 2001.

VALLI, A. A.; GALLO, A.; RODAMILANS, B.; LÓPEZ-MOYA, J. J.; GARCÍA, J. A. The HCPro from the Potyviridae family: an enviable multitasking Helper Component that every virus would like to have. **Molecular Plant Pathology**: Worcester, v. 19, p. 744-763, 2018.

VAN DER PLANK, J. E. **Plant diseases: Epidemics and control**. 1ª. ed. Nova York: Academic Press, 1963. 349p.

VIANA C. A. S.; PIRES M. C.; PEIXOTO J. R.; JUNQUEIRA N. T. V.; BLUM L. E. B. Resistência parcial de genótipos de maracujá-azedo à virose do endurecimento do fruto (*Cowpea aphid-borne mosaic virus*-CABMV). **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 30, p. 338-345, 2014.

VIEIRA, M. L. C.; HANAI, L. R.; DINIZ, A. L. **Marcadores moleculares: De Gregor Mendel à era genômica**. In: ARAGÃO, F. J. L.; MOREIRA, J. R. (Eds.). **Mendel: das leis da hereditariedade à engenharia genética**. 1ª. Ed. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2017. p. 239-279.

VIRALZONE. **ViralZone**. Disponível em:

<http://viralzone.expasy.org/50?outline=all_by_species.> Acesso em 14 abr. 2020.

WAMALWA, E. N.; MUOMA, J.; WEKESA, C. Genetic diversity of cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) accession in Kenya gene bank based on simple sequence repeat markers. **International Journal of Genomics**, Londres, v. 2016, p. 1-6, 2016.

XU, Y. **Molecular Plant Breeding**. 1ª. ed. Cambridge: MPG Books Group, 2010. 755p.

YAMBAO, M. L. M.; YAGIHASHI, H.; SEKIGUCHI, H.; SEKIGUCHI, T.; SASAKI, T.; SATO, M.; ATSUMI, G.; TACAHASHI, Y.; NAKAHARA, K. S.; UYEDA, I. Point mutations

in helper component protease of clover yellow vein virus are associated with the attenuation of RNA-silencing suppression activity and symptom expression in broad bean. **Archives of Virology**, Paris, v. 153, p.105-115, 2008.

CAPÍTULO II

Seleção de genótipos de feijão-caupi com resistência ao *Cowpea aphid-born mosaic virus*

Artigo submetido à Revista Pesquisa Agropecuária Brasileira

Seleção de genótipos de feijão-caupi com resistência ao *Cowpea aphid-borne mosaic virus*

Jeferson A. Silva^{1*}, Antônio F. da Costa², Ana M. Benko-Iseppon³, Lilian M. P. Guimarães¹, Diego A. H. S. Leitão¹, Alessandro Nicoli⁴

¹Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE), Departamento de Agronomia, Fitopatologia, 52171-900, Recife, PE, Brasil.

²Instituto Agronômico de Pernambuco (IPA), 50761-000, Recife, PE, Brasil.

³Universidade Federal de Pernambuco (UFPE), Centro de Biociências, Departamento de Genética, 50730-120, Recife, PE, Brasil.

⁴Instituto de Ciências Agrárias, Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri (UFVJM), 38610-000, Unaí, MG, Brasil.

*Autor para correspondência: jefersonaraujo.bio@gmail.com

Resumo – A produção de feijão-caupi (*Vigna unguiculata*) pode ser limitada em áreas com ocorrência do mosaico causado pelo *Cowpea aphid-borne mosaic virus* (CABMV) e a principal medida no controle dessa doença é o uso de cultivares resistentes. Assim, este trabalho objetivou identificar genótipos de feijão-caupi resistentes ao CABMV. O experimento foi realizado e repetido em casa de vegetação no Instituto Agronômico de Pernambuco (IPA), onde foram avaliados 72 genótipos de feijão-caupi. Foi utilizado o delineamento inteiramente casualizado, sendo a parcela para cada genótipo constituída por três vasos com cinco plantas. As plantas foram inoculadas mecanicamente aos sete dias após o plantio com um extrato de folhas infectadas com CABMV e a avaliação sintomatológica realizada duas semanas após a inoculação, mediante caracterização visual e descrição dos sintomas típicos nas folhas das plantas. Entre o total das cultivares inoculadas, 68 comportaram-se como suscetíveis e quatro como resistentes sem a presença de sintomas de virose (Bajão, Casa Amarela 5, IT81D-1053 e Manteiguinha). Estes resultados indicam que as cultivares podem ser avaliadas em campo com histórico dessa fitovirose e aplicadas em futuros programas de melhoramento visando a resistência ao CABMV.

Palavras-chave: CABMV, Resistência genética, *Vigna unguiculata*

Abstract – The production of cowpea (*Vigna unguiculata*) can be limited in fields with occurrence of the mosaic caused by Cowpea aphid-borne mosaic virus (CABMV) and the main measure in the control of this disease is the use of resistant cultivars. Thus, this work aimed to identify cowpea genotypes resistant to CABMV. The experiment was carried out and repeated in a greenhouse at the Instituto Agronômico de Pernambuco (IPA), where 72 cowpea genotypes were evaluated. A completely randomized design was used, being the plot for each genotype consisting of three pots with five plants. The plants were mechanically inoculated at seven days after planting with an extract of leaves infected by CABMV and the symptomatic evaluation took place two weeks after inoculation, by a visual characterization and description of the typical symptoms on the leaves of the plants. Among all cultivars, 68 proved to be susceptible, while 4 (Bajão, Casa Amarela 5, IT81D-1053, and Manteiguinha) were considered resistant and did not show CABMV symptoms. These results indicate that resistant cultivars may be grown in fields with CABMV records as well as used in further genetic improvement assays aiming at resistance to CABMV.

Index terms: CABMV, genetic resistance, *Vigna unguiculata*

Introdução

O feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.), também conhecido como “feijão-de-corda” e “feijão-macáçar”, é cultivado nas regiões Norte e Nordeste do Brasil por pequenos e médios produtores, tornando-se um produto de grande expressão socioeconômica para essas regiões (Melo et al. 2005). É uma cultura importante para as populações dessas regiões brasileiras, principalmente por se constituir na principal fonte proteica de origem vegetal (Andrade Júnior et al. 2002). Segundo a CONAB (2019), o feijão-caupi total plantado no Brasil, considerando as três safras, representa uma área de 1.455,4 mil hectares com uma produção total de 733.000 toneladas. A região Nordeste é a maior produtora de feijão-caupi do Brasil com 427.600 toneladas. Mas merece destaque o Estado do Mato Grosso, onde o feijão-caupi é cultivado em larga escala, produzido em quantidade, com boa qualidade e baixo custo, o que resultou na maior produção (em mil t) na safra 2018/2019.

Com a expansão da área cultivada, vários fatores têm contribuído para a redução da produtividade. Na maior parte dos sistemas de pequena produção, onde a maioria do feijão-caupi é produzida, os principais fatores responsáveis pelas perdas de rendimento e qualidade são as doenças, os insetos e as deficiências nutricionais das plantas. As doenças causadas por vírus são consideradas um dos fatores mais importantes, sendo responsáveis por grandes perdas econômicas (Cruz & Aragão 2014). Dentre os vírus que infectam a cultura do feijão-caupi merecem destaque, pela severidade e pela ampla ocorrência, respectivamente o *Cowpea severe mosaic virus* (CPSMV) e o *Cowpea aphid-borne mosaic virus* (CABMV) (Barros et al. 2013). Este último é um vírus cosmopolita e economicamente significativo para o feijão-caupi, podendo causar uma perda de rendimento de 13 a 87% no campo dependendo da suscetibilidade da cultura, da época da infecção e da estirpe viral. (Bashir et al. 2002).

Dentre os diferentes sintomas que podem ocorrer nas plantas de feijão-caupi infectadas por CABMV incluem-se como exemplos o mosqueado, mosaico, clorose, bolhosidade, deformações foliares e necrose sistêmica. No entanto, pode ocorrer ausência de sintomas em infecções latentes (Lima 2015). A transmissão do vírus ocorre de forma não-persistente por meio de diferentes espécies de afídeos como o *Aphis craccivora*, *A. fabae*, *A. gossypii*, *A. medicaginis*, *Macrosiphum euphorbiae* e *Myzus persicae* (Dhanasekar & Reddy, 2015), além de sementes infectadas (Amayo et al. 2012). O CABMV também é o causador das principais doenças de outras culturas como o amendoim (Pio-Ribeiro et al. 2000) e o maracujazeiro, onde as perdas causadas pelo endurecimento dos frutos podem chegar a 60% (Viana et al. 2014).

As principais medidas de controle recomendadas para o manejo do CABMV iniciam pelo uso de sementes sadias, evitando-se a presença de espécies de pulgões como vetores e os plantios próximos a hospedeiros alternativos do vírus como o maracujazeiro, além do uso de cultivares resistentes (Lima 2015).

A resistência genética é a melhor e mais apropriada alternativa para reduzir as perdas de colheitas devido a essa doença (Geering & Randles 2012). O primeiro passo para desenvolver uma variedade resistente é selecionar novos genótipos e quando possível combinar essa resistência com outras características agronômicas desejáveis (Thottappilly & Rossel, 1996). Foram identificados como resistentes ao CABMV: IT85F-2687, Mazagão, Sanzi-sanbili, TE97-309G-4, TE97-309G-9, TE97-309G-10, TE97-309G-22, TVu 379, TVu382, TE97-321G-8, TE97-367G-3, TVu 410, TVu 966 (Nogueira et al. 2011; Oliveira et al.2012). A identificação de fontes de resistência ao CABMV é fundamental para programas de melhoramento que estão constantemente tentando desenvolver variedades resistentes a doenças, principalmente às viroses, visando minimizar as perdas de produtividade (Sacoman et al. 2018). Diante disso, o objetivo desse trabalho foi identificar genótipos de feijão-caupi resistentes ao CABMV.

Material e Métodos

O experimento foi conduzido em telado situado no Instituto Agrônomo de Pernambuco (IPA-Recife-PE), latitude 8.06°S e longitude 34.93°W. Esse experimento foi realizado e avaliado entre março e maio de 2018 e repetido entre junho e julho do mesmo ano. Foram avaliados 72 genótipos de feijão-caupi como tratamentos, os quais são oriundos da coleção existente no Banco de Germoplasma do IPA. No experimento foi utilizado o delineamento inteiramente casualizado (DIC), com três repetições, sendo cada repetição constituída por cinco plantas por vaso com capacidade para quatro litros contendo solo argiloso A temperatura variou de 23,5 a 34,5°C e a umidade relativa de 58 a 72%. O isolado de CABMV utilizado para as inoculações foi obtido de plantas infectadas, mantidas em telados no IPA e teve sua identificação confirmada por meio do teste ELISA indireto (*Enzyme-Linked Immunosorbent Assay*) com anticorpos policlonais específicos para o CABMV no laboratório de Fitovirologia da Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE).

Primeiramente foram plantadas sete sementes por vaso e sete dias após o plantio, quando as plantas apresentavam o primeiro nó do ramo principal com folhas unifoliadas (cotiledonares) abertas, realizou-se o desbaste, mantendo-se cinco plantas por vaso para posterior inoculação. O preparo do inóculo foi realizado a partir de tecidos foliares infectados, os quais foram macerados

em almofariz na presença de tampão fosfato de sódio 0,01 M, pH 7,0 (mantido sob refrigeração) na proporção de 1,0 g de tecido foliar para 9,0 mL de tampão. Para realização da inoculação, um pistilo foi embebido no extrato e friccionado sobre a superfície das folhas dos genótipos de feijão-caupi, previamente polvilhadas com Carborundum 600 mesh (Oliveira et al. 2012 modificado). Após a inoculação, as plantas foram lavadas com água destilada para retirar o excesso do inóculo e do abrasivo. A testemunha foi constituída por plantas da cultivar BR14-Mulato, que é suscetível ao CABMV e da cultivar IT85F-2687 que é resistente a esse patógeno (Rocha et al. 2003; Nogueira et al. 2011; Oliveira et al. 2012).

As plantas inoculadas foram observadas, diariamente, durante 30 dias. A avaliação sintomatológica foi realizada mediante caracterização visual. Os genótipos foram avaliados quanto aos efeitos qualitativos das infecções virais por meio da descrição dos sintomas visuais que foram surgindo a partir do folíolo do segundo nó do ramo principal, modificados de Vale & Lima (1994) e Rocha et al. (2003) com base nos seguintes sintomas sistêmicos: BI - bolhosidade; CN - clareamento de nervuras; CI - clorose; M - Mosaico; SS - sem sintoma. Foram consideradas suscetíveis, plantas com sintomas evidentes, enquanto que as que não apresentaram sintomas foram consideradas resistentes (Lima et al. 2011).

Resultados e Discussão

Na maioria dos genótipos, os primeiros sintomas da doença apareceram aos sete dias após a inoculação do vírus, observando-se o clareamento das nervuras dos folíolos do segundo nó do ramo principal. Com o passar do tempo ocorreu o surgimento de outros sintomas característicos. No primeiro experimento, dos 72 genótipos de feijão-caupi submetidos à inoculação mecânica com o vírus CABMV, 59 (82%) comportaram-se como suscetíveis, apresentando sintomas típicos da doença, como clareamento de nervuras, mosaico, clorose e bolhosidade, enquanto 13 genótipos (18%) não desenvolveram sintomas desse vírus (Figura 1). Em um segundo experimento e após nova avaliação sintomatológica, 68 (94,5%) dos genótipos apresentaram suscetibilidade e apenas os genótipos Bajão, Casa Amarela 5, IT81D-1053 e Manteiguinha (5,5% dos genótipos) não manifestaram nenhum dos sintomas da infecção viral, sendo os materiais considerados com resistência qualitativa (distribuição fenotípica descontínua) (Tabela 1). Esse resultado foi confirmado em outro teste onde esses quatro genótipos foram inoculados com o CABMV, não apresentaram sintomas e a partir das suas folhas foram preparados extratos que serviram para inocular um genótipo suscetível ao CABMV, que também não apresentou sintomas, revelando não haver infecção viral latente. Os genótipos suscetíveis e resistentes foram

identificados com a presença ou ausência dos sintomas característicos da doença, respectivamente (Figura 2).

A cultivar BRS Guariba apresentou nesta pesquisa os sintomas de bolhosidade, clorose e mosaico, sendo os mesmos sintomas relatados por Lima et al. (2011) e Oliveira et al. (2012). Esses autores também relataram o sintoma de mosaico na cultivar Pitiúba assim como no presente estudo. Na cultivar IT81D-1045, além do mosaico também relatado por Nogueira et al. (2011), foi constatado aqui o sintoma de clorose. A cultivar Canapuzinho apresentou os sintomas de clareamento de nervuras, clorose e mosaico, como no trabalho de Nogueira et al. (2011) onde também foram relatados os sintomas de bolhosidade e necrose. Esta cultivar é resistente à mela causada pelo fungo *Thanatephorus cucumeris* (Nechet & Halfeld-Vieira 2007).

Apesar de a cultivar Sempre Verde ter uma maior média de grãos por vagem e a BRS Tumucumaque ser superior com relação ao peso de grãos em vagens verdes (Silva et al. 2013) a primeira apresentou os sintomas de clareamento de nervuras, clorose e bolhosidade, enquanto que a segunda apresentou os sintomas de bolhosidade e clorose. Além desses sintomas, essas cultivares também apresentaram mosaico, corroborando com o trabalho de Lima et al. (2011). A cultivar Macaibo tem sido considerada imune ao *Cowpea severe mosaic virus* (CPSMV) (Vale e Lima 1995; Paz et al. 1999), entretanto, em relação ao CABMV apresentou os sintomas de clareamento de nervuras e clorose nesta pesquisa, além do sintoma de mosaico relatado no trabalho de Lima et al. 2011.

Apesar de a cultivar Paulistinha apresentar potencial para a produção de grãos verdes (Silva et al. 2013; Sousa et al. 2015), apresentou sintoma de clareamento de nervuras, clorose e mosaico, sendo este último sintoma também relatado por Lima et al. (2011). Os genótipos Canapu PE e Miranda IPA 207 apresentaram clareamento de nervuras e clorose. Estas duas cultivares foram consideradas resistentes à murcha de fusarium (Silva et al. 2018). Além disso, essas cultivares se destacaram quanto à produtividade de grãos (Gonçalves et al. 2017; Costa et al. 2013).

Embora Santos et al. 2009 tenham relatado que a cultivar EPACE 10 possui grande potencial de produtividade, resistência a viroses e tolerância a estiagem, ela apresentou clareamento de nervuras, clorose, mosaico e bolhosidade assim como relatado por Nogueira et al. 2011. O genótipo BRS Novaera apresenta características de porte e acamamento adequadas para o cultivo, e valor de cultivo compatível com o padrão comercial (Guerra et al. 2017), no entanto, apresentou os sintomas de clareamento de nervuras e clorose, sendo suscetível ao

CABMV. O genótipo Pingo de Ouro 2 apresenta comportamento tolerante à seca (Bastos et al. 2011), porém apresentou os sintomas de clareamento de nervuras e clorose.

Para a cultivar BRS Xiquexique não haviam sido relatados sintomas característicos do CABMV (Nogueira et al. 2011), porém nesta pesquisa ela apresentou clareamento de nervuras, clorose, bolhosidade e mosaico. O mesmo ocorreu com a cultivar Patativa (Nogueira et al. 2011; Oliveira et al. 2012), a qual apresentou clareamento de nervuras, mosaico e clorose, além da BRS Cauamé (Oliveira et al. 2012), com sintomas de clareamento de nervuras e clorose. A BRS Cauamé apresenta elevado comprimento de vagem e por ser mais produtiva, tem potencial para a produção de grãos verdes (Ramos et al. 2014). A cultivar Patativa apresenta excelente produtividade em Pernambuco e produz sementes de boa qualidade fisiológica (Teixeira et al. 2010; Costa et al. 2013). Além disso, essas três cultivares apresentam resistência do tipo antibiose ao caruncho *Callosobruchus maculatus* (Carvalho et al. 2011; Masaro Júnior & Vilarinho 2011; Silva 2011).

O genótipo IT85F-2687, padrão de resistência ao CABMV (Nogueira et al. 2011; Oliveira et al. 2012), apresenta resistência classificada como não-preferencial à oviposição e alimentação do caruncho *C. maculatus* (Castro et al. 2013; Medeiros et al. 2017). O genótipo IT81D-1053 é moderadamente resistente ao ataque desse inseto (Fontes & Arthur 2005; Oliveira et al. 2013). Em estudo de Santana et al. 2019, o genótipo Bajão se destacou dos demais por possuir maior número de dias para o início da floração, maior comprimento de vagem, maior peso de vagens e um bom número de grãos por vagem. A cultivar do grupo Manteiguinha apresentou um desempenho de produtividade satisfatório, possuindo um bom número de vagens por planta (Oliveira et al. 2015; Sousa et al. 2018).

Conclusão

Considerando que a utilização de cultivares resistentes é o método mais eficiente para o controle do CABMV, os resultados obtidos nesse trabalho demonstram que os genótipos resistentes podem ser utilizados como fonte resistentes em estudos de herança, em programas de melhoramento visando incorporação dessa resistência em genótipos de feijão-caupi, e estudos como mapeamento de genes de resistência.

Agradecimentos

Ao Instituto Agrônomo de Pernambuco (IPA), pelo fornecimento dos genótipos de feijão-caupi e do isolado de *Cowpea aphid-borne mosaic virus* (CABMV).

Referências Bibliográficas

AMAYO, R.; ARINAITWE, A. B.; MUKASA, S. B.; TUSUME, G.; KYAMANYWA, S.; RUBAIHAYO, P. R.; EDEMA, R. Prevalence of viruses infecting cowpea in Uganda and their molecular detection. **African Journal of Biotechnology**, v.11, p.14132-14139, 2012. DOI: 10.5897/AJB11.398.

ANDRADE JÚNIOR, A. S. de; RODRIGUES, B. H. N.; FRIZZONE, J. A.; CARDOSO, M. J.; BASTOS, E. A.; MELO, F. DE B. Níveis de irrigação na cultura do feijão-caupi. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola**, v.6, p.17-20, 2002. DOI: 10.1590/S1415-43662002000100004.

BARROS, G. B.; NOGUEIRA, M. S. R.; OLIVEIRA, C. R. R.; FREIRE FILHO, F. R.; RIBEIRO, V. Q.; VEIGA, C. F. M.; BRIOSO, P. S. T.; EIRAS, M. Obtenção de plantas de feijão-caupi resistentes ao *Cowpea severe mosaic virus* e ao *Cowpea aphid-borne mosaic virus*. **Summa Phytopathologica**, v.39, p.130-136, 2013.

BASHIR, M.; AHMAD, Z.; GHAFOR, A. *Cowpea aphid-borne mosaic* potyvirus: a review. **International Journal of pest management**, v.48, p.155-168, 2002. DOI: 10.1080/09670870110118722.

BASTOS, E. A.; NASCIMENTO, S. P. do; SILVA, E. M. da; FREIRE FILHO, F. R.; GOMIDE, R. L. Identification of cowpea genotypes for drought tolerance. **Revista Ciência Agronômica**, v.42, p.100-107, 2011. DOI: 10.1590/S1806-66902011000100013.

CARVALHO, R. O.; LIMA, A. C. S.; ALVES, J. M. A. Resistência de genótipos de feijão-caupi ao *Callosobruchus maculatus* (Fabr.) (Coleoptera: Bruchidae). **Revista Agro@ambiente Online**, v.5, p.50-56, 2011.

CASTRO, M. J. P.; BALDIN, E. L. L.; CRUZ, P. L.; SOUZA, C. M.; SILVA, P. H. S. Characterization of cowpea genotype resistance to *Callosobruchus maculatus*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** v.48, p.1201-1209, 2013.

Conab. Acompanhamento safra brasileira grãos, Safra 2018-2019. Disponível em <https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos/boletim-da-safra-de-graos>. Acesso em: 02 abr. 2019.

COSTA, A. F.; SOUZA, M. C. M.; CANUTO, V. T. B.; COUTINHO, R. L. B. C.; TAVARES, J. A.; FONSECA, M. A. C. Miranda IPA 207, Nova Cultivar de Feijão-Caupi para o Nordeste Brasileiro. **Pesquisa agropecuária Brasileira**, v.18, p.39-43, 2013.

CRUZ, A. R. R.; ARAGÃO, F. J. L. RNAi-based enhanced resistance to *Cowpea severe mosaic virus* and *Cowpea aphid-borne mosaic virus* in transgenic cowpea. **Plant Pathology**, v.63, p.831-837, 2014. DOI: 10.1111/ppa.12178.

DHANASEKAR, P.; REDDY, K. S. Serological Screening of Cowpea Genotypes for resistance against *Cowpea aphid-borne mosaic virus* using DAS-ELISA. **Asian Journal of Plant Pathology**, v.9, p.83-90, 2015. DOI: 10.3923/ajppaj.2015.83.90.

FONTES, L. S.; ARTHUR, V. (2005) Avaliação da resistência de genótipos de caupi (*Vigna unguiculata*, L.) ao ataque de *Callosobruchus maculatus*. **Revista de agricultura**, v.80, p.49-57, 2005. DOI: 10.37856/BJA.V80I1.1408.

GEERING, A. D. W.; RANGLES, J. W. Virus disease of tropical crops. **John Wiley & Sons**, v.1, p.1-14, 2012. DOI: 10.1002/9780470015902.a0000767.

GONÇALVES, I. S.; SILVA, R. R. da; OLIVEIRA, G. M. de; SANTIAGO, E. J. P.; OLIVEIRA, V. E. A. de. Características fisiológicas e componentes de produção de feijão-caupi sob diferentes lâminas de irrigação. **Journal of Environmental Analysis and Progress**, v.2, p.320-329, 2017. DOI: 10.24221/jeap.2.3.2017.1456.320-329.

GUERRA, J. V. S.; CARVALHO, A. J. de; MEDEIROS, J. C.; SOUZA, A. A. de; BRITO, O. G. Agronomic performance of erect and semi-erect cowpea genotypes in the north of Minas Gerais, Brazil. **Revista Caatinga**, v.30, p.679-686, 2017. DOI: 10.1590/1983-21252017v30n316rc.LIMA, J. A. A.; SILVA, A. K. F. da; ARAGÃO, M. L.; FERREIRA, N. R. de A.; TEÓFILO, E. M. Simple and multiple resistances to viruses in cowpea genotypes.

Pesquisa Agropecuária Brasileira v. 46, p.1432-1438, 2011. DOI: 10.1590/S0100-204X2011001100003.

LIMA, J. A. A. **Virologia Essencial & Viroses em Culturas Tropicais**. 1.ed. Fortaleza: Universidade Federal do Ceará, 2015. 605p.

MASARO JÚNIOR, A. L.; VILARINHO, A. A. Resistência de cultivares de feijão-caupi ao ataque de *Callosobruchus maculatus* (Coleoptera: Chrysomelidae: Bruchinae) em condições de armazenamento. **Revista Acadêmica: Ciências Agrárias e Ambientais** v.9, p.51-55, 2011.

MEDEIROS, W. R.; SILVA, J. D. da C.; SILVA, P. R. R.; GIRÃO FILHO, J. E.; PADUA, L. E. de M.; FRANÇA, S. M. de. Resistência de genótipos de feijão-caupi [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] ao ataque do caruncho *Callosobruchus maculatus* (Fabr.) (Coleoptera: Chrysomelidae). **EntomoBrasilis** v.10, p.19-25, 2017. DOI: 10.12741/ebrasilis.v10i1.650.

MELO, F. B.; CARDOSO, M. J.; SALVIANO, A. A. Fertilidade do solo e adubação. In: FREIRE FILHO, F. R.; LIMA, J. A. A.; RIBEIRO, V. Q. (Eds.). **Feijão-caupi: avanços tecnológicos**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2005. p. 230-242.

NECHET, K. L.; HALFELD-VIEIRA, B. A. Reação de cultivares de feijão-caupi à mela (*Rhizoctonia solani*) em Roraima. **Fitopatologia Brasileira**, v.32, p.424-428, 2007.

NOGUEIRA, M. S. da R.; FREIRE FILHO, F. R.; OLIVEIRA, C. R. R. de; BARROS, G. B.; BRIOSO, P. S. T.; RIBEIRO, V. Q. Avaliação da reação de genótipos de feijão-caupi a infecção por vírus por meio dos efeitos qualitativos. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS, 6., Búzios, 2011. **Anais**. Búzios: SBMP, 2011. p.1-4.

OLIVEIRA, C. R. R. de; FREIRE FILHO, F. R.; NOGUEIRA, M. S. da R.; BARROS, G. B.; EIRAS, M.; RIBEIRO, V. Q.; LOPES, A. C. de A. Reação de genótipos de feijão-caupi revela resistência às coinfeccções pelo *Cucumber mosaic virus*, *Cowpea aphid-borne mosaic virus* e *Cowpea severe mosaic virus*. **Bragantia**, v.71, p.59-66, 2012. DOI: 10.1590/S0006-87052012005000007.

OLIVEIRA, E.; MATTAR, E. P. L.; ARAÚJO, M. L. de; JESUS, J. C. S. de; NAGY, A. C. G.; SANTOS, V. B. Descrição de cultivares locais de feijão-caupi coletados na microrregião Cruzeiro do Sul, Acre, Brasil. **Acta Amazonica**, v.45, p.243-254, 2015. DOI: 10.1590/1809-4392201404553.

OLIVEIRA, G. B.; KUNZ, D.; PERES, T. V.; LEAL, R. B.; UCHÔA, A. F.; SAMUEL, S. R. I.; MACEDO, M. L. R.; CARLINI, C. R.; RIBEIRO, A. F.; GRANGEIRO, T. B.; TERRA, W. R.; XAVIER-FILHO, J.; SILVA C. P. Variant vicilins from a resistant *Vigna unguiculata* lineage (IT81D-1053) accumulate inside *Calosobruchus maculatus* larval midgut epithelium. **Comparative Biochemistry and Physiology, Part B**, v.168, p.45-52, 2013. DOI: 10.1016/j.cbpb.2013.11.001.

PAZ, C. D.; LIMA, J. A. A.; PIO-RIBEIRO, G.; ASSIS FILHO, F. M.; ANDRADE, G. P.; GONÇALVES, M. F. B. Purificação de um isolado do vírus do mosaico severo do caupi, obtido em Pernambuco, produção de antissoros e determinação de fontes de resistência em caupi. **Summa Phytopathologica**, v.25, p.185-188, 1999.

PIO-RIBEIRO, G.; PAPPU, S. S.; PAPPU, H. R.; ANDRADE, G. P.; REDDY, D. V.R. Occurrence of *Cowpea aphid-borne mosaic virus* in peanut in Brasil. **Plant Disease**, v.84, p.760-766, 2000.

RAMOS, D. P.; ALVES, A. F.; MARQUES, K. R.; FERREIRA, T. A.; FIDELIS, R. R.; NASCIMENTO, I. R. Avaliação de genótipos de feijão-caupi irrigado para produção de grãos verdes em Gurupi-TO. **Horticultura Brasileira**, v.31, p.1804-1811, 2014.

ROCHA, M. M.; LIMA, J. A. A.; FREIRE FILHO, F. R.; ROSAL, C. J. S.; LOPES, A. C. A. Resistência de genótipos de Caupi (*Vigna unguiculata* L. Walp) de tegumento branco a isolados de vírus das famílias *Bromoviridae*, *Comoviridae*, *Potyviridae*. **Ciência Rural**, v.8, p.85-92, 2003.

SACOMAN, N. N.; VIANA, A. P.; CARVALHO, V. S.; SANTOS, E. A.; RODRIGUES, R. Resistance to *Cowpea aphid-borne mosaic virus* in vitro germinated genotypes of *Passiflora*

setacea. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.40, p.1-10, 2018. DOI: 10.1590/0100-29452018607.

SANTANA, S. R. A.; MEDEIROS, J. E.; ANUNCIÇÃO FILHO, C. J.; SILVA, J. W.; COSTA, A. F.; BASTOS, G. Q. Genetic divergence among cowpea genotypes by morphoagronomic traits. **Revista Caatinga**, v. 32, p.841-850, 2019.

SANTOS, J. F. dos; GRANGEIRO, J. I. T.; BRITO, C. H. de; SANTOS, M. do C. C. A. Produção e componentes produtivos de variedades de feijão-caupi na microrregião Cariri paraibano. **Engenharia Ambiental**, v.6, p.214-222, 2009.

SILVA, E. F. da; BARROS JÚNIOR, A.P.; SILVEIRA, L. M. da; SANTANA, F. M. de S.; SANTOS, M. G. dos. Avaliação de cultivares de feijão-caupi irrigado para produção de grãos verdes em Serra Talhada-PE. **Revista Caatinga**, v.26, p.21-26, 2013.

SILVA, R. C. Z. **Resistência genética do feijão-caupi à murcha de fusarium**. 2018. 62p. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife.

SILVA, S. Z. **Resistência e qualidade tecnológica de cultivares de feijão caupi (*Vigna unguiculata* (L.) WALP.) a *Callosobruchus maculatus* (FABR.) (COLEOPTERA: BRUCHIDAE)**. 2011. 75p. Dissertação (Mestrado), Universidade Estadual do Oeste do Paraná, Cascavel.

SOUSA, J. L. M.; ROCHA, M. M.; SILVA, K. J. D.; NEVES, A. C.; SOUSA, R. R. Potencial de genótipos de feijão-caupi para o mercado de vagens e grãos verdes. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.50, p.392-398, 2015.

SOUSA, W. N.; BRITO, N. F.; BARROS, I. B.; SOUSA, J. T. R.; SAI, E. F.; REIS, I. M. S. Resposta do feijão-caupi à inoculação de *Bradhyrhizobium japonicum*, adubação nitrogenada e nitrogênio do solo. **Agroecossistemas**, v.10, p.298-308, 2018.

TEIXEIRA, I. R.; SILVA, G. C.; OLIVEIRA, J. P. R.; SILVA, A. G.; PELÁ, A. Desempenho agronômico e qualidade de sementes de cultivares de feijão-caupi na região do cerrado. **Revista Ciência Agronômica**, v.41, p.300-307, 2010.

THOTTAPPILLY, G.; ROSSEL H. W. **Virus disease o cowpea in Africa**. 1.ed. Ibadan: IITA, 1996. 28p.

VALE, C. C.; LIMA, J. A. A. Efeitos de infecções isoladas e misturas de vírus de grupos distintos em caupi. **Fitopatologia brasileira**, v.19, p.193-197, 1994.

VALE, C. C.; LIMA, J. A. A. Herança da imunidade da cultivar Macaibo de *Vigna unguiculata* ao vírus do mosaico severo do caupi. **Fitopatologia Brasileira**, v.20, p.30-32, 1995.

VIANA, C. A. dos S.; PIRES, M. de C.; PEIXOTO, J. R.; JUNQUEIRA, N. T. V.; BLUM, L. E. B. Resistência parcial de genótipos de maracujá-azedo à virose do endurecimento do fruto (*Cowpea aphid-borne mosaic virus*- CABMV). **Bioscience Journal**, v.30, p.338-345, 2014.

Tabela 1: Genótipos de feijão-caupi, suas origens e as reações ao *Cowpea aphid-borne mosaic virus* no primeiro e no segundo experimento.

Cultivares	Origem	SINTOMAS	
		1ºExperimento	2ºExperimento
Arcoverde 1	Feira Livre Arcoverde PE	CN, BI M, CI	CN, BI M, CI
Arcoverde 5	Feira Livre Arcoverde PE	CN, CI, M, BI	CN, CI, M, BI
Arcoverde 8	Feira Livre Arcoverde PE	CN, CI, M	CN, CI, M
Bajão	Feira Livre Igarassu PE	SS	SS
Bastião	Serra Talhada PE	CN, CI, M	CN, CI, M
Bastiãozinho	Feira Livre Ibimirim PE	CN, CI, M	CN, CI, M
Bico de Ouro	Embrapa Meio Norte	CN, BI, CI	CN, BI, CI
BR-10 Piauí	Embrapa Meio Norte	CN, CI	CN, CI
BR14-Mulato	Empraba Meio Norte	CN, CI, M, BI	CN, CI, M, BI
BRS Cauamé	Embrapa Meio Norte	CN, CI	CN, CI
BRS Guariba	Embrapa Meio Norte	SS	CI, BI, M
BRS Novaera	Embrapa Meio Norte	CN, CI	CN, CI
BRS Tumucumaque	Embrapa Meio Norte	CI, BI, M	CI, BI, M
BRS Xiquexique	Embrapa Meio Norte	SS	CN, CI, BI, M
BSF 1	Belém do São Francisco	CN, CI	CN, CI
Cabeçudo	Arapipina PE	CI, M	CI, M
Rabo de tatu	Arapipina PE	SS	M
Canapu BSF	Belém do São Francisco	CN, BI, M, CI	CN, BI, M, CI
Canapu Mossoró	Mercado Público Mossoró RN	CN, M, CI	CN, M, CI
Canapu PE	Feira Livre Salgueiro PE	CN, CI, M	CN, CI, M
Canapuzinho	Feira Livre Salgueiro PE	CN, CI, M	CN, CI, M
Casa Amarela 2	Feira Livre Recife PE	CI, M	CI, M
Casa Amarela 3	Feira Livre Recife PE	CN, CI	CN, CI
Casa Amarela 5	Feira Livre Recife PE	SS	SS
Casa Amarela 6	Feira Livre Recife PE	CN, CI, M	CN, CI, M

Cavaleiro 8	Feira Livre Jaboatão dos Guararapes PE	CN, CI, M, BI	CN, CI, M, BI
Cavaleiro 13	Feira Livre Jaboatão dos Guararapes PE	CN, CI, M, BI	CN, CI, M, BI
Cavaleiro 18	Feira Livre Jaboatão dos Guararapes PE	CN, CI, M, BI	CN, CI, M, BI
Chico Modesto	Feira Livre Araripina PE	CN, CI, BI	CN, CI, BI
Cordeiro 1	Feira Livre Recife PE	M	M
Cordeiro 3	Feira Livre Recife PE	CI, M	CI, M
Coruja	Salgueiro PE	M	M
Costela de Vaca	Serra Talhada PE	CN, CI, BI, M	CN, CI, BI, M
Encruzilhada 1	Feira Livre Recife PE	SS	CN, CI, BI, M
Encruzilhada 2	Feira Livre Recife PE	CI,	CI,
Encruzilhada 3	Feira Livre Recife PE	SS	BI, CI, M
Encruzilhada 4	Feira Livre Recife PE	SS	BI, CI, M
Epace 10	Estação Experimental do IPA Goiana PE	SS	CN, CI, BI, M
Esperança	Cruzamento entre duas cultivares UFRPE	CN, CI, M	CN, CI, M
IT81D-1045	Embrapa Meio Norte	M, CI	M, CI
IT81D-1053	Embrapa Meio Norte	SS	SS
IT82D-106G	Embrapa Meio Norte	CI	CI
IT85F-2687	Embrapa Meio Norte	SS	SS
Juazeiro 2	Feira Livre BA	CN, M	CN, M
Juazeiro 7	Feira Livre BA	BI, CI, M	BI, CI, M
Juazeiro 8	Feira Livre BA	CI, BI, M	CI, BI, M
Juazeiro 9	Feira Livre BA	CN, CI, M	CN, CI, M
Juazeiro 11	Feira Livre BA	CN, CI, M, BI	CN, CI, M, BI
Macaibo	Embrapa Meio Norte	CN, CI	CN, , CI
Manteiga	Feira Livre Ibimirim PE	CN, CI, M	CN, CI, M
Manteiguinha	Santarém PA	SS	SS
Maravilha	Feira Livre Arara PB	CN, CI, M	CN, CI, M
Miranda IPA 207	Instituto Agrônômico de Pernambuco	CN, CI,	CN, CI,
Patativa	Embrapa Meio Norte	CN, CI, M	CN, CI, M

Paulistinha	Embrapa Meio Norte	CN, M, CI	CN, M, CI
Pingo de Ouro 2	Embrapa Meio Norte	CN, CI	CN, CI
Pitiúba	Embrapa Meio Norte	M	M
Portalegre 1	Feira Portalegre RN	CN, CI, M	CN, CI, M
Portalegre 2	Feira Livre Portalegre RN	CN, CI, BI	CN, CI, BI
Rasga Letra	Feira Livre Araripina PE	CN, CI, M, BI	CN, CI, M, BI
Rouxinol	Cruzamento entre duas cultivares URPE	SS	M
Safrinha 1	Feira Livre Ibimirim PE	CN, CI	CN, CI
Salgueiro 1	Salgueiro PE	CN, CI, M	CN, CI, M
Sempre Verde	Lajedo PE	SS	CN, CI, M, BI
Sempre Verde	Feira Livre Lajedo PE	CN, BI, M, CI	CN, BI, M, CI
Verdadeiro			
Taipu 1	Feira Livre São Miguel de Taipu PB	M	M
Taipu 2	Feira Livre São Miguel de Taipu PB	CN, CI, M	CN, CI, M
Taipu 3	Feira Livre São Miguel de Taipu PB	CN	CN
Taipu 4	Feira Livre São Miguel de Taipu PB	CN, CI, M	CN, CI, M
Tucurui 1	Feira Livre Tucurui PA	M	M
Tucurui 2	Feira Livre Tucurui PA	CI, M, BI	CI, M, BI
Tucurui 3	Feira Livre Tucurui PA	CN, CI, M	CN, CI, M
Tucurui 4	Feira Livre Tucurui PA	CI, CI, M	CI, CI, M
Vitória 2	Feira Livre Vitória de Santo Antão PE	CN, M	CN, M

BI: Bolhosidade; CN: Clareamento de nervuras; CI: Clorose; M: -Mosaico; SS: -Sem sintomas

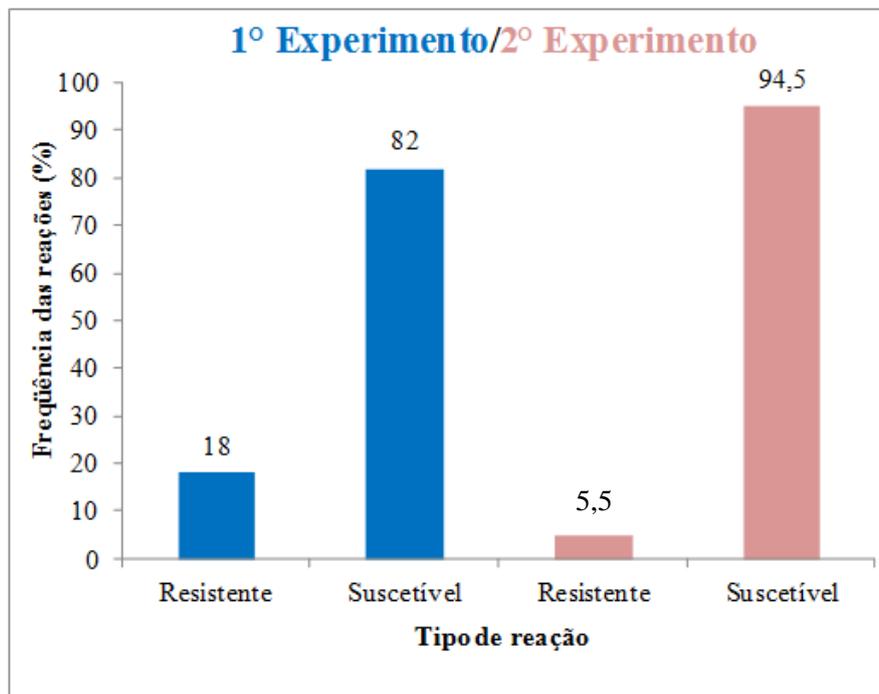


Figura 1: Frequência de classes de reações de 72 genótipos de feijão-caupi ao *Cowpea aphid-borne mosaic virus* em de casa de vegetação.

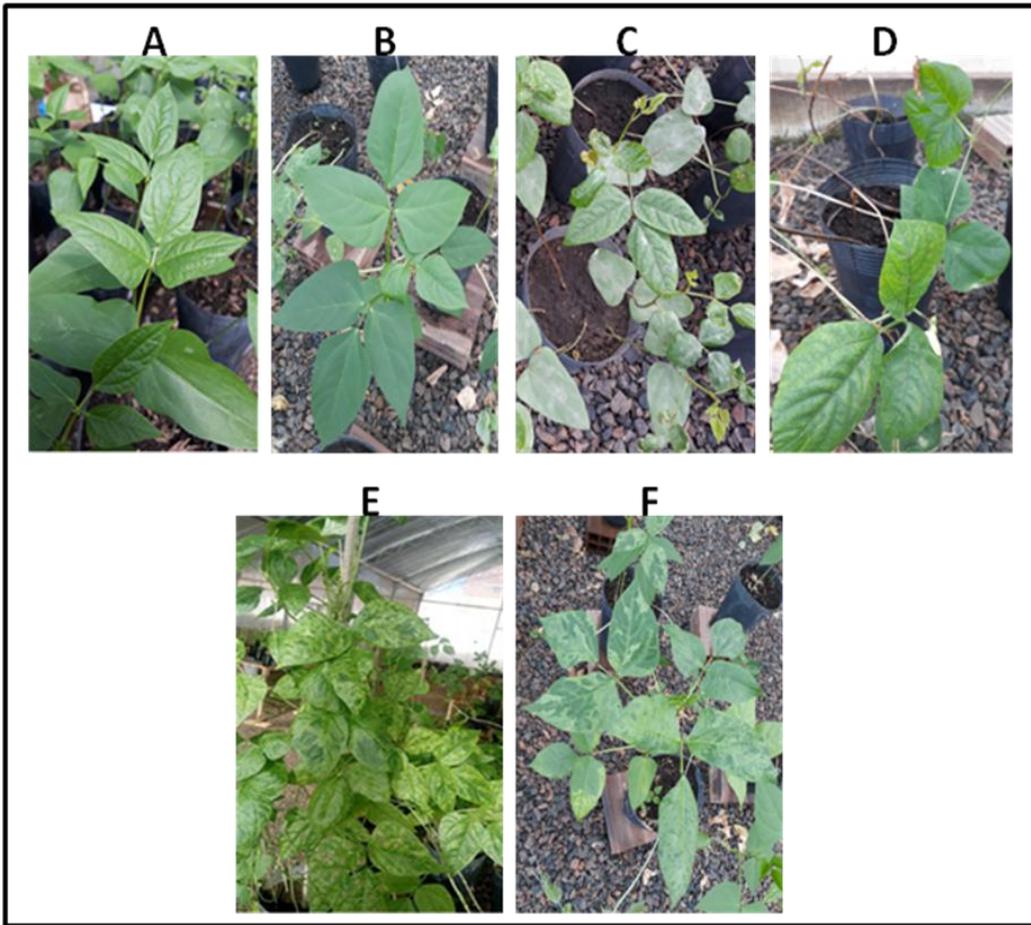


Figura 2: Genótipos de feijão-caupi apresentando resistência (A, B, C, D) e suscetibilidade (E, F) ao CABMV em casa-de-vegetação. A: Bajão; B: Casa Amarela 5; C: IT81D-1053; D: Manteiguinha; E: BR14-Mulato; F: BRS Xiquexique.

CAPÍTULO III

Herança da resistência do feijão-caupi ao *Cowpea aphid-borne mosaic virus*

Artigo submetido à Revista Pesquisa Agropecuária Brasileira

Herança da resistência do feijão-caupi ao *Cowpea aphid-borne mosaic virus*

Jeferson A. Silva^{1*}, Antônio F. da Costa², Ana M. Benko-Iseppon³, Lilian M. P. Guimarães¹, Diego A. H. S. Leitão¹, Alessandro Nicoli⁴

¹Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE), Departamento de Agronomia, Fitopatologia, 52171-900, Recife, PE, Brasil.

²Instituto Agronômico de Pernambuco (IPA), 50761-000, Recife, PE, Brasil.

³Universidade Federal de Pernambuco (UFPE), Centro de Biociências, Departamento de Genética, 50730-120, Recife, PE, Brasil.

⁴Instituto de Ciências Agrárias, Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri (UFVJM), 38610-000, Unaí, MG, Brasil.

*Autor para correspondência: jefersonaraujo.bio@gmail.com

Resumo – A virose causada pelo *Cowpea aphid-borne mosaic virus* (CABMV) é uma doença importante que afeta o feijão-caupi, interferindo na qualidade e quantidade da produção e gerando perdas econômicas. O uso de cultivares resistentes é uma das estratégias utilizadas no manejo da doença, sendo importante estudar a natureza da resistência. Este trabalho objetivou estudar a herança da resistência do feijão-caupi ao CABMV. O estudo foi conduzido a partir do cruzamento entre os genótipos parentais IT85F-2687 (resistente) e BR14-Mulato (suscetível), gerando uma população F₁, F₂, e os retrocruzamentos com os dois parentais (RC_R e RC_S). As plantas de todas as gerações foram inoculadas com o CABMV e avaliadas por meio de inspeção visual e descrição dos sintomas característicos. A partir da classificação fenotípica das plantas foi empregado o teste do qui-quadrado, sendo aceita uma taxa de segregação de 1 : 3 (resistente : suscetível) na população F₂, admitindo-se assim ser uma herança monogênica recessiva. Os resultados com os retrocruzamentos confirmaram essa herança ao CABMV em feijão-caupi.

Palavras-chave: Controle genético, *Potyvirus*, *Vigna unguiculata*

Abstract – The virus caused by the *Cowpea aphid-borne mosaic virus* (CABMV) is a significant disease since it impairs cowpea's production quality and quantity, leading to economic loss. The use of resistant cultivars is one strategy applied in the management of cowpea mosaic, and it is important to study the nature of such resistance. This research aimed to evaluate the inheritance of resistance to CABMV in cowpea. The study was performed from the crossing between parental genotypes IT85F-2687 (resistant to CABMV) and BR14-Mulato (susceptible to CABMV), generating the populations F₁, F₂, and backcrosses with both parental genotypes (BC_R e BC_S). Plants from all generations were inoculated with CABMV and evaluated through visual inspection and description of characteristic symptoms. A chi-square test was performed after phenotypic classification of all plants, where a segregation proportion of 1 : 3 (resistant : susceptible) in population F₂ was accepted, thus demonstrating a recessive monogenic inheritance. The results of the backcrosses confirmed this inheritance to CABMV in cowpea.

Index terms: Genetic control, *Potyvirus*, *Vigna unguiculata*

Introdução

O feijão-caupi (*Vigna unguiculata* L. Walp) pertence à família das leguminosas, sendo amplamente cultivado em várias regiões tropicais do mundo (Magashi et al. 2019). No Brasil, é produzido principalmente na região Nordeste, onde é um dos principais componentes da dieta da população, constituindo a principal fonte de proteína e carboidrato, além de ser importante na agregação de valor aos produtores e geração de renda (Santos et al. 2009; Vasconcelos et al. 2010). A produção do feijão-caupi é afetada por diversos fatores abióticos e bióticos que causam um baixo rendimento na produtividade desta cultura. Entre os fatores bióticos destacam-se as pragas como o pulgão *Aphis craccivora* e as doenças fúngicas, bacterianas e virais (Boukar et al. 2018).

O mosaico do caupi causado pelo *Cowpea aphid-borne mosaic virus* (CABMV) é uma das principais doenças que causam perdas substanciais no rendimento e destaca-se por causa da sua ampla ocorrência (Boukar et al. 2018; Barros et al. 2013), sendo encontrado infectando o feijão-caupi em países como a Nigéria, Uganda, Burkina Faso, Arábia Saudita, Itália e Brasil (Néya et al. 2015; Orawu et al. 2015; Damari et al. 2013; Amayo et al. 2012; Aliyu et al. 2012; Freitas et al. 2012; Kareem & Taiwo 2007; Lima et al. 1981; Lavisolo & Conti 1966). Existem evidências de que esse vírus pode ter sido introduzido em muitas regiões geográficas por meio de sementes infectadas sendo transmitido às progênes (Bashir & Hampton 1996) além de ser transmitido eficientemente pelo *A. craccivora* de maneira não persistente (Kitajima et al. 2008; Damiri et al. 2013). Os sintomas incluem mosqueado, mosaico, clorose, bolhosidade, deformações foliares e necrose sistêmica, as quais são responsáveis por elevadas perdas no campo (Pio-Ribeiro et al. 2005).

Uma das medidas de controle do CABMV é o uso de variedades resistentes e alguns destes genótipos já foram identificados em estudos realizados anteriormente: BRS Xique-xique, IT85F-2687, Mazagão, Patativa, Sanzi-sanbili, TE97-309G-10, TE97-309G-22, TE97-309G-4, TE97-309G-9, TE97-321G-8, TE97-367G-3, Tvu 379, Tvu 382, Tvu 410 e Tvu 966 (Barros et al. 2013; Nogueira et al. 2011; Oliveira et al. 2012). A cultivar IT85F-2687, introduzida do International Institute of Tropical Agriculture – IITA, em Ibadan, Nigéria (Lima Filho et al. 2013), tem sido relatada como resistente ao CABMV (Rocha et al. 2003; Nogueira et al. 2011; Oliveira et al. 2012). No entanto, a natureza genética que controla a resistência ao CABMV ainda não está bem determinada. A maioria dos trabalhos com feijão-caupi relata o envolvimento de genes recessivos (Patel et al. 1982; Fraser 1992; Nogueira et al. 2011; Orawu et al. 2013). Já no feijão-comum é relatada a herança dominante (Provvidenti

et al. 1983; Fisher & Kyle 1994; Fisher & Kyle 1996) e no maracujazeiro, herança poligênica (Freitas et al. 2015).

Com relação a outras viroses estudadas em feijão-caupi, como o *Cowpea severe mosaic virus* (CPSMV), também é constatado um controle por gene recessivo (Jiménez et al. 1989; Assunção et al. 2005), assim com para *Cowpea mottle virus* (CMeV) (Bliss & Robertson 1971).

O estudo de herança da resistência pode auxiliar nos trabalhos que buscam a obtenção de genótipos melhorados em relação à resistência ao patógeno (Antonie et al. 2016). Devido a cultivar IT85F-2687 ser bem conhecida como resistente ao CABMV, entender a sua natureza genética da resistência será muito importante no planejamento de um programa de melhoramento, visando à incorporação dessa resistência em cultivares com características agronômicas desejáveis usando o melhor método de cruzamentos. Portanto, o objetivo do presente trabalho foi estudar a herança da resistência do feijão-caupi ao CABMV a partir da cultivar IT85F-2687.

Material e Métodos

O estudo foi conduzido a partir do cruzamento entre os genótipos parentais IT85F-2687 (resistente ao CABMV) e BR14-Mulato (suscetível ao CABMV), ambos obtidos do Banco de Germoplasma de feijão-caupi do Instituto Agrônomo de Pernambuco (IPA). O genótipo IT85F-2687 apresenta flores brancas e foi utilizado como parental feminino, enquanto o BR14-Mulato apresenta flores roxas e foi usado como parental masculino. Do cruzamento entre os parentais foram obtidas sementes F_1 que após o plantio tiveram suas plantas cultivadas e autofecundadas para a obtenção da população F_2 . Também foram realizados os retrocruzamentos da geração F_1 com os parentais resistente (RC_R) e suscetível (RC_S).

Os cruzamentos foram realizados em casa de vegetação. Primeiramente as flores abertas e bem desenvolvidas foram coletadas pela manhã e conservadas em refrigerador para posterior utilização no final da tarde, momento em que botões florais foram emasculados e polinizados (Rachie et al. 1975; Zary & Miller Júnior 1982). A técnica de emasculação foi a seguinte: reconhecimento do botão que abriria no dia seguinte, leve corte longitudinal das pétalas que envolvem os órgãos sexuais masculino e feminino pelo lado côncavo do botão floral, a uma profundidade de 2/3 da flor e remoção das anteras com pinça. O estigma da flor doadora do pólen foi exposto forçando o estandarte para trás, comprimindo a quilha sobre a base da flor e removendo as pétalas (Teófilo et al. 2001; Kheradnam & Niknejad 1971). A

polinização foi realizada logo após a emasculação friccionando-se levemente a antera da flor doadora recoberta de pólen sobre o estigma da flor receptora emasculada. Ao final do processo, colocou-se uma etiqueta presa por um fio de lã no botão floral polinizado com o nome dos genitores e a data do cruzamento (Freire Filho et al. 2014). Os cruzamentos realizados com sucesso foram confirmados na geração F_1 ao observar plantas com flores de coloração roxa (marcador morfológico dominante). Plantas com flores brancas foram eliminadas, não confirmando o cruzamento.

Após a realização dos cruzamentos e obtenção da geração F_1 e F_2 e dos retrocruzamentos (RC_R e RC_S), as plantas resultantes de todas essas gerações foram inoculadas com o CABMV. O isolado de CABMV utilizado para as inoculações foi obtido de plantas infectadas, mantidas em telados do IPA e teve sua identificação confirmada por meio de teste ELISA indireto (*Enzyme-Linked Immunosorbent Assay*) com anticorpos policlonais específicos para o CABMV no laboratório de Fitovirologia da Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE). O plantio do feijão-caupi foi realizado a partir da semeadura de sete sementes por vaso com capacidade para quatro litros contendo solo argiloso sete dias após o plantio realizou-se o desbaste, mantendo-se cinco plantas por vaso e procedendo à inoculação do CABMV por meio da fricção de extrato foliar obtido mediante maceração de folhas infectadas em tampão fosfato de sódio 0,01M, pH 7,0, na proporção de 1,0 g de tecido foliar para 9,0 mL de tampão. Antes da inoculação as folhas das plantas foram polvilhadas com uma pequena quantidade do abrasivo Carborundum 600 mesh (Oliveira et al. 2011 modificado). Após a inoculação as folhas foram lavadas com água destilada esterilizada para retirar o excesso de inóculo e do abrasivo. As testemunhas foram constituídas de cultivares comprovadamente suscetíveis e resistentes ao CABMV (Nogueira et al. 2011; Oliveira et al. 2011; Rocha et al. 2003). No total foram inoculadas 1600 plantas: 100 de cada parental, 200 de cada retrocruzamento, 200 da geração F_1 e 800 da geração F_2 . A temperatura no telado variou de 22,0 a 31,0°C e a umidade relativa de 69 a 82%.

A avaliação dos sintomas foi realizada por meio de caracterização visual periódicas das plantas inoculadas observando-se e anotando-se o surgimento e desenvolvimento de sintomas sistêmicos como a bolhosidade, clareamento de nervuras, clorose e mosaico a partir do folíolo do segundo nó do ramo principal (Vale e Lima 1994; Rocha et al. 2003). Plantas com sintomas evidentes foram consideradas como suscetíveis e plantas que não apresentaram sintomas foram consideradas como resistentes (Lima et al. 2011). A partir da classificação fenotípica das plantas nas gerações segregantes como resistentes ou suscetíveis o teste não paramétrico qui-quadrado foi empregado para ajustar modelos genéticos simples, os quais

originaram hipóteses a testar, comparando-se frequências observadas e esperadas em categorias discretas para estimar o número de genes envolvidos no controle da resistência, utilizando o programa GENES (Cruz, 2013; Assunção et al. 2005).

Resultados e Discussão

De acordo com os resultados das avaliações da reação do feijão-caupi ao CABMV (Tabela 1), 82% das plantas do parental resistente não apresentaram os sintomas da virose, enquanto 18% destas plantas tiveram algum tipo de sintoma. No entanto, 99% das plantas do parental BR1- Mulato foram suscetíveis com diferentes sintomas do CABMV. A inoculação na geração F₁ resultou em 35 plantas resistentes e 165 suscetíveis, indicando uma resistência recessiva. Entre as 800 plantas examinadas na população F₂, a resistência foi detectada em 221 plantas (28%) enquanto 579 foram consideradas como suscetíveis (72%). Esses dados indicaram uma taxa de segregação de 1 : 3, como esperado para um gene recessivo ($\chi^2 = 2,94$, P = 8,64; Tabela 1). Conforme pode ser visualizado no teste do qui-quadrado na geração F₂ foi aceita a proporção 1 : 3 (resistente : suscetível), admitindo-se assim uma herança monogênica recessiva, suportada pela taxa de segregação na população RC_R (1R : 1S). No retrocruzamento com o parental suscetível (RC_S) foram obtidas 27 plantas resistentes e 173 suscetíveis, no entanto, embora não esperado esse número de plantas resistentes, a hipótese foi aceita com valor de $\chi^2 = 3,64$.

Esses resultados foram semelhantes aos de Juhász et al. (2008) ao estudarem outro potyvirus (*Pepper yellow mosaic virus*) no tomateiro, onde foi demonstrado que a herança da resistência é governada por um gene recessivo, com ausência de dominância entre os seus alelos. Na literatura, a resistência conferida por gene recessivo é descrita para grande parte das doenças causadas por potyvirus (Hagedorn e Gritton 1973; Haddad et al. 1978; Pink et al. 1986; Prevvidenti e Alconero 1988; Wai & Grumet 1995; Anagnostou et al. 2000; Brown et al. 2003). Em um dos primeiros estudos sobre a herança da resistência do feijão-caupi ao CABMV, Patel et al. (1982) relataram que a reação de imunidade foi controlada por um gene recessivo em associação com genes modificadores menores e a reação resistente foi governada por um gene parcialmente dominante. Esse resultado corrobora com o estudo de Nogueira et al. (2011) que envolveu a linhagem TE97309G-9 e a cultivar Patativa, onde todas as plantas da geração F₂ segregaram na proporção de 15 plantas suscetíveis para uma resistente, confirmando que a resistência ao vírus CABMV é condicionada por um gene recessivo. Ao realizar cruzamentos entre genótipos de feijão-caupi resistentes e suscetíveis ao CABMV, Orawu et al. (2013) verificaram em sete populações F₂ que um único gene

recessivo é responsável pela resistência. Alelos recessivos podem estar associados à resistência causada pela falta de um fator necessário à replicação ou ao movimento do vírus nas células do hospedeiro (Fraser 1992). Antoine et al. (2016) estudando a herança e a relação entre alelos de resistência ao CABMV em dois genótipos de feijão-caupi relataram que a resistência é governada por dois genes dominantes nas duas variedades, sendo que cada uma contribui para um gene resistente.

Provvidenti et al. (1983) ao cruzar plantas de feijão-comum (*Phaseolus vulgaris*) resistentes e suscetíveis ao CABMV concluíram que a resistência é conferida por fatores dominantes únicos e de forma independente que parecem estar intimamente ligados. A herança monogênica dominante também foi relatada por Fisher e Kyle (1994). Na cultivar Great Northern 1140 a resistência sistêmica ao CABMV é condicionada por um alelo dominante e sob algumas condições ambientais um alelo recessivo também pode estar ligado ao controle dessa resposta resistente (Fisher & Kyle 1996). Já na cultura do maracujazeiro a herança ao CABMV é do tipo poligênica (Freitas et al. 2015).

Os resultados deste estudo para o CABMV corroboram com o estudo para o vírus do mosaico severo do feijão-caupi (*Cowpea severe mosaic virus*, CPSMV) realizado por Jiménez et al. 1989, onde em nove cruzamentos estudados, as progênies F₂ avaliadas mostraram um bom ajuste de 1R:3S e o padrão de segregação foi homogêneo para todas as progênies, indicando que a resistência ao CPSMV também é controlada por um gene recessivo. Assunção et al. 2005 concluíram que o gene de resistência para CPSMV na cultivar Macaibo é o mesmo da cultivar CNC-0434, diferente do encontrado na linhagem L254.008.

Estudos realizados por Bliss e Robertson (1971) relataram que três locus aditivos foram responsáveis pela tolerância do feijão-caupi ao *Cowpea yellow mosaic virus* e que uma variedade foi provavelmente homozigótica para os três genes. Já para o *Cowpea mottle virus* a herança foi dominante para suscetibilidade. Em doenças como a cercosporiose do feijão-caupi a resistência é do tipo monogênica dominante (Castro et al. 2003). Nicaise et al. (2003) e Gao et al. (2004) identificaram o fator de iniciação da tradução de eucariontes eIF4E como responsável pela resistência nos potyvirus *Lettuce mosaic virus* e *Pea seed-borne mosaic virus*, respectivamente. Portanto, geralmente são genes de natureza recessiva que conferem resistência às potyviroses (Robaglia & Caranta 2006).

Como a resistência da cultivar IT85F-2687 ao CABMV é governada por um gene recessivo, o melhor método de melhoramento para a incorporação da resistência em outros genótipos com características agrônômicas desejáveis é o retrocruzamento, por consistir no método mais útil na transferência de caracteres como a resistência a doenças, sendo baseado

no simples fato de que uma população heterozigota retrocruzada com qualquer parental homozigoto se tornará homozigota para o genótipo do parental recorrente (Briggs, 1938). Progenies resultantes desse método são promissoras para aumentar o nível de produtividade, colheita, produção foliar e teor de micronutrientes além de melhorar as características culinárias do feijão-caupi (Adeyanju 2009; Barros et al. 2011; Melo et al. 2017; Oliveira et al. 2017). Portanto, o genótipo IT85F-2687 apresenta resistência monogênica recessiva ao CABMV e pode ser utilizado como parental doador da resistência a esse vírus em feijão-caupi.

Conclusão

Conclui-se que o genótipo de feijão-caupi IT85F-2687 apresenta resistência monogênica recessiva ao CABMV.

Agradecimentos

Ao Instituto Agrônomo de Pernambuco (IPA), pelo fornecimento dos genótipos de feijão-caupi e do isolado de *Cowpea aphid-borne mosaic virus* (CABMV).

Referências Bibliográficas

- ADEYANJU, A. O. Genetics of Harvest and Leaf-Yield Indices in Cowpea. **Journal of crop improvement**, v.23, p.266-274, 2009.
- ALIYU, T. H.; BALOGUM, O. S.; KUMAR, L. Survey of the symptoms and viruses associated with cowpea (*Vigna unguiculata* (L.)) in the agroecological zones of Kwara state, Nigeria. **Ethiopian Journal of Environmental Studies and Management**, v.5, p.613-619, 2012. DOI: 10.4314/ejesm.v5i4.S22.
- AMAYO, R.; ARINAITWE, A. B.; MUKASA, S. B.; TUSUME, G.; KYAMANYWA, S.; RUBAIHAYO, P. R.; EDEMA, R. Prevalance of viruses infecting cowpea in Uganda and their molecular detection. **African Journal of Biotechnology**, v.11, p.14132-14139, 2012.
- ANAGNOSTOU, K.; JAHN, M.; PERL-TREVES, R. Inheritance and linkage analysis of resistance to zucchini yellow mosaic virus, watermelon mosaic virus, papaya ringspot virus and powdery mildew in melon. **Euphytica**, v.116, p.265-270, 2000.

ANTOINE, B.; LA SALLE, T. J. B.; ZAKARIA, D.; ZAKARIA, K.; LEANDRE, P.; MAHAMADOU, S. (2016) Inheritance and allelic relationship of resistance to *Cowpea aphid-borne mosaic virus* (CABMV) in two cowpea genotypes, K VX640 and K VX396-4-5-2D, in Burkina Faso. **International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences**, v.5, p.285-292, 2016. DOI: 10.20546/ijcmas.2016.508.030.

ASSUNÇÃO, I. P.; MEDEIROS FILHO, L. R.; RESENDE, L. V.; BARROS, M. C. S.; LIMA, G. S. A.; COELHO, R. S. B.; LIMA, J. A. A. Genes diferentes podem conferir resistência ao *Cowpea severe mosaic virus* em caupi. **Fitopatologia Brasileira**, v.30, p.274-278, 2005.

BARROS, F. R.; ANUNCIÇÃO FILHO, C. J.; ROCHA, M. M.; NUNES, J. A. R.; SILVA, K. J. D.; FREIRE FILHO, F. R.; RIBEIRO, V. Q. Potencial genético de progênies de feijão-caupi segregantes quanto ao tipo de inflorescência. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.46, p.182-189, 2011.

BARROS, G. B.; NOGUEIRA, M. S. R.; OLIVEIRA, C. R. R.; FREIRE FILHO, F. R.; RIBEIRO, V. Q.; VEIGA, C. F. M.; BRIOSO, P. S. T.; EIRAS, M. Obtenção de plantas de feijão-caupi resistentes ao *Cowpea severe mosaic virus* e ao *Cowpea aphid-borne mosaic virus*. **Summa Phytopathologica**, v.39, p.130-136, 2013. DOI: 10.1590/S0100-54052013000200009.

BASHIR, M.; HAMPTON, R. O. Detection and identification of seed-borne viruses from cowpea (*Vigna unguiculata* (L) Walp.) germplasm. **Plant Pathology**, v.45, p.54-58, 1996.

BLISS, F. A.; ROBERTSON, D. G. Genetics of host reaction in cowpea to *Cowpea yellow mosaic virus* and *Cowpea mottle virus* 1. **Crop Science**, v.11, p.258-262, 1971.

BOUKAR, O.; BELKO, N.; CHAMARTHI, S.; TOGOLA, A.; BATIENO, J.; OWUSU, E.; HARUNA, M.; DIALLO, S.; UMAR, M. L.; OLUFAJO, O.; FATOKUN, C. Cowpea (*Vigna unguiculata*): genetics, genomics and breeding. **Plant Breeding**, v.138, p.1-10, 2018. DOI: 10.1111/pbr.12589.

BRIGGS, F. N. The use of backcross in crop improvement. **The American Naturalist**, v.71, p.285-292, 1938.

BROWN, R. N.; BOLAÑOS, A.; MYERS, J. R.; JAHN, M. M. Inheritance of resistance to four cucurbit viruses in *Cucurbita moschata*. **Euphytica**, v.129, p.253-258, 2003.

CASTRO, N. R.; MENEZES, G. C.; COÊLHO, R. S. B. Herança da resistência genética do caupi à cercosporiose. **Fitopatologia Brasileira**, v.28, p.552-554, 2003.

CRUZ, C. D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**, v.35, p.271-276, 2013. DOI: 10.4025/actasciagron.v35i3.21251.

DAMIRI, B. V.; AL-SHAHWAN, I. M.; AL-SALEH, M. A.; ABDALLA, O. A.; AMER, M. A. Identification and characterization of *Cowpea aphid-borne mosaic virus* isolates in Saudi Arabia. **Journal of Plant Pathology**, v.95, p.79-85, 2013. DOI: 10.4454/JPP.V95I1.019.

FISHER, M. L.; KYLE, M. M. Inheritance of resistance to potyviruses in *Phaseolus vulgaris* L. III. Cosegregation of phenotypically similar dominant responses to nine potyviruses. **Theoretical and Applied Genetics**, v.89, p.818-823, 1994.

FISHER, M. L.; KYLE, M. M. Inheritance of resistance to potyviruses in *Phaseolus vulgaris* L. IV. Inheritance, linkage relations, and environmental effects on systemic resistance to four potyviruses. **Theoretical and Applied Genetics**, v.92, p.204-212, 1996. DOI: 10.1007/BF00223377.

FRASER, R. S. S. The genetics of plant-virus interactions: implications for plant breeding. **Euphytica**, v.63, p.175-185, 1992. DOI: 10.1007/BF00023922.

FREIRE FILHO, F. R.; RIBEIRO, V. Q.; CARDOSO, M. J.; SANTOS, A. A.; NOGUEIRA, M. S. R.; VIEIRA, P. F. M. J.; ROCHA, M. M.; SILVA, K. J. D. (2014) Cruzamentos de feijão-caupi [*Vigna unguiculata* (L) Walp.] realizados na Embrapa Meio-Norte, no período de 1982 a 2012. **Embrapa Meio Norte**, Documentos 226, 2014, 119p.

FREITAS, A. S.; CEZAR, M. A.; AMBRÓSIO, M. M. Q.; SILVA, A. K. F.; ARAGÃO, M. L.; LIMA, J. A. A. Ocorrência de vírus em cultivos de feijoeiro-caupi no sertão da Paraíba. **Tropical Plant Pathology** 37: 286-290, 2012. DOI: 10.1590/S1982-56762012000400009.

FREITAS, J. C. O.; VIANA, A. P.; SANTOS, E. A.; SILVA, F. H. L.; PAIVA, C. L.; RODRIGUES, R.; SOUZA, M. M.; EIRAS, M. Genetic basis of the resistance of a passion fruit segregant population to *Cowpea aphid-borne mosaic virus* (CABMV). **Tropical Plant Pathology**, v.40, p.291-297, 2015.

GAO, Z.; JOHANSEN, E.; EYERS, S.; THOMAS, C. L.; NOEL ELLIS, T. H.; MAULE, A. J. The potyvirus recessive resistance gene, *sbm1*, identifies a novel role for translation initiation factor eIF4E in cell-to-cell trafficking. **Plant Journal**, v.40, p.376-385, 2004. DOI: 10.1111/j.1365-313X.2004.02215.x.

HADDAD, N. I.; MUEHLBAUER, F. J.; HAMPTON, R. O. Inheritance of resistance to Pea seed-borne mosaic virus in lentils. **Crop Science**, v.18, p.613-615, 1978.

HAGEDORN, D. J.; GRITTON, E. T. Inheritance of resistance to the Pea seed-borne mosaic virus. **Phytopathology**, v.63, p.1130-1133, 1973.

JIMÉNEZ, C. C. M.; BORGES, O. L.; DEBROT, E. A. Herencia de La resistencia Del frijol (*Vigna unguiculata* (L.) Walp) al virus Del mosaico severo Del caupi. **Fitopatologia Venezolana**, v.2, p.5-9, 1989.

JUHÁSZ, A. C. P.; SILVA, D. J. H.; ZERBINI JÚNIOR, F. M.; CARNEIRO, P. C. C.; SOARES, B. O.; CRUZ, C. D. Base genética da resistência de um acesso de tomate silvestre ao mosaico-amarelo do pimentão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.43, p.713-720, 2008.

KAREEM, K. T.; TAIWO, M. A. Interactions of viruses in Cowpea: effects on growth and yield parameters. **Virology Journal**, v.4, p.1-7, 2017.

KHERADNAM, M.; NIKNEJAD, M. Crossing Technique in Cowpeas. **Iranian Journal Agriculture Research Teheran**, v.1, p.57-58, 1971.

KITAJIMA, E. W.; ALCÂNTARA, B. K.; MADUREIRA, P. M.; ALFENAS-ZERBINI, P.; REZENDE, J. A. M.; ZERBINI, F. M. A mosaic of beach bean (*Canavalia rosea*) caused by isolate of *Cowpea aphid-borne mosaic virus* (CABMV) in Brazil. **Archives of Virology**, v.153, p.743-747, 2008.

LAVISOLO, O.; CONTI, M. Identification of an aphid-transmitted cowpea mosaic virus. **Netherlands Journal of Plant Pathology**, v.72, p.265-269, 1966.

LIMA FILHO, A. F.; COELHO FILHO, M. A.; HEINEMANN, A. B. Determinação de épocas de semeadura do feijão caupi no recôncavo Baiano através do modelo CROPGRO. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, v.17, p.1294-1300, 2013. DOI: 10.1590/S1415-43662013001200007.

LIMA, J. A. A.; OLIVEIRA, F. M.; KITAJIMA, E. W.; LIMA, G. A. Propriedades biológicas e citológicas de um potyvirus isolado de feijão-de-corda no Ceará. **Fitopatologia Brasileira**, v.6, p.205-216, 1981.

LIMA, J. A. A.; SILVA, A. K. F. da; ARAGÃO, M. L.; FERREIRA, N. R. de A.; TEÓFILO, E. M. Simple and multiple resistances to viruses in cowpea genotypes. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** v. 46, p.1432-1438, 2011. DOI: 10.1590/S0100-204X2011001100003.

MAGASHI, A. I.; SHAWAI, R. S.; MUHAMMAD, A.; IBRAHIM, M. B. Genetic variability studies of some quantitative traits in cowpea (*Vigna unguiculata* L. [Walp]) under water stress. **African Journal of Plant Science**, v.13, p.25-33, 2019. DOI: 10.5897/AJPS2018.1691.

MELO, N. Q. C.; MOREIRA-ARAÚJO, M. A. M.; ROCHA, M. M. Chemical characterization of green grain before and after thermal processing in biofortified cowpea cultivars. **Revista Ciência Agronômica**, v.48, p.811-816, 2017.

NÉYA, B. J.; ZIDA, P. E.; SÉRÉMÉ, D.; LUND, O. S.; TRAORÉ, O. Evaluation of yield losses caused by *Cowpea aphid-borne mosaic virus* (CABMV) in 21 cowpea (*Vigna*

unguiculata (L.) Walp.) varieties in Burkina Faso. **Pakistan Journal of Biological Sciences**, v.18, p.304-313, 2015.

NICAISE, V.; GERMAN-RETANA, S.; SANJUÁN, R.; DUBRANA, M. P.; MAIZER, M.; MAISONNEUVE, B.; CANDRESSE, T.; CARANTA, C.; LEGALL, O. The eukaryotic translation initiation factor 4E controls lettuce susceptibility to the Potyvirus *Lettuce mosaic virus*. **Plant Physiology**, v.132, p.1272-1282, 2003.

NOGUEIRA, M. S. da R.; FREIRE FILHO, F. R.; OLIVEIRA, C. R. R. de; BARROS, G. B.; BRIOSO, P. S. T.; RIBEIRO, V. Q. Avaliação da reação de genótipos de feijão-caupi a infecção por vírus por meio dos efeitos qualitativos. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS, 6., Búzios, 2011. **Anais**. Búzios: SBMP, 2011. p.1-4.

OLIVEIRA, C. R. R. de; FREIRE FILHO, F. R.; NOGUEIRA, M. S. da R.; BARROS, G. B.; EIRAS, M.; RIBEIRO, V. Q.; LOPES, A. C. de A. Reação de genótipos de feijão-caupi revela resistência às coinfeções pelo *Cucumber mosaic virus*, *Cowpea aphid-borne mosaic virus* e *Cowpea severe mosaic virus*. **Bragantia**, v.71, p.59-66, 2012. DOI: 10.1590/S0006-87052012005000007.

OLIVEIRA, D. G.; ROCHA, M. M.; DAMASCENO-SILVA, K. J.; SÁ, F. V.; LIMA, L. R. L.; RESENDE, M. D. V. Genotypic gain with simultaneous selection of production, nutrition, and culinary traits in cowpea crosses and backcrosses using mixed models. **Genetic and Molecular research**, v.16, p.1-11, 2017. DOI: 10.4238/gmr16039736.

ORAWU, M.; MELIS, R.; LAING, M.; DERERA, J. Genetic inheritance of resistance to *Cowpea aphid-borne mosaic virus* in cowpea. **Euphytica**, v.189, p.191-201, 2013.

ORAWU, M.; OBUO, J.; OMADI, R. Distribution and detection of cowpea viruses infecting cowpea in Uganda. **American Journal of Plant Sciences**, v.6, p.574-581, 2015.

PATEL, P. N.; MLIGO, J. K.; LEYNA, H. K.; KUWITE, C.; MMBAGA, E. T. Sources of resistance, inheritance, and breeding of cowpeas for resistance to a strain of *Cowpea aphid-borne mosaic virus* from Tanzania. **Indian Journal of Genetics and Plant Breeding**, v.42, p.221-229, 1982.

PINK, D. A. C.; SUTHERLAND, R. A.; WALKEY, D. G. A. Genetic analysis of resistance in Brussels sprout to cauliflower mosaic and turnip mosaic virus. **Annals of Applied Biology**, v.109, p.199-208, 1986.

PIO-RIBEIRO, G.; ASSIS FILHO, M. F.; ANDRADE, G. P. Doenças do caupi. In: Kimati H (Ed). **Manual de Fitopatologia: doenças das plantas cultivadas**. 4 ed. São Paulo: Agronômica Ceres, 2005. p.215-216.

PROVVIDENTI, R.; GONSALVES, D.; TAIWO, M. A. Inheritance of resistance to blackeye cowpea mosaic and *cowpea aphid-borne mosaic viruses* in *Phaseolus vulgaris*. **The Journal of Heredity**, v.74, p.60-61, 1983.

PROVVIDENTI, R.; ALCONERO, R. Inheritance of resistance to a lentil strain of Pea seed-borne mosaic virus in *Pisum sativum*. **Journal of Heredity**, v.79, p.45-47, 1988.

RACHIE, K.; RAWAL, K. M.; FRANCKOWIACK, J. D. A. **Rapid method of hand crossing cowpeas**. Ibadan, Nigéria: Institute of Tropical agriculture, 1975. 5p.

ROBAGLIA, C.; CARANTA, C. Translation initiation factors: a weak link in plant RNA virus infection. **Trends Plant Science**, v.11, p.40-45, 2006.

ROCHA, M. M.; LIMA, J. A. A.; FREIRE FILHO, F. R.; ROSAL, C. J. S.; LOPES, A. C. A. Resistência de genótipos de Caupi (*Vigna unguiculata* L. Walp) de tegumento branco a isolados de vírus das famílias *Bromoviridae*, *Comoviridae*, *Potyviridae*. **Ciência Rural**, v.8, p.85-92, 2003.

SANTOS, J. F.; GRANGEIRO, J. I. T.; BRITO, C. H.; SANTOS, M. C. C. A. Produção e componentes produtivos de variedades de feijão-caupi na microregião cariri paraibano. **Engenharia Ambiental**, v.6, p.214-222, 2009.

TEÓFILO, E. M.; PAIVA, J. B.; MEDEIROS FILHO. Polinização artificial em feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp). **Ciência Agrotécnica**, v.25, p.220-223, 2001.

VALE, C. C.; LIMA, J. A. A. Efeitos de infecções isoladas e misturas de vírus de grupos distintos em caupi. **Fitopatologia brasileira**, v.19, p.193-197, 1994.

VASCONCELOS, I. M.; MAIA, F. M. M.; FARIAS, D. F.; CAMPELLO, C. C.; CARVALHO, A. F. U.; MOREIRA, R. A.; OLIVEIRA, J. T. A. Protein fractions, amino acid composition and antinutritional constituents of high-yielding cowpea cultivars. **Journal of food composition and analysis**, v.23, p.54-60, 2010. DOI: 10.1016/j.jfca.2009.05.008.

WAI, T.; GRUMET, R. Inheritance of resistance to watermelon mosaic virus in the cucumber line TMG-1: tissue-specific expression and relationship to zucchini yellow mosaic virus resistance. **Theoretical and Applied genetics**, v.91, p.699-706, 1995.

ZARY, K. W.; MILLER JÚNIOR, J. C. Comparison of two methods of hand-crossing *Vigna unguiculata* (L.) Walp. **HortScience**, v.17, p.246-248, 1982.

Tabela 1: Análise de segregação para resistência ao CABMV em populações derivadas do cruzamento entre o genótipo resistente IT85F-2687 e o suscetível BR14-Mulato.

População	Número de plantas		Taxa esperada	χ^2	Probabilidade (%)
	R	S	R : S		
IT85F-2687	82	18	1:0	-	-
BR14-Mulato	1	99	0:1	-	-
F ₁	35	165	0:1	-	-
F ₂	221	579	1:3	2,94 *	8,64
RCR	87	113	1:1	3,38 *	6,60
RCS	27	173	0:1	3,64 *	-

* Aceita-se a hipótese ao nível de 5% de significância (χ^2 calculado < χ^2 tabelado 3,84).

CAPÍTULO IV

Caracterização morfoagronômica de linhagens endogâmicas recombinantes resistentes e suscetíveis ao CABMV e de seus polimorfismos genômicos em feijão-caupi

Artigo a ser submetido à Revista South African Journal of Botany

Caracterização morfoagronômica de linhagens endogâmicas recombinantes resistentes e suscetíveis ao CABMV e de seus polimorfismos genômicos em feijão-caupi

Jeferson A. Silva ^{1*}, Antônio F. da Costa ², Ana M. Benko-Iseppon³, José R. C. Ferreira Neto³, Flávia C. de Araújo³, Wilson D. de Oliveira³, Lilian M. P. Guimarães¹, Alessandro Nicoli ⁴

¹Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE), Departamento de Agronomia, Fitopatologia, 52171-900, Recife, PE, Brasil.

²Instituto Agronômico de Pernambuco (IPA), 50761-000, Recife, PE, Brasil.

³Universidade Federal de Pernambuco (UFPE), Centro de Biociências, Departamento de Genética, 50730-120, Recife, PE, Brasil.

⁴Instituto de Ciências Agrárias, Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri (UFVJM), 38610-000, Unaí, MG, Brasil.

*Autor para correspondência: jefersonaraujo.bio@gmail.com

Resumo - O feijão-caupi (*Vigna unguiculata*) é um dos alimentos mais produzidos e consumidos na região Nordeste do Brasil, no entanto, sua produção é afetada severamente pelo vírus do mosaico do caupi transmitido por afídeos (*Cowpea aphid-borne mosaic virus*) (CABMV). Para controlar essa doença recomenda-se o uso de cultivares resistentes. Estudos envolvendo o mapeamento da resistência são importantes, sendo o uso de marcadores moleculares fundamental para a construção de mapas genéticos. Nesse contexto, o desenvolvimento de linhagens endogâmicas recombinantes (RILs) é uma ferramenta muito útil. Este trabalho objetivou desenvolver RILs e caracterizá-las visando o desenvolvimento das bases para o mapeamento genético. Para isso, uma população de RILs em geração F₇ foi obtida a partir do cruzamento entre os parentais BR14-Mulato (suscetível) e IT85F-2687 (resistente) e avaliada quanto à resistência ao CABMV e à cor da flor, cor da semente, cor da vagem seca, número de sementes e comprimento médio das vagens e peso de 100 sementes. Cada genótipo parental teve o seu DNA extraído e testado para amplificação via *polymerase chain reaction* (PCR) para um conjunto de pares de *primers* desenhado para marcadores do tipo microssatélites (SSR, *Simple Sequence Repeats*). Entre as 386 RILs obtidas, 174 foram resistentes e 212 suscetíveis ao CABMV e apresentaram diversidade genética significativa. Houve a formação de 21 grupos distintos entre as RILs resistentes e 17 grupos distintos entre as RILs suscetíveis, sendo o comprimento de vagem foi a variável que mais contribuiu para a dissimilaridade. Foi observada uma taxa de segregação 1 resistente : 1 suscetível ao CABMV, complementando o estudo realizado na população F₂ e retrocruzamentos, concluindo tratar-se de herança monogênica recessiva. Um percentual de 35% (44) dos marcadores testados apresentou capacidade para detectar polimorfismos entre o DNA genômico dos parentais, sendo potencialmente úteis para aplicação no mapeamento genético.

Palavras-chave: controle genético, *Cowpea aphid-borne mosaic virus*, melhoramento, marcadores SSR, *Vigna unguiculata*.

Abstract – Cowpea (*Vigna unguiculata*) is one of the produced and consumed foods in northeastern Brazil, however, its production is severely affected by the mosaic virus transmitted by the aphids (*Cowpea aphid-borne mosaic virus*) (CABMV). To control this disease, the use of resistant cultivars is recommended. Studies involving resistance mapping are important and the use of molecular markers is fundamental for the construction of genetic maps. In this context the development of recombinant inbred lines (RILs) is a very useful tool. This work aimed to develop and characterize RILs aiming at the development of the bases for genetic mapping. For this, a population of RILs in F₇ was generated from the

crossing between the parental genotypes BR14-Mulato (susceptible) and IT85F-2687 (resistant), which were evaluated for resistance to CABMV and their morpho-agronomic characteristics such as flower color, dry pod color, seed color, average length and number of grains per pod, as well as weight of 100 seeds. Each parental genotype had its DNA extracted and tested for amplification via polymerase chain reaction (PCR) for a set of primer pairs designed for microsatellite markers (SSR, Simple Sequence Repeats). Among the 386 RILs obtained, 174 were resistant and 212 susceptible to CABMV, in addition to having significant genetic diversity. It was formed 21 different groups among the resistant RILs and 17 different groups among the susceptible RILs, being the average length pod the variable that most contributed to the dissimilarity. A 1:1 segregation rate of resistance and susceptibility to CABMV was observed, confirming a recessive monogenic inheritance and complementing the study with the F₂ population and backcrosses. Forty-four (35%) of the markers were able to detect polymorphism between the parental DNA, and will be used for genetic mapping of cowpea resistance to CABMV.

Keywords: *Cowpea aphid-borne mosaic virus*, genetic control, plant breeding, *Vigna unguiculata*.

1. Introdução

O feijão-caupi [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] é uma cultura herbácea e anual cultivada principalmente na América Latina, África e sul da Ásia. Constitui a principal fonte de proteína para milhões de pessoas de países em desenvolvimento localizados nessas regiões. No Brasil, é um dos alimentos mais produzidos, sendo uma das principais culturas na região Nordeste, onde seu cultivo é direcionado para a produção de grãos secos e grãos ou vagens verdes (Camara et al., 2018; Boukar et al., 2018; Bezerra et al., 2019). É uma espécie diploide com $2n = 22$ cromossomos e genoma com aproximadamente 640,6 milhões de pares de base (Lonardi et al., 2019).

A produção de feijão-caupi é limitada pela ocorrência de diversas doenças, entre as quais se destacam as viroses. Essas doenças causam sérias perdas econômicas, reduzindo a produtividade (Kang et al., 2005). O *Cowpea aphid-borne mosaic virus* (CABMV) é um importante fitopatógeno que causa perda substancial do rendimento. O controle desse vírus pode ser realizado com o uso de cultivares resistentes, tratando-se da medida de controle considerada mais confiável, de melhor custo-benefício e ecologicamente sustentável. Se a resistência for durável, o uso dessas cultivares é claramente o melhor método para controlar as

perdas em decorrência da ação de fatores bióticos em culturas agrícolas (Kang et al., 2005; Leão et al., 2006; Boukar et al., 2018). Porém, nem sempre as cultivares resistentes apresentam as características desejadas pelos produtores e pelo mercado consumidor.

O desenvolvimento de programas para incorporação de genes de resistência em cultivares comerciais é crucial para o combate efetivo de pragas e patógenos (Castro et al., 2003; Silva et al., 2016). A identificação e o mapeamento de genes de resistência são fundamentais para a obtenção de cultivares resistentes. Neste processo, as técnicas de marcadores moleculares possibilitam a seleção de plantas resistentes em larga escala (Oliveira et al., 2018). Marcadores microssatélites (SSR) têm sido amplamente utilizados para caracterização de acessos em bancos de germoplasma do feijão-caupi, nos estudos de diversidade genética, genômica comparativa, construção de mapas genéticos, mapeamento de genes, seleção assistida por marcadores e locos de característica quantitativa (QTLs) (Badiane et al., 2012; Gupta & Gopalakrishna, 2010; Brogin, 2005). Alguns estudos utilizaram essa ferramenta para mapear genes de resistência do feijão-caupi contra o *Cowpea golden mosaic virus* (CGMV), *Cowpea mosaic virus* (CpMV) e *Cowpea yellow mosaic virus* (CYMV) (Gioi et al., 2012; Rodrigues et al., 2012; Dinesh et al., 2018).

Para o mapeamento genético, um dos métodos mais utilizados é o desenvolvimento de ‘Linhagens Endogâmicas Recombinantes’ (*Recombinant Inbred lines*, RILs). Essas constituem populações avançadas com alto grau de homozigose e que são obtidas por meio da autofecundação, a partir de indivíduos constituintes de uma população F_2 . Portanto, gerações de autofecundação, a partir de plantas individuais em F_2 , são realizadas até a obtenção de um elevado grau de homozigose na população final (até F_8 , por exemplo). Dessa forma, cada planta F_2 é representada por uma linha endogâmica homozigota na população final (Faleiro et al., 2003; Schuster e Cruz, 2004; Silva, 2016). Cada RIL pode ser propagada por inúmeras gerações, servindo como ferramentas valiosas para o mapeamento genético por terem fixado os eventos de recombinação e possuir alelos em homozigose (Brondani et al., 2003; Broman, 2005). Quando os genótipos de todas as RILs são fixados como homozigotos, essas linhas podem ser usadas, repetidamente, para investigar QTLs de vários fenótipos em diferentes ambientes. Assim, o estabelecimento de um conjunto abrangente de RILs é uma contribuição substancial ao mapeamento de QTL de espécies (Takuno et al., 2012).

Diante disso, o objetivo desse trabalho foi analisar molecularmente (por meio de marcadores SSRs ou microssatélites) parentais de feijão-caupi contrastantes quanto à resistência e suscetibilidade ao CABMV, bem como distinguir linhagens endogâmicas recombinantes (RILs) oriundas de seu cruzamento, caracterizando-as morfoagronomicamente.

Tais ações têm por objetivo identificar materiais para futuro mapeamento genético de QTLs associados à resistência ao CABMV na espécie em questão.

2. Material e Métodos

2.1. Cruzamentos

O estudo foi conduzido a partir do cruzamento entre os genitores BR14-Mulato e IT85F-2687, gerando uma população F_7 composta por 386 RILs de feijão-caupi. A cultivar BR14-Mulato é considerada suscetível ao CABMV, enquanto o IT85F-2687 é considerado resistente a esse vírus (Rocha et al. 2003; Nogueira et al. 2011; Oliveira et al. 2012). Os genitores são oriundos da Embrapa Meio-Norte e foram adquiridos no Banco de Germoplasma de feijão-caupi do Instituto Agrônomo de Pernambuco (IPA). Os cruzamentos entre os parentais e a autofecundação da F_1 gerando a população F_2 foram realizados em casa de vegetação. O genótipo IT85F-2687 apresenta flores brancas e foi utilizado como parental feminino, enquanto o BR14-Mulato apresenta flores roxas, sendo usado como parental masculino.

Os cruzamentos foram realizados seguindo o método de Rachi et al. (1975) e Zary & Miller Júnior (1982). As flores recém abertas e bem desenvolvidas do parental doador de pólen foram coletadas pela manhã e conservadas em refrigerador para posterior utilização no final da tarde, momento em que os botões florais do parental receptor de pólen foram emasculados e polinizados. A emasculação foi realizada a partir do reconhecimento do botão floral que abriria no dia seguinte (15 horas antes da antese), com posterior corte longitudinal das pétalas que envolvem os órgãos sexuais masculino e feminino pelo lado côncavo do botão floral, a uma profundidade de 2/3 da flor e remoção das anteras com pinça (Teófilo et al. 2001). A polinização ocorreu logo após a emasculação, friccionando-se levemente a antera da flor doadora e depositando-se o pólen sobre o estigma da flor receptora, emasculada. Ao final do processo, o botão floral polinizado recebeu uma etiqueta presa por um fio de lã na qual o cruzamento foi identificado com o registro da data (Freire Filho et al. 2014). Cada cruzamento foi confirmado na geração F_1 pela observação das plantas com flores de coloração roxa (marcador morfológico dominante), sendo as plantas com flores brancas eliminadas.

2.2. Obtenção e caracterização das RILs

A população de RILs foi obtida por meio do método descendente de uma única vagem (*Single Pod Descent*, SPD), baseado em descrições de outras publicações (Faleiro et al., 2003; Borém & Miranda, 2013; Silva, 2016). A população segregante foi avançada utilizando-se o método SPD a partir da geração F₂ até a geração F₆, quando todas as vagens secas e de boa qualidade foram colhidas e as sementes F₇ de cada RIL, armazenadas. O plantio das gerações foi conduzido na Estação Experimental do IPA, localizada em Belém de São Francisco (latitude 8° 45' 14" S, longitude 38° 57' 57" W e 305 m de altitude), no Sertão do Estado de Pernambuco. Para tal, as sementes foram distribuídas em espaçamento de 1 m entre fileiras de 3 m de comprimento, totalizando uma área plantada de 400 m², em solo classificado como Neossolo Flúvico (Araújo Neto et al., 2000). A irrigação foi realizada por aspersão e a adubação química conduzida de acordo com a fórmula N - P₂O₅ - K₂O (40 - 60 - 30). O controle de plantas invasoras foi realizado por meio de capina manual e as pragas com utilização de inseticidas, quando necessário.

Conforme metodologia descrita pelo Bioversity International (2007), com adaptações, foram avaliados seis caracteres morfoagronômicos das RILs, sendo três qualitativos e três quantitativos. As plantas da geração F₆ foram caracterizadas quanto à cor da flor, cor da vagem seca e cor da semente. Após a colheita das vagens dessas plantas, foram avaliados o comprimento médio das vagens e o número de sementes por vagem (média de uma amostra de cinco vagens por planta) e peso de uma amostra de 100 sementes de cada planta colhida. Em seguida, dez plantas F₇ de cada RILs foram inoculadas mecanicamente com o CABMV para realização da fenotipagem e identificação do grupo de RILs resistentes e o grupo de RILs suscetíveis ao vírus, e analisar a herança da resistência nessa população. Para realização da inoculação, um pistilo foi embebido no extrato preparado a partir de tecidos foliares infectados e macerados em tampão fosfato (1,0 g de tecido foliar : 9,0 mL de tampão) e friccionado sobre a superfície das folhas das plantas de feijão-caupi, previamente polvilhadas com Carborundum 600 mesh (modificado de Oliveira et al. 2012). Essas RILs foram avaliadas por meio da descrição dos seguintes sintomas: CN - clareamento de nervuras; M - Mosaico; Cl - clorose; Bl - bolhosidade; Ss - sem sintoma. Foram consideradas suscetíveis as plantas com sintomas evidentes da doença, enquanto foram consideradas resistentes as plantas com ausência de sintomas do vírus (Vale & Lima modificado, 1994; Rocha et al., 2003; Lima et al. 2011). A partir da classificação fenotípica das plantas foi empregado o teste do qui-quadrado para estimar o número de genes de resistência utilizando o programa GENES (Cruz, 2013).

Os caracteres quantitativos comprimento da vagem, número de sementes por vagem e peso de 100 sementes foram utilizados para a análise da diversidade genética entre as RILs no grupo de resistentes e entre as RILs no grupo de suscetíveis, utilizando o programa GENES (Cruz, 2013). A diversidade genética foi analisada utilizando-se como medida de dissimilaridade o quadrado da distância euclidiana média, com padronização dos dados e, em seguida, o agrupamento pelo método de Tocher (Rao, 1952). A importância relativa dos caracteres para a dissimilaridade genética das RILs foi determinada pelo método de Singh (1981).

2.3. Análise de marcadores moleculares

A extração do DNA genômico dos parentais (BR14-Mulato e IT85F-2687) foi realizada no Laboratório de Genética e Biotecnologia Vegetal (LGBV-UFPE), segundo a metodologia de Weising et al. (2005). Cerca de 5 g de folhas jovens foram maceradas com nitrogênio líquido, em almofariz com pistilo, até obtenção de um pó fino. Posteriormente, esse pó foi transferido para tubos de polipropileno de 50 mL e adicionados 12 mL de tampão de extração, previamente aquecido a 60 °C. Os tubos foram incubados sob agitação a 60°C, por 30 min. Após o resfriamento, foram adicionados 12 mL de clorofórmio/álcool isoamílico (24:1), efetuando-se uma homogeneização seguida de centrifugação a 4000 rpm, por 20 min. O sobrenadante foi transferido para um tubo novo, onde foram acrescentados 7,5 mL de isopropanol e misturado cuidadosamente por inversão, seguido de centrifugação a 5000 rpm, por 20 min. O sobrenadante foi descartado e, ao DNA precipitado foram adicionados 10 mL de etanol 70 %. Em seguida, executou-se uma centrifugação a 5000 rpm, por 30 min. O sobrenadante foi descartado e o *pellet* foi ressuspensionado em 500 µL de solução TE. Subsequentemente foram realizadas as etapas de purificação do material genético (precipitação seletiva de polissacarídeos (Michaels et al., 1994), e o tratamento com RNase (incubado a 37°C por 1 hora para digestão do RNA). Posteriormente, a solução contendo DNA e RNase foi colocada a 70°C por 10 minutos, para inativação da enzima.

Um conjunto de 126 pares de *primers*, obtidos do LGBV-UFPE, foi testado para amplificação via *polymerase chain reaction* (PCR), usando-se os parentais da população de mapeamento estudada. As reações de PCR com os marcadores SSR foram conduzidas em um volume final de 20 µL. Os fragmentos de DNA foram amplificados em termociclador, cujo programa consistiu de uma desnaturação inicial a 94 °C por 3 min, seguido por 40 ciclos de desnaturação a 94 °C por 20 s, anelamento do *primer* a 57 °C por 30 s e extensão a 72 °C por

40 s, seguida de extensão final a 72 °C por 5 min. Os produtos das amplificações foram separados por eletroforese vertical, com tampão TBE 5X, em gel de poliacrilamida a 6%, corados com solução de nitrato de prata 0,2% e posteriormente fotografados. O polimorfismo foi detectado por análise comparativa do tamanho dos fragmentos entre os parentais analisados.

3. Resultados e Discussão

Foram realizados 861 cruzamentos entre os meses de setembro a dezembro de 2017, originando 167 vagens e uma taxa de fecundação de 19,4%. Esse percentual foi superior ao de 10,5% e 14% obtidos por Nunes et al. (2010) e Souza (2012), utilizando o mesmo método. Por outro lado, Rego et al. (2006) obtiveram uma porcentagem média de sucesso de 44,9%, confirmando os resultados obtidos por Zary & Miller Júnior (1982) cuja média variou de 52% a 59%.

As sementes F_1 das vagens obtidas do cruzamento entre os parentais foram semeadas e tiveram suas plantas cultivadas e autofecundadas para a obtenção da população F_2 . A partir dessa geração, foram abertas 501 linhas, as quais foram cultivadas entre os meses de junho de 2018 a fevereiro de 2020, utilizando o método SPD. Esse método é uma alternativa mais simples, fácil e econômica para o avanço de populações segregantes, visando uma rápida homozigose (Destro et al., 2003). O avanço das gerações resultou em 386 RILs F_7 . De fato, o tamanho da população é reduzido a cada geração, em virtude da incapacidade de germinação das sementes e pelo fato de algumas plantas não completarem o ciclo (Borém & Miranda, 2013).

Entre as 386 RILs submetidas à inoculação com o CABMV, 212 comportaram-se como suscetíveis (Tabela 1), apresentando sintomas típicos da doença, como clareamento de nervuras, mosaico, clorose e bolhosidade, enquanto 174 não desenvolveram sintomas desse vírus, sendo consideradas resistentes (Tabela 2). A taxa de segregação de 1 Resistente : 1 Suscetível ($\chi^2 = 3,74$; $P = 5,31$) foi observada entre as RILs F_7 , complementando o estudo realizado na população F_2 e nos retrocruzamentos. Observa-se, assim, que a herança da resistência do feijão-caupi ao CABMV é monogênica recessiva (Tabela 3). Nosso estudo complementa os dados de Orawu et al. (2013). Ao estudar a herança genética da resistência do feijão-caupi ao CABMV, esses autores concluíram que ela é condicionada por um único gene recessivo ou mais de um gene recessivo. Para o *Bean common mosaic virus* (BCMV), outro Potyvirus, Arshad et al. (1998) relataram que a resistência é condicionada por um par de

genes recessivos. Em *P. vulgaris* a resistência ao CABMV é controlada por um alelo dominante ou recessivo (Fisher & Kyle, 1996). Já no maracujazeiro a herança da resistência é poligênica (Freitas et al., 2015).

Em relação às características qualitativas estudadas, 55% das RILs apresentaram flor da cor roxa, 49% apresentaram vagens secas de cor palha e 56% apresentaram sementes marrons (Figuras 1 e 2). Sobre os caracteres quantitativos, o comprimento médio das vagens variou de 10,8 a 22,8 cm, o número de sementes por vagem variou de 3 a 18 e o peso de 100 sementes a variou de 6,0 a 26,7 g (Tabelas 1 e 2).

O método de agrupamento de Tocher permitiu a formação de 21 grupos distintos entre as RILs resistentes (Tabela 4) e 17 grupos distintos entre as RILs suscetíveis ao CABMV (Tabela 5). O grupo 1 abrangeu o maior número de linhagens avaliadas, representando 35% das resistentes e 44% das suscetíveis. Pelo método de Tocher, Bertini et al. (2009) avaliando 58 genótipos de feijão-caupi, agrupou-os em nove grupos distintos, Santana et al. (2019) agruparam 30 genótipos em três grupos e Gerrano et al. (2015) agruparam 25 genótipos em cinco grupos.

O comprimento de vagem foi a variável que mais contribuiu para a dissimilaridade entre as RILs resistentes (36,48%) e a dissimilaridade entre as RILs suscetíveis (44,22%) ao CABMV, seguida dos caracteres número de sementes por vagem e peso de 100 sementes (Tabela 6). Santana et al. (2019) avaliaram 30 genótipos de feijão-caupi e verificaram que o comprimento da vagem foi umas das características que mais contribuíram para a divergência genética. Assim como no estudo de Gerrano et al. (2015) envolvendo 25 genótipos. Ao avaliar 16 acesso de feijão-caupi, Bertini et al. (2009) observaram que os caracteres que mais contribuíram para a diversidade genética foram o comprimento de vagem e o peso de 100 sementes. Já no estudo de Santos et al. (2014), foram o peso de cinco vagens e de 100 sementes que mais contribuíram para a divergência entre os 20 genótipos avaliados.

Algumas linhagens deste estudo se destacaram como promissoras para futuras avaliações visando o desenvolvimento de novas cultivares, pois além de serem resistentes ao CABMV, também apresentaram um bom peso de 100 sementes, sendo as RILs codificadas como 29, 49, 57, 89, 163, 197, 236, 243, 321, 451, 468 e 485. Entre essas, 50% estão inseridas no grupo sete. A avaliação dessas características confirmou que há grande diversidade genética entre as RILs de feijão-caupi avaliadas. Essas variações podem ser explicadas pelo fato desses caracteres serem determinados por muitos genes que possuem interação intralélica e interalélica, além de sofrerem influência do meio, variando muito nos diferentes trabalhos realizados em ambiente variados (SILVA, 2013). Patel et al. (2016)

relataram diferenças altamente significativas ao comparar características de diferentes genótipos de feijão-caupi, indicando uma considerável variabilidade. Por sua vez, Barroso Neto et al. (2017) também identificaram diversidade genética e alta herdabilidade entre progênies de feijão-caupi. A variabilidade genética observada neste estudo poderá ser importante para programas de melhoramento da cultura, sendo indispensável a conservação desses germoplasma.

Para que o melhoramento de plantas possa aproveitar os recursos genéticos é fundamental a sua caracterização. A avaliação fenotípica das características de uma população segregante é requerida no mapeamento de caracteres agronômicos. Dessa forma, estudos de segregação genética e testes estatísticos para a detecção de associações podem ser realizados, preferencialmente com as RILs (Carvalho et al., 2016; Bered et al., 1997). A ampla variação fenotípica e base genética encontrada na população tornam-se um recurso genético exclusivo no qual as linhas que apresentam boas características agronômicas e resistência ao CABMV podem ser usadas como doadoras dessas características em programas de melhoramento. Ao realizar cruzamentos entre genótipos de feijão-caupi resistentes ao CABMV e ao CPSMV e genótipos com características agronômicas comerciais, Leão et al. (2016) obtiveram quatro descendentes com sementes de alto valor comercial e resistentes aos dois fitovírus. Nogueira et al. (2016) realizaram cruzamentos entre cinco cultivares com boas características agronômicas e dois genótipos resistentes aos fitovírus. Trinta e duas progênies se destacaram por serem altamente resistentes a ambos os vírus e nove linhagens se destacaram quanto ao valor de cultivo e a produtividade. Barros et al. (2013) realizaram cruzamentos seguidos de retrocruzamentos utilizando como genitores doadores dos genes de resistência ao CABMV e CPSMV a linhagem TE97-309G-9 e a cultivar Patativa, e como genitores recorrentes quatro cultivares comerciais. Todos os retrocruzamentos foram considerados promissores para produção de cultivares resistentes a esses vírus. Além disso, algumas plantas se destacaram ao apresentar características que possibilitam a seleção de linhagens com grãos de bom padrão comercial e altamente produtivas.

A integridade do DNA extraído dos parentais foi verificada em gel de agarose a 1,5%. Na seleção de marcadores SSR foi possível observar que dos 126 marcadores avaliados 44 (35 %) foram capazes de detectar polimorfismo entre os genótipos parentais BR14-Mulato e IT85F-2687. Em estudo com esses mesmos parentais, Oliveira (2019) avaliou 30 marcadores moleculares SSR, dos quais 22 (73%) foram capazes de detectar polimorfismo. Marcadores SSR foram utilizados com sucesso na busca por variabilidade genética em genótipos de feijão-caupi (Uma et al., 2009). Pereira et al. (2007) selecionaram populações segregantes de

feijoeiro (*P. vulgaris*) promissoras para a produtividade de grãos e com polimorfismo para marcadores SSR ligados a QTL relacionados previamente à produtividade de grãos. Mafakheri et al. (2017) utilizaram 22 marcadores SSR para avaliar a diversidade genética e estimar o polimorfismo em 32 genótipos de feijão-caupi e todos foram polimórficos. Os marcadores microssatélites apresentam elevada taxa de mutação, sendo altamente informativos e apresentando elevado potencial para utilização em programas de melhoramento de plantas, na construção de mapas genéticos, na identificação de indivíduos, entre outras aplicações (Camargo et al., 2017). Além disso esses marcadores possuem boa taxa de transferibilidade (Kuleung et al., 2003; Miranda et al., 2012; Silva et al., 2019; Nascimento et al., 2019). Gupta e Gopalakrishna (2010) analisaram a transferibilidade de 65 marcadores SSR entre oito espécies de *Vigna* e 55 (84,6%) foram transferíveis para todas as espécies.

4. Conclusões e Perspectivas

A taxa de segregação 1 resistente : 1 suscetível ao CABMV complementa o estudo realizado na população F₂ e nos retrocruzamentos, confirmando tratar-se de herança monogênica recessiva.

A população composta por 386 linhagens endogâmicas recombinantes apresentou 174 RILs resistentes e 212 suscetíveis ao CABMV, com uma diversidade genética quanto aos seus caracteres qualitativos e quantitativos.

Os marcadores do tipo SSR polimórficos detectados neste estudo serão utilizados para genotipagem de progênies e construção de mapas de ligação, auxiliando no mapeamento do gene de resistência estudado. Além disso, os genomas de ambos os parentais (BR14-Mulato e IT85F-2687) estão submetidos para sequenciamento do genoma completo, o que permitirá a geração de marcadores codominantes para saturação do mapa. Desta forma, espera-se identificar a região responsável pela resistência para o desenvolvimento de marcadores para seleção assistida úteis na busca por genótipos com características vantajosas em bancos de germoplasma.

Referências Bibliográficas

ARAÚJO NETO, J. C.; BURGOS, N.; LOPES, O. F.; SILVA, F. H. B. B.; MEDEIROS, L. A. R.; MELO FILHO, H. F. R.; PARAHYBA, R. B. V.; CAVALCANTI, A. C.; OLIVEIRA

NETO, M. M.; SILVA, F. B. R.; LEITE, A. P.; SANTOS, J. C. P.; SOUSA NETO, N. C.; SILVA, A. B.; LUZ, L. R. Q. P.; LIMA, P. C.; REIS, R. M. G.; BARROS, A. H. C. **Levantamento de reconhecimento de baixa e média intensidade dos solos do Estado de Pernambuco**. Embrapa Solos: Rio de Janeiro, 2000. Boletim de Pesquisa 11, 381p.

ARSHAD, M.; BASHIR, M.; SHARIF, A.; MALIK, B. A. Inheritance of resistance in cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp.) to blackeye cowpea mosaic potyvirus. **Pakistan Journal of Botany**, v.30, p.263-270, 1998.

BADIANE, F. A.; GOWDA, B. S.; CISSÉ, N.; DIOUF, D.; SADIO, O.; TIMKO, M. P. Genetic relationship of cowpea (*Vigna unguiculata*) varieties from Senegal based on SSR markers. **Genetics na Molecular Research**, v. 11, p. 292-304, 2012.

BARROSO NETO, A. M.; MATOS, R. F.; PINHEIRO, M. S.; BERTINI, C. H. C. M.; VALE, J. C. Genetic variability and selection of extra-early cowpea progenes. **Revista Caatinga**, v.30, p.698-707, 2017.

BERTINI, C. H. C. M.; TEÓFILO, E. M.; DIAS, F. T. C. Divergência genética entre acessos de feijão-caupi do banco de germoplasma da UFC. **Revista Ciência Agornômica**, v.40, p.99-105, 2009.

BERED, F.; BARBOSA NETO, J. F.; CARVALHO, F. I. F. Marcadores moleculares e sua aplicação no melhoramento genético de plantas. **Ciência Rural**, v.27, p.513-520, 1997.

BEZERRA, J. M.; VIEIRA, M. M. S.; SANTOS, A. F.; FARIAS, T. R.; LOPES, M. F.; SOUZA, A. S. Composição química de oito cultivares de feijão-caupi. **Revista Verde**, v.14, p.41-47, 2019.

BIVERSITY INTERNATIONAL. **Descritores de Feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.)** (2007). Disponível em: <<https://www.biodiversityinternational.org/e-library/publications/detail/feijao-frade-ou-caupi/>>. Acesso em 14 mai. 2020.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 1 ed. Viçosa: UFV, 2013. 523p.

BOUKAR, O.; BHATTACHARJEE, R.; FATOKUN, C.; KUMAR, P. L.; GUEYE, B. Cowpea. In: Singh M, Upadhyaya HD, Bisht IS (Eds.). **Genetic and Genomic Resources of grain legume improvement**. 1.ed. Londres: Elsevier Insights, 2013. p.137-156.

BROGIN, R. L. **Mapeamento de genes de resistência à ferrugem e de QTLs envolvidos na resistência à septoriose em soja**. 2005. 93p. Tese (Doutorado) – Universidade São Paulo, Piracicaba.

BRONDANI, C.; BRONDANI, R. P.; RANGEL, P. H. N. **Utilização de marcadores moleculares em programas de ampliação da base genética de espécies cultivadas**. Embrapa Arroz e Feijão: Santo Antônio de Goiás, 2003. Documentos 155, 36p.

BROMAN, K. W. The genomes of recombinant inbred lines. **Genetics**, v.169, p.1133-1146, 2005.

CAMARA, F. T.; MOTA, A. M. D.; NICOLAU, F. E. A.; PINTO, A. A.; SILVA, J. M. F. Produtividade de feijão-caupi crioulo em função do espaçamento entre linhas e número de plantas por cova. **Revista de Agricultura neotropical**, v.5, p.19-24, 2018.

CAMARGO, N. G.; GONTIJO, O. J. S.; BARBOSA, A. C. O. F. Caracterização de marcadores microssatélites em plantas nativas do Cerrado brasileiro. **Multi-Science Journal**, v.1, p.41-47, 2017.

CARVALHO, M.; CASTRO, I.; MATOS, M.; LINO-NETO, T.; SILVA, V.; ROSA, E.; CARNIDE, V. Caracterização agro-morfológica de acessos de feijão-frade (*Vigna unguiculata*): bases para o melhoramento. **Revista de Ciências Agrárias**, v.39, p.506-517, 2016.

CRUZ, C. D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**, v.35, p.271-276, 2013.

CASTRO, N. R.; MENEZES, G. C.; COÊLHO, R. S. B. Herança da resistência genética do caupi à cercosporiose. **Fitopatologia Brasileira**, v.28, p.553-554, 2003.

DESTRO, D.; BIZETI, H. S.; GARCIA, L. A.; FONSECA, I. C. B.; MONTALVÁN, R.; MIGLIORANZA, E. Comparison between the SPD and the SPDS methods for segregating generation advancement in soybean. **Brazilian Archives of Biology and Technology**, v.46, p.545-551, 2003.

DINESH, H. B.; LOHITHASWA, H. C.; VISWANATA, K. P.; SINGH, P.; MANJUNATHA, L.; AMBIKA, D. S.; KUMAR, M. K. P. Genetic analysis and marker assisted backcrossing for transfer of mosaic virus resistance in cowpea [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.]. **Legume research**, v.3750, p.1-7, 2018.

FALEIRO, F. G.; SCHUSTER, I.; RAGAGNIN, V. A.; CRUZ, C. D.; CORRÊA, R. Y.; MOREIRA, M. A.; BARROS, E. G. Caracterização de linhagens endogâmicas recombinantes e mapeamento de locos de características quantitativas associadas a ciclo e produtividade do feijoeiro-comum. **Pesquisa agropecuária brasileira**, v.38, p.1387-1397, 2003.

FISHER, M. L.; KYLE, M. M. Inheritance of resistance to potyviruses in *Phaseolus vulgaris* L. IV. Inheritance, linkage relations, and environmental effects on systemic resistance to four potyviruses. **Theoretical and Applied Genetics**, v.92, p.204-212, 1996. DOI: 10.1007/BF00223377.

FREIRE FILHO, F. R.; RIBEIRO, V. Q.; CARDOSO, M. J.; SANTOS, A. A.; NOGUEIRA, M. S. R.; VIEIRA, P. F. M. J.; ROCHA, M. M.; SILVA, K. J. D. **Cruzamentos de feijão-caupi [*Vigna unguiculata* (L) Walp.] realizados na Embrapa Meio-Norte, no período de 1982 a 2012**. Embrapa Meio Norte. Teresina. Documentos, 226, 2014, 121p.

FREITAS, J. C. O.; VIANA, A. P.; SANTOS, E. A.; SILVA, F. H. L.; PAIVA, C. L.; RODRIGUES, R.; SOUZA, M. M.; EIRAS, M. Genetic basis of the resistance of a passion fruit segregant population to *Cowpea aphid-borne mosaic virus* (CABMV). **Tropical Plant Pathology**, v.40, p.291-297, 2015.

GERRANO, A. S.; ADEBOLA, P. O.; RENSBURG, W. S. J.; LAURIE, S. M. Genetic variability in cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) genotypes. **South African Journal of Plant and Soil**, p.1-10, 2015.

GIOI, T. D.; BOORA, K. S.; CHAUDHARY, K. Identification and characterization of SSR markers linked to *Yellow mosaic virus* resistance gene(s) in cowpea (*Vigna unguiculata*). **International Journal of plant research**, v.2, p.1-8, 2012.

GUPTA, S. K.; GOPALAKRISHNA T. Development of unigene-derived SSR markers in cowpea (*Vigna unguiculata*) and their transferability to other *Vigna* species. **Genome**, v.53, p.508-523, 2010.

KANG, B. C.; YEAM, I.; JAHN, M. M. Genetics of plant virus resistance. **Annual Review of Phytopathology**, v.43, p.581-621, 2005.

KULEUNG, C.; BAENZIGER, O. S.; DWEIKAT, I. Transferability of SSR markers among wheat, rye, and triticale. **Theoretical and Applied Genetics**, v.108, p.1147-1150, 2004.

LEÃO, R. M. K.; PEIXOTO, J. R.; JUNQUEIRA, N. T. V.; RESENDE, R. O.; MATTOS, J. K. A.; MELO, B. Reação de progenies de maracujazeiro-azedo ao vírus do endurecimento do fruto (*Cowpea Aphid-borne Mosaic Virus* - CABMV) em casa de vegetação. **Bioscience Journal**, v.22, p.87-92, 2006.

LIMA, J. A. A.; SILVA, A. K. F. da; ARAGÃO, M. L.; FERREIRA, N. R. de A.; TEÓFILO, E. M. Simple and multiple resistances to viruses in cowpea genotypes. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** v. 46, p.1432-1438, 2011. DOI: 10.1590/S0100-204X2011001100003.

LONARDI, S.; MUÑOZ-AMATRIÁN, M.; LILIAN, Q.; SHU, S.; WANAMAKER, S.; LO S.; TANSKANEN, J.; SCHULMAN, A. H.; ZHU, T.; LUO, M. C.; ALHAKAMI, H.; OUNI T. R.; HASAN, A. M.; VERDIER, J.; ROBERTS, P. A.; SANTOS, J. R. P.; NDEVE, A.; DOLEZEL, J.; VRANA, J.; HOKIN, A. S.; FARMER, A.; CANNON, S. B.; CLOSE, T. J. The genome of cowpea (*Vigna unguiculata* [L.] Walp.). **The plant journal**, v.98, p.767-782, 2019.

MAFAKHERI, K.; BIHAMTA, M. R.; ABBASI, A. R. Assesment of genetic diversity in cowpea (*Vigna unguiculata* L.) germplasm using morphological and molecular characterization. **Soil & Crop Sciences**, v.3, p.2-20, 2017.

MICHAELS, S. D.; JHON, M. C.; AMARINO, R. M. Removal of polysaccharides from plant DNA by ethanol of precipitation. **Biotechniques**, v.17, 274-276, 1994.

MIRANDA, F. D.; GONTIJO, A. B. P. L.; SANTILIANO, F. C.; FAVORETO, F. C.; SOARES, T. C. B. Transferability and characterization of microsatellite markers in Five Bromeliaceae species belonging to the subfamilies Pitcairnioideae and Bromelioideae. **Biota Neotrópica**, v.12, p.319-323, 2012.

NASCIMENTO, A. S.; ALVES, R. M.; SILVA, C. R. S.; ALBUQUERQUE, P. S. B.; LEMOS, L. S. L.; GRAMACHO, K. P.; CLÉMENT, D. Transferibilidade e mapeamento de microssatélites entre *Theobroma cacao* L. e *Theobroma grandiflorum* (WILLD. EX. SPRENG) Schum. **Agrotropica**, v.31, p.85-102, 2019.

NOGUEIRA, M. S. da R.; FREIRE FILHO, F. R.; OLIVEIRA, C. R. R. de; BARROS, G. B.; BRIOSO, P. S. T.; RIBEIRO, V. Q. Avaliação da reação de genótipos de feijão-caupi a infecção por vírus por meio dos efeitos qualitativos. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS, 6., Búzios, 2011. **Anais**. Búzios: SBMP, 2011. p.1-4.

NUNES, E. D.; SANTOS, C. A. F.; MEDEIROS, A. G.; DINIZ, L. S.; COSTA, S. R. Hibridação artificial em feijão-caupi (*Vigna unguiculata* Walp.) em diferentes cultivares. **Anais do 10º Encontro de Genética do Nordeste**, Jequié, 2010. 1p.

OLIVEIRA, C. R. R. de; FREIRE FILHO, F. R.; NOGUEIRA, M. S. da R.; BARROS, G. B.; EIRAS, M.; RIBEIRO, V. Q.; LOPES, A. C. de A. Reação de genótipos de feijão-caupi revela resistência às coinfeções pelo *Cucumber mosaic virus*, *Cowpea aphid-borne mosaic virus* e *Cowpea severe mosaic virus*. **Bragantia**, v.71, p.59-66, 2012. DOI: 10.1590/S0006-87052012005000007.

OLIVEIRA, M. A. R.; CARPENTIERE-PÍPOLO, V.; NORA, T. D.; VIEIRA, E. S. N.; PRETE, C. E. C.; SCHUSTER, I. Rbc2, a new dominant gene for resistance of soybean to *Cowpea mild mottle virus*: Inheritance and mapping. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.18, p.169-175, 2018.

OLIVEIRA, W. D. **Desenvolvimento e validação de marcadores moleculares tipo microssatélites a partir do transcriptoma de *Vigna unguiculata* (L.)**. 2019. 65p. Monografia - Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife.

ORAWU, M.; MELIS, R.; LAING, M.; DERERA, J. Genetic inheritance of resistance to *Cowpea aphid-borne mosaic virus* in cowpea. **Euphytica**, v.189, p.191-201, 2013.

PATEL, A. Genetic Variability and Heritability Study in Cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.). **Advances in Life Sciences**, v.5, p.8638-8640, 2016.

PEREIRA, H. S.; SANTOS, J. B.; ABREU, A. F. B.; COUTO, K. R. Informações fenotípicas e marcadores microssatélites de QTL na escolha de populações segregantes de feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.42, p.707-713, 2007.

RAO, R. C. **Advanced statistical methods in biometric research**. New York: John Wiley, 1952. 390p.

RACHIE, K.; RAWAL, K. M.; FRANCKOWIACK, J. D. A. **Rapid method of hand crossing cowpeas**. Ibadan, Nigéria: Institute of Tropical Agriculture, 1975. 5p.

REGO, M. S. C.; LOPES, A. C. A.; ROCHA, M. M.; FREIRE FILHO, F. R.; RIBEIRO, V. Q.; SOUSA, I. S. **Avaliação de métodos de cruzamentos artificiais em feijão-caupi [*Vigna unguiculata* (L.) WALP]**. Embrapa Meio Norte. Teresina. Documentos 121, 2006, 4p.

ROCHA, M. M.; LIMA, J. A. A.; FREIRE FILHO, F. R.; ROSAL, C. J. S.; LOPES, A. C. A. Resistência de genótipos de Caupi (*Vigna unguiculata* L. Walp) de tegumento branco a isolados de vírus das famílias *Bromoviridae*, *Comoviridae*, *Potyviridae*. **Ciência Rural**, v.8, p.85-92, 2003.

RODRIGUES, M. A.; SANTOS, C. A. F.; SANTANA, J. R. F. Mapping of AFLP loci linked to tolerance to *Cowpea golden mosaic virus*. **Genetics and molecular research**, v.11, p.3789-3797, 2012.

SANTANA, S. R. A.; MEDEIROS, J. E.; ANUNCIÇÃO FILHO, C. J.; SILVA, J. W.; COSTA, A. F.; BASTOS, G. Q. Genetic divergence among cowpea genotypes by morphoagronomic traits. **Revista Caatinga**, v. 32, p.841-850, 2019.

SANTOS, J. A. S.; TEODORO, P. E.; CORREA, A. M.; SOARES, C. M. G.; RIBEIRO, L. P.; ABREU, H. K. A. Desempenho agrônômico e divergência genética entre genótipos de feijão-caupi cultivados no ecótono Cerrado/Pantanal. **Bragantia**, v.73, p.377-382, 2014.

SILVA, L. C. **Caracterização fenotípica de RIL's de feijão derivadas da população Rudá x And 277**. 2013. 60p. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

SILVA, L. C.; BATISTA, R. O.; ANJOS, R. S. R.; SOUZA, M. H.; CARNEIRO, P. C. S.; SOUZA, T. L. P. O.; BARROS, E. G.; CARNEIRO, J. E. S. Morphoagronomic characterization and genetic diversity of a common bean RIL mapping population derived from the cross Rudá x AND 277. **Genetics and Molecular Research**, v.15, p.1-13, 2016.

SILVA, L. P.; MAROSTEGA, T. N.; GILIO, T. A. S.; SERAFIM, M. E.; ARAÚJO, K. L.; NEVES, L. G. Transferibilidade de marcadores microssatélites para espécies silvestres de maracujazeiro. **Revista de Ciências Agrárias**, v.62, p.1-6, 2019.

SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **The Indian Journal of Genetics and Plant Breeding**, v.41, p.237-245, 1981.

SOUZA, C. M. P. **Análise dialélica para caracteres quantitativos e qualitativos entre genótipos de feijão-de-vagem (*Phaseolus vulgaris* L.) de porte determinado**. 2012. 103p. Tese (Doutorado) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes.

SCHUSTER, I.; CRUZ, C. D. **Estatística genômica aplicada a populações derivadas de cruzamentos controlados**. 1.ed. Viçosa: UFV, 2004. 568 p.

TAKUNO, S.; TERAUCHI, R.; INNAN, H. The Power of QTL mapping with RILs. **PLoS One**, v.7, p.1-11, 2012.

TEÓFILO, E. M.; PAIVA, J. B.; MEDEIROS FILHO. Polinização artificial em feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp). **Ciência Agrotécnica**, v.25, p.220-223, 2001.

UMA, M. S.; HITTALAMANI, S.; MURTHY, B. C. K.; VISWANATHA, K. P. Microsatellite DNA marker aided diversity analysis in cowpea [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.]. **Indian Journal of Genetics**, v.69, p.35-43, 2000.

VALE, C. C.; LIMA, J. A. A. Efeitos de infecções isoladas e misturas de vírus de grupos distintos em caupi. **Fitopatologia Brasileira**, v.19, p.193-197, 1994.

WEISING, K.; NYBOM, H.; WOLFF, C.; KAHL, G. **DNA fingerprint in plants. Principles, methods, and applications**. 2.ed. Nova York: CRC Press, 2015. 472p.

ZARY, K. W.; MILLER JÚNIOR, J. C. Comparison of two methods of hand-crossing *Vigna unguiculata* (L.) Walp. **HortScience**, v.17, p.246-248, 1982.

Tabela 1. Caracterização morfoagronômica das 174 RILs de feijão-caupi resistentes ao *Cowpea aphid-borne mosaic virus*. Belém de São Francisco, PE.

Código das RILs	Cor da flor	Cor da vagem	Cor da semente	Comprimento da vagem (cm)	Número de sementes por vagem	Peso de 100 sementes (g)
1	Roxa	Roxa	Marrom	16,4	14	14,3
3	Branca com roxo	Palha	Branca	12,4	8	10
5	Roxa	Palha	Marrom	15,4	11	13
7	Branca com roxo	Palha	Marrom	12,6	8	13,8
8	Roxa	Palha	Bege com marrom	18,8	10	18,2
11	Roxa	Palha	Bege com marrom	12,8	9	10,5
17	Roxa	Palha	Marrom	17,6	15	16,7
23	Roxa	Palha	Marrom	15,4	15	12
28	Branca	Roxa	Creme	14,6	7	11,9
29	Roxa	Roxa	Marrom	19,2	11	20
30	Roxa	Roxa	Marrom	17	10	17,6
35	Branca	Palha	Branca	16	13	13
36	Roxa	Roxa	Marrom	17,8	13	15,8
49	Branca	Roxa	Bege com marrom	16	6	23,1
50	Branca com roxo	Palha	Marrom	19,4	11	16,7
51	Roxa	Palha	Marrom	16	10	11,1
52	Roxa	Palha	Marrom	17,2	12	10,3
53	Roxa	Palha	Marrom	15,4	10	19
54	Branca	Roxa	Creme	17,8	11	11,5
55	Branca	Roxa	Marrom	18,6	11	15
57	Branca	Roxa	Bege com marrom	21,2	11	20
61	Roxa	Palha	Marrom	18	10	15,6
62	Branca	Palha	Branca	16,4	11	8,8

63	Roxa	Palha	Marrom	14,4	14	8,7
65	Branca	Palha	Branca	12,8	11	12,5
66	Branca com roxo	Palha	Bege com marrom	15	15	10,7
67	Branca	Roxa	Branca	18,2	12	15
68	Roxa	Roxa	Marrom	17,5	10	15,4
72	Roxa	Roxa	Marrom	14	13	10
73	Roxa	Roxa	Marrom	19,2	10	15,4
75	Roxa	Palha	Marrom	17,2	12	16,7
76	Branca	Roxa	Creme	15,6	14	11,1
78	Branca	Roxa	Creme	15	8	14,8
81	Branca com roxo	Roxa	Bege com marrom	17	12	15
82	Branca com roxo	Palha	Marrom	16,8	17	11,5
83	Branca com roxo	Palha	Creme	13,8	9	11,5
88	Branca	Palha com roxo	Bege com marrom	15,2	14	9,7
89	Roxa	Palha	Marrom	16,2	11	20
99	Roxa	Roxa	Marrom	19,4	14	13
103	Roxa	Palha	Marrom	12,4	6	10,7
104	Branca	Roxa	Bege com marrom	13,8	12	15,4
106	Branca	Palha	Branca	13,2	13	11,1
110	Roxa	Palha	Marrom	19,8	11	15,4
112	Roxa	Palha	Marrom	19,4	10	17,6
113	Branca	Palha	Marrom	21,2	13	16,6
118	Roxa	Roxa	Marrom	17,4	10	14,3
119	Branca	Roxa	Creme	15,2	10	11,5
120	Roxa	Roxa	Marrom	18,3	8	12,5
122	Roxa	Palha	Marrom	16,4	10	17,8
128	Roxa	Roxa	Marrom	17,6	12	14,3

140	Roxa	Roxa	Marrom	22,6	13	15,4
143	Branca	Palha	Creme	19,6	15	12,5
146	Roxa	Palha com roxo	Marrom	20,4	10	6,7
149	Branca	Palha	Bege com Marrom	18,4	10	12
156	Roxa	Roxa	Marrom	15,4	13	11,8
163	Branca	Roxa	Branca	21	8	20,8
164	Roxa	Roxa	Marrom	17,8	15	11,8
165	Roxa	Roxa	Marrom	20,6	11	16,7
167	Roxa	Roxa	Marrom	16,6	8	12,5
168	Roxa	Palha	Marrom	13,8	14	12,1
174	Branca	Palha	Bege com marrom	19,2	12	8,8
175	Branca	Roxa	Branca	19,4	12	12
177	Branca	Palha	Branca	16	13	12
181	Roxa	Palha	Branca	16	9	17,4
191	Roxa	Palha	Marrom	13,6	8	10,5
193	Roxa	Palha	Bege com marrom	17,6	12	16,7
195	Branca	Roxa	Bege com marrom	14,8	12	13,8
197	Roxa	Palha	Bege com marrom	13	8	21,7
203	Branca com roxo	Palha	Bege com marrom	13,2	12	6,8
204	Roxa	Roxa	Marrom	14,3	5	6,7
205	Roxa	Palha	Marrom	16,2	9	13,3
206	Roxa	Roxa	Marrom	16,8	17	12,5
207	Branca	Roxa	Bege com marrom	13,6	11	11,1
208	Branca	Roxa	Bege com marrom	17	14	11,7
210	Roxa	Roxa	Marrom	15,4	6	16,1
236	Roxa	Palha	Creme	19,6	11	23,5
237	Roxa	Palha	Bege com marrom	11,6	8	7,5
238	Branca	Roxa	Branca	16	12	13,8

239	Branca	Palha	Bege com marrom	19	13	12,5
242	Roxa	Roxa	Marrom	22,2	17	18
243	Roxa	Palha	Marrom	21,6	15	20,5
244	Branca	Palha	Branca	18,2	13	16,1
245	Roxa	Roxa	Marrom	18,8	12	16,4
247	Branca	Palha	Marrom	18,2	13	13,4
248	Roxa	Roxa	Bege com marrom	19,2	12	15
249	Branca	Roxa	Bege com marrom	14,6	14	8,3
251	Roxa	Roxa	Branco	16,8	13	9,2
252	Branca	Palha	Bege com marrom	19,4	14	12,8
253	Roxa	Palha	Creme	19,4	15	14,3
254	Roxa	Palha	Branca	18,6	14	18,6
256	Roxa	Roxa	Marrom	16,4	15	12,2
257	Roxa	Palha	Marrom	19,6	9	12,7
258	Branca	Palha	Marrom	16	9	12,9
260	Roxa	Roxa	Marrom	15,4	9	11,6
263	Roxa	Palha	Marrom	18,8	14	17,8
264	Roxa	Roxa	Marrom	14,4	13	10,8
265	Branca	Roxa	Branca	18,2	6	16,1
266	Roxa	Roxa	Marrom	16,4	11	14,5
268	Branca	Palha	Branca	15,8	14	10,1
272	Roxa	Roxa	Marrom	16,6	12	13,3
273	Roxa	Roxa	Marrom	17,6	14	12,8
274	Roxa	Palha	Marrom	21,6	15	15,7
275	Roxa	Palha	Marrom	15,4	8	9,7
276	Roxa	Roxa	Marrom	22,2	14	15,9
277	Branca	Roxa	Creme	15,6	13	10,4
278	Branca	Palha	Branca	16,8	11	14,3
279	Branca	Palha	Branca	11,8	11	11,1

281	Roxa	Roxa	Marrom	20,4	15	13,7
282	Roxa	Roxa	Marrom	19,4	14	14,7
283	Branca	Roxa	Creme	13,6	17	9,4
284	Branca	Roxa	Branca	17,4	12	13,1
285	Branca	Palha	Branca	15,8	11	10,5
286	Branca	Roxa	Creme	17,8	11	14,8
287	Roxa	Palha	Marrom	16,4	9	11,8
289	Branca	Roxa	Bege com marrom	12,6	8	12,5
292	Roxa	Palha	Marrom	16,6	16	17,2
294	Roxa	Roxa	Marrom	17,2	9	17,8
296	Roxa	Palha com roxo	Marrom	17	12	14,7
297	Branca	Roxa	Bege com marrom	11,8	4	15,8
298	Branca	Roxa	Branca	15	12	13,3
301	Branca	Roxa	Creme	14,6	9	6,7
306	Roxa	Palha	Marrom	15	10	13,1
314	Roxa	Roxa	Marrom	17,4	12	13,1
317	Branca	Roxa	Branca	13	10	12,2
318	Roxa	Palha com roxo	Marrom	16,8	9	13,3
319	Roxa	Palha	Bege com marrom	18,2	12	11,9
321	Roxa	Palha	Marrom	19	12	20,7
323	Roxa	Roxa	Branca	19,2	13	14,1
326	Branca	Roxa	Bege com marrom	18,2	9	15,2
334	Branca	Palha	Branca	18,2	15	10,8
335	Branca	Roxa	Branca	16,8	9	11,4
340	Roxa	Palha	Marrom	16,2	11	11,1
341	Roxa	Palha	Marrom	16	9	11,1
354	Branca	Palha	Bege com marrom	17,8	11	13,2
355	Roxa	Roxa	Marrom	17,8	11	17

360	Roxa	Roxa	Marrom	17,6	10	16,7
363	Roxa	Palha	Marrom	19,4	14	15,3
365	Roxa	Palha	Marrom	15,2	10	15,4
366	Roxa	Palha	Marrom	17,2	11	17,8
367	Roxa	Palha	Marrom	17,6	14	13
368	Roxa	Palha	Marrom	15,4	13	10,8
370	Branca	Roxa	Branca	14	13	7,8
375	Branca	Palha	Creme	15	13	10,9
378	Roxa	Roxa	Marrom	20	9	15,2
379	Roxa	Palha	Marrom	21,6	13	17,5
382	Roxa	Roxa	Marrom	20,6	14	17,4
384	Roxa	Roxa	Marrom	22,8	15	14,5
385	Branca	Palha	Creme	15,2	15	9,3
394	Roxa	Palha	Marrom	19,2	12	16,1
398	Roxa	Palha	Branca	19,6	14	16,9
401	Roxa	Roxa	Marrom	17,8	12	15,5
405	Roxa	Roxa	Marrom	19,8	11	16,1
406	Branca	Palha	Creme	14,8	13	7,8
413	Branca	Roxa	Bege com marrom	15,2	15	10,7
414	Roxa	Roxa	Marrom	18,6	9	13,6
433	Branca	Palha	Branca	16	7	12,1
440	Branca	Palha	Creme	20,2	15	13,5
441	Roxa	Palha	Marrom	19	13	14,9
450	Roxa	Palha	Marrom	18,2	13	18,5
451	Branca	Palha	Marrom	17,4	11	20
452	Roxa	Palha	Marrom	19,4	11	17,8
459	Branca	Roxa	Bege com marrom	17	13	10,9
468	Roxa	Palha	Marrom	19,4	12	23,7
469	Roxa	Palha	Marrom	17,2	13	12,5

476	Branca	Roxa	Branca	15,2	6	12,2
481	Roxa	Roxa	Marrom	16,2	12	12,1
485	Branca	Palha	Marrom	17	6	21,9
486	Branca	Roxa	Branca	17,6	7	11,1
487	Branca	Roxa	Creme	17	6	17,2
488	Branca	Palha	Bege com marrom	15,8	9	15,5
493	Roxa	Palha	Marrom	20	16	12,8
494	Branca	Palha	Marrom	12,4	8	15
495	Roxa	Palha	Marrom	18,8	13	17,9
501	Roxa	Palha	Marrom	22,6	14	19,4

Tabela 2. Caracterização morfoagronômica das 212 RILs de feijão-caupi suscetíveis ao *Cowpea aphid-borne mosaic virus*. Belém de São Francisco, PE.

Código das RILs	Cor da flor	Cor da vagem	Cor da semente	Comprimento da vagem (cm)	Número de sementes por vagem	Peso de 100 sementes (g)
2	Branca com roxo	Palha	Marrom	16,8	11	15,1
9	Branca com roxo	Palha	Creme	20,6	11	12
10	Roxa	Palha	Marrom	17,6	9	12,1
18	Roxa	Palha	Marrom	16,6	15	10,7
21	Roxa	Palha	Branca	16	13	12
27	Roxa	Palha	Marrom	18,8	10	15,8
34	Roxa	Roxa	Marrom	16	9	11,5
37	Branca com roxo	Palha	Bege com marrom	18	9	13,6
38	Roxa	Roxa	Bege com marrom	21,4	11	17,8
39	Roxa	Roxa	Bege com marrom	19	13	13
41	Branca	Palha	Bege com marrom	17,6	9	14,8
42	Branca	Palha	Branca	19	11	12,9
43	Branca	Palha	Branca	15,4	12	15,4
44	Roxa	Palha	Marrom	17,6	13	11,8
45	Roxa	Palha	Marrom	18,2	15	13,3
46	Roxa	Palha	Marrom	19,4	14	14,8
47	Branca	Roxa	Branca	15,4	17	8,6
48	Branca	Roxa	Branca	15	14	9,1
56	Roxa	Roxa	Marrom	12,8	10	9,4
58	Branca	Roxa	Marrom	10,8	5	20
59	Branca	Roxa	Marrom	18,4	14	10,7
60	Roxa	Roxa	Marrom	17,2	10	14,3
64	Branca	Palha	Creme	18,4	8	19

69	Branca	Roxa	Branca	12,4	4	17,6
70	Roxa	Roxa	Marrom	21,6	15	15
71	Roxa	Roxa	Marrom	17,8	11	16,7
74	Roxa	Roxa	Marrom	15,4	15	10
77	Roxa	Palha	Marrom	16,6	9	15
79	Branca	Roxa	Creme	19,8	13	11,9
80	Branca	Palha	Bege com marrom	15,4	11	17,4
84	Branca	Roxa	Creme	14,4	9	13,6
85	Roxa	Palha	Marrom	19,4	14	13,6
86	Roxa	Palha	Marrom	17	14	14,3
91	Roxa	Roxa	Branca	15,8	10	14,3
92	Branca	Roxa	Marrom	18	9	12,5
93	Roxa	Roxa	Marrom	20,2	8	16,7
94	Roxa	Roxa	Marrom	14,6	10	15,8
95	Roxa	Roxa	Creme	15,3	17	14,8
96	Branca	Roxa	Creme	18,4	12	12,5
97	Roxa	Roxa	Branca	13,4	10	10,7
98	Branca	Roxa	Marrom	19,8	15	15,4
100	Roxa	Palha	Marrom	13,8	11	18,2
101	Roxa	Palha	Marrom	16,2	16	13
102	Branca	Roxa	Bege com marrom	16,6	13	11,4
105	Roxa	Roxa	Marrom	15	10	14,3
107	Roxa	Roxa	Marrom	17,4	11	14,3
108	Branca	Palha	Marrom	19,2	13	14,3
109	Branca	Roxa	Bege com marrom	17,4	11	16,7
111	Roxa	Palha	Marrom	15,6	12	11,5
114	Roxa	Roxa	Marrom	17,8	10	16
115	Roxa	Palha	Marrom	21,2	8	16,7
116	Branca	Palha	Bege com marrom	15,4	13	12,1

117	Roxa	Roxa	Marrom	16	9	11,5
121	Roxa	Palha	Marrom	19,2	14	16,7
123	Branca	Palha	Creme	17,6	15	9,1
124	Roxa	Roxa	Marrom	15	6	20
125	Roxa	Roxa	Marrom	16,6	10	16,7
126	Branca	Palha	Marrom	20,4	14	15,3
127	Roxa	Roxa	Marrom	19	14	14,3
129	Roxa	Palha	Marrom	21	13	16,7
130	Roxa	Palha	Marrom	13	9	11,5
131	Roxa	Palha	Marrom	12,8	9	6
132	Roxa	Palha	Marrom	13,6	11	8,3
133	Branca	Roxa	Marrom	19,7	10	26,7
136	Roxa	Palha	Marrom	18,6	15	14,3
138	Branca	Roxa	Bege com marrom	15,2	5	10,5
139	Roxa	Roxa	Marrom	18,2	8	20
141	Branca	Roxa	Bege com marrom	15	14	14,3
142	Roxa	Roxa	Marrom	17	15	10,3
144	Branca	Palha	Branca	17,8	10	10,3
145	Branca	Palha	Marrom	13,4	11	13,8
147	Roxa	Palha	Marrom	13,8	12	12,5
148	Roxa	Palha	Marrom	17	9	18,2
150	Branca	Palha	Marrom	13,4	10	10,7
153	Branca	Palha com roxo	Branca	17,4	13	13,6
155	Roxa	Roxa	Marrom	11,2	8	13
160	Branca com roxo	Palha com roxo	Branca	18	12	15
161	Branca	Roxa	Branca	18,6	15	12,5
166	Roxa	Roxa	Marrom	21,6	14	19
172	Roxa	Palha	Bege com marrom	14,8	11	12,1

173	Branca com roxo	Palha	Bege com marrom	20,5	15	8,8
182	Roxa	Palha com roxo	Marrom	16,6	12	13,3
183	Branca	Palha	Branca	17,8	9	14,3
185	Branca	Roxa	Branca	17,4	9	18,9
187	Roxa	Palha	Marrom	18,4	16	14,8
188	Branca	Palha	Branca	17	11	15,4
189	Branca	Palha com roxo	Branca	15	10	16
192	Branca	Palha	Bege com marrom	18,4	9	15,6
194	Branca	Roxa	Bege com marrom	16,4	10	17,6
196	Roxa	Roxa	Marrom	19,4	16	13,8
198	Roxa	Palha com roxo	Bege com marrom	19,6	12	14,7
199	Roxa	Roxa	Marrom	20	10	20,8
200	Branca	Roxa	Creme	17,2	9	14,9
201	Branca	Palha	Bege com marrom	16,4	14	14,7
202	Branca	Palha	Bege com marrom	17,2	12	13,8
209	Branca	Roxa	Creme	16,8	11	16,7
212	Branca	Palha	Bege com marrom	17,4	10	15,7
213	Roxa	Palha	Marrom	19,8	13	12,5
214	Roxa	Palha	Marrom	19,2	13	15,6
215	Branca	Palha	Branca	18	10	9,6
216	Branca	Palha	Creme	16,2	14	12,5
217	Branca	Roxa	Branca	16,2	11	12,3
218	Branca	Roxa	Branca	17	9	14,3
219	Branca	Roxa	Bege com marrom	16,2	13	12,7
220	Branca	Palha	Branca	14,6	11	12,3
221	Branca	Palha	Branca	20,8	14	17,4
222	Roxa	Roxa	Marrom	20,2	13	16,7

223	Roxa	Palha	Marrom	17,6	7	13,5
224	Roxa	Palha	Marrom	12	10	13,8
225	Roxa	Roxa	Marrom	17,8	10	15,7
227	Branca	Roxa	Branca	21,4	10	16,7
228	Branca	Palha com roxo	Creme	19,2	13	12,7
229	Roxa	Palha	Marrom	19,4	11	19,6
230	Branca com roxo	Palha	Marrom	19	15	14,8
231	Roxa	Palha	Marrom	15,8	10	13,5
235	Branca	Roxa	Bege com marrom	18,2	14	12,7
240	Branca	Palha	Bege com marrom	14,8	15	10,3
261	Roxa	Roxa	Marrom	20,4	13	15,9
262	Roxa	Roxa	Marrom	20	12	16,7
280	Roxa	Roxa	Marrom	19,2	12	17,2
288	Roxa	Palha	Marrom	17,3	10	10,3
303	Branca	Palha com roxo	Creme	15,8	12	13,8
304	Roxa	Roxa	Marrom	18	17	13,8
305	Roxa	Roxa	Marrom	17,2	11	14,5
308	Branca	Roxa	Bege com marrom	13,8	12	11,5
309	Roxa	Palha	Marrom	21	14	15,5
310	Branca	Roxa	Creme	16,8	15	10,4
313	Roxa	Roxa	Marrom	17,2	14	12,8
315	Branca	Roxa	Marrom	18,6	13	12,5
316	Roxa	Roxa	Marrom	16,6	12	15,5
322	Roxa	Palha	Marrom	21,4	16	18,7
324	Roxa	Roxa	Marrom	20,8	11	17,8
327	Branca	Roxa	Branca	16,4	12	13,3
328	Roxa	Roxa	Marrom	16,8	14	12,5
329	Roxa	Roxa	Marrom	15,2	11	11,1

330	Roxa	Roxa	Marrom	18	10	15,7
333	Branca	Palha	Bege com marrom	15,6	15	9,6
337	Roxa	Roxa	Creme	18,2	10	14,6
339	Roxa	Roxa	Marrom	21,2	13	17,5
342	Roxa	Palha	Marrom	17,2	9	10,6
343	Branca	Palha	Creme	17,4	11	12,3
344	Branca	Palha	Creme	11,8	10	7,8
345	Roxa	Palha	Marrom	14,6	12	8,6
347	Roxa	Roxa	Marrom	18,2	11	12,5
348	Roxa	Roxa	Marrom	14,2	5	15,4
349	Roxa	Roxa	Marrom	15,6	12	11,9
351	Branca com roxo	Palha	Bege com marrom	11	6	8
357	Roxa	Roxa	Marrom	22,6	15	13,7
364	Branca	Palha	Branca	17,2	10	16,7
371	Branca	Roxa	Branca	17	9	11,1
372	Roxa	Roxa	Marrom	17,6	10	17,6
373	Roxa	Roxa	Marrom	18,4	13	13,8
376	Branca	Roxa	Marrom	20,8	15	18,9
377	Branca	Roxa	Creme	14,6	12	11,7
381	Roxa	Roxa	Marrom	15,8	10	13,7
383	Roxa	Palha	Marrom	19,8	14	14,3
386	Roxa	Palha	Marrom	15,4	13	14,3
387	Branca	Palha	Marrom	18,6	12	19
388	Branca	Roxa	Branca	16	7	17,2
391	Roxa	Roxa	Marrom	19,4	11	19,3
392	Roxa	Roxa	Marrom	18,4	13	14,1
393	Roxa	Roxa	Marrom	15,8	11	13,2
395	Roxa	Palha	Marrom	18,8	15	12,3
396	Roxa	Palha	Branca	17,8	12	13,5

402	Roxa	Roxa	Marrom	21,6	13	14,9
403	Roxa	Roxa	Marrom	19	16	9,9
408	Roxa	Palha	Marrom	17,6	15	13,7
409	Branca	Roxa	Marrom	12,8	9	15,5
411	Branca	Roxa	Marrom	15	13	11,9
415	Roxa	Palha	Creme	17,2	8	13,1
417	Branca	Palha	Branca	16	11	12,7
418	Roxa	Palha	Marrom	12,8	10	9,6
422	Roxa	Palha	Marrom	15,8	6	13,3
423	Roxa	Roxa	Marrom	19	13	16,7
424	Roxa	Roxa	Marrom	18,2	11	17,5
425	Branca	Roxa	Marrom	15,8	10	14
426	Roxa	Palha	Marrom	22,4	13	15,6
427	Branca	Palha	Creme	17,8	15	13,5
430	Branca	Palha	Branca	18,6	17	12,8
431	Branca	Palha	Marrom	19,4	11	15,1
434	Roxa	Roxa	Marrom	21,4	12	18,3
435	Branca	Palha	Branca	16,6	12	13,3
436	Branca	Palha	Branca	16,6	11	13
438	Branca	Palha	Creme	21,6	18	13
442	Roxa	Palha	Marrom	18,8	13	11,9
443	Branca	Roxa	Marrom	19	12	20,3
444	Branca	Roxa	Marrom	14,6	6	10,7
445	Branca	Palha	Branca	14,6	12	6,7
446	Roxa	Roxa	Branca	15,6	8	17,1
447	Branca	Roxa	Branca	13,4	9	8,5
448	Branca	Palha	Branca	19,4	17	13,6
449	Roxa	Palha	Marrom	19,2	14	16,7
453	Roxa	Palha	Bege com marrom	16,2	14	10,3

454	Branca	Palha	Branca	20	15	13,3
455	Branca	Palha	Bege com marrom	19,8	14	17,1
462	Branca	Palha	Bege com marrom	17,8	11	17,8
464	Branca	Palha	Marrom	17	16	10,7
466	Branca	Palha	Branca	14,8	11	16,1
467	Branca	Roxa	Creme	17,2	11	14
470	Roxa	Roxa	Marrom	20,8	14	16,2
472	Branca	Palha	Branca	12,4	3	13,3
473	Branca	Palha	Branca	16,2	10	11,5
478	Branca	Palha	Branca	12,7	9	13,1
479	Roxa	Roxa	Marrom	16,2	11	10,7
480	Roxa	Palha	Marrom	14,4	11	9,4
482	Branca	Roxa	Branca	17,6	15	14,9
483	Branca	Roxa	Branca	14	11	8,9
484	Branca	Roxa	Branca	20,2	11	16,1
492	Roxa	Roxa	Marrom	19,4	16	15,8
496	Roxa	Palha	Creme	19,4	11	17
497	Roxa	Palha	Marrom	18,2	12	15
498	Branca	Palha	Branca	17,2	8	15,4

Tabela 3. Análise de segregação para resistência ao CABMV na população F₇.

População	Número de plantas		Taxa esperada	χ^2	Probabilidade (%)
	R	S	R : S		
F ₇	174	212	1 : 1	3,74	5,31

* Aceita-se a hipótese ao nível de 5% de significância (χ^2 calculado < χ^2 tabelado 3,84).

Tabela 4. Agrupamento das 174 RILs resistentes ao *Cowpea aphid-borne mosaic virus* pelo método de Tocher com base na matriz do quadrado da distância euclidiana média. Belém de São Francisco, PE.

GRUPO	CÓDIGO DAS RILs RESISTENTES												
1	284	314	272	128	296	81	278	266	238	286	354		
	401	67	118	55	68	61	75	193	36	355	244	245	
	248	247	394	441	360	323	366	73	50	110	405		
	319	469	326	239	54	149	175	414	367	273	481		
	282	363	35	1	99	495	252	452	450	30	398	263	
	112	8	165										
	66	413	23	76	268	88	385	368	277	375	156		
2	264	177	72	63	249	168	406	106	370	251	459		
	208	256	285	298	52	340	195	5	62	207	119	51	
	306												
3	281	440	143	493	253	274	382	276	113	384			
	140	379											
4	205	258	318	287	167	335	341	260	433	275			
	486	120	28	476	78	488	83	365	191				
5	82	206	164	334									
6	7	494	289	317	11	3	65	279	103				
7	236	468	321	29	57	451	254						
8	122	181	294	53	89								
9	49	485											
10	17	292											
11	265	487	210										
12	243	501	242										
13	257	378											
14	146	174											
15	203	301	237										
16	204												
17	104												
18	283												
19	297												
20	197												
21	163												

Tabela 6. Influência relativa dos caracteres para a dissimilaridade genética entre as 174 RILs resistentes e as 212 RILs suscetíveis ao *Cowpea aphid-borne mosaic virus*, pelo método de Singh (1981). Belém de São Francisco, PE.

Caracteres quantitativos	Valor (%) nas resistentes	Valor (%) nas suscetíveis
Comprimento da vagem (cm)	36,48	44,22
Número de sementes por vagem	31,78	33,82
Peso de 100 sementes (g)	31,74	21,96

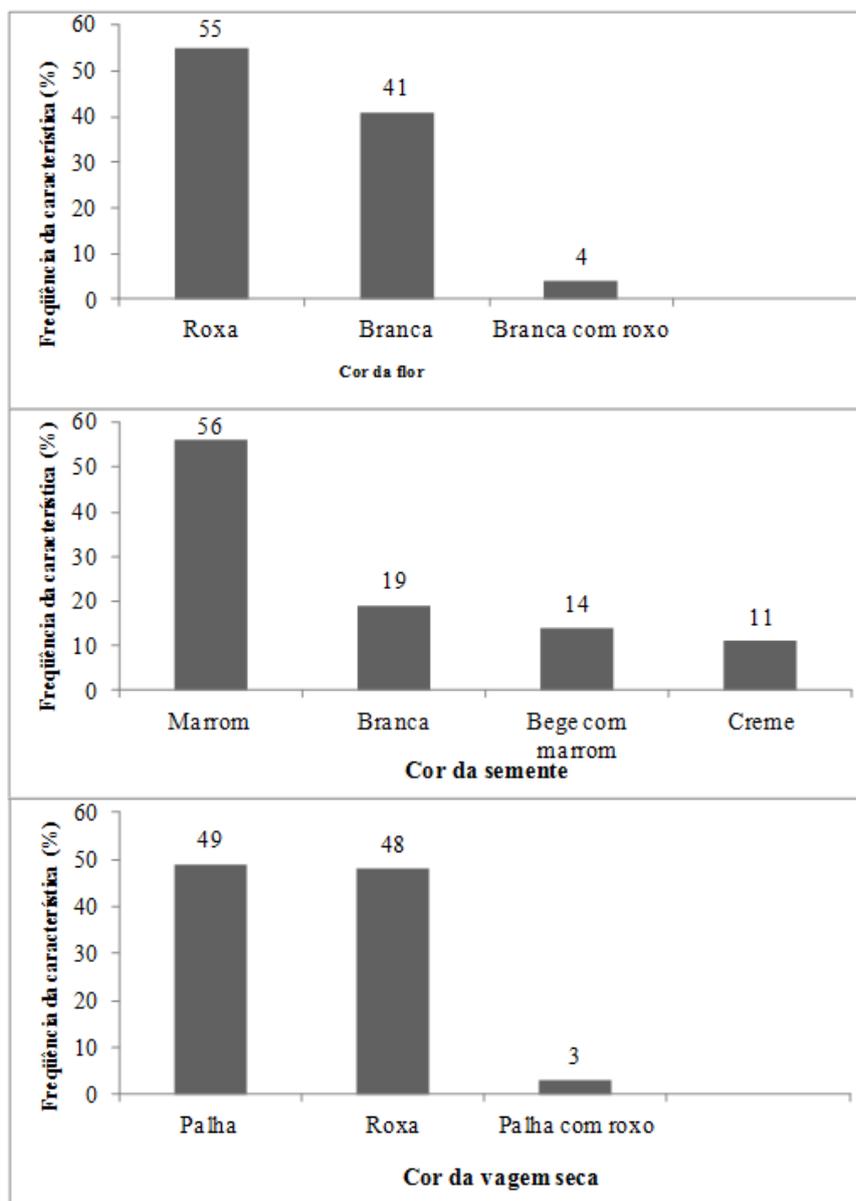


Figura 1. Frequência observada das características qualitativas avaliadas nas 386 linhagens endogâmicas recombinantes.

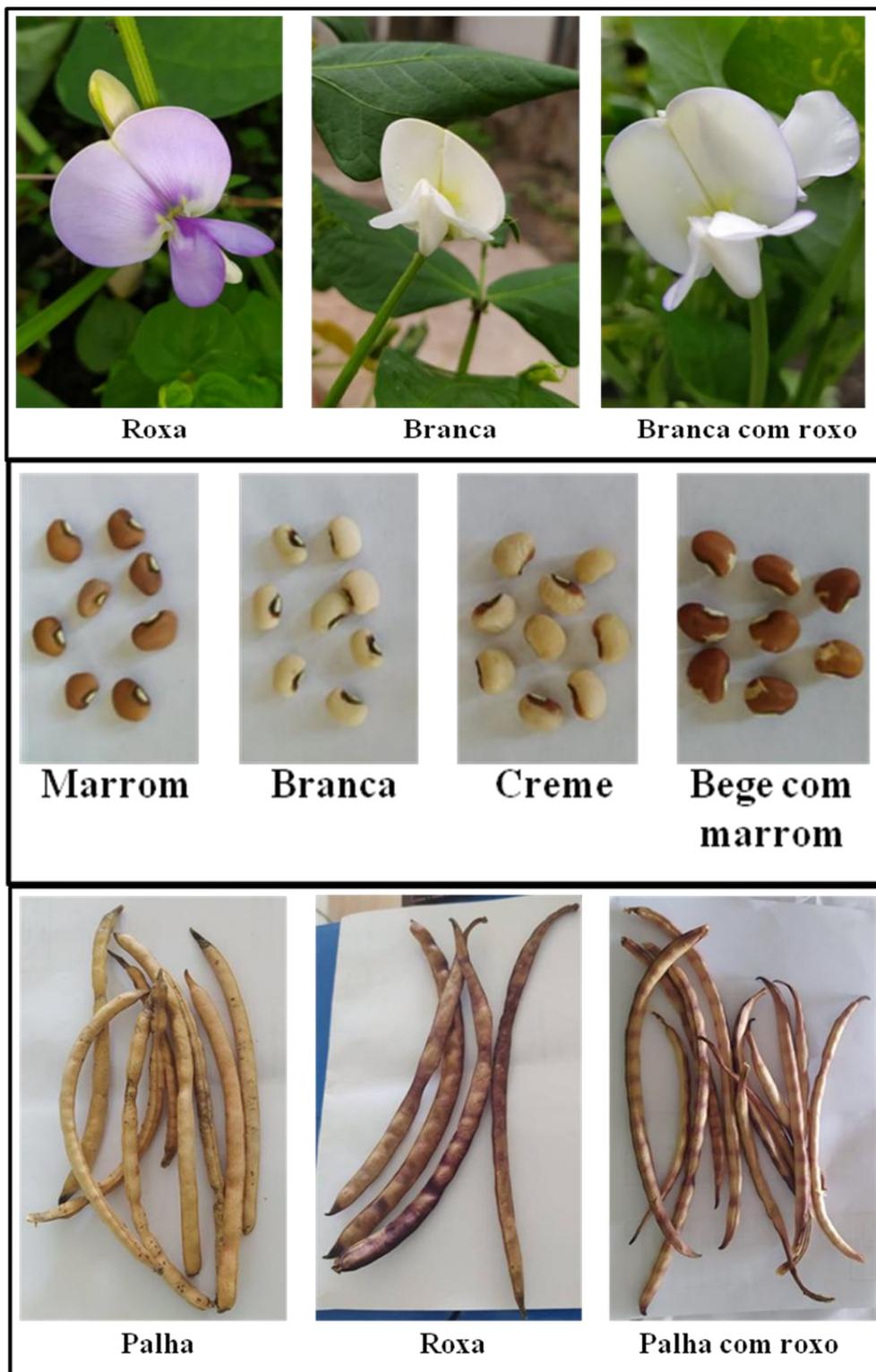


Figura 2. Variação na cor da flor, semente e vagem da população F₇.

CAPÍTULO V**CONCLUSÕES GERAIS**

CONCLUSÕES GERAIS

- 1 - Quatro genótipos de feijão-caupi apresentaram resistência qualitativa ao *Cowpea aphid-borne mosaic virus*.
- 2 - O genótipo de feijão-caupi IT85F-2687 apresenta herança monogênica recessiva para resistência ao *Cowpea aphid-borne mosaic virus*.
- 3- Foram desenvolvidas 386 linhagens endogâmicas recombinantes (RILs), das quais 174 apresentaram-se resistentes e 212 suscetíveis ao CABMV, e com diversidade genética quanto às suas características.
- 4 - Os 44 marcadores do tipo microssatélite (SSR) polimórficos detectados neste estudo podem ser utilizados para genotipagem de progênies e construção de mapas de ligação, auxiliando na busca por QTLs e no mapeamento do gene de resistência.