

SELEÇÃO DE LINHAGENS DE FEIJÃO-FAVA RESISTENTES À ANTRACNOSE

Giovana Bezerra França¹; Michael Silva Damasceno¹; João Vitor Moraes Sousa¹; Marilha Vieira de Brito¹; Carlos Humberto Aires Filho¹; Regina Lucia Ferreira Gomes¹; Verônica Brito da Silva¹; Maruzanete Pereira de Melo¹; Ângela Celis de Almeida Lopes¹

¹Universidade Federal do Piauí. *E-mail do autor apresentador: acalopes@ufpi.edu.br

O feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) é uma cultura de grande relevância socioeconômica para a região Nordeste do Brasil, representando uma importante fonte de renda e segurança alimentar para comunidades. O cultivo dessa leguminosa enfrenta inúmeros desafios agrônômicos, sendo um dos principais a antracnose, uma doença fúngica causada por *Colletotrichum truncatum*. A antracnose é amplamente presente nas áreas de plantio provocando consideráveis perdas na produtividade. Assim, esse estudo teve como objetivo selecionar linhagens de feijão-fava resistentes à antracnose, utilizando populações F₅ e F₈. O experimento foi conduzido no Centro de Ciências Agrárias (CCA) da Universidade Federal do Piauí (UFPI), em Teresina, em uma área com histórico da doença, entre fevereiro e setembro de 2023. A avaliação foi realizada em condições naturais de campo, sem a inoculação do patógeno. Foram avaliadas 40 linhagens F₈ de feijão-fava de porte determinado, utilizando blocos casualizados com três repetições, onde cada parcela útil continha 20 plantas. Para as populações F₅, de crescimento indeterminado, o delineamento experimental foi semelhante, mas cada bloco continha quatro fileiras de 10 plantas. Aos 70 dias após o plantio, as plantas foram avaliadas visualmente, por três avaliadores. A severidade da antracnose foi medida por meio de uma escala de notas que variava de 0 a 5: nota 0 indicava ausência de sintomas, enquanto a nota 5 correspondia à infecção severa, com até 100% da planta afetada. A média das notas atribuídas pelos avaliadores foi calculada para cada genótipo, e os resultados permitiram classificar os genótipos em cinco categorias, conforme critérios descritos por Belmino (2004). Para análise estatística, os dados foram transformados utilizando $\sqrt{x+1}$, e a comparação entre as médias foi realizada pelo teste de agrupamento Scott-Knott. Não foi observado diferenças significativas entre os genótipos das populações F₅. Já as linhagens F₈, 29 genótipos apresentaram baixos níveis de severidade da doença, enquanto 11 genótipos mostraram-se mais suscetíveis à infecção. Esses dados sugerem um potencial promissor para o desenvolvimento de linhagens mais resistentes à antracnose. Além da importância da continuidade de programas de melhoramento genético visando o fortalecimento da cultura do feijão-fava no Nordeste brasileiro.

Palavras-chave: *Colletotrichum truncatum*; Pré-melhoramento; Porte determinado e indeterminado

Agradecimentos: CNPq, FAPEPI e UFPI.