

Teresina, PI / Agosto, 2025

Reação de linhagens de feijão-mungo a *Macrophomina phaseolina* [(Tassi) Goid.], agente causal da podridão seca da raiz

Candido Athayde Sobrinho⁽¹⁾, Daniely Lynara Silva Pereira⁽²⁾, Paulo Henrique Soares da Silva⁽¹⁾, Jhonatas Pereira Sousa Silva⁽²⁾ Kaesel Jackson Damasceno e Silva⁽¹⁾

⁽¹⁾Pesquisador, Embrapa Meio-Norte, Teresina, PI. ⁽²⁾Estudante de Agronomia, bolsista CNPq, Embrapa Meio-Norte.



Introdução

A espécie *Vigna radiata* L., comumente denominada feijão-mungo verde, é uma leguminosa de grande importância na agricultura da Ásia, especialmente na Índia (Nair et al., 2020). Atualmente é usada como uma opção de safrinha em áreas produtoras dos estados de Mato Grosso e de Goiás, bem como na região do Matopiba. Nessas áreas, o foco do cultivo está, especialmente, voltado para o mercado externo.

Apesar de a espécie apresentar relativa rusticidade, o rendimento dessa cultura é severamente comprometido pela incidência da podridão cinzenta do caule (Athayde Sobrinho et al., 2018), também conhecida como seca das raízes (PSR), provocada pelo fungo *M. phaseolina*. A doença provoca redução do rendimento e compromete a qualidade dos grãos. *M. phaseolina* é um fungo necrotrófico com ampla gama de hospedeiros, e estudos de fontes de resistência em germoplasmas de várias espécies revelam uma predominância de suscetibilidade. Adicionalmente, o fungo apresenta alta virulência e sobrevive por mais tempo em condições de baixa umidade e altas temperaturas no solo, o que exacerba os danos quando há ocorrência concomitante de déficit hí-

drico e PSR, culminando em perdas expressivas de produtividade de grãos. Outro aspecto que torna a doença ainda mais preocupante é sua característica de ser transmitida pelas sementes (Panay et al., 2020).

Diante dessa realidade, uma das melhores estratégias para o enfrentamento da doença é a identificação de linhagens resistentes para posterior introdução desses genes de resistência nos sistemas de produção, por meio de cultivares resistentes à doença.

O objetivo deste trabalho foi avaliar a existência de variabilidade e a reação genética em linhagens de feijão-mungo, inoculadas artificialmente com *M. phaseolina*, visando à obtenção de fontes de resistência à podridão seca das raízes, e disponibilizar ao Programa de Melhoramento do Feijão-mungo linhagens genitoras que possam ser usadas no melhoramento genético visando à resistência genética ao fungo. Os resultados deste trabalho estão alinhados aos objetivos de desenvolvimento sustentável (ODS) 2 - Fome Zero, especialmente às metas de acesso a alimentos seguros e nutritivos, às relacionadas a garantir sistemas sustentáveis de produção de alimentos e àquelas alinhadas em manter a diversidade genética de sementes.

Os trabalhos foram desenvolvidos no laboratório e casa de vegetação da Embrapa Meio-Norte, no município de Teresina, PI (5°02'20"S; 42°47' 57"W; 77,6m), entre os anos de 2023 e 2024.

Foram avaliadas 20 linhagens de feijão-mungo (BRA-084999, BRA-000027, BRA-084883, BRA-027570, BRA-084654-2, BG3, BRA-084981, BG7, BG2, BRA-084671, BRA-084930, BRA-000078, BRA-084654-1, BRA-084808-2, BRA-084689, BRA-084841, BRA-000221, BRA-084794, BRA-084638 e BRA-084808-1), todos integrantes do banco ativo de germoplasma do feijão-caupi e feijão-mungo (BAG-Caupi).

Para testar a reação das linhagens ao patógeno, empregou-se o isolado de *M. phaseolina* MP 51, pertencente à coleção de fungos do Laboratório de Fitopatologia da Embrapa Meio-Norte, de comprovada patogenicidade ao feijão-mungo.

O inóculo foi preparado seguindo-se a metodologia de Athayde Sobrinho (2004). Após o período de incubação, iniciou-se a preparação do inóculo inserindo-se cinco discos de meio BDA com a colônia fúngica (5 mm de diâmetro) em frascos de erlenmeyer que continham sementes de arroz com casca, previamente esterilizadas em autoclave (proporção de 1 g de sementes de arroz para cada 1 mL de água) (Abawi; Pastor-Corrales, 1990). O conjunto, composto pelo substrato e inóculo, foi mantido sob temperatura controlada de 25 °C e fotoperíodo de 12 horas com luz fluorescente branca, durante 10 dias, até que o patógeno colonizasse completamente os grãos de arroz. Diariamente, os erlenmeyers eram agitados para uniformizar a distribuição dos propágulos do fungo às sementes de arroz.

O método de inoculação consistiu na deposição de quatro grãos de arroz colonizados diretamente sobre as sementes, logo após a semeadura, seguida da cobertura com uma fina camada de solo estéril (Abawi; Pastor-Corrales, 1990).

A avaliação da incidência foi efetuada com base na contagem do número de plantas que apresentavam sinais e/ou sintomas de PSR em relação ao número total de sementes semeadas, aos 15 dias após a inoculação. As plântulas e sementes não germinadas (mortas ou não) foram analisadas individualmente por microscopia e por isolamentos em meio de cultura, visando confirmar a presença do patógeno.

A parcela experimental foi formada por três vasos plásticos (volume de 0,6 L), que continham areia lavada. Em cada vaso, foram colocadas quatro sementes; a unidade experimental foi formada por um único vaso com quatro plantas. Os vasos foram irrigados diariamente para manter o substrato com relativa umidade. O experimento foi conduzido em delineamento inteiramente casualizado com 20 tratamentos (linhagens) e quatro repetições.

Os dados de percentagem de incidência foram submetidos à análise de variância e as médias foram agrupadas pelo teste de Scott-Knott ($\alpha = 0,05$) do software SISVAR (Ferreira, 2011).

As linhagens de feijão-mungo diferiram significativamente ($p < 0,05$) quanto à percentagem de incidência da doença. A partir dos dados coletados, foi definida a reação das linhagens, conforme a classificação apresentada na Tabela 1.

Tabela 1. Reação de linhagens de feijão-mungo quanto à incidência (%) de podridão seca das raízes (*Macrophomina phaseolina*).

Incidência (%)	Categoria
1–15	Resistente
15,1–50	Moderadamente resistente
50,1–75	Moderadamente suscetível
> 75,1	Suscetível

A Figura 1 apresenta os dados de incidência e a reação das linhagens em relação à doença aos 15 dias após a inoculação.

Os dados de incidência da podridão seca das raízes indicam a existência de variabilidade genética em relação à resistência (Pandey et al., 2021), em que as linhagens apresentaram diferentes graus ($p < 0,01$) de reação em resposta ao patógeno. Resultados semelhantes foram obtidos por Choudhary et al. (2011).

A incidência de podridão seca da raiz variou de 14,6 a 97,7%, cujas incidências mínima e máxima foram observadas nas linhagens BRA-084808-1 e BRA-000027, respectivamente. Das 20 linhagens avaliadas, 14 (70%) mostraram-se suscetíveis, 2 (10%) moderadamente suscetíveis, 3 (15%) moderadamente resistente e apenas 1 (0,5%) resistente (Figura 1), o que demonstra, conforme Noronha et al. (2012), a dificuldade de se obterem materiais imunes ou altamente resistentes ao patógeno.

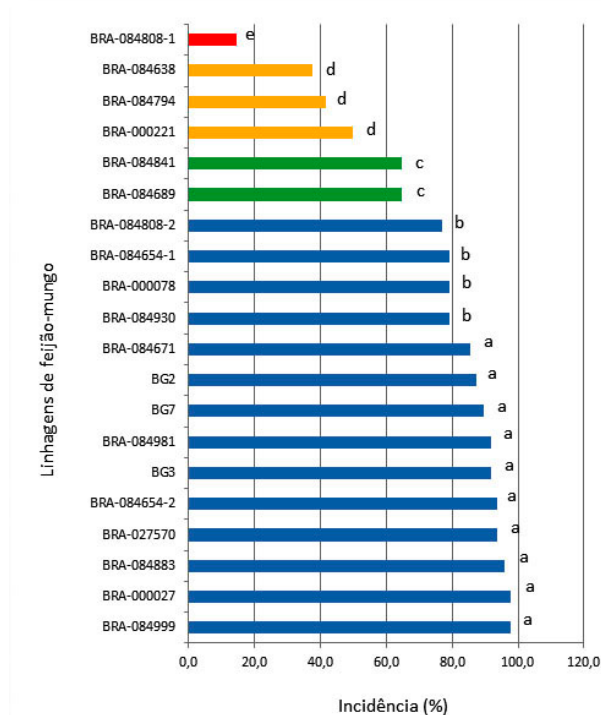


Figura 1. Incidência de podridão seca das raízes de feijão-mungo causada por *Macrophomina phaseolina*, 15 dias após a inoculação. Teresina, PI, outubro 2024.

Barras seguidas de mesmas letras diferentes não diferem entre si pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade.

A reação das linhagens suscetíveis mostrou-se evidente logo nos primeiros dias após a inoculação, por meio da baixa emergência e do alto grau de agressividade da doença às plântulas, observação comprovada nas análises laboratoriais, quando as plântulas e as sementes que não conseguiram emergir, foram individualmente avaliadas após a última avaliação. Não foram observados sintomas nas plantas testemunhas.

Resistência completa a *M. phaseolina* não foi relatada até o momento na maior parte das culturas, inclusive no feijão-mungo (Choudhary et al., 2011; Noronha et al., 2012).

A linhagem BRA-084808-1, cuja incidência média foi de 14,6%, mostrou-se a mais resistente e pode ser empregada, entre as demais, como doadora de genes de resistência. A Figura 2 mostra aspectos do comportamento das plantas consideradas suscetíveis e resistentes, quando colonizadas pelo patógeno.

O presente estudo mostrou a ausência de resistência completa em feijão-mungo a *M. phaseolina*. No entanto, confirma a existência de variabilidade genética nas linhagens estudadas à PSR, o que possibilita a diferenciação de linhagens resistentes

e moderadamente resistentes, que são candidatas a prováveis doadoras de genes de resistência à *M. phaseolina*. Assim, à medida que essas linhagens forem sendo usadas nos cruzamentos para o desenvolvimento de novas cultivares, fazem-se necessárias outras avaliações para respaldar a sua utilização no sistema produtivo do feijão-mungo. Relativamente a isso, Dhingra e Sinclair (1978) e Mayek-Perez et al. (2001) demonstraram que a interação entre hospedeiro e patógeno está sujeita à interferência direta do ambiente, com reflexos na expressão da resistência. Outro fator a ser considerado é a possibilidade de “quebra de resistência”, quando genótipos resistentes em um determinado local mostram reação de suscetibilidade em outro, fato que pode ser explicado pela variabilidade patogênica de *M. phaseolina* (Rodrigues et al., 1997; Perez, 1998; Ferreira, 2019).

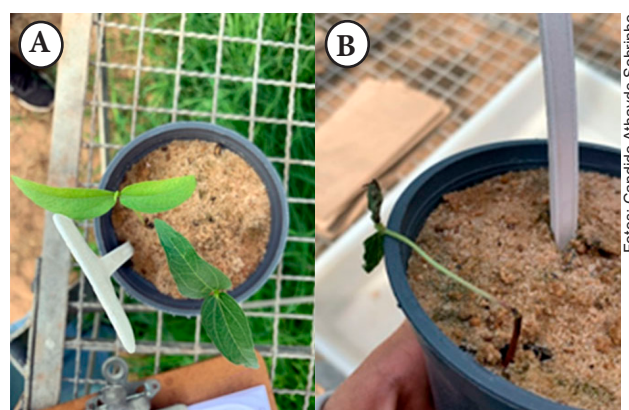


Figura 2. Aspectos de plântulas de feijão-mungo resistentes (A) e suscetíveis (B) ao fungo *Macrophomina phaseolina*. Teresina, PI, 07/11/2024.

Referências

- ABAWI, G. S.; PASTOR CORRALES, M. A. **Root rots of beans in Latin America and Africa: diagnoses, research methodologies and management strategies.** Cali: CIAT, 1990. 114 p. (CIAT Publication n. 35).
- ATHAYDE SOBRINHO, C. **Patossistema caupi x *Macrophomina phaseolina*: método de detecção em sementes, esporulação e controle do patógeno.** 2004. 150 f. Tese (Doutorado em Agronomia) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba.
- ATHAYDE SOBRINHO, C.; SANTOS, A. R. B.; SILVA, P. H. S. da; SILVA, K. J. D. e. **Ocorrências de doenças fúngicas em feijão-mungo (*Vigna radiata* L.) no Piauí.** Teresina: Embrapa Meio-Norte, 2018. 11 p. (Embrapa Meio-Norte. Comunicado técnico, 245).

CHOUDHARY, S.; CHOUDHARY, A. K.; SHARMA, O. P. Screening of mungbean (*Vigna radiata*) genotypes to identify source of resistant to dry root rot. **Journal of Food Legumes**, v. 24, n. 2, p. 117-119, 2011.

FERREIRA, D. F. Sisvar: a computer statistical analysis system. **Ciência e agrotecnologia**, v. 35, n. 6, p. 1039-1042, Dec. 2011. DOI: <https://doi.org/10.1590/S1413-70542011000600001>.

MAYEK-PEREZ, N.; LOPEZ-CASTANHEDA, C.; LOPEZ-SALINAS, E.; CUMPIÁN-GUTIÉRREZ, J.; ACOSTA-GALENOS, J. A. Resistencia a *Macrophomina phaseolina* (Tassi) Goid. em frijol común em condiciones de campo en México. **Agrociencia**, v. 35, n. 6, p. 649-661, 2001.

NAIR, R.; SCHREINEMACHERS, P. Global status and economic importance of mungbean. In: NAIR, R.; SCHAFLEITNER, R.; LEE, S. H. (ed.). **The Mungbean Genome**. Cham: Springer, 2020. p. 1-8. (Compendium of Plant Genomes). DOI: https://doi.org/10.1007/978-3-030-20008-4_1.

NORONHA, M. de A.; SILVA, K. J. D. e; GONCALVES, S. R.; LIMA, L. R. L. **Avaliação da resistência de genótipos de feijão-caupi a *Macrophomina phaseolina***. Aracaju: Embrapa Tabuleiros Costeiros, 2012. 4 p. (Embrapa Tabuleiros Costeiros. Comunicado técnico, 126).

PANDEY, A. K.; BURLAKOTI, R. R.; RATHORE, A.; NAIR, R. M. Morphological and molecular characterization of *Macrophomina phaseolina* isolated from three legume crops and evaluation of mungbean genotypes for resistance to dry root rot. **Crop Protection**, v. 127, e104962, Jan. 2020. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.cropro.2019.104962>.

PANEY, A. K.; YEE, M.; WIN, M. M.; LWIN, H. M. M.; ADAPALA, G.; RATHORE, A.; SHEU, Z.; NAIR, R. M. Identification of new sources of resistance to dry root rot caused by *Macrophomina phaseolina* isolates from India and Myanmar in a mungbean mini-core collection. **Crop Protection**, v. 143, e105569, May 2021. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.cropro.2021.105569>.

PEREZ, J. O. **Análise patogênica e isoenzimática de isolados de *Macrophomina phaseolina* (Tass.) Goid. e reações de cultivares e linhagens de feijoeiro (*Phaseolus vulgaris*)**. 1998. 94 f. Dissertação (Mestrado em Fitossanidade) - Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife.

RODRIGUES, V. J. L. B.; MENEZES, M.; COELHO, R. S. B.; MIRANDA, P. Identificação de fontes de resistência em genótipos de caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walpers.) a *Macrophomina phaseolina* (Tass.) Goid., em condições de casa-de-vegetação. **Summa Fitopatologica**, v. 23, n. 2, p. 170-172, 1997.

Embrapa Meio-Norte

Av. Duque de Caxias, 5.650,
Bairro Buenos Aires
Caixa Postal 01
64008-480, Teresina, PI
www.embrapa.br/meio-norte
www.embrapa.br/fale-conosco/sac

Comitê Local de Publicações"

Presidente: José Almeida Pereira

Secretária-executiva: Edna Maria Sousa Lima

Membros: Orlane da Silva Maia, Maria Eugênia Ribeiro, Kaesel Jackson Damasceno e Silva, Ligia Maria Rolim Bandeira, Alexandre Kemeses, Ana Lúcia Horta Barreto, Carlos Antônio Ferreira de Sousa, Carlos César Pereira Nogueira, Francisco de Brito Melo, Ricardo Montalvan Del Aguila, Robério dos Santos Sobreira, Sérgio Luiz de Oliveira Vilela e Valdemir Queiroz de Oliveira

Comunicado Técnico 274

ISSN 0104-7647

Março, 2025

Edição executiva: Lígia Maria Rolim Bandeira

Revisão de texto: Francisco de Assis David da Silva

Normalização bibliográfica: Orlane da Silva Maia
(CRB-3/915)

Projeto gráfico: Leandro Sousa Fazio

Diagramação: Jorimá Marques Ferreira

Publicação digital: PDF



Ministério da
Agricultura e Pecuária

Todos os direitos reservados à Embrapa.