

Universidade de São Paulo  
Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”

Perfil transcricional de genótipos de feijoeiro-comum contrastantes para a  
resposta à infecção por *Meloidogyne incognita*

**Nicole Orsi**

Dissertação apresentada para obtenção do título de  
Mestra em Ciências. Área de concentração: Genética e  
Melhoramento de Plantas

Piracicaba  
2022

Nicole Orsi  
Engenheira Agrônoma

Perfil transcricional de genótipos de feijoeiro-comum contrastantes para a resposta à  
infecção por *Meloidogyne incógnita*

versão revisada de acordo com a Resolução CoPGr 6018 de 2011

Orientador:

Profa. Dra. **MARIA LUCIA CARNEIRO VIEIRA**

Dissertação apresentada para obtenção do título de  
Mestra em Ciências. Área de concentração: Genética e  
Melhoramento de Plantas

Piracicaba  
2022

## RESUMO

**Perfil transcricional de genótipos de feijoeiro-comum contrastantes para a resposta à infecção por *Meloidogyne incognita***

O feijoeiro-comum (*Phaseolus vulgaris* L., Fabaceae) é uma cultura anual herbácea, de importância econômica e social, cujos grãos proveem uma das principais fontes de proteína de origem vegetal. Problemas fitossanitários causam severos impactos sobre o cultivo de feijoeiro. Dentre os patógenos mais frequentes e danosos à cultura do feijoeiro estão os do gênero *Meloidogyne*, chamados ‘nematoides das galhas’ (RKN), com destaque para *M. incognita*, amplamente disseminado nas regiões produtoras brasileiras. É consenso que a base genética e molecular da resistência/suscetibilidade de plantas aos RKNs é complexa e o seu entendimento demanda o emprego de variadas abordagens. Por exemplo, a análise do transcriptoma pode ser uma excelente estratégia para a identificação de genes envolvidos na resposta do feijoeiro a este patógeno. O objetivo do presente trabalho foi avaliar o perfil transcricional de genótipos de feijoeiro contrastantes para a resposta à *M. incognita* (IAC-Tybatã, resistente vs. Branquinho, suscetível) e, assim, identificar os genes diferencialmente expressos em dois tempos durante a interação (4 e 10 dias após a inoculação, DAI). No total, foram 8 tratamentos, com 3 repetições, gerando 24 bibliotecas de RNA que foram construídas e sequenciadas. Foi obtido um total de 587 milhões de *reads*. Em média, considerando ambos os genótipos, o alinhamento das sequências ao genoma de referência produziu 537 milhões de *reads* (~92%). Foram encontrados 4.862 e 4.835 genes diferencialmente expressos em IAC-Tybatã (R) e Branquinho (S), respectivamente. Foi realizada a anotação funcional de 6.938 genes (89%) pela plataforma Blast2GO, com o maior número de genes atribuídos às categorias funcionais “atividade catalítica e ligação”, “processos metabólicos e celulares” e “membrana”. Usando o banco de dados KEGG, as categorias funcionais “biossíntese de metabólitos secundários”, “processos celulares” e “sinalização” apresentaram-se mais enriquecidas em IAC-Tybatã (R) comparativamente a Branquinho (S), onde a categoria “metabolismo de carboidratos” se mostrou mais enriquecida. Mudanças nos níveis de expressão gênica em resposta à infecção por *M. incognita* foram identificadas em ambos os genótipos. Por exemplo, genes que codificam proteínas putativas de resistência a doenças com domínios LRR, proteínas quinases, citocromos, fatores de transcrição myb e WRKY e receptores de membrana mostraram-se superexpressos no genótipo resistente. Por outro lado, genes envolvidos nas vias hormonais, com destaque para a via da auxina, mostraram-se superexpressos no genótipo suscetível, e genes que codificam fatores de transcrição (WRKY, myb e MYC2), proteínas com domínios ANK, proteínas com repetições tetratricopeptídicas e beta glucosidases mostraram-se reprimidos. Um modelo foi proposto na tentativa de elucidar as respostas do feijoeiro-comum à infecção por *M. incognita*.

Palavras-chave: *Meloidogyne incognita*, *Phaseolus vulgaris*, Resistência moderada, RNA-Seq, Transcriptoma, Genes diferencialmente expressos

## ABSTRACT

**Transcriptional profiling of common bean contrasting genotypes in response to *Meloidogyne incognita* infection**

The common bean (*Phaseolus vulgaris* L., Fabaceae) is an annual herbaceous crop of economic and social importance whose grains provide one of the main sources of plant proteins. Phytosanitary problems may cause severe impacts on common bean cultivation. Of the most common and harmful pathogens to the common bean crop are those of *Meloidogyne* genus, known as 'root-knot nematodes' (RKN), predominantly *M. incognita*, which is widespread in Brazilian agricultural areas. It is a consensus that the genetic and molecular basis of plant resistance/susceptibility to RKNs is complex and its understanding requires the use of diverse approaches. For instance, the transcriptome analysis may be an excellent strategy for the identification of genes involved in the common bean response to this pathogen. The objective of the present study was to evaluate the transcriptional profile of common bean genotypes with contrasting responses against *M. incognita* (IAC-Tybatã, resistant vs. Branquinho, susceptible) in order to identify differentially expressed genes at two different time points during this interaction (4 and 10 days after the inoculation, DAI). In total, there were 8 treatments, with 3 replicates, generating 24 RNA libraries that were constructed and sequenced. We have obtained 587 million reads. On average, taking into account both genotypes, the sequence alignment to the reference genome produced 537 million reads (~92%). A total of 4,862 and 4,835 differentially expressed genes were found in IAC-Tybatã and Branquinho, respectively. The functional annotation of 6,938 genes (89%) was performed using the Blast2GO platform, with the largest number of genes assigned to the functional categories "catalytic activity and binding", "metabolic and cellular processes" and "membrane". Using KEGG database resource, the functional categories "biosynthesis of secondary metabolites" and "cellular processes" and "signaling" were the most enriched in IAC-Tybatã (R) in comparison to Branquinho, in which "carbohydrate metabolism" was the most enriched category. Genes showing changes in expression levels under *M. incognita* infection were identified in both genotypes. For instance, genes coding for disease resistance proteins with LRR domains, protein kinases, cytochromes, myb and WRKY transcription factors and receptors-like kinases were overexpressed in the resistant genotype. On the other hand, genes involved in hormonal pathways, namely auxin pathway, were overexpressed in the susceptible genotype, and genes coding for transcription factors (WRKY, myb and MYC2), proteins with ANK domains, proteins with tetratricopeptide repeats and beta glucosidases were repressed. A tentative model was proposed to explain the responses of common bean to *M. incognita* infection.

Keywords: *Meloidogyne incognita*, *Phaseolus vulgaris*, Moderate resistance, RNA-Seq, Transcriptome, Differentially expressed genes

## 1. INTRODUÇÃO

O feijoeiro-comum (*Phaseolus vulgaris* L., Fabaceae) é uma cultura anual herbácea, cujos grãos são uma das principais fontes de proteína de origem vegetal, especialmente em países em desenvolvimento, com importância econômica e social (Akibode e Maredia, 2011). O Brasil, em 2021, foi classificado como o 3º maior produtor mundial de feijão, sendo o continente americano responsável por 32,4% do total da produção (Faostat 2018).

A produtividade e a qualidade de grãos de feijão podem ser limitadas por fatores abióticos, relacionados ao ambiente de cultivo, bem como por fatores bióticos, quais sejam, a presença de plantas daninhas, pragas e doenças causadas por fungos, bactérias, vírus e nematoides. Podendo ser cultivado em 3 safras ao longo do ano, o feijoeiro está exposto a uma ampla gama de problemas fitossanitários, com cerca de 15 doenças observadas com maior frequência nas áreas agrícolas brasileiras (Wendland et al. 2018).

Nematoides fitopatogênicos podem causar perdas econômicas anuais de até R\$ 35 bilhões para as culturas afetadas no território nacional (Embrapa 2017) e perdas de até 50% na produtividade de feijoeiro (Machado 2011). Dentre os nematoides mais frequentes e danosos à cultura estão os do gênero *Meloidogyne*, também chamados ‘nematoides das galhas’, que são endoparasitas obrigatórios, com destaque para as espécies *M. javanica* e *M. incognita*, que têm seu desenvolvimento favorecido em clima tropical e em solos com baixa fertilidade (Santos et al. 2012), consequentemente, estes patógenos são amplamente disseminados nas principais regiões produtoras brasileiras (Baida et al. 2011). O ciclo de vida de *M. incognita*, em uma temperatura de 27 °C, se completa em cerca de 25 dias. Os juvenis de segundo estágio (J<sub>2</sub>) penetram nas raízes das plantas e estabelecem sítios de alimentação por diferenciação de células radiculares, formando as galhas (Perry e Moens 2011; Teillet et al. 2013).

*M. incognita* é um patógeno devastador, podendo atingir mais de 3000 espécies de plantas hospedeiras, havendo a presença de 4 raças fisiológicas nos solos brasileiros (Silva 2015; Ferreira et al. 2010). O manejo e controle de nematoides das galhas é complexo. Algumas medidas buscam reduzir a infestação do solo, como a rotação de culturas e a solarização, mas têm eficácia limitada. Quanto ao controle químico, existem poucos nematicidas disponíveis no mercado e são produtos de alto custo e alta toxicidade aos animais e ao meio ambiente (Husain et al. 2010). Desta maneira, a principal medida de manejo seria o uso de cultivares resistentes ou tolerantes selecionadas em programas de melhoramento genético (Teixeira 2013).

Na interação planta-nematoide, inicialmente, os nematoides injetam compostos diretamente no citoplasma das células do hospedeiro a fim de estabelecer o parasitismo (Baum et al. 2007). Em uma primeira linha de defesa, o hospedeiro, ao reconhecer PAMP's (*Pathogen Associated Molecular Patterns*) do patógeno através de receptores de membrana e citoplasmáticos, ativa o seu sistema imune denominado como PTI (*PAMP-Triggered Immunity*), e uma série de eventos de sinalização molecular são iniciados (Jones e Dangl 2006; Holbein et al. 2016). Exemplificando, em plantas de algodão resistentes, genes associados à detoxificação e deposição de lignina dificultam a progressão de *M. incognita* (Kumar et al. 2019); já em soja, quatro genes associados a modificações da parede celular foram identificados (Pham et al. 2013). Outros possíveis eventos são mencionados: a deposição de calose, produção de metabólitos secundários e de fito-hormônios e a ativação de fatores de transcrição (Hamamouch et al. 2011; Tripathy e Oelmuller 2012). O patógeno pode liberar efetores de forma a superar a imunidade da planta e reestabelecer a doença, resultando em ETS (*Effector Triggered Susceptibility*) (Jones e Dangl 2006). Alguns efetores de *M. incognita* já foram identificados (Jaouannet e Rosso, 2013; Niu et al. 2016; Shi et al. 2018a), os quais atuam pela supressão da morte celular do hospedeiro, pela manutenção dos sítios de alimentação durante o parasitismo e pela interferência em rotas metabólicas como as do ácido salicílico e jasmônico. Em uma segunda linha de defesa, a planta pode

reconhecer os efetores especificamente pela ação de um gene R, ativando a ETI (*Effector Triggered Immunity*); nestes casos, observa-se resistência completa, qualitativa e raça-específica (Jones e Dangl 2006). Genes R de resistência a *M. incognita* já foram identificados em feijão-caupi (Petrillo et al. 2006), bem como seis genes análogos aos de resistência, com superexpressão frente à infecção (Santos et al. 2018); em pimenta (Bucki et al. 2017; Dijan-Caporalino et al. 2007); e tomate (Seah et al. 2004). Para o feijoeiro-comum existem relatos de resistência a nematoides (Ferreira et al. 2010; Santos et al. 2012; Bozbuga 2015; Costa et al. 2019; Oliveira et al. 2018), entretanto, as fontes de resistência são escassas e têm se mostrado pouco eficientes. Nesta cultura, predominam os casos de resistência parcial e quantitativa.

O estudo da resistência/suscetibilidade a patógenos, em si, é complexo e a sua compreensão demanda o emprego de variadas abordagens. Estudos vêm sendo feitos no sentido de compreender a arquitetura genética da resistência ao nematoide das galhas, como o uso de marcadores moleculares (Wang et al., 2012; Parsons et al. 2015), o mapeamento de QTLs associados à resistência (Li et al. 2018; Ndeve et al. 2019), além do mapeamento associativo (Zhang et al. 2017; Sallam et al. 2016). Entretanto, pouca informação tem sido gerada do ponto de vista celular e molecular, salvo a clonagem de genes de resistência (Gomes et al. 2015) e os perfis transcricionais de plantas inoculadas (Santini et al. 2016; Shukla et al. 2018), não havendo estudos voltados à compreensão do mecanismo molecular envolvido na resistência para a cultura do feijoeiro-comum.

Neste cenário, a análise do transcrito pode ser uma excelente estratégia para a identificação de genes envolvidos na interação feijoeiro-nematoide, ao possibilitar a avaliação do padrão global de expressão associado a condições variáveis. Atualmente, a principal tecnologia para a obtenção do transcrito ou conjunto completo de transcritos tem por base o sequenciamento em larga escala do RNA (RNA-Seq), gerando fragmentos (*reads*) com tamanho variável de acordo com a plataforma de sequenciamento (Westermann et al. 2012). A tecnologia de RNA-seq aplicada a estudos de expressão diferencial possibilita identificar genes putativamente associados à defesa do hospedeiro em plantas resistentes comparativamente a plantas não-inoculadas ou suscetíveis, permitindo obter uma visão das rotas metabólicas e reunir informações para definir um modelo molecular do patossistema, indicando eventos possivelmente associados a PTI ou ETI (Rubiales et al. 2015).

A primeira análise do perfil transcricional envolvendo a resposta do feijoeiro-comum ao patógeno *M. incognita* foi realizada pelo nosso grupo de pesquisa, no Laboratório de Genética Molecular de Plantas Cultivadas da ESALQ/USP, a qual permitiu conhecer os genes e mecanismos moleculares implicados na suscetibilidade. Primeiramente, foram construídas e sequenciadas bibliotecas de RNA-Seq do genótipo suscetível 'IPR-Saracura' inoculado com *M. incognita* raça 3. Os transcritos foram mapeados contra o genoma de referência de *P. vulgaris* (G19833), resultando na identificação de 27.195 unigenes. A quantificação da expressão dos transcritos mapeados permitiu identificar 797 genes diferencialmente expressos. Aos 4 DAI, houve a superexpressão de genes de respostas a ferimentos (*wound induced* – Phvul.005G108000 e Phvul.005G18400) e genes associados a reação de hipersensibilidade (*TIR-NBS-LRR* – Phvul.008g195000), o que foi interpretado como uma tentativa do hospedeiro de resistir ao ataque do patógeno. Aos 10 DAI, a resposta do hospedeiro foi afetada pela repressão da rota do etileno/ácido jasmônico, resultando em uma reação compatível (Santini et al. 2016).

Recentemente, em nosso laboratório, foi otimizada uma estratégia de fenotipagem de alto rendimento baseada em Atamian et al. (2012), avaliando um painel pertencente ao Instituto Agronomico (IAC) composto de 175 genótipos de feijoeiro infectados por *M. incognita*, constatando-se que há variabilidade no painel para a resistência ao nematoide. Nessa avaliação, destacaram-se os genótipos 'IAC-Tybatã' e 'Branquinho', para a resistência e suscetibilidade, respectivamente. Neste mesmo estudo, foi feita a detecção de regiões genômicas associadas à

resposta do feijoeiro ao nematoide das galhas, via mapeamento associativo, permitindo avançar no entendimento da arquitetura genética da interação (Giordani et al. 2021).

Neste cenário, no presente estudo, se pretende avaliar o perfil transcricional dos genótipos contrastantes, IAC-Tybatã (R) e Branquinho (S), e identificar os genes diferencialmente expressos envolvidos na resistência. Em resumo, se busca compreender o mecanismo molecular envolvido na complexa interação do feijoeiro-comum e o nematoide das galhas, reconhecendo as vias de sinalização e rotas específicas ativadas em reações compatíveis e incompatíveis, e indicar genes candidatos à resistência. Ademais, os resultados poderão ser aliados àqueles obtidos em estudos prévios sobre a arquitetura genética da resposta do feijoeiro ao nematoide, favorecendo um grande avanço na compreensão da interação. A presente pesquisa se insere na interface da fitopatologia molecular e do melhoramento genético, ao fornecer subsídios para a seleção e o desenvolvimento de linhagens resistentes à *M. incognita*.

## 2. CONCLUSÕES

Os genótipos IAC-Tybatã (moderadamente resistente) e Braquinho (suscetível) se mostraram contrastantes quanto ao desenvolvimento dos J<sub>2</sub> de *Meloidogyne incognita*, com atraso no desenvolvimento em IAC-Tybatã, culminando em um menor número de fêmeas adultas aos 30 DAI;

As bibliotecas de expressão aqui construídas representam satisfatoriamente os dois momentos da interação *P. vulgaris* – *M. incognita* e disponibilizam um grande número de sequências do transcriptoma do hospedeiro;

Um padrão geral contrastante na expressão de genes pôde ser observado entre os genótipos, com os GDEs em Branquinho (S) mostrando uma tendência de repressão e, em IAC-Tybatã (R), uma tendência de superexpressão.

Genes candidatos putativamente associados à resistência puderam ser indicados, pela superexpressão em IAC-Tybatã (R), com funções de: proteínas PR, ativadas pelas vias hormonais do ácido salicílico e do etileno/ácido jasmônico; proteínas quinases em cascatas de sinalização, como MAP quinases e quinases dependentes de cálcio; proteínas de biossíntese e processamento de EROs, as quais podem atuar em reação de hipersensibilidade e proteínas putativas de resistência com domínios LRR, TIR ou NB-ARC, com elevado número de GDEs com alto nível de superexpressão.

Genes candidatos associados a suscetibilidade puderam ser indicados em Branquinho (S), especialmente os com funções de biossíntese e transmissão de sinal de auxina, favorecendo a manutenção de sítios de alimentação, além da repressão nas principais vias de defesa supracitadas como superexpressas em IAC-Tybatã (R). A ausência do gene do fator de transcrição MYC2 como DE pode ter afetado a defesa da planta.

Genes não alocados nas principais vias de defesa, mas altamente reprimidos em Branquinho (S), com funções de proteínas com domínios ANK (*ankyrin*), beta-glucosidases e proteínas com repetições tetratricopeptídicas (TPR) podem ter contribuído para o estabelecimento de uma reação compatível.

Um modelo explicativo dos mecanismos moleculares envolvidos na resistência e na suscetibilidade de feijoeiro-comum à *M. incognita* foi proposto.



## REFERÊNCIAS

- Abad P, Favery B, Rosso MN, et al (2003) Root-knot nematode parasitism and host response: molecular basis of a sophisticated interaction. **Mol Plant Pathol** 4:217–224.
- Abdullah-Zawawi MR, Ahmad-Nizammuddin NF, Govender N, et al (2021) Comparative genome-wide analysis of WRKY, MADS-box and MYB transcription factor families in *Arabidopsis* and rice. **Sci Rep** 11:1–18.
- Aggarwal M, Sharma S, Kaur N, et al (2011) Exogenous proline application reduces phytotoxic effects of selenium by minimising oxidative stress and improves growth in bean (*Phaseolus vulgaris* L.) seedlings. **Biol Trace Elem Res** 140:354–367.
- Akibode S, Maredia M (2011) **Global and regional trends in production, trade and consumption of food legume crops**. 1 ed. Food and Resource Economics, Michigan, 87 p.
- Ali S, Mir ZA, Bhat JA, et al (2017) Identification and comparative analysis of *Brassica juncea* pathogenesis-related genes in response to hormonal, biotic and abiotic stresses. **Acta Physiol Plant** 39:1–15.
- Anders S, Huber W (2010) Differential expression analysis for sequence count data. **Genome Biol** 11:1–12.
- Andrews S (2010) **FastQC**: a quality control tool for high throughput sequence data. Disponível em: <<http://www.bioinformatics.babraham.ac.uk/projects/fastqc>>. Acesso em: 02 mai. 2022.
- Arantes V, Goodell B (2014) Current understanding of brown-rot fungal biodegradation mechanisms: a review. **ACS Symposium Ser** 1158:3–21.
- Archana B, Saxena R (2012) Nematicidal effect of root extract of certain medicinal plants in control of *Meloidogyne incognita* *in vitro* and *in vivo* conditions. **Pak J Nematol** 30:179–187.
- Associação Brasileira de Sementes e Mudas (ABRASEM) (2022) **Estatísticas**. Disponível em: <<http://www.abrasem.com.br/site/estatisticas/#>>. Acesso em: 12 mai. 2022.
- Atamian HS, Roberts PA, Kaloshian I (2012) High and low throughput screens with root-knot nematodes *Meloidogyne* spp. **J Vis Exp** 61:1–5.
- Au KF, Sebastiano V, Afshar PT, et al (2013) Characterization of the human ESC transcriptome by hybrid sequencing. **Proc Natl Acad Sci** 110:4821–4830.
- Baida F, Santiago DC, Takahashi LSA, et al. (2011) Reação de linhagens de feijão-vagem ao *Meloidogyne javanica* e *M. paranaenses* em casa-de-vegetação. **Acta Sci** 33:237–241.
- Baldin EEL, Pereira JM (2010) Resistência de genótipos de feijoeiro a *Zabrotes subfasciatus* (Coleoptera: Bruchidae). **Ciência e Agrotecnologia** 34:1507–1513.
- Bari R, Jones JD (2009) Role of plant hormones in plant defence responses. **Plant Mol Biol** 69:473–488.
- Baum TJ, Hussey RS, Davis EL (2007) **Root-knot and cyst nematode parasitism genes: the molecular basis of plant parasitism**. In: Setlow JK (ed) Genetic engineering, 1 ed. Springer US, Boston, pp. 17–43.
- Beccaccioli M, Reverberi M, Scala V (2019) Fungal lipids: biosynthesis and signalling during plant-pathogen interaction. **Front Biosci** 24:172–185.
- Bellafiore S, Shen Z, Rosso MN, et al (2008) Direct identification of the *Meloidogyne incognita* secretome reveals proteins with host cell reprogramming potential. **PLoS Pathog** 4:1–12.
- Benjamini Y, Hochberg Y (1995) Controlling the false discovery rate: a practical and powerful approach to multiple testing. **J R Stat Soc** 57:289–300.
- Bentley DR, Balasubramanian S, Swerdlow HP, et al (2008) Accurate whole human genome sequencing using reversible terminator chemistry. **Nature** 456:53–59.

- Bianchini A (2005) **Manual de fitopatologia: doenças das plantas cultivadas**, 2 ed. Agronômica Ceres, São Paulo, pp 333–349.
- Bigeard J, Hirt H (2018) Nuclear signaling of plant MAPKs. **Front Plant Sci** 9:1–18.
- Bitocchi E, Bellucci E, Giardini A (2013) Molecular analysis of the parallel domestication of the common bean (*Phaseolus vulgaris*) in Mesoamerica and the Andes. **New Phytol** 197:300–313.
- Blair MW, Gonzales LF, Kimani P (2010) Inter-genepool introgression, genetic diversity and nutritional quality of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) landraces from central Africa. **Theor Appl Genet** 121:237–248.
- Boller T, Felix GA (2009) Renaissance of elicitors: perception of microbe-associated molecular patterns and danger signals by pattern-recognition receptors. **Annu Rev Plant Biol** 60:379–406.
- Borém A, Carneiro JES (2015) A cultura. In: Carneiro JES, Paula Júnior TJ, Borém A (eds) **Feijão: do plantio à colheita**, 1 ed. Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, pp 9–15.
- Boudsocq M, Willmann MR, McCormack M, et al (2010) Differential innate immune signalling via Ca<sup>2+</sup> sensor protein kinases. **Nature** 464:418–422
- Bozbuga R (2015) Identification of common bean (*Phaseolus vulgaris*) genotypes having resistance against root-knot nematode *Meloidogyne incognita*. **Legume Res** 38:669–674.
- Breen S, Williams SJ, Outram M, et al (2017) Emerging insights into the functions of pathogenesis-related protein 1. **Trends Plant Sci** 22:871–879.
- Bridge J, Page SLJ (1980) Estimation of root-knot nematode infestation levels on roots using a rating chart. **Trop Pest Manag** 26:296–298.
- Brown CR, Mojtahedi H, James S, et al (2006) Development and evaluation of potato breeding lines with introgressed resistance to Columbia root-knot nematode (*Meloidogyne chitwoodi*). **AJPR** 83:1–8.
- Bucki P, Paran P, Ozalvo R, et al (2017) Pathogenic Variability of *Meloidogyne incognita* populations occurring in Pepper-Production Greenhouses in Israel Toward Me1, Me3, and N pepper resistance genes. **Plant Dis** 101:1391–1401.
- Bulisani EA (2008) **Feijão carioca - uma história de sucesso**, 1ed. InfoBibos, São Paulo, 7 p.
- Burle ML, Fonseca JR, Kami JA (2010) Microsatellite diversity and genetic structure among common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) landraces in Brazil, a secondary center of diversity. **Theor Appl Genet** 121:801–813.
- Byrd DW, Kirkpatrick T, Barker KR (1983) An improved technique for clearing and staining plant tissues for detection of nematodes. **J Nematol** 15:142–143.
- Caarls L, Pieterse CMJ, Wees CSMV (2015) How salicylic acid takes transcriptional control over jasmonic acid signaling. **Front Plant Sci** 6:1–11.
- Caillaud MC, Dubreuil G, Quentin M, et al. (2008) Root-knot nematodes manipulate plant cell functions during a compatible interaction. **J Plant Physiol** 165:104–113.
- Camargo EAL (2011) Genética da interação patógeno-hospedeiro. In: Amorim L, Rezende JAM, Bergamin Filho A (eds) **Manual de Fitopatologia: princípios e conceitos**, 4 ed. Agronômica Ceres, Piracicaba, pp 119–132.
- Cao H, Bowling SA, Gordon AS, et al (1994) Characterization of an *Arabidopsis* mutant that is nonresponsive to inducers of systemic acquired resistance. **Plant Cell** 6:1583–1592.
- Cao H, Glazebrook J, Clarke JD, et al (1997) The *Arabidopsis* *NPR1* gene that controls systemic acquired resistance encodes a novel protein containing ankyrin repeats. **Cell** 88:57–63.
- Carneiro JCS, Minim VPR, Souza Junior MM (2005) Perfil sensorial e aceitabilidade de cultivares de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.). **Ciência e Tecnologia de Alimentos** 25:18–24.

- Carr DE, Murphy EJ, Eubanks MD (2006) Genetic variation and covariation for resistance and tolerance to Cucumber mosaic virus in *Momordica charantia* (Cucurbitaceae): a test for costs and constraints. **J Hered** 96:29–38.
- Carvalho NL, Barcelos AL (2012) Adoção do manejo integrado de pragas baseado na percepção e educação ambiental. *Rev Eletrônica Gest Educ Tecnol Ambient* 5:749–766.
- Castañeda NEN, Alves GSC, Almeida RM, et al (2017) Gene expression analysis in *Musa acuminata* during compatible interactions with *Meloidogyne incognita*. **Ann Bot** 5:915–930.
- Chandrasekar S, Natarajan P, Mhatre PH, et al (2022) Rna-seq of cyst nematode infestation of potato (*Solanum tuberosum* L.): a comparative transcriptome analysis of resistant and susceptible cultivars. **Plants** 11:1–20.
- Chiorato AF (2004) **Divergência genética em acessos de feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.) do banco de germoplasma do Instituto Agrônomo – IAC**. Tese (Mestrado em Melhoramento Vegetal), Instituto Agrônomo de Campinas, Campinas, 85 p.
- Conab – Companhia Nacional De Abastecimento (2020) **Perspectivas para a agropecuária, safra 2020/21**, 8 ed. Edição Grãos, Brasília, 56 p.
- Corbett BP, Jia L, Sayler RJ, et al (2011) The effects of root-knot nematode infection and mi-mediated nematode resistance in tomato on plant fitness. **J Nematol** 43:82–89.
- Costa JPG, Soares PLM, Vidal RL, et al (2019) Reaction of common bean genotypes to the reproduction of *Meloidogyne javanica* and *Meloidogyne incognita*. **Pesqui Agropecu Trop** 49:1–6.
- Dallagnol LJ (2018) **Resistência genética: de plantas a patógeno**. 1 ed. UFPel, Pelotas, 437 p
- Derksen H, Rampitsch C, Daayf F (2013) Signalling cross-talk in plant disease resistance. **Plant Sci** 207:79–87.
- Di X, Gomila J, Takken FLW (2017) Involvement of salicylic acid, ethylene and jasmonic acid signalling pathways in the susceptibility of tomato to *Fusarium oxysporum*. **Mol Plant Pathol** 18: 1024–1035.
- Dijan-Caporalino C, Pijarowski L, Fazari A, et al (2007) High-resolution genetic mapping of the pepper (*Capsicum annuum* L.) resistance loci Me3 and Me4 conferring heat-stable resistance to root-knot nematodes (*Meloidogyne* spp.). **Theor Appl Genet** 103:592–600.
- Dinesh-Kumar SP, Baker BJ (2000) Alternatively spliced N resistance gene transcripts: their possible role in tobacco mosaic virus resistance. **Proc Natl Acad Sci** 97:1908–1921.
- Diniz AL (2016) **Regiões genômicas envolvidas no controle de caracteres agrônômicos e no teor de macro e micronutrientes em grãos de feijão-comum via mapeamento associativo**. Tese (Doutorado em Agronomia) – Universidade de São Paulo, Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, 97 p.
- Dobin A, Davis CA, Schlesinger F, et al (2013) STAR: ultrafast universal RNA-seq aligner. **Bioinformatics** 29:15–21.
- Dodds P, Rathjen J (2010) Plant immunity: towards an integrated view of plant–pathogen interactions. **Nat Rev Genet** 11:539–548.
- Does VD, Leon-Reyes D, Koornneef A, et al (2013) Salicylic acid suppresses jasmonic acid signaling downstream of SCF<sup>COI1</sup>-JAZ by targeting GCC promoter motifs via transcription factor ORA59. **Plant Cell** 25:744–761.
- Eisenback JD, Triantaphyllou HH (1991) **Root-knot Nematodes: Meloidogyne species and races**. In: Nickle WR (ed) *Manual of Agricultural Nematology*. 1 ed. Marcel Dekker, New York, pp. 281–286.
- Embrapa (2017) **Catálogo de cultivares de feijão comum**. 2 ed. Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, 27 p.
- Erb M, Kliebenstein DJ (2020) Plant Secondary Metabolites as Defenses, Regulators, and Primary Metabolites: The Blurred Functional Trichotomy. **Plant Physiol** 184:39–52.

- Faostat (2018) **Crops**. Disponível em: <<http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC/visualize>>. Acesso em: 6 mai. 2022.
- Favery B, Quentin M, Jaubert-Possamai S, et al (2016) Gall-forming root-knot nematodes hijack key plant cellular functions to induce multinucleate and hypertrophied feeding cells. **J Insect Physiol** 84:60–69.
- Ferraz LCCB, Brown DJF (2016) **Nematologia de plantas: fundamentos e importância**. Norma Editora, Manaus, 215 p.
- Ferreira S, Gomes LAA, Maluf WR, et al (2010) Resistance of dry bean and snap bean cultivars to root-knot nematodes. **HortSci** 45:320–322.
- Foucher J, Ruh M, Prévieux A, et al (2020) Common bean resistance to *Xanthomonas* is associated with upregulation of the salicylic acid pathway and downregulation of photosynthesis. **BMC Genomics** 21:1–18.
- Franzener G, Unfried JR, Stangarlin JR, et al (2005) Nematoides formadores de galha e cisto patogênicos à cultura da soja em municípios do Oeste do Paraná. **Nemat Bras** 29:261–265.
- Gay NJ, Gangloff M (2007) Structure and function of Toll receptors and their ligands. **Annu Rev Biochem** 76:141–165.
- Gepts P, Debouck D (1991) Origin, domestication, and evolution of the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). In Voysest O, VanSchoonhoven A (eds) **Common beans: Research for crop improvement**, 1 ed. CAB International, pp 7–53.
- Giordani W, Gama HC, Chiorato AF, et al (2021) Genetic mapping reveals complex architecture and candidate genes involved in common bean response to *Meloidogyne incognita* infection. **Plant Genome** 15:1–20.
- Gomes JAA, Andrade Júnior VC, Oliveira CM, et al (2015) Resistance of sweet potato clones to *Meloidogyne incognita* races 1 and 3. **Bragantia** 74:291–297.
- Gonçalves JGR, Andrade ER, Silva DA, et al (2019) Drought tolerance evaluated in common bean genotypes. **Ciênc Agrotec** 43:1–9.
- Gullner G, Komives T, Királi L, et al (2018) Glutathione S-Transferase Enzymes in Plant-Pathogen Interactions. **Front Plant Sci** 9:1–19.
- Hamamouch N, Li C, Seo PJ, et al (2011) Expression of *Arabidopsis* pathogenesis-related genes during nematode infection. **Mol Plant Pathol** 12:355–364.
- Hoagland DR, Arnon DI (1950) The water-culture method for growing plants without soil. Circular. **Calif Agric** 347:1–32.
- Holbein J, Grundler FMW, Siddique S (2016) Plant basal resistance to nematodes: an update. **J Exp Bot** 67:2049–2061
- Husain K, Ansari RAL, Ferder L (2010) Pharmacological agents in the prophylaxis/treatment of organophosphorous pesticide intoxication. **Indian J Exp Biol** 48:642–650.
- Ibrafe – Instituto Brasileiro Do Feijão (2022) **Bom futuro para o feijão do Brasil**. Disponível em: <<http://www.ibrafe.org/artigo/bom-futuro-para-o-feijao-do-brasil/>>. Acesso em: 22 mai. 2022.
- Ibrahim HM, Hosseini P, Alkharouf NW, et al (2013) Analysis of gene expression in soybean (*Glycine max*) roots in response to the root knot nematode *Meloidogyne incognita* using microarrays and KEGG pathways. **BMC Genomics** 12:1–16.
- Illumina (2017) **TruSeq Stranded mRNA**. Disponível em: <<https://support.illumina.com/>>. Acesso em: 06 mai. 2022.
- Inomoto MM (2001) Atacado por Nematóides. **Rev Cultivar** 30:05–07.

- Jain S, Chittem K, Brueggeman R, et al (2016) Comparative Transcriptome Analysis of Resistant and Susceptible Common Bean Genotypes in Response to Soybean Cyst Nematode Infection. **PLoS One** 11:1–21.
- Jaouannet M, Magliano M, Arguel MJ, et al (2013) The root-knot nematode calreticulin Mi-CRT is a key effector in plant defense suppression. **MPMI** 26:97–105.
- Jaouannet M, Rosso MN (2013) Effectors of root sedentary nematodes target diverse plant cell compartments to manipulate plant functions and promote infection. **Plant Signal Behav** 8:1–5.
- Jones JDG, Dangl JL (2006). The plant immune system. **Nature** 444:323–329.
- Jones JT, Haegeman A, Danchin EGJ (2013) Top 10 plant-parasitic nematodes in molecular plant pathology. **Mol Plant Pathol** 14:946–961.
- Karssen G, Moens M (2006) **Root-knot nematodes**. In: Perry RN, Moens M (eds) *Plant nematology*. 1 ed. CABI Publishing, Wallingford, pp. 59–90.
- Khan MTA, Mukhtar T, Saeed M (2019) Resistance or susceptibility of eight aubergine cultivars to *Meloidogyne javanica*. **Pak J Zool** 51:2187–2192.
- Kumar P, Khanal S, Silva MD, et al (2019) Transcriptome analysis of a nematode resistant and susceptible upland cotton line at two critical stages of *Meloidogyne incognita* infection and development. **PLoS ONE** 14:1–19.
- Langmead B, Salzberg SL (2012) Fast gapped-read alignment with Bowtie 2. **Nat Methods**, 4:357–359.
- Lee H, Yeom S (2015) Plant NB-LRR proteins: tightly regulated sensors in a complex manner. **Brief Funct Genom** 14:233–242.
- Leclarasamee N, Zhang L, Gleason C (2018) The root-knot nematode effector MiPFN3 disrupts plant actin filaments and promotes parasitism. **PLoS Pathog** 14:1–15.
- Leitão ST, Santos C, Araújo SS, et al (2021) Shared and tailored common bean transcriptomic responses to combined fusarium wilt and water deficit. **Hortic Res** 8:1–18.
- Li X, Clarke JD, Zhang Y, et al (2001) Activation of an EDS1-mediated R-gene pathway in the *snc1* mutant leads to constitutive, NPR1-independent pathogen resistance. **Mol Plant Microbe Interact** 14:1131–1139.
- Li X, Sun Y, Yang Y, et al (2021) Transcriptomic and histological analysis of the response of susceptible and resistant cucumber to *Meloidogyne incognita* revealing complex resistance via multiple signalling pathways. **Front Plant Sci** 12:1–12.
- Li X, Xing X, Tian P, et al (2018) Comparative Transcriptome Profiling Reveals Defense-Related Genes against *Meloidogyne incognita* invasion in Tobacco. **Molecules** 23:1–16.
- Lilley CJ, Kyndt T, Gheysen G (2011) Nematode Resistant GM Crops in Industrialised and Developing Countries. In: Jones J, Gheysen G, Fenoll C (eds) **Genomics and Molecular Genetics of Plant-Nematode Interactions**, 1 ed. Springer Netherlands, Dordrecht, pp 517–541.
- Ling J, Mao Z, Zhai M, et al (2017) Transcriptome profiling of *Cucumis metuliferus* infected by *Meloidogyne incognita* provides new insights into putative defense regulatory network in Cucurbitaceae. **Sci Rep** 7:1–15.
- Lonnberg J, Malmi L, Ben-Ari M (2011) Evaluating a visualization of the execution of a concurrent program. **Koli Calling** 11:39–48.
- Love MI, Huber W, Anders S (2014) Moderated estimation of fold change and dispersion for RNA-seq data with DESeq2. **Genome Biol** 15:1–21.
- Ma J, Kirkpatrick TL, Rothrock CS, et al (2013) Effects of soil compaction and *Meloidogyne incognita* on cotton root architecture and plant growth. **J Nematol** 45:112–121.

- Machado ACZ (2011) **Nematoides em feijão**: perdas de 10% podem chegar a 50%. Disponível em: <<http://nematologia.com.br/2011/12/nematoides-em-feijao-perdas-de-10-podemchegar>>. Acesso em: 06 mai. 2022.
- Maldonado A, Youssef R, McDonald M, et al (2014) Modification of the expression of two NPR1 suppressors, *SNC1* and *SNI1*, in soybean confers partial resistance to the soybean cyst nematode, *Heterodera glycine*. **Funct Plant Biol** 44:714–726.
- Mambrim BR, Ribeiro ND, Storck L, et al (2015) Seleção de linhagens de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) baseada em caracteres morfológicos, fenológicos e de produção. **Revista de Agricultura** 90:141–155.
- MAPA (2022) **Cultivarweb**. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento Disponível em: <[http://extranet.agricultura.gov.br/php/snpc/cultivarweb/cultivares\\_protegidas.php?txt\\_ordem=&postado=1&acao=pesquisar&cod\\_especie=4&](http://extranet.agricultura.gov.br/php/snpc/cultivarweb/cultivares_protegidas.php?txt_ordem=&postado=1&acao=pesquisar&cod_especie=4&)>. Acesso em: 20 abr. 2022.
- Matthews BF, Beard H, Brewer E, et al (2014) Arabidopsis genes, AtNPR1, AtTGA2 and AtPR-5, confer partial resistance to soybean cyst nematode (*Heterodera glycines*) when overexpressed in transgenic soybean roots. **BMC Plant Biol** 96:1–19.
- Mccarville MT, Marett CC, Mullaney MP, et al (2017) Increase in soybean cyst nematode virulence and reproduction on resistant soybean varieties in Iowa from 2001 to 2015 and the effects on soybean yield. **Plant Health Prog** 18:146–155.
- Mitkowski N, Abawi G (2022) **Root-knot nematodes**. Disponível em: <<http://www.apsnet.org/edcenter/intropp/lessons/nematodes/pages/rootknotnematode.aspx>>. Acesso em: 02 mai. 2022.
- Moens M, Perry RN, Starr JL (2009) **Meloidogyne species** – a diverse group of novel and important plant parasites. In: Moens M, Perry RN, Starr JL (eds) Root-knot nematodes. 1 ed. CAB International, Wallingford, pp. 1–17.
- Morais PPP (2012) Seleção precoce em plantas segregantes de feijoeiro para resistência à murcha de *Curtobacterium*. **Revista Ceres** 59:803–808.
- Morgante CV, Martins ACQ, Silva AK, et al (2015) **Protocolo de extração de RNA total de *Arachis* spp. e avaliação do efeito de contaminantes por meio de análises espectrofotométricas**. 1 ed. Embrapa Semiárido, Petrolina, 25 p.
- Moura AD, Brito LM (2015) **Aspectos socioeconômicos**. In: Carneiro JE, Paula Júnior TJ, Borém A (eds) Feijão do plantio à colheita, 1 ed. Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, pp 16–36.
- Mugniéry D, Phillips MS (2007) **The nematodes parasites of potato**. In: Vreugdenhil D (ed) Potato Biology and Biotechnology: Advances and Perspectives. 1 ed. Elsevier, Oxford, pp. 569–594.
- Mullin BA, Abawi GS, Pastor-Corrales MA (1991) Modification of resistance expression of *Phaseolus vulgaris* to *Meloidogyne incognita* by elevated soil temperatures. **J Nematol** 23:182–187.
- Murray SL, Ingle RA, Petersen LN, et al (2007) Base resistance against *Pseudomonas syringae* in *Arabidopsis* involves WRKY53 and a protein with homology to nematode resistance protein. **Mol Plant Microbe Interact** 20:1431–1438.
- Ndeve AD, Santos JRP, Matthews WC, et al (2019) A novel root-knot nematode resistance QTL on chromosome VU01 in cowpea. **G3: Genes Genomes Genet** 9:1199–1209.
- Nguyen CN, Barbeoch-Perfus L, Quentin M, et al (2018) A root-knot nematode small glycine and cysteine-rich secreted effector, MiSGCR1, is involved in plant parasitism. **New Phytol** 217:687–699.

- Nicol JM, Turner SJ, Coyne DL, et al (2011) Current Nematode Threats to World Agriculture. In: Jones J, Gheysen G, Fenoll C (eds) **Genomics and molecular genetics of plant-nematode interactions**, 1 ed. Springer, London, pp 320–359.
- Niks RE, Marcel TC (2009) Nonhost and basal resistance: how to explain specificity? **New Phytol** 182:817–828.
- Niu J, Liu P, Liu Q, et al (2016) Msp40 effector of root-knot nematode manipulates plant immunity to facilitate parasitism. **Sci Rep** 6:1–13.
- Okamura S, Mumtahina N, Shimono H, et al (2020) Root sampling and RNA extraction methods for field-based gene expression analysis of soybean. **Plant Prod Sci** 24:339–345.
- Oliveira CL, Oliveria SN, Oliveira MS, et al (2018) Reaction of common bean to *Meloidogyne incognita* race 1 and *Meloidogyne javanica*. **Rev Ceres** 65:321–328.
- Onkendi EM, Kariuki GM, Marais, M, et al (2014) The threat of root- knot nematodes (*Meloidogyne* spp.) in Africa: a review. **Plant Pathol** 63:727–737.
- Oostenbrink M (1996) Major characteristics of the relation between nematodes and plants. Meded. Landbouwhoges. **Wageningen** 66:1–46.
- Padder BA, Kanfwa K, Awale HE, et al (2016) Transcriptome profiling of the *Phaseolus vulgaris* – *Colletotrichum lindemathianum* pathosystem. **PLoS One** 11:1–26.
- Pádua JMV (2013) **Implicações da seleção precoce para a resistência á antracnose no melhoramento genético do feijoeiro**. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas), Universidade Federal de Lavras, Lavras, pp 1–75.
- Pagán I, Alonso-Blanco C, García-Arenal F (2008) Host Responses in Life-History Traits and Tolerance to Virus Infection in *Arabidopsis thaliana*. **PLoS Pathog** 8:1–10.
- Pagán I, García-Arenal F (2018) Tolerance to Plant Pathogens: Theory and Experimental Evidence. **Int J Mol Sci** 3:1–17.
- Park CJ, Seo YS. Heat Shock Proteins: a review of the molecular chaperones for plant immunity. **Plant Pathol J** 31:323–333.
- Parsons J, Matthews W, Iorizzo M, et al (2015) *Meloidogyne incognita* nematode resistance QTL in carrot. **Mol Breed** 35:2–11.
- Pereira PAA, Braidotti W (2001) Comparação de métodos de melhoramento de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) para o incremento da fixação simbiótica de nitrogênio. **Pesquisa Agropecuária Tropical** 31:15–21.
- Pereira T, Coelho CMM, Santos JCP (2011) Diversidade no teor de nutrientes em grãos de feijão crioulo no estado de Santa Catarina. **Acta Sci Agron** 33:477-485.
- Perrot-Rechenmann C (2010) Cellular responses to auxin: division versus expansion. **Cold Spring Harb Perspect Biol** 2:1–15.
- Perry RN, Moens M (2011) **Introduction to plant-parasitic-nematodes: modes of parasitism**. In: Jones J, Gheysen G, Fenoll C (eds) *Genomics and Molecular Genetics of Plant-Nematode Interactions*, 1 ed. Springer, New York, pp 3–20.
- Perry RN, Starr JL (2009) *Root-Knot Nematodes*, 1 ed. CABI International, London, 37 p.
- Persequini JMCK, Silva GSB, Rosa JRBF, et al (2015) Developing a common bean core collection suitable for association mapping studies. **Genet Mol Biol** 38:67–78.
- Petrillo MD, Matthews WC, Roberts PA (2006) Dynamics of *Meloidogyne incognita* Virulence to Resistance Genes  $R\epsilon$  e and  $R\kappa^2$  in Cowpea. **J Nematol** 38:90–96.

- Pham AT, McNally K, Haleem HA, et al (2013) Fine mapping and identification of candidate genes controlling the resistance to southern root-knot nematode in PI 96354. **Theor Appl Genet** 126:1825–1838.
- Postnikova OA, Hult M, Shao J, et al (2015) Transcriptome analysis of resistant and susceptible alfalfa cultivars infected with root-knot nematode *Meloidogyne incognita*. **PLoS One** 10:1–17.
- Pria DM, Silva OC (2010) **Cultura do feijão: doenças e controle**. 1 ed. UEPG, Ponta Grossa, 454 p.
- Priya DB, Somasekhar N, Prasad JS, et al (2011) Transgenic tobacco plants constitutively expressing *Arabidopsis* NPR1 show enhanced resistance to root-knot nematode, *Meloidogyne incognita*. **BMC Res Notes** 4:1–5.
- Przybylska A, Kornobis F, Obrepalska-Stepulowska A, et al (2018) Analysis of Defense Gene Expression Changes In Susceptible and Tolerant Cultivars of Maize (*Zea mays*) Upon *Meloidogyne Arenaria* Infection. **Physiol Mol Plant Pathol** 103:78–83.
- R Core Team (2020) **R: A language and environment for statistical computing**. Disponível em: <<https://www.r-project.org/>>. Acesso em: 16 mai. 2022.
- Ribeiro ND, Silva SM, Garcia DC (2003) Variabilidade genética para absorção de água em grãos de feijão. **Pesquisa Agropecuária Gaúcha** 9:77–83.
- Rocha MD, Bournaud C, Dazeniére J, et al (2021) Genome expression dynamics reveal the parasitism regulatory landscape of root-knot nematode *Meloidogyne incognita* and a promoter motif associated with effector genes. **Genes** 12:1–25.
- Rodríguez M, Rau D, Bitocchi E, et al (2015) Landscape genetics, adaptive diversity and population structure in *Phaseolus vulgaris*. **New Phytol** 209:1781–1794.
- Romeis T, Herde M (2014) From local to global: CDPKs in systemic defense signaling upon microbial and herbivore attack. **Curr Opin Plant Biol** 20:1–10.
- Rubiales D, Fondevilla S, Chen W, et al (2015) Achievements and Challenges in Legume Breeding for Pest and Disease Resistance. **Crit Rev Plant Sci** 34:195–236.
- Sallam A, Arboui M, El-esawi M, et al (2016) Identification and verification of QTL associated with frost tolerance using linkage mapping and GWAS in winter faba bean. **Front Plant Sci** 7:1–16.
- Santini L, Munhoz CF, Bonfim Jr MF, et al (2016) Host Transcriptional Profiling at Early and Later Stages of the Compatible Interaction Between *Phaseolus vulgaris* and *Meloidogyne incognita*. **Phytopathol** 106:282–294.
- Santos JRP, Ndeve AD, Huynh BL, et al (2018) QTL mapping and transcriptome analysis of cowpea reveals candidate genes for root-knot nematode resistance. **PLoS ONE** 13:1–22.
- Santos LNS, Alves FR, Belan LL, et al (2012) Damage quantification and reaction of bean genotypes (*Phaseolus vulgaris* L.) to *Meloidogyne incognita* race 3 and *M. javanica*. **Summa Phytopathol** 30:24–29.
- Sasser JN (1980) Root-knot nematodes a global menace to crops production. **Plant Dis** 64:36–41.
- Sathe SK (2008) Dry bean protein functionality (Review). **Crit Rev Biotechnol** 22:175–223.
- Schmieder R, Edwards R (2011) Quality control and preprocessing of metagenomic datasets. **Bioinformatics** 6:863–864.
- Schroder A, Mueller O, Stocker S, et al (2006) The RIN: an RNA integrity number for assigning integrity values to RNA measurements. **BMC Plant Biol** 7:1–14.
- Seah S, Yaghoob J, Rossi M, et al (2004) The nematode-resistance gene, Mi-1, is associated with and inverted chromosomal segment in susceptible compared to resistant tomato. **Theor Appl Genet** 108:1635–1642.
- Sharon E, Chet I, Spiegel Y (2009) Improved attachment and parasitism of *Trichoderma* on *Meloidogyne javanica* in vitro. **Eur J Plant Pathol** 123:291–299.



- Shi Q, Mao Z, Zhang X, et al (2018a) The Novel Secreted *Meloidogyne incognita* Effector MiISE6 Targets the Host Nucleus and Facilitates Parasitism in *Arabidopsis*. **Front Plant Sci** 9:1–16.
- Shi Q, Mao Z, Zhang X, et al (2018b) A *Meloidogyne incognita* effector MiISE5 suppresses programmed cell death to promote parasitism in host plant. **Sci Rep** 8:1–12.
- Shirasu K, Schulze-Lefert P (2003) Complex formation, promiscuity and multi-functionality: protein interactions in disease-resistance pathways. **Trends Plant Sci** 8:252–258.
- Shukla N, Yadav R, Kaur P, et al (2018) Transcriptome analysis of root-knot nematode (*Meloidogyne incognita*) infected tomato (*Solanum lycopersicum*) roots reveals complex gene expression profiles and metabolic networks of both host and nematode during susceptible and resistance responses. **Mol Plant Pathol** 19:615–633.
- Silva FHA (2015) **Qualidade física, fisiológica e sanitária de sementes de feijão-caupi (*Vigna unguiculata* L. Walp) utilizadas no Rio Grande do Norte**. Dissertação (Mestrado), Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró, 85 p.
- Silva GMB (2011) **Formação de um painel de diversidade genética em feijão comum**. Dissertação (Mestrado), Instituto Agronômico de Campinas, Campinas, 50 p.
- Silva OF, Wander AE (2013) **O feijão-comum no Brasil: passado, presente e futuro**, 1 ed. Embrapa Arroz e Feijão, Goiânia, 63 p.
- Smant G, Helder J, Goverse A (2018) Parallel adaptations and common host cell responses enabling feeding of obligate and facultative plant parasitic nematodes. **Plant J** 93:686–702.
- Souza TLPO, Faria JC, Aragão JCL, et al (2016) **BRS FC401 RMD: Cultivar de Feijão Carioca Geneticamente Modificada com Resistência ao Mosaico-dourado**, 1 ed. Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, pp 1–6.
- Stark R, Grzelak M, Hadfield J (2019) RNA sequencing: the teenage years. **Nat Rev Genet** 20:631–656.
- Suk ME, Aluru NR (2014) Ion transport in sub-5-nm graphene nanopores. **J Chem Phys** 140, 1–12.
- Tao Y, Xie Z, Chen W, et al (2003) Quantitative nature of Arabidopsis responses during compatible and incompatible interactions with the bacterial pathogen *Pseudomonas syringae*. **Plant Cell** 15:317–330.
- Taylor AL, Sasser JN (1978) **Biology, identification, and control of rootknot nematodes (*Meloidogyne* spp.)**. Cooperative Publication. 1 Ed. N.C. Carolina State University and U.S. Agency for International of Development, Raleigh, 111 p
- Teillet A, Dibal K, Kerry BR (2013) Transcriptional changes of the Root-Knot Nematode *Meloidogyne incognita* in response to *Arabidopsis thaliana* root signals. **PLoS One** 8:1–11.
- Teixeira RA (2013) **Reação de cultivares de soja a *Meloidogyne incognita* e *M. javanica***. 2013. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas), Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 60 p.
- Tena G, Boudsocq M, Sheen J (2011) Protein kinase signaling networks in plant innate immunity. **Curr Opin Plant Biol** 14:519–529.
- Trapnell C, Williams B, Pertea G, et al (2010) Transcript assembly and quantification by RNA-Seq reveals unannotated transcripts and isoform switching during cell differentiation. **Nat Biotechnol** 28:511–515.
- Trigiano RN, Windham MT, Windham AS (2010) **Fitopatologia: conceitos e exercícios de laboratório**. 2 ed. Artmed, Porto Alegre, 576 p.
- Tripathy BC, Oelmüller R (2012) Reactive oxygen species generation and signaling in plants. **Plant Signal Behav** 7:1621–1633.
- Tsuda K, Sato M, Stoddard T, et al (2009). Network properties of robust immunity in plants. **PLoS Genet** 5:1–16.

- Vieira C (2005) Melhoramento do Feijão. In: Borém A (ed) **Melhoramento de espécies cultivadas**. Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, pp 301–392.
- Voyses VO (2000) **Mejoramento genético del frijol (*Phaseolus vulgaris* L.)**: legado de variedades de América Latina 1930-1999. Centro Internacional de Agricultura Tropical, 195 p.
- Wang C, Ulloa M, Mullens TR, et al (2012) QTL analysis for transgressive resistance to root-knot nematode in interspecific cotton (*Gossypium* spp.) progeny derived from susceptible parents. **PLoS One** 7:1–9.
- Wang X, Xue B, Dai X, et al (2018) A novel *Meloidogyne incognita* chorismate mutase effector suppresses plant immunity by manipulating the salicylic acid pathway and functions mainly during the early stages of nematode parasitism. **Plant Pathol** 67:1436–1448.
- Wang Z, Gerstein M, Snyder M (2009) RNA-Seq: a revolutionary tool for transcriptomics. **Nat Rev Genet** 10:57–63.
- Wendland A, Lobo Junior M, Faria JC (2018) **Manual de identificação das principais doenças do feijoeiro-comum**. 1 ed. Embrapa, Brasília, 49 p.
- Westermann AJ, Gorski SA, Vogel J, et al (2012) Dual RNA-seq of pathogen and host. **Nat Rev Microbiol** 10:618–630.
- Wiermer M, Feys BJ, Parker, JE (2005) Plant immunity: the EDS1 regulatory node. **Curr Opin Plant Biol** 8:383–389.
- Xie J, Li S, Mo C, et al (2016) A novel *Meloidogyne incognita* effector Misp12 suppresses plant defense response at latter stages of nematode parasitism. **Front Plant Sci** 7:1–12.
- Yao N, Greenberg JT (2006) *Arabidopsis* Accelerated Cell Death2 modulates programmed cell death. **Plant Cell** 18:397–411.
- Ye J, Zhang Y, Cui H, et al (2018) WEGO 2.0: a web tool for analyzing and plotting GO annotations, 2018 update. **Nucleic Acids Res** 46:71–75.
- Zeffa DM, Cirino VM, Medeiro IA, et al (2020) Genetic Progress of Seed Yield and Nitrogen Use Efficiency of Brazilian *carrioca* Common Bean Cultivars Using Bayesian Approaches. **Front Plant Sci** 11:1–14.
- Zhang C, Zhou Z, Yong H, et al (2017) Analysis of the genetic architecture of maize ear and grain morphological traits by combined linkage and association mapping. **Theor Appl Genet** 130:1001–1029.
- Zheng Y, Lan Y, Shi T, et al (2017) Diverse contributions of MYC2 and EIN3 in the regulation of *Arabidopsis* jasmonate-responsive gene expression. **Plant Direct** 4:1–8.
- Zipfel, C (2008) Pattern-recognition receptors in plant innate immunity. **Curr Opin Immunol** 20:10–16.