

**SELEÇÃO DE FAMÍLIAS DE FEIJÃO COM
RESISTÊNCIA À ANTRACNOSE,
PRODUTIVIDADE E TIPO DE GRÃO CARIOCA**

NÁDIA N. LACERDA DURÃES PARRELLA

2006

NÁDIA N. LACERDA DURÃES PARRELLA

**SELEÇÃO DE FAMÍLIAS DE FEIJÃO COM RESISTÊNCIA À
ANTRACNOSE, PRODUTIVIDADE E TIPO DE GRÃO CARIOCA**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Agronomia, área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas, para obtenção do título de “Mestre”.

Orientador

Prof. Dr. João Bosco dos Santos

LAVRAS
MINAS GERAIS - BRASIL
2006

**Ficha Catalográfica Preparada pela Divisão de Processos Técnicos da
Biblioteca Central da UFLA**

Parrella, Nádia Nardely Lacerda Durães

Seleção de famílias de feijão com resistência à antracnose,
produtividade e tipo de grão carioca / Nádia Nardely Lacerda Durães
Parrella. -- Lavras : UFLA, 2006.

50 p. : il.

Orientador: João Bosco dos Santos
Dissertação (Mestrado) – UFLA.
Bibliografia.

1. Feijão. 2. Seleção. 3. Variedade resistente. 4. Antracnose. I. Universidade
Federal de Lavras. II. Título.

CDD-635.65223

NÁDIA N. LACERDA DURÃES PARRELLA

**SELEÇÃO DE FAMÍLIAS DE FEIJÃO COM RESISTÊNCIA À
ANTRACNOSE, PRODUTIVIDADE E TIPO DE GRÃO CARIOCA**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Agronomia, área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas, para obtenção do título de “Mestre”.

APROVADA em 07 de março de 2006.

Dra. Ângela de Fátima Barbosa Abreu

EMBRAPA/UFLA

Dr. Luis Antônio Augusto Gomes

UFLA

Dr. João Bosco dos Santos
UFLA/DBI
(Orientador)

LAVRAS
MINAS GERAIS - BRASIL

Aos meus pais, Sebastião e Luzinete,
À minha avó, Erestina,
Ao meu marido Rafael, TE AMO!
Aos meus irmãos, Nayara e Arlem.

DEDICO

AGRADECIMENTOS

Agradeço

A Deus, por ter me concedido saúde para concluir este trabalho.

À Universidade Federal de Lavras (UFLA), pela oportunidade concedida.

Ao CNPq, pela bolsa de estudos.

Ao professor João Bosco dos Santos, pela exímia orientação, pelo exemplo de dedicação à pesquisa científica, pelos valiosos ensinamentos transmitidos e pela amizade.

Aos professores Magno Antônio Patto Ramalho e Ângela de Fátima Barbosa Abreu, pela amizade e colaboração neste trabalho.

Aos colegas do GEN e Laboratório de Genética Molecular.

Aos meus pais, Sebastião e Luzinete, pelo amor, educação, carinho e incentivo na minha profissão.

À minha avó, pelo carinho incondicional.

Ao meu marido Rafael, que esteve ao meu lado nos momentos mais difíceis e pelo amor e carinho dedicados, “TE AMO”!

Aos meus irmãos, Nayara e Arlem, pela amizade.

A toda minha família, pelo incentivo.

Aos meus sogros, Gerardo e Graça, pelo carinho e incentivo, aos cunhados, Fabiano e Sara, pelo apoio, Daniel, Alcione, Luciano e Ângela.

Aos colegas do milho e do feijão, pela ajuda na condução dos experimentos e pela amizade.

Aos funcionários do Departamento de Biologia: Lamartine, Elaine, Rafaela, Zélia, Irondina, Léo e Lindolfo, pelo companheirismo e atenção dedicada.

SUMÁRIO

	Página
RESUMO.....	i
ABSTRACT.....	ii
1 INTRODUÇÃO.....	01
2 REFERENCIAL TEÓRICO.....	03
2.1 A CULTURA DO FEIJÃO NO BRASIL	03
2.2 ANTRACNOSE DO FEIJOEIRO.....	04
2.2.1 Sintomas da antracnose.....	05
2.2.2 Variabilidade do patógeno.....	06
2.2.3 Piramidação de alelos de resistência.....	08
2.3 CARACTERES AGRONÔMICOS DESEJÁVEIS.....	11
2.3.1 Tipo de grão.....	11
2.3.2 Porte da planta.....	12
2.3.3 Produtividade de grãos.....	13
2.4 MELHORAMENTO DO FEIJOEIRO.....	14
3 MATERIAL E MÉTODOS.....	17
3.1 MATERIAL.....	17
3.2 LOCAIS.....	17
3.3 AVALIAÇÕES DAS FAMÍLIAS NO CAMPO E INOCULAÇÕES COM AS RAÇAS DE <i>C. lindemuthianum</i>	18
3.3.1 Safra de “Inverno de 2004”.....	18
3.3.2 Safra da “Seca de 2005”	19
3.3.3 Safra de “Inverno de 2005”	20
3.3.4 Procedimentos experimentais	21
3.4 IDENTIFICAÇÃO DE FAMÍLIAS COM O ALELO <i>Co-4</i> POR MEIO DO MARCADOR SCAR.....	21
3.4.1 Extração de DNA.....	21

3.4.2 Análise PCR.....	23
3.5 ANÁLISE DOS DADOS DE CARACTERÍSTICAS AGRONÔMICAS.....	24
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	27
4.1 REAÇÃO DAS FAMÍLIAS AO <i>C. lindemuthianum</i>	27
4.2 PRODUÇÃO DE GRÃOS.....	31
4.3 PORTE DA PLANTA.....	34
4.4 TIPO DE GRÃOS.....	36
4.5 GANHOS COM A SELEÇÃO E CORRELAÇÃO ENTRE OS CARACTERES.....	39
5 CONCLUSÕES.....	43
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	44

RESUMO

PARRELLA, Nádia Nardely Lacerda Durães. **Seleção de famílias de feijão com resistência à antracnose, produtividade e tipo de grão carioca.** 2006. 50 p. (Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.*

Na obtenção de cultivares de feijão com resistência à antracnose, outros atributos agronômicos também devem ser considerados para atender a preferência do consumidor e do produtor. O presente trabalho teve como objetivo identificar famílias de feijão que reunissem, além da resistência à antracnose, alta produtividade, grãos tipo Carioca e porte ereto. Foram utilizadas 224 famílias, provenientes de cruzamentos entre os genitores CNFC 10706, B1 portadora do alelo de resistência à antracnose Co-4 e H147 portadora do alelo de resistência Co-5. As três possuem grãos semelhantes ao Carioca. Inicialmente, foram avaliadas 224 famílias $F_{2:3}$ mais a cultivar Talismã como testemunha, no inverno de 2004, em Lavras, com base no tipo de grão. Foram selecionadas 99 famílias $F_{2:4}$ e avaliadas com a testemunha Talismã, na seca de 2005, em Lavras e Lambari. Essas 99 famílias foram também inoculadas com as raças 593 e 337 de *C. lindemuthianum*, para auxiliar na seleção daquelas portadoras dos alelos de resistência Co-4 e Co-5. As 35 famílias $F_{2:5}$ remanescentes, foram avaliadas no inverno de 2005, em Ijaci, MG. Em todos os experimentos, foi utilizado o delineamento látice quadrado. As 35 famílias foram, novamente inoculadas, com as raças 65 e 321. Por meio das inoculações e também com o uso de um marcador molecular SCAR, ligado ao alelo Co-4, foi possível identificar a constituição genética da maioria das 35 famílias quanto à reação à antracnose e selecionar 4 que reunissem, simultaneamente, tipo de grãos semelhantes ao Carioca, porte ereto e boa produtividade. Todas as quatro famílias são portadoras do alelo Co-4 e Co-5 de resistência à antracnose.

* Orientador: João Bosco dos Santos – Universidade Federal de Lavras (UFLA)

ABSTRACT

PARRELLA, Nádia Nardely Lacerda Durães. **Selection of common bean families for resistance to anthracnose, grain yield and Carioca grain type.** 2006. 50 p. Dissertation (Master's Degree in Genetics and Plant Improvement) - Federal University of Lavras, Lavras, MG*

In the common bean breeding, besides anthracnose resistance other agronomical traits need to be considered to achieve the producer and consumer requirements. The objectives of this work were to select common bean families resistant to anthracnose, high grain yield, Carioca grain type and upright plant type. Two hundred-twenty four lines from genitors CNFC 10706, B1 and H147 were evaluated. All of them have Carioca grain type. The B1 line is resistant to anthracnose due to the *Co-4* allele, and the H147 due to the *Co-5* allele. From the CNFC 10706 x H147, CNFC 10706 x B1 and H147x B1, 224 F_{2:3} families plus the check Talismã were evaluated in the winter/spring season of 2004, at Lavras county, based on grain type. Ninety nine families were selected and evaluated, plus the check, in the dry season of 2005 at Lavras and Lambari counties. Those families were also inoculated with races 337 and 593 of *C. lindemuthianum*. The 35 selected families (F_{2:5}) were evaluated in the winter/spring of 2005, at Ijaci county. The square lattice design was used in all experiments. The 35 families were also inoculated with races 65 and 321 of *C. lindemuthianum*. Through the inoculations and the *Co-4* SCAR marker the genetic constitutions of most of the 35 families were identified. Four families with Carioca grain type, upright plant type, high grain yield and bearing the *Co-4* and *Co-5* alleles for anthracnose resistance were selected.

* Guidance: João Bosco dos Santos – Universidade Federal de Lavras –UFLA

1 INTRODUÇÃO

Apesar do Brasil ser o maior produtor e consumidor mundial de feijão (*Phaseolus vulgaris*), ainda apresenta baixa produtividade média, cerca de 771 Kg/ha (CONAB, 2005), decorrente de fatores negativos, como o uso de práticas culturais inadequadas e a ocorrência de várias doenças. A preferência do mercado consumidor é por cultivares com grãos semelhantes aos da cultivar Carioca, embora elas sejam suscetíveis à maioria dos patógenos e apresentem plantas prostradas, favorecendo o contato das vagens com o solo, o que ocasiona danos às sementes (Ramalho e Abreu, 2006). A antracnose é uma das mais importantes doenças do feijoeiro (*Phaseolus vulgaris*) causado pelo *Colletotrichum lindemuthianum* (Sacc. E Magnus) Scrib. e apresenta ampla distribuição no Brasil, especialmente em áreas serranas nas regiões sul e sudeste, onde as temperaturas moderadas favorecem o seu desenvolvimento. Em plantas suscetíveis à antracnose, os sintomas podem aparecer em toda parte aérea e, em especial, nas vagens, podendo causar até 100% de perdas.

O emprego da resistência genética tem merecido especial destaque dentro de um sistema integrado de controle a doenças, pois não onera custos e não é perigoso para a natureza, para o agricultor e para o consumidor. Porém, devido à alta variabilidade do patógeno, as cultivares resistentes tornam-se suscetíveis, o que implica na necessidade de introdução de novos alelos de resistência (Pastor-Corrales et al., 1995; Young e Kelly, 1996). É de suma importância introduzir novas fontes de alelos de resistência e obter cultivares que possuam mais de um alelo de resistência, isto é, uma pirâmide de alelos para que elas fiquem protegidas de um grande número de raças e possuam resistência

mais duradoura (Mendonça, 1996). No entanto, para a construção da pirâmide de alelos de resistência, uma dificuldade é identificar todos os alelos que venham a ser piramidados em uma única linhagem. Através do uso de marcadores moleculares, essa dificuldade pode ser contornada, haja vista a existência de vários marcadores dos alelos de resistência para a antracnose (Queiroz et al., 2004). Entre os alelos de resistência, o Co-4 e Co-5 conferem proteção contra a maioria das raças vigentes nas principais regiões produtoras brasileiras (Ishikawa et. al., 2005).

Na obtenção de cultivares resistentes à antracnose, outros fenótipos de interesse agrônômico também necessitam ser considerados. Entre eles, estão o tipo de grãos aceitáveis pelo consumidor, como aquele semelhante ao da cultivar Carioca, o hábito de crescimento preferencialmente arbustivo, a adaptação e alta produtividade.

Com base nesses fatos, o objetivo desse trabalho foi selecionar famílias de feijão que reunissem, além da resistência à antracnose, outros fenótipos favoráveis como alta produtividade, grãos tipo Carioca e porte ereto.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 A CULTURA DO FEIJÃO NO BRASIL

O feijão (*Phaseolus vulgaris L.*) constitui importante fonte de proteínas, carboidratos e ferro, principalmente para a população brasileira de baixa renda. Além disso, apresenta expressiva importância econômico-social, pois demanda muita mão de obra, principalmente na colheita, constituindo, assim, uma importante fonte de trabalho no meio rural e mesmo urbano em determinadas regiões do país. É cultivado em praticamente todos os estados brasileiros, principalmente no Paraná, Minas Gerais, Bahia, São Paulo e Goiás, representando, conjuntamente, mais de 66% da produção (CONAB, 2005). Parte da produção é obtida de produtores pouco tecnificados, que reservam determinada quantidade da produção para seu sustento e vendem o excedente, o que contribui para a estagnação e a falta de competitividade da cultura em relação às demais. Segundo Borém & Carneiro (2006), o cultivo do feijão utiliza cerca de sete milhões de homem/ dia-ciclo de produção, envolvendo 295.000 produtores, considerando apenas o Estado de Minas Gerais, que ocupa o primeiro lugar no ranking nacional de produção de feijão, totalizando 566,00 mil toneladas (CONAB, 2005). Considerando todo o estado de Minas Gerais, o feijão pode ser semeado de janeiro a dezembro, mas as diversas áreas de produção apresentam, cada uma delas, as épocas preferenciais, que basicamente dependem das condições climáticas. Didaticamente, podem-se classificar as épocas de plantio do feijão pelas datas de plantio e colheita. Assim, tem-se o cultivo de primavera-verão, que constitui o que os agricultores denominam feijão das “águas”, com plantio concentrado nos meses de outubro e novembro; o cultivo de verão-outono, também chamado de safra da seca, com plantio nos

meses de fevereiro a março; o cultivo de outono-inverno, a safra do inverno, com a semeadura no outono (abril a junho) e colheita no inverno e o cultivo de inverno-primavera, uma vez que em áreas de inverno mais rigoroso, a semeadura, muitas vezes, é realizada em pleno agosto, com o objetivo de a cultura irrigada escapar dos rigores do frio. Neste caso, a colheita acontecerá em novembro (Vieira, 2004). As safras das águas e da seca são cultivadas de forma tradicional, por pequenos e médios agricultores, muitos ainda utilizando sistemas consorciados e baixo nível tecnológico. No entanto, a safra de inverno é praticada, na maioria dos casos, por empresários agrícolas, utilizando alta tecnologia (Araújo, 1998).

Apesar da grande importância da cultura, o consumo *per capita* de feijão no Brasil reduziu 22,4% nos últimos anos, tendo como possíveis causas o êxodo rural, as alterações dos padrões de consumo da população, que vêm priorizando alimentos de preparo rápido, maior variedade de fontes protéicas, bem como a instabilidade de oferta do produto. Uma das causas da baixa produtividade da cultura e da instabilidade de oferta do produto é a ocorrência de várias doenças, principalmente porque a maioria das cultivares é suscetível. Entre as cultivares utilizadas no Brasil, a maioria corresponde àquelas com o tipo de grão semelhante ao da cultivar Carioca, a qual é a preferida e suscetível à maioria dos patógenos importantes (Ramalho & Abreu, 2006).

2.2 ANTRACNOSE DO FEIJOEIRO

Entre as doenças que afetam a cultura, a antracnose, causada pelo fungo *Colletotrichum lindemuthianum*, ocorre em todo o Brasil e com grande intensidade em Minas Gerais. Ela é uma das restrições mais importantes para a produção desta leguminosa no Brasil. Prevalece nas zonas produtoras, especialmente nas regiões sul e sudeste, assim como em áreas serranas, onde as

temperaturas moderadas favorecem o seu desenvolvimento. A transmissão do patógeno, através das sementes infectadas, é altamente eficiente para sua disseminação, possibilitando o intercâmbio de diferentes patótipos entre diversas regiões produtoras (Rava et. al., 1994). As perdas ocasionadas pela antracnose podem chegar a 100% e, além de diminuir o rendimento da cultura, a antracnose deprecia a qualidade do produto, por ocasionar manchas no grão, tornando-o indesejável para o consumo (Chaves, 1980).

2.2.1 Sintomas da antracnose

A infecção do feijoeiro pelo *C. lindemuthianum* pode provocar sintomas em toda a parte aérea da planta (Chaves, 1980). Surgem lesões de tamanhos variados em folhas, hastes, vagens e sementes. Quando a fonte da infecção é a semente, os primeiros sintomas são lesões necróticas nas folhas cotiledonares. As lesões foliares ocorrem principalmente nas nervuras, de cor vermelho-alaranjada à púrpura, tornando-se posteriormente, de cor escura. A infecção também pode ocorrer no pecíolo da folha, em casos severos, enfraquecendo-a a tal ponto que as folhas se dobram no sítio da lesão. Nas vagens, as lesões apresentam-se como cancos deprimidos, de forma arredondada, com margens ligeiramente proeminentes, delimitadas por um anel preto, com borda laranja-avermelhada (Paula Jr. & Zambolim, 2004). Quando as condições ambientais são favoráveis, forma-se uma massa de esporos de coloração rosada, no meio das lesões. Vagens novas chegam a murchar e secar se a infecção for severa. A partir das vagens, o fungo pode atingir os cotilédones e o tegumento da semente em desenvolvimento. As sementes infectadas apresentam-se freqüentemente descoloridas e com lesões na forma de cancos ligeiramente deprimidos (Mohan et. al., 1989).

2.2.2 Variabilidade do patógeno

O fungo *C. lindemuthianum* possui ampla variabilidade em relação à capacidade de causar doença em várias cultivares. Tal variabilidade é identificada como diferentes raças fisiológicas (Sartorato, 2002; Silva, 2004; Talamini et al., 2004). Vários fenômenos são responsáveis pela variabilidade em fungos, entre eles, mutação, recombinação sexual, heterocariose, parassexualidade, transposons, fatores citoplasmáticos e, recentemente, o polimorfismo cromossômico que foi também considerado como fator responsável pelo aumento da variabilidade. Ambas as formas do patógeno (mitospórica e meiospórica) possuem ampla variabilidade genética, que são diferenciadas por meio de estudos de patogenicidade em plantas hospedeiras. Há variações dentro de populações selvagens de fungos, que não apresentam ciclo sexual na natureza. Há também muitos relatos de variabilidade em isolados monospóricos, quando mantidos e cultivados em laboratório (Leslie e Dickman, 1991; citado por Rocca; 2002). Alguns pesquisadores argumentam que a mutação é a principal fonte de variabilidade em fungos sendo que a recombinação sexual, a recombinação assexual por meio do ciclo parassexual e determinantes citoplasmáticos têm extrema importância na biologia reprodutiva de fungos conidiais e também de outros fungos. Com isso, surgem novas combinações alélicas nas populações, as quais sofrem seleção e dispersão quando ocorrem migrações de indivíduos de um local ao outro.

Devido à ampla diversidade de virulência do *C. lindemuthianum*, pode-se observar um elevado número de raças fisiológicas. Inicialmente Barrus (1911) ao observar que cultivares de feijão se comportaram de formas diferentes quando inoculadas com isolados de diferentes procedências, verificou a existência de duas raças distintas do patógeno, as quais foram denominadas alfa e beta.

Desde a primeira identificação de variabilidade patogênica nesse fungo, um grande número de raças foi identificado em todo o mundo. Para isso, vários procedimentos de identificação e cultivares diferenciadoras foram empregados, gerando uma miscelânea de nomes para as raças. Essa situação gerava grande dificuldade para o melhoramento visando resistência, principalmente quanto à identificação da fonte adequada de resistência a ser utilizada.

Habgood (1970), com a preocupação de padronizar o sistema de nomenclatura, a fim de facilitar comparações entre resultados de diferentes regiões, propôs um critério que foi aprovado em reunião realizada no Centro Internacional de Agricultura Tropical, em 1988 (CIAT, 1990). Essa nomenclatura é baseada num sistema binário, usando 12 cultivares diferenciadores de feijão (d_i), que são identificadas ordenadamente pelos números de 1 a 12. A designação de uma raça é obtida pela soma dos valores numéricos (2^{d_i-1}) de cada cultivar diferenciadora, que é suscetível a essa raça. Com este procedimento, realizaram-se análises da variabilidade patogênica de *C. lindemuthianum* no período de 1994 a 2002 e identificou-se um total de 50 raças no Brasil (1, 5, 7, 8, 17, 23, 31, 55, 64, 65, 67, 69, 71, 72, 73, 75, 77, 79, 81, 83, 85, 86, 87, 89, 93, 95, 96, 97, 101, 102, 105, 109, 111, 117, 119, 121, 123, 125, 127, 137, 193, 217, 249, 320, 321, 337, 339, 343, 453, 585) (Rava et. al., 1994; Andrade et. al., 1999; Thomazella et. al., 2000; Sartorato, 2002). Entre as raças, as mais freqüentes foram 65, 73, 81 e 87 (Alzate-Marin & Sartorato, 2004). Silva (2004) identificou dezenove raças distintas entre 88 isolados, oriundos do Paraná, Minas Gerais, Goiás, Bahia, Rio Grande do Sul, Mato Grosso do Sul, Santa Catarina, São Paulo, Distrito Federal e Costa Rica. Verificou-se que as raças 65, 81 e 73 apresentaram maior estabilidade em relação às demais, fato evidenciado por sua maior freqüência, observada neste levantamento e no levantamento dos últimos dez anos.

Na tabela 1, estão relacionadas as 12 cultivares diferenciadoras na ordem em que elas devem ser utilizadas no método binário, com os respectivos alelos principais de resistência e seus valores numéricos.

A identificação dos diferentes genes é feita por *Co* de *Colletotrichum* (Basset,1996). Além dos alelos principais das diferenciadoras, algumas possuem também outros alelos de resistência, em diferentes genes, como é o caso da G2333, que possui além do *Co-4*², o *Co-5* e o *Co-7* (Pastor Corrales et al., 1995). O alelo *Co-4*³ ocorre também na linhagem PI207.262 e o *co-8* na AB 136. Além desses alelos e dos listados na tabela 1, há também o alelo *Co-10* que ocorre na cultivar Ouro Negro e o alelo *Co-3*², presente na cultivar Dark Red kidney. Observe que nem todos os alelos de resistência estão representados nas cultivares diferenciadoras, justificando a alteração do grupo de cultivares para aumentar a eficiência de identificação da variabilidade patogênica.

2.2.3 Piramidação de alelos de resistência

O método de controle mais prático da antracnose é a utilização de cultivares resistentes. Há, no entanto, o problema da durabilidade de uma cultivar resistente, quando portadora de apenas um alelo de resistência. A maioria dos alelos de resistência à antracnose confere resistência completa a um grande número de raças e, por isso, dificulta a identificação de cultivares que são portadoras dos mesmos, por meio de inoculação. Isso porque, seria necessário utilizar raças específicas para identificação da presença desses alelos, em um dado genótipo de feijão, as quais nem sempre são disponíveis.

Devido à pequena durabilidade das cultivares resistentes com apenas um alelo, uma alternativa para aumentar a vida útil dos alelos verticais de resistência de genes diferentes é a colocação dos mesmos em uma única cultivar, isto é, uma pirâmide de genes (Young & Kelly, 1997). Segundo Flor (1971), uma das

TABELA 1. Cultivares, sistema binário e valor de cada cultivar ou seu principal alelo de resistência utilizada na identificação de raças de *C. lindemuthianum* (CIAT, 1990).

Cultivares em ordem de utilização	Alelos de Resistência	Sistema Binário	Valor numérico das cultivares	
			Suscetível	Resistente
1. Michelite		2 ⁰	1	0
2. Dark Red Kidney	<i>Co-1</i>	2 ¹	2	0
3. Perry Marrow		2 ²	4	0
4. Cornell 49-242	<i>Co-2</i>	2 ³	8	0
5. Widusa	<i>Co-1⁴Co-1⁵</i>	2 ⁴	16	0
6. Kaboon	<i>Co-1²</i>	2 ⁵	32	0
7. México 222	<i>Co-3</i>	2 ⁶	64	0
8. PI 207262	<i>Co-9</i>	2 ⁷	128	0
9. TO	<i>Co-4</i>	2 ⁸	256	0
10. TU	<i>Co-5</i>	2 ⁹	512	0
11. AB 136	<i>Co-6</i>	2 ¹⁰	1024	0
12. G 2333	<i>Co-4²</i>	2 ¹¹	2048	0

maneiras mais eficientes para controle de doenças em plantas é o desenvolvimento de cultivares com mais alelos de resistência vertical de genes diferentes. Para a construção de uma pirâmide de alelos, existem duas dificuldades principais: a primeira é conseguir vários alelos verticais de resistência e eficientes para o controle do patógeno, nas principais regiões produtoras, e a identificação da presença de dois ou mais alelos de resistência em um único genótipo. Uma possível solução para esse problema é o uso de marcadores moleculares, como os de DNA (Ferreira & Grattapaglia, 1998). Entretanto, é necessário que o marcador seja reproduzível e que esteja

intimamente ligado ao alelo de resistência. Uma vantagem para o melhoramento do feijoeiro visando construção de pirâmides de genes é o fato de a maioria dos alelos de resistência mais importantes já estarem marcados e já haverem informações disponíveis dos *primers* que amplificam os marcadores.

Os problemas iniciais de repetibilidade entre laboratórios, motivados pela sensibilidade do RAPD às condições de reação de amplificação, podem ser superados por meio da padronização da técnica e da utilização de bandas fortes, que são mais especificamente amplificadas pelo *primer* (Ferreira & Grattapaglia, 1998). Atualmente, é possível aumentar a repetibilidade de um marcador RAPD de interesse mais específico, transformando-o em um PCR, que é denominado SCAR (Melotto et. al., 1996). Para isso, é necessário isolar o fragmento de RAPD de interesse, sequenciá-lo e construir um par de *primers* com cerca de 20-25 bases, que amplificam o fragmento em apreço. Porém, vários marcadores ainda estão relativamente distantes dos alelos de resistência, como é o caso do SCAR SAB03, que se recombina a 12,95% do alelo *Co-5* (Vallejo e Kelly, 2001), tornando-o ineficiente para a seleção assistida, principalmente por ele ser um marcador dominante e quando é usado em programa de retrocruzamento (Couto, 2005). Outro resultado obtido por meio de SCARs, que teve como objetivo selecionar famílias com a presença do alelo de resistência, foi o de Silva & Santos (2001), que detectaram a ligação entre o marcador identificado pelo *primer* OPL04 e o alelo *Co-4*² e indicam esse marcador como excelente para seleção assistida devido a sua ligação completa com o alelo *Co-4*². Outro exemplo é o marcador SAS13, ligado ao *Co-4*, que amplifica todos os alelos desse loco e, por se encontrar dentro do alelo, não se observa recombinantes.

Diferentes cultivares que levam o alelo *Co-4* e seus derivados e os alelos *Co-6* e *Co-5*, que individualmente ou em associação com outros alelos, conferem uma resistência durável. A cultivar G2333 possui três alelos de resistência à antracnose: *Co-4*², *Co-5*, e *Co-7* (Pastor-Corrales et. al., 1994). O

alelo mais efetivo nesta pirâmide é $Co-4^2$, que confere resistência a 33 entre 34 diferentes raças de *Colletotrichum lindemuthianum*, existentes em 9 países diferentes nas Américas (Balardin et. al., 1997). Três marcadores SCAR foram utilizados, visando facilitar o uso deste alelo na obtenção de resistência à antracnose: SAS13, a 0.39 cM do alelo $Co-4^2$ (Melotto e Kelly, 2000), SH18 a 4.27 ± 2.37 cM e SBB14 a 5.87 ± 1.93 M (Awale e Kelly, 2001).

2.3 CARACTERES AGRONÔMICOS DESEJÁVEIS

Como já salientado, o método de controle mais prático e viável da antracnose é a utilização de cultivares resistentes e tem sido amplamente utilizado em diversos países. Na obtenção de novas cultivares resistentes à antracnose, outros fenótipos de interesse agronômico também necessitam ser considerados. Entre eles estão o tipo de grãos aceitáveis pelo consumo, como aqueles semelhantes ao da cultivar carioca; porte ereto, o que evita perdas na colheita e favorece à colheita mecanizada; resistência à mancha angular, que é outro patógeno importante e que causa grandes perdas na cultura, além da adaptação e alta produtividade, que são essenciais na aceitação de uma nova cultivar.

2.3.1 Tipo de grão

Apesar da preferência por alguns tipos no Brasil, há enorme variabilidade para uma série de caracteres (Santos & Galvilanes, 1998). Ela é particularmente expressiva para os caracteres associados aos grãos, especialmente tamanho e cor. Nesse último caso, é possível encontrar as mais variadas cores, com diferentes padrões de distribuição dessas cores nos grãos. Como os caracteres relacionados ao grão, têm grande importância na aceitação

comercial de uma determinada cultivar, os melhoristas têm dado atenção à preferência regional por tipo de grão ao recomendar uma cultivar. Em Minas Gerais, na Zona da Mata, a preferência recai sobre os grãos de cor preta, vermelha e do tipo carioca. No Alto Parnaíba e Triângulo Mineiro, os feijões de cor roxa e amarela ocupam uma parcela do mercado. Contudo, o tipo de grão carioca é o aceito em maior parte do país, isto é, grão creme com listras marrons, sendo os mais claros possíveis e sem halo amarelo. Um exemplo de insucesso foi a cultivar Carioca 80, criada pelo Instituto Agronômico de Campinas em 1980, embora tenha associado boa produtividade e o alelo *Co-2* de resistência à antracnose, o primeiro usado no Brasil. Porém, apresenta halo de cor amarela e a cor de fundo (da semente) ligeiramente escura, associando-a com semente velha, estigmatizaram a cultivar como de baixa capacidade de cozimento. Outro caráter, associado à aceitação da cultivar do tipo Carioca é o tamanho dos grãos. A preferência é para grãos de tamanho médio, isto é, com grãos pesando de 23 a 25 gramas (Ramalho & Abreu, 2006).

Estima-se que haja pelo menos 18 genes controlando a cor do grão, vários deles com alelos múltiplos e, além de serem muitos, eles interagem entre si, dificultando o entendimento do seu modo de ação (Leakey, 1988; Basset, 1996 e Baldone et.al., 2002). Em função da importância dessa característica, os programas de melhoramento devem dar ênfase à seleção para determinados tipos de grãos, especialmente o carioca. Essa seleção deve ser realizada logo nas primeiras gerações, para se evitar a perda de recursos e de tempo na avaliação de famílias, cujos grãos não terão aceitação comercial (Ramalho et. al., 1993). Vale salientar que a seleção para cor do grão é eficiente desde a geração F_2 , devido à herdabilidade elevada do caráter, apesar do grande número de genes envolvidos.

2.3.2 Porte da planta

Um dos componentes mais importantes, no que se refere ao porte, é o hábito de crescimento. As plantas de hábito determinado desenvolvem inflorescência no ápice da haste principal e das hastes laterais, sendo que o florescimento ocorre do ápice para a base (Santos & Gavilanes, 1998). No hábito indeterminado, os meristemas apicais da haste principal e das laterais continuam vegetativos durante o florescimento, que ocorre da base para o ápice. O hábito de crescimento pode ser classificado em quatro tipos: tipo I, plantas de crescimento determinado e arbustivo; tipo II, plantas com crescimento indeterminado e guia curta; tipo III, plantas de crescimento indeterminado e guia longa; e tipo IV, semelhante ao tipo III, porém, com plantas mais volúveis e com internódios mais longos.

Com a finalidade de facilitar os tratos culturais e redução de perdas por ocasião da colheita, obtendo-se assim grãos com melhor qualidade, a arquitetura da planta vem recebendo ênfase nos programas de melhoramento, procurando-se novas cultivares próximas do ideótipo (Adams, 1982).

No controle genético desse caráter, há predominância de efeito aditivo, evidenciando a possibilidade de sucesso com a seleção, especialmente se esta for realizada após a avaliação em algumas gerações e/ou ambientes (Teixeira et al., 1999; Couto, 2005). Collicchio et al. (1997) verificaram correlações positivas, porém de pequena magnitude, entre arquitetura de planta e produtividade de grãos. Já a correlação entre o peso de 100 sementes e a produção é positiva, podendo-se inferir que é possível obter cultivares com porte ereto, boa produtividade e qualquer tamanho de sementes.

2.3.3 Produtividade de grãos

O controle genético da produção em feijão, estudados por Santos et al., (1985), demonstraram que a ação gênica aditiva é predominante em relação à

dominância. O caráter tem herança quantitativa, devido ao controle poligênico a acentuada influência ambiental. Nesse caso, a interação genótipos por ambientes é especialmente importante, pois esta cultura tem seu cultivo estendido desde latitude de 5°N até 34°S no Brasil. Além da grande amplitude geográfica de cultivo, podem ser obtidas três safras anuais e existem inúmeras condições tecnológicas de seus produtores (Ramalho et al., 1993). Portanto, nos programas de melhoramento, deve-se considerar o comportamento médio das cultivares e das populações segregantes para a seleção dos materiais a serem utilizados.

Outro ponto importante é a avaliação, em condições de campo, num programa de melhoramento que visa resistência à doenças. A avaliação dependerá da distribuição do patógeno e dos critérios utilizados pelo avaliador. Visto que a correlação entre produtividade de grãos e a nota dos sintomas é negativa e alta (Ramalho et al., 1993), espera-se que as famílias mais produtivas sejam também as mais resistentes ao patógeno e prevaleçam na região. No entanto, a falta de correlação entre o caráter produção de grãos e os dados obtidos com o uso de escala de danos já foi constatada (Bergammin Filho et al., 1995; Jesus Júnior et al., 2002; Pereira, 2003; Parrella et al., 2005). Isso ocorre porque a produção depende da área sadia, verde, fotossintetizante, das folhas e não da área doente, necrosada, depauperada, ocupada pelo patógeno (Bergammin Filho et al., 1995).

Abreu et al. (2003) constatou que é possível encontrar plantas produtivas e resistentes sob alta severidade da doença. Ficou também evidenciado que, mesmo não sendo efetuada a seleção para resistência a *C. lindemuthianum*, indiretamente isso ocorre, sem custo adicional, pela identificação das famílias mais produtivas, desde que o experimento seja conduzido na presença do patógeno.

2.4 MELHORAMENTO DO FEJJOEIRO

O feijoeiro é uma espécie autógama, ou seja, há o predomínio da autopolinização. Os métodos empregados no melhoramento utilizam a variabilidade natural, como a introdução de linhagens e/ou cultivares e a seleção de linhas puras e aqueles que utilizam a variabilidade produzida pela hibridação entre duas ou mais linhagens diferentes.

A hibridação tem o objetivo de combinar, em um indivíduo, alelos favoráveis que se encontravam em indivíduos diferentes. Assim, a variabilidade genética, gerada por um dado cruzamento, pode ser explorada, a partir da geração F_2 . No caso de caracteres de alta herdabilidade, como resistência à antracnose, cor e peso dos grãos, já se pode praticar a seleção a partir da F_2 . No caso de caracteres de menor herdabilidade, como produtividade de grãos, é necessário conduzir as populações segregantes até gerações mais avançadas, quando as plantas já estão praticamente em homozigose (F_5 ou F_6). Nesse caso, devem-se avaliar as linhagens em parcelas com maiores números de plantas e repetições, para se ter maior eficiência na seleção (Ramalho et al., 2001).

Existem vários métodos de condução das populações segregantes e, entre eles destaca-se o *bulk* dentro de famílias, que associa os dois principais métodos de condução das populações segregantes de espécies autógamas, o genealógico e o *bulk*, tendo, sobre os dois isolados, a vantagem de reduzir o efeito da amostragem existente no *bulk* e o trabalho com a anotação da genealogia, próprio do método genealógico (Silva, 2005). A principal diferença entre esse método e o *bulk* original é que nele a abertura das famílias é feita mais precocemente. Assim, ao contrário do que acontece no *bulk* original, em que as famílias ao serem abertas (normalmente na geração F_5 ou F_6) já são praticamente homozigóticas, no *bulk* dentro de famílias, essas ainda estão segregando e, assim, são conduzidas por mais algumas gerações, sendo posteriormente selecionadas as melhores famílias e as melhores linhagens dentro dessas

famílias, com base no seu desempenho durante essas gerações. A adoção desse método possibilita a avaliação das famílias com base em resultados experimentais e não em seleção visual e, além disso, como a avaliação é feita em mais de um ano agrícola, a seleção é mais segura, uma vez que é baseada no desempenho médio das famílias, o que atenua a interação dos genótipos por ambientes.

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 MATERIAL

Foram utilizadas 224 famílias $F_{2,3}$, provenientes de cruzamentos entre os genitores CNFC 10706 do Programa de Melhoramento de Feijoeiro da Embrapa Arroz e Feijão, B1 e o H147 do Programa de Melhoramento de Feijoeiro da UFLA (Tabela 2). Foram tomadas 39 plantas F_2 do cruzamento CNFC 10706 x B1, 60 do cruzamento B1 x H147 e 126 do cruzamento CNFC 10706 x H147, para gerarem as famílias $F_{2,3}$. Como testemunha foi utilizada a cultivar Talismã.

3.2 LOCAIS

Os experimentos foram conduzidos na área experimental do Departamento de Biologia da Universidade Federal de Lavras (UFLA), Lavras-MG, a 910 m de altitude, 21° 14' S de latitude e 45° 00' W de longitude, na fazenda experimental da EPAMIG (Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais), Lambari, também na região sul do estado a 845 m de altitude, 21° 31' S de latitude e 45° 22' W de longitude e no município de Ijaci, localizado a oito quilômetros de Lavras e com 832 m de altitude, 21° 10' S de latitude e 44° 55' W de longitude.

As inoculações e o preparo do inóculo de *Colletotrichum lindemuthianum* também foram realizados no DBI/UFLA, no Laboratório de Resistência a Doenças de Plantas. A extração e análise molecular de DNA foram realizadas no laboratório de genética molecular (DBI – UFLA).

TABELA 2. Genitores, tipo de grão, porte, peso de cem sementes e alelo de resistência das linhagens utilizadas nos cruzamentos, Lavras- MG, 2004.

Genitor	Grão	Porte	Peso de cem sementes	Alelo de resist. à antracnose
CNFC10706	Carioca	-	28 -30g	-
B1	Carioca	II	20g	<i>Co-4</i>
H147	Carioca	II	25 – 30g	<i>Co-5</i>

3.3 AVALIAÇÕES DAS FAMÍLIAS NO CAMPO E INOCULAÇÕES COM AS RAÇAS DE *C. lindemuthianum*

3.3.1 SAFRA DE “INVERNO DE 2004”

Na safra de “inverno” de 2004, foram utilizadas as 224 famílias F_{2,3}, e, como testemunha, foi utilizada a cultivar Talismã. O delineamento experimental foi o látice simples 15 x 15, sendo as parcelas experimentais constituídas por 1 linha de 1m, em que foram avaliados o tipo e produção de grãos, para proceder a escolha das mais promissoras. Para a avaliação de tipo de grão, adotou-se uma escala semelhante à utilizada por Ramalho et al. (1998) e Santos (2001), com notas variando de um a cinco, em que: 1- típico grão carioca, cor creme com estrias marrom-claras, fundo claro, sem halo, grão não achatado; 2- grãos tipo carioca com deficiência em uma das características mencionadas no padrão; 3- grão tipo carioca, com deficiência em duas características mencionadas no padrão; 4- grão tipo carioca com deficiência em três das características mencionadas no padrão; 5- grãos creme com estrias marrom-escuras, fundo escuro, com halo, grãos achatados. A produção de grãos foi mensurada em

g/parcela e, posteriormente, transformada para Kg/ha, a fim de padronizar os dados, devido aos diferentes tamanhos de parcelas utilizadas.

3.3.2 SAFRA DA “SECA DE 2005”

Avaliaram-se, em Lavras e Lambari, as 99 famílias mais promissoras na safra de inverno de 2004 e também a cultivar Talismã. O delineamento experimental utilizado foi o látice triplo 10x10 com parcelas constituídas de duas linhas de 2 m. As famílias foram avaliadas com base na produtividade e tipo de grãos, e também quanto ao porte de plantas. Para a avaliação do porte, foi utilizado um diagrama de notas semelhante ao de Collicchio (1995), com notas variando de 1 (totalmente ereto) a 5 (totalmente prostrado), também por meio de dois avaliadores.

Procedeu-se também a inoculação das famílias com as raças 337 e 593 de *C lindemuthianum*, para verificação da presença dos alelos de resistência *Co4* e *Co5*, ou ambos, provenientes das linhagens genitoras B1 e H147, respectivamente (Figura 1). O inóculo foi obtido a partir de uma suspensão de conídios, adicionando-se água destilada que, em seguida, foi coada através de tecido de filó e armazenada em um becker esterilizado. A concentração dos conídios, presentes na suspensão, foi determinada em um hemacitômetro e diluída para a concentração de $1,2 \times 10^6$ conídios ml^{-1} . Para avaliar a reação de cada raça, adotou-se o seguinte procedimento: as linhagens foram semeadas em bandejas de isopor, contendo substratos plantimax, sendo utilizadas doze sementes de cada. A inoculação foi realizada cerca de dez dias após a semeadura, quando as plantas apresentaram as folhas primárias abertas, pulverizando a suspensão de esporos sobre as duas faces das folhas e caule das plantas. Após a inoculação, as plantas foram mantidas sob condições de 100% de umidade relativa do ar e temperatura de 20°C por três dias, em câmaras com

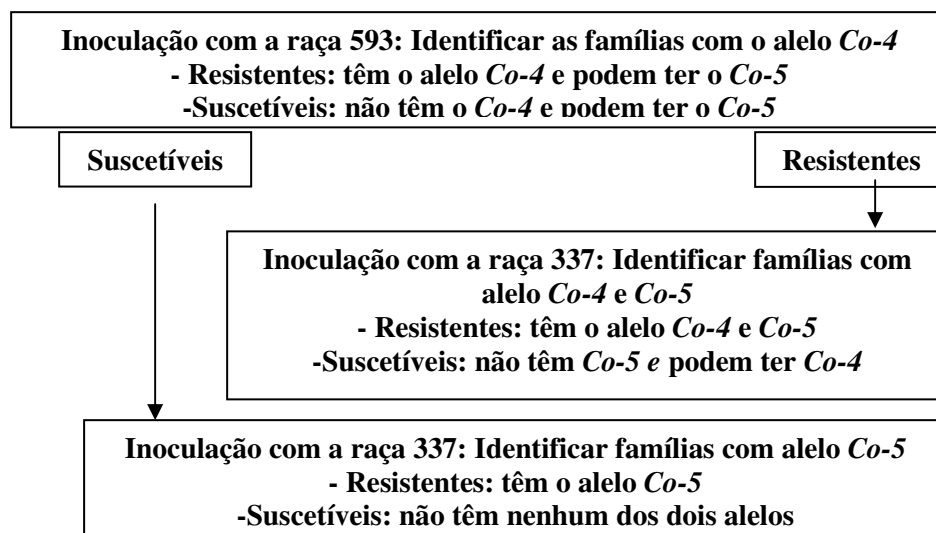


FIGURA 1. Esquema de inoculações para identificação da constituição genética das famílias quanto aos alelos de resistência à antracnose, para auxílio na seleção na seca de 2005.

12 horas de luz, alternadas por 12 horas de escuro. Foi avaliada a reação ao patógeno, visualmente, por meio dos sintomas da doença, considerando apenas as famílias com resistência completa, as segregantes e as suscetíveis.

3.3.3 SAFRA DE “INVERNO/2005”

Foram avaliadas 35 famílias previamente selecionadas na safra da seca/2005 com base na reação ao *C lindemuthianum* (resistentes ou segregantes às duas raças do patógeno), com melhores notas para porte, tipo de grão e boa produtividade, juntamente com a testemunha Talismã. Foi utilizado o delineamento látice 6x6 com três repetições e parcelas constituídas de duas linhas de dois metros, no município de Ijaci –MG.

Essas famílias foram novamente inoculadas, coma as raças 65 e 321, (Figura 2).

3.3.4 PROCEDIMENTOS EXPERIMENTAIS

A Tabela 3 expõe um resumo das safras e locais em que foram conduzidas avaliações, número de famílias avaliadas, as características consideradas e as gerações empregadas.

Todos os experimentos receberam adubação na sementeira, com cerca de 300kg/ha da fórmula 8-28-16 (N-P₂O₅-K₂O), mais 150kg/ha de sulfato de amônio em cobertura. Os experimentos foram irrigados por aspersão, quando necessário. Em todos os experimentos o espaçamento entre linhas foi de 50cm e a densidade de sementeira foi de quinze sementes por metro linear. Os demais tratamentos culturais foram os normalmente utilizados para a cultura.

3.4 IDENTIFICAÇÃO DE FAMÍLIAS COM O ALELO *Co-4* POR MEIO DO MARCADOR SCAR

Para verificar a presença do alelo *Co-4* de resistência à antracnose nas famílias, foi utilizado o marcador SCAR, ligado a esse alelo e amplificado pelo *primer* SAS 13 (Young et al., 1998).

3.4.1 Extração de DNA

De cada família foram coletadas cerca de 2g de folhas jovens de 12 plantas para a extração de DNA, utilizando-se um procedimento modificado de Rogers & Bendich (1988). As folhas foram maceradas com areia esterilizada, juntamente com 10ml do tampão de extração pré-aquecido a 65°C (0,2g de

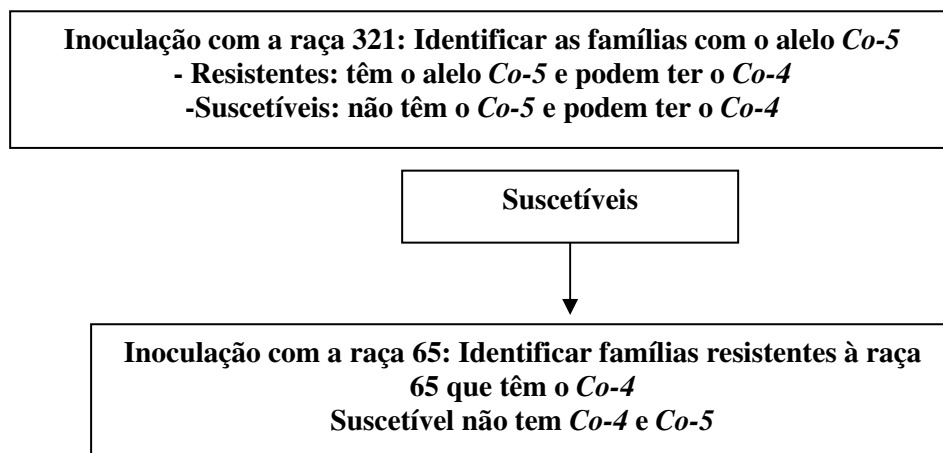


FIGURA 2. Esquema de inoculações para identificação da constituição genética das famílias, quanto aos alelos de resistência à antracnose, para auxílio na seleção na safra de inverno de 2005.

TABELA 3. Avaliações realizadas das famílias em experimentos de campo, nas diferentes safras, gerações, locais de condução e características consideradas.

Safra, geração e nº de famílias	Locais de condução	Características avaliadas
Inverno de 2004 (F _{2,3}) 224	Lavras	Tipo e produtividade de grãos
Seca de 2005 (F _{2,4}) 99	Lavras	Tipo e produtividade de grãos e porte.
	Lambari	Produtividade de grãos
Inverno de 2005 (F _{2,5}) 35	Ijaci	Tipo e produtividade de grãos e porte.

brometo de cetiltrimetil-amônio; 1 ml de Tris 1M, 0,4 ml de EDTA 0,5M, 0,82 e água pura para completar 10 ml) e 20µl de 2-β-mercaptoetanol. Em seguida, o macerado foi mantido em banho-maria a 65°C por 30-40 minutos, agitando-se 3 a 4 vezes. Após, foram adicionados 10ml da solução 24 clorofórmio: 1 álcool isoamil e a suspensão foi homogeneizada e centrifugada durante 10 minutos na velocidade de 5.000 rpm. O sobrenadante foi coletado, misturado com 30 ml da solução 6 álcool 95°: 1 acetato de amônio 7,5M e mantido no freezer por cerca de uma noite. Em seguida, foi coletado o DNA e foram adicionados de 200-300µl de Tris 1mM e EDTA 0,1 mM, pH 8,0 (TE). Após o DNA ter se dissolvido, ele foi precipitado, com o triplo do seu volume, com a solução 20 álcool 95°: 1 acetato de sódio 3M e mantido no freezer por pelo menos uma hora. A solução de álcool-acetato foi eliminada e o DNA, dissolvido em 200-300 µl de TE. A operação seguinte constituiu em quantificar a concentração do DNA em fluorímetro (Hofer Scientific). Para isso, foram usados 2 µl da solução de DNA em 2ml de tampão (Tris 10mM, EDTA 1,0mM, NaCl 0,1M, pH 7,4), juntamente com 0,1 µg/ml do corante H32258. Após, o DNA foi diluído com TE para a concentração de 10ng/ µl, que foi usada nas análises de PCR.

3.4.2 Análise PCR

Cada reação PCR foi realizada misturando-se os seguintes ingredientes com as respectivas concentrações (Nienhuis et al., 1995): 200µM dNTPs, 0,6unidades de Taq DNA polimerase, 0,5µM de cada primer, tampão de reação (50mM Tris, 1,5mM MgCl₂, 20mM KCl, 250µg/ml de albumina de soro bovino, 1% de ficoll 400, 1mM de tartrazine), 20ng do DNA genômico e água pura até o volume final de 10µl. O dNTP corresponde a uma mistura equitativa de ATP, GTP, CTP e TTP. O primer de 20-25 pares de bases é o SAS 13 (Young et al.,

1998), que se encontra a 0,39 cM do alelo *Co-4²* (Awale e Kelly, 2001). As reações de amplificação foram realizadas num termociclador Eppendorf, seguindo recomendações do fabricante.

Os fragmentos de DNA amplificados foram separados em gel de agarose a 1,0% em tampão TBE (Tris, ácido Bórico e EDTA) e em uma corrente de 40-50V. Os fragmentos de DNA foram tratados com brometo de etídeo (0,5µg/ml) por 30-50 minutos e foi retirado o excesso de corante por 15-30 minutos com água destilada, sob agitação. A visualização foi feita em transiluminador de luz ultravioleta e as imagens foram capturadas na câmara digital KODAK EDS 290 e arquivadas através do software KODAK 1D Image©.

3.5 ANÁLISE DOS DADOS DE CARACTERÍSTICAS AGRONÔMICAS

As características avaliadas nos experimentos de campo foram submetidas à análise individual de variância, segundo o seguinte modelo estatístico:

$$Y_{ijk} = \mu + b_{k(j)} + r_j + t_i + e_{ijk}$$

Onde:

Y_{ijk} : é a observação do *i* étimo tratamento no bloco *k* dentro da repetição *j*;

μ : é o efeito fixo da média geral;

$b_{k(j)}$: é o efeito aleatório do bloco *k* dentro da repetição *j* (*j* = 1,2, ..., *B*);

t_i : é o efeito fixo de famílias derivadas de planta *F₂* *i* (*i* =1,2,..., *T*);

r_k : é o efeito aleatório da repetição *j* (*j* = 1, 2,..., *R*);

e_{ijk} : é o erro efetivo experimental associado à observação Y_{ijk} , tendo, $e_{(ijk)} \cap N(0, \sigma^2)$.

Posteriormente, foi realizada a análise conjunta por ambientes, considerando as médias ajustadas dos tratamentos comuns. Vale ressaltar que, inicialmente, foi aplicado o teste de Bartlett, certificando-se, assim, da homogeneidade de variância do erro e indicando a possibilidade da realização das análises conjuntas (Ramalho et al., 2000).

O modelo estatístico adotado para a análise de variância conjunta das duas safras para as famílias comuns nos dois anos é o seguinte:

$$Y_{ijkl} = \mu + a_l + t_i + b_{k(jl)} + r_{j(l)} + (ta)_{il} + \bar{e}_{ij k(l)}$$

Onde:

Y_{ijk} : é a observação do i ésimo tratamento no bloco k , dentro da repetição j , na safra l ;

μ : é o efeito fixo da média geral;

a_l : é o efeito fixo da safra l ($l = 1$ e 2);

t_i : é o efeito fixo de famílias i ($i = 1, 2, \dots, T$);

$b_{k(jl)}$: é o efeito aleatório do bloco k , dentro da repetição j e da safra l ($k = 1, 2, \dots, R$);

$r_{j(l)}$: efeito aleatório da repetição j , dentro do local k , sendo ($j = 1, 2$ e 3);

ta_{il} : é o efeito da interação safras x famílias;

$\bar{e}_{ij(k)}$: é o erro efetivo médio experimental.

Considerando o efeito de tratamento como fixo estimou-se o coeficiente de determinação genotípico (h^2), que indica quanto da variação fenotípica observada entre as médias dos tratamentos é devida a causas genéticas. Esta estimativa será referida como herdabilidade (h^2), restrita ao conjunto de famílias utilizadas nesse trabalho. Estimaram-se, também, intervalos de confiança

segundo Knapp et al., (1985), para cada caráter, considerando as análises individuais e conjuntas.

As estimativas de herdabilidade foram obtidas por meio das expressões:

$$h^2 = (QM_{\text{famílias}} - QM_{\text{erro efetivo}}) / QM_{\text{famílias}}$$

Os estimadores para o cálculo dos intervalos de confiança foram os seguintes:

$$LI = \{1 - [(QM_{\text{famílias}} / QM_{\text{erro efetivo}}) F_{0,975; GL \text{ Erro}; GL \text{ Famílias}}]^{-1}\}$$

$$LS = \{1 - [(QM_{\text{famílias}} / QM_{\text{erro efetivo}}) F_{0,025; GL \text{ Erro}; GL \text{ Famílias}}]^{-1}\}$$

O ganho esperado com a seleção com as médias da análise conjunta foi estimado por meio da seguinte expressão:

$$GS(\%) = ds \cdot h^2$$

em que:

ds: diferencial de seleção, que é a diferença entre média das linhagens selecionadas e a média geral do experimento.

Foram estimadas as correlações fenotípicas para os caracteres avaliados, utilizando-se o programa computacional MSTATC e testadas pelo teste T.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 REAÇÃO DAS FAMÍLIAS AO *C. lindemuthianum*

Para a seleção das famílias mais promissoras, ênfase foi dada inicialmente no tipo de grãos e, posteriormente, também foram considerados o porte e a produtividade de grãos. Além desses caracteres, especial atenção foi dada à seleção para a resistência à antracnose, principalmente as famílias que reunissem os alelos *Co-4* e *Co-5*, provenientes respectivamente das linhagens B1 e H147. Com esse objetivo, procurou-se piramidar os referidos alelos, que é uma estratégia para permitir que as cultivares tenham uma resistência mais durável (Young e Kelly, 1996).

Das 99 famílias F_{2,4} foram inoculadas 55 com a raça 593, provenientes dos cruzamentos em que participam o genitor B1 e foram identificadas 26 resistentes: 26 segregantes: 3 suscetíveis. O teste foi significativo, sugerindo que houve problemas devido à pureza da raça ou mesmo na inoculação, uma vez que houve excesso da classe de resistente e deficiências das segregantes e , principalmente, da suscetível. Com a raça 337, foram inoculadas 79 famílias, que vieram dos cruzamentos onde se utilizou o genitor H147 e foram observadas, 13 famílias resistentes: 44 segregantes: 22 suscetíveis. Constatou-se que os números observados se ajustam aos esperados (¼ resistente: ½ segregante: ¼ suscetível) por meio do $\chi^2 = 2,9$ ($P \leq 0,01$), indicando que a herança do alelo *Co-5* é monogênica.

Foram selecionadas 35 famílias, com base não somente na resistência à antracnose (*Co-4* e *Co-5*), mas também quanto aos fenótipos, desejáveis da produtividade, tipo de grãos e porte. Essas famílias foram novamente inoculadas com as raças 321 e 65. A raça 321 foi utilizada para identificar aquelas famílias com presença do alelo *Co-5*, enquanto a raça 65 foi utilizada

devido a sua maior presença na região e a existência de variabilidade patogênica dentro da raça (Davide, 2006; Ishikawa et al., 2005).

A identificação das raças, utilizadas no trabalho, foi realizada segundo o método binário proposto por Habgood (1970). Segundo esse procedimento, a raça 593 somente não vence o alelo de *Co-4*, presente na linhagem B1. O valor binário desse alelo é $2^8 = 256$ e ele não é vencido por qualquer raça de valor 512 a 767, por exemplo. As raças 337 e 321 (primeira e segunda inoculação, respectivamente) foram utilizadas para identificação das famílias com o alelo de resistência *Co-5*, já que esse confere resistência a estas raças, pois ele somente é vencido por raças de número 512 a 1023, por exemplo, uma vez que o valor binário desse alelo é $2^9 = 512$.

Portanto, ficaram definidas as constituições genéticas da maioria das 36 famílias selecionadas (Tabela 4). Em razão da inoculação com a raça 593 não ter produzido a segregação fenotípica esperada, suspeitou-se da eficiência para identificar as famílias portadoras do alelo *Co-4*. Assim, para confirmar a presença do alelo *Co-4* nas famílias, foi utilizado o marcador SCAR, por meio do *primer* SAS13, que identifica diferentes alelos dominantes do gene *Co-4*, porque o segmento amplificado, possivelmente, é parte desses alelos (Awale e Kelly, 2001). Conforme pode ser visualizado na Figura 3, o marcador foi amplificado em 30 famílias, que também foram resistentes ou segregantes à raça 321 do patógeno, sugerindo então a possibilidade da presença dos dois alelos de resistência. Em razão de o SCAR ser um marcador dominante, não há a possibilidade de distinguir as famílias completamente resistentes das segregantes, devido ao alelo *Co-4*.

As famílias 8, 10 e 11, apesar de descenderem da linhagem B1, portadora do alelo de resistência *Co-4*, não amplificaram o marcador, em razão talvez da seleção, com base nas inoculações, ter sido de famílias não só resistentes, mas também segregantes quanto à reação ao patógeno. Portanto,

TABELA 4. Reação das famílias às raças 337, 321 e 65 de *C. lindemuthianum* e constituição genética quanto aos locos de resistência.

Famílias ¹	Raças de <i>C. lindemuthianum</i>			Constituição Genética		SCAR (Co-4)
	337	321	65	Co-4	Co-5	
1 (B1 x H)	R/S	R/S	R/S	Co-4?	Co-5?	Presente
2 (C x H)	R/S	R	R/S	-	Co-5?	Presente
3 (C x H)	R/S	R	R	-	Co-5?	Presente
4 (C x H)	R/S	R	R	-	Co-5?	Presente
5 (B1 x H)	R/S	R/S	R	Co-4	Co-5?	Presente
6 (B1 x H)	R	R	R	Co-4	Co-5	Presente
7 (B1 x H)	R/S	R/S	R	Co-4	Co-5?	Presente
8 (B1 x H)	R/S	R/S	R	-	Co-5?	Ausente
9 (C x H)	R/S	R	R	-	Co-5?	Ausente
10 (B1 x H)	R	R/S	R	-	Co-5?	Ausente
11 (B1 x H)	R/S	R/S	R	-	Co-5?	Ausente
12 (C x H)	R/S	R	R		Co-5?	Presente
13 (B1 x H)	R	R/S	R	Co-4	Co-5?	Presente
14 (C x H)	R/S	R	R	-	Co-5?	Ausente
15 (B1 x H)	R/S	R/S	R/S	Co-4?	Co-5?	Presente
16 (B1 x H)	R/S	R/S	R/S	Co-4?	Co-5?	Presente
17 (C x B1)	-	R/S	R	Co-4	-	Presente
18 (B1 x H)	R	R/S	R	Co-4	Co-5?	Presente
19 (B1 x H)	R	R	R	Co-4	Co-5	Presente
20 (B1 x H)	R/S	R/S	R/S	Co-4?	Co-5?	Presente
21 (B1 x H)	R/S	R	R/S	Co-4?	Co-5?	Presente
22 (B1 x H)	R/S	R/S	R/S	Co-4?	Co-5?	Presente
23 (C x B1)	-	R/S	R/S	Co-4?	-	Presente
24 (B1 x H)	R/S	R/S	R/S	Co-4?	Co-5?	Presente
25 (B1 x H)	R/S	R/S	R/S	Co-4?	Co-5?	Presente
26 (C x H)	R/S	R	R	-	Co-5?	Presente
27 (C x H)	R	R	R	-	Co-5	Presente
28 (C x H)	R/S	R	R	-	Co-5?	Presente
29 (B1 x H)	R	R	R	Co-4	Co-5	Presente
30 (C x B1)	-	R	R	Co-4	-	Presente
31 (B1 x H)	R/S	R	R	Co-4	Co-5?	Presente
32 (B1 x H)	R/S	R/S	R/S	Co-4?	Co-5?	Presente
33 (B1 x H)	R	R	R	Co-4	Co-5	Presente
34 (B1 x H)	R/S	R/S	R/S	Co-4?	Co-5?	Presente
35 (C x H)	R/S	R	R	-	Co-5?	Presente
Talismã	-	R	R	Co-4	-	Presente

R, S e R/S: famílias resistentes, suscetíveis e segregantes, respectivamente; ? indica possibilidade das famílias terem ou não os alelos de resistência. ¹ C= CNFC10706; H= H147.

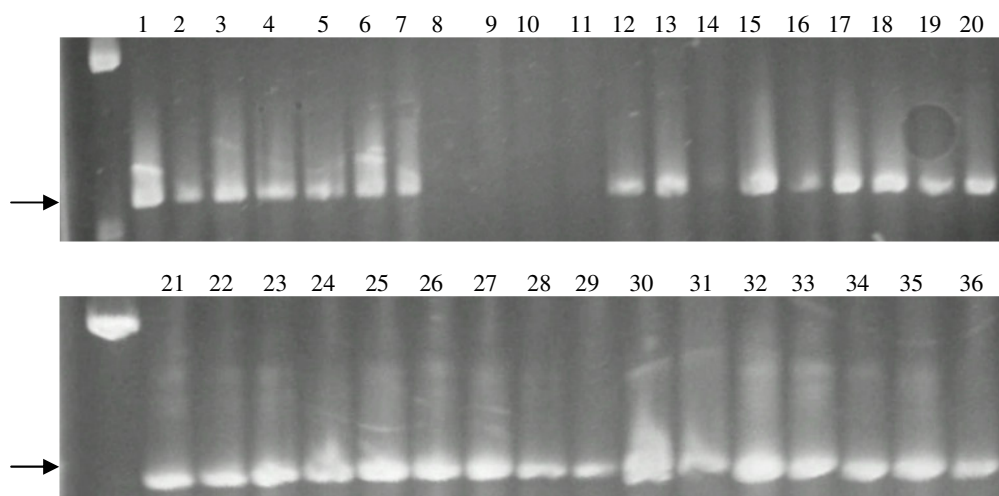


FIGURA 3: Perfil da banda de 950 pb, amplificada pelo marcador SAS13, nas 36 famílias selecionadas.

elas não devem ser portadoras do alelo de resistência *Co-4*, como previsto pela inoculações da raça 65. O fato das 35 famílias e a testemunha terem sido resistentes ou segregantes a essa raça, deduz-se que ela não era a variante patogênica intra-raça observada em algumas oportunidades (Davide, 2006). Outro fato relevante é a possibilidade de recombinação intragênica, que ocorre no loco *Co-4* (0,39 cM), gerando assim recombinantes suscetíveis, mesmo que numa taxa reduzida, porém, que amplificam o marcador (Melotto e Kelly, 2001).

Já as famílias 2, 3, 4, 26, 27, 28 e 35, que não possuíam como genitores linhagens com alelo *Co-4* de resistência, amplificaram o marcador. Porém, um de seus genitores, o CNFC 10706, apresenta alguma resistência à antracnose, sugerindo assim que possa ser portador de algum alelo do gene *Co-4*, porém diferente do alelo *Co-4*. É importante mencionar que o outro genitor dessas famílias foi à linhagem H147, descendente da diferenciadora G2333. Certamente a linhagem H147 não possui o alelo *Co-4*², como previsto por Pereira et al.

(2005), diante dos resultados das inoculações. Portanto, a presença do fragmento de DNA naquelas famílias só pode ter sido herdado do CNFC 10706. No caso da família 14, que não apresentou o marcador SCAR, deduz-se que ela não deve ser portadora do alelo Co-4, embora tenham sido segregante quando inoculada com a raça 321. Quanto à testemunha, a cultivar BRSMG – Talismã (36), o marcador foi amplificado, sugerindo a presença de resistência devido a um ou mais alelos do loco *Co-4*. Entretanto, a evidência de ser portadora do alelo *Co-5*, a partir da inoculação com a raça 321 discorda do resultado observado por Arruda et al. (2005) indicando, possivelmente, falha na inoculação.

Os resultados de inoculação com as raças 321 e 337 foram no geral concordantes (Tabela 4). Algumas discordâncias quanto as famílias serem completamente resistentes (R) ou segregantes (R/S), provavelmente ocorreram devido a problemas de amostragem dentro das famílias (12 plantas/família) ou de inoculação, como parece ter ocorrido com a testemunha Talismã.

4.2 PRODUÇÃO DE GRÃOS

As análises de variância individuais da produção de grãos nas safras de inverno/2004, seca/2005 em Lavras e Lambari e inverno/2005 em Ijaci, estão apresentadas na tabela 5. Observaram-se diferenças genéticas significativas ($P \leq 0,01$) entre as famílias apenas na safra de seca/2005 em Lavras.

A precisão experimental, medida pelo coeficiente de variação (CV), apresentou valores de 17,04% a 26,38% e estão entre os valores normalmente obtidos com a cultura (Marques Jr., 1997). Os maiores valores de CV foram obtidos nos experimentos da safra de inverno/2004, em Lavras e na safra da seca/2005 em Lambari. No inverno/2004, as famílias avaliadas eram constituídas de uma linha de um metro e duas repetições. A viabilidade do uso de parcelas pequenas na avaliação de famílias foi mostrada por Bertolucci et al.

TABELA 5. Resumo das análises de variância individuais da produção de grãos nas safras da seca de 2005 e inverno de 2004 e 2005, em Lavras, Lambari e Ijaci, e estimativa de herdabilidade (h^2) com os respectivos limites e inferior (h^2_{LI}) superior (h^2_{LS}).

ESTIMATIVA	INV/04	SECA/05		INV/05
	Lavras	Lavras	Lambari	Ijaci
Nº Famílias	225	100	100	36
QM Famílias	1095035,56	425053,620**	158589,74	176508,521
Média (Kg/ha)	3762,80	2441,83	1464,83	2565,28
Média/ testemunha	3132,52	2522,66	1517,52	2829,20
Efic. Látice (%)	2,07	0,82	45,63	2,39
CV (%)	26,38	20,88	23,56	17,04
h^2 (%)	10,03	55,86	24,90	0,00
h^2 LI ¹	-19,00	35,50	-09,70	0,00
h^2 LS ¹	32,37	69,00	47,58	0,00

* , ** - Significativo pelo teste de F a 5 e 1 % de probabilidade, respectivamente.

(1991), porém, a estimativa do CV sempre foi maior em parcelas menores. Certamente o erro experimental foi acentuado, impedindo a detecção de média foi superestimada, devido ao uso de parcela pequena ladeada nas extremidades por um corredor de 0,5m.

Já na safra da seca/2005 em Lambari, os fatores que contribuíram para elevar o valor do CV foram provavelmente fertilidade desuniforme da área experimental, competição com plantas daninhas, déficit hídrico e incidência de doenças, contribuindo assim, para a redução da média. O CV pode ser influenciado pela média, ou seja, maiores estimativas de CV's seriam obtidas em experimentos com menor média e não necessariamente com maior erro experimental, pois a média faz parte do denominador da fórmula do CV e, com isso, quanto menor a média, maior o CV (Marques Jr., 1997). Entretanto, no

caso de Lambari, os problemas experimentais podem ter contribuído também para o aumento do erro experimental.

A eficiência do delineamento látice em relação a blocos casualizados foi de 45,03 na safra da seca/2005 em Lambari, confirmando a já citada heterogeneidade ambiental nessa safra e a provável alta magnitude do erro experimental. Já nos demais experimentos, a eficiência foi baixa, entre 0,82 e 2,39. Marques Jr. (1997) relata que, independente da magnitude da eficiência, as análises devem ser sempre processadas em látice. Além disso, como o melhorista não tem condições de prever se a área experimental é ou não heterogênea, a condução dos experimentos no delineamento látice funciona como um seguro.

As estimativas de herdabilidade para as safras de inverno/2004 em Lavras, seca/2005 em Lambari e inverno/2005 em Ijaci, podem ser consideradas nulas, uma vez que obtiveram valores para limite inferior negativo nos dois primeiros casos, como já mencionado, devido ao elevado erro experimental. Já no inverno de 2005, possivelmente, a variação genética entre as famílias seja reduzida. Já para a safra da seca/2005 em Lavras, em que as famílias foram geneticamente diferentes entre si, a estimativa de herdabilidade pode ser considerada alta para o caráter em questão, já que ele é muito influenciado pelo ambiente, além de estar dentro do intervalo de confiança e apresentarem limites positivos (Ramalho et al., 1993; Couto, 2005). Observando os valores de herdabilidade na safra da seca/2005 em Lavras e Lambari, evidencia-se que a herdabilidade é mutável, sempre uma propriedade não só do caráter, mas também da população e das condições ambientais a que foram submetidos os indivíduos da população. Na realidade, a herdabilidade pode ser aumentada não somente pela introdução de mais variação genética na população, mas também uniformizando o ambiente no qual as plantas irão se desenvolver (Ramalho et al., 1993). Nesses dois experimentos, os materiais avaliados foram os mesmos,

diferindo apenas a precisão experimental, já que o coeficiente de variação foi maior em Lambari. Dessa forma, em Lavras, o valor de herdabilidade indica maior confiabilidade do valor fenotípico como indicador do valor reprodutivo.

A cultivar Talismã foi utilizada como testemunha em todos os experimentos por ser altamente produtiva e com excelente tipo de grão. Porém, nos experimentos de inverno/2004 em Lavras, seca/2005 em Lambari e inverno/2005 em Ijaci, não houve diferença significativa entre as famílias. Na safra da seca/2005 em Lavras, a testemunha apresentou desempenho 3,30% superior à média. Comparando-se o desempenho das famílias avaliadas neste experimento com a testemunha, verifica-se que 54 apresentaram desempenho inferior a cultivar Talismã e 45 acima da média da testemunha. Portanto, infere-se a possibilidade de ganho com a seleção de famílias com maior produtividade, nessa condição experimental.

Visando conhecer melhor a produtividade de grãos das 35 famílias selecionadas, utilizaram-se as médias ajustadas das safras inverno/2004 em Lavras, seca/2005 em Lavras e inverno/2005 em Ijaci, para realização da análise conjunta (tabela 6). Verificou-se efeito significativo para as safras, evidenciando diferenças entre os ambientes avaliados e para as famílias, evidenciando diferenças genéticas entre elas ($P \leq 0,01$). Não houve interação famílias x safras, mostrando um comportamento coincidente das famílias nas safras avaliadas. A estimativa da herdabilidade foi semelhante à relatada por outros autores (Pereira, 2003; Couto, 2005; Silva, 2005).

4.3 PORTE DA PLANTA

As famílias também apresentaram diferenças significativas ($P \leq 0,01$) em relação ao porte da planta nas safras da seca/2005 em Lavras e inverno/2005 em Ijaci (tabela 7). A precisão experimental mostrou-se semelhante nos dois

TABELA 6. Resumo das análises de variância conjunta da produção de grãos (Kg/ha), avaliadas na safra de inverno/2004 e seca/2005 em Lavras e inverno/2005 em Ijaci e estimativa de herdabilidade (h^2) com os respectivos limites inferior (h^2_{LI}) e superior (h^2_{LS}).

FV	GL	QM
Safras	2	50291551,89**
Famílias	34	1152041,97**
Famílias x Safras	68	559005,54
Erro Médio	204	574271,71
Média	-	2951,34
CV (%)	-	25,67
h^2 (%)	-	50,15
h^2_{LI}	-	11,15
h^2_{LS}	-	69,15

* , ** - Significativo pelo teste de F a 5 e 1 % de probabilidade, respectivamente.

TABELA 7. Resumo das análises de variância individuais para porte (nota 1-5) nas safras da seca de 2005, em Lavras e inverno de 2005 em Ijaci, e estimativa de herdabilidade (h^2) com os respectivos limites inferior (h^2_{LI}) e superior (h^2_{LS}).

ESTIMATIVA	SECA/05	INV/05
	Lavras	Ijaci
Nº Famílias	100	36
QM Famílias	0,383**	0,783**
Média	2,65	2,50
Média/ testemunha	3,42	3,00
Efic. Látice (%)	2,91	0,00
CV (%)	12,03	14,44
h^2 (%)	73,37	82,90
$h^2_{LI}^1$	61,10	66,50
$h^2_{LS}^1$	81,40	89,55

* , ** - Significativo pelo teste de F a 5 e 1 % de probabilidade, respectivamente.

ambientes avaliados, apresentando os valores 12,03 e 14,44, coerentes aos observados por Couto (2005) e Silva (2005).

As estimativas de herdabilidade apresentaram valores de 73,37 para a safra da seca/2005 e 82,90 para a safra de inverno/2005, semelhantes aos valores obtidos por Couto (2005) e superiores aos obtidos por Silva, (2005). Os valores da herdabilidade apresentaram um intervalo de confiança pequeno e sempre positivo, dando mais confiabilidade às estimativas. Nota-se, pela média das notas atribuídas ao porte nessas duas safras, que há possibilidade de seleção de famílias de porte ereto. Em todas as avaliações em que foi usada a testemunha Talismã, seu porte apresentou comportamento inferior à média das famílias. Utilizando-se as médias ajustadas apenas das famílias avaliadas nos dois ambientes citados e realizou-se a análise de variância conjunta (tabela 8).

Verificou-se diferenças significativas para safras ($P \leq 0,01$), sugerindo heterogeneidade ambiental. O mesmo ocorreu para famílias, evidenciando que elas diferem geneticamente entre si. A interação não significativa das famílias x safras possivelmente ocorreu porque nessas duas épocas houve deficiência de chuvas e o fornecimento de água foi complementado com irrigação. Assim, nessas safras não ocorreram excessos de umidade, como na safra das águas, que mais contribui para alteração do porte. A precisão experimental foi boa, apresentando CV de 12,76, semelhante ao obtido por Couto (2005) e Silva (2005). A estimativa de herdabilidade foi alta, com um intervalo de confiança pequeno, sobretudo pelo caráter ser influenciado pelo ambiente.

4.4 TIPO DE GRÃO

As famílias também foram geneticamente diferentes em relação ao tipo de grão, em todas as safras avaliadas, indicando a possibilidade de seleção de algumas famílias superiores (tabela 9). Neste caso, a superioridade do tipo de

TABELA 8. Resumo das análises de variância conjunta para porte de plantas (nota 1 -5), avaliadas nas safras da seca/2005 em Lavras e inverno/2005 em Ijaci e estimativa de herdabilidade (h^2) com os respectivos limites inferior (h^2_{LI}) e superior (h^2_{LS}).

FV	GL	QM
Safras	1	4,4965**
Famílias	34	0,9382**
Safras x Famílias	34	0,1878
Erro Médio	68	0,1133
CV (%)	-	12,76
Média	-	2,63
h^2	-	87,92
$h^2_{LI}^1$	-	75,73
$h^2_{LS}^1$	-	92,68

* , ** - Significativo pelo teste de F a 5 e 1 % de probabilidade, respectivamente.

TABELA 9. Resumo das análises de variância individuais para tipo de grãos (nota 1 -5) nas safras da seca de 2005 e inverno de 2004 e 2005, em Lavras e Ijaci, e estimativa de herdabilidade (h^2) com os respectivos limites inferior (h^2_{LI}) e superior (h^2_{LS}).

ESTIMATIVA	INV/04 Lavras	SECA/05 Lavras	INV/05 Ijaci
Nº Famílias	225	100	36
QM Famílias	0,361**	0,218**	1,35*
Média	2,39 (1,69-3,52) ¹	2,71 (1,98-3,32)	2,27 (1,83-2,83)
Média/ testemunha	2,68	1,99	2,37
Efic. Látice (%)	1,5	6,82	24,42
CV (%)	13,16	9,91	11,94
H^2 (%)	72,58	66,52	94,52
$H^2_{LI}^1$	63,70	51,07	90,13
$H^2_{LS}^1$	79,38	76,66	96,57

* , ** - Significativo pelo teste de F a 5 e 1 % de probabilidade, respectivamente.

¹ Mínima e máxima nota para tipo de grão.

grãos corresponde àqueles com peso de 100 grãos de 23 a 25g, formato semelhante ao da cultivar Carioca e cores de fundo e das listras as mais claras possíveis (Ramalho e Abreu, 2006).

A precisão experimental foi coerente com as obtidas por Pereira, (2003), Couto, (2005) e Silva (2005). Os valores do CV ficaram entre 9,91 e 13,16. A estimativa de herdabilidade foi alta em todas as safras. Isso indica que o caráter é pouco influenciado pelo ambiente, ocorrendo assim uma situação favorável para a seleção. Partindo-se deste pressuposto, neste trabalho realizou-se seleção com base no tipo de grão comercial favorável. Um aspecto a ser considerado é que, apesar de ter ocorrido seleção para tipo de grão em todas as safras, a variação genética entre as famílias foi observada. Isso mostra que, embora esse caráter seja pouco influenciado pelo ambiente, muitos genes estão envolvidos no seu controle. Para cor de grãos, estima-se que existam pelo menos 18 genes (Leakey, 1988).

Com relação à média, percebe-se certa melhoria nas notas ao longo das safras, embora, na safra da seca/2005, a média tenha sido superior à média da safra de inverno/2004, mesmo tendo sido feita seleção nessa safra para esse caráter, e isso pode ter acontecido devido ao maior rigor do avaliador. Um fato importante é que, em todas as safras, exceto seca/2005, foram obtidas famílias que superaram a cultivar testemunha Talismã, que é sabidamente uma cultivar de excelente tipo de grão. Portanto, foi possível obter famílias com tipo de grão semelhante a ela e com vários atributos superiores, principalmente resistência à antracnose.

Utilizando-se as médias ajustadas das safras de inverno/2004 e seca/2005 em Lavras e inverno/2005 em Ijaci, realizou-se análise de variância conjunta para tipo de grão (tabela 10). Diferenças significativas ($P \leq 0,01$) ocorreram apenas para safras, confirmando a influência do ambiente na manifestação desse caráter, embora que a interação de famílias por safras não foi

TABELA 10. Resumo das análises de variância conjunta para tipo de grãos (nota 1 -5), avaliadas na safra de inverno/2004 e seca/2005 em Lavras e inverno/2005 em Ijaci e estimativa de herdabilidade (h^2) com os respectivos limites inferior (h^2_{LI}) e superior (h^2_{LS}).

FV	GL	QM
Safras	2	7,4622**
Famílias	34	0,0993
Famílias x Safras	68	0,0853
Erro Médio	204	0,0848
Média		2,25
CV (%)		12,91
h^2 (%)		15,60
h^2_{LI}		-50,41
h^2_{LS}		47,77

* , ** - Significativo pelo teste de F a 5 e 1 % de probabilidade, respectivamente.

significativa. A estimativa de herdabilidade pode ser nula, pois o limite inferior do intervalo de confiança foi negativo, ao contrário de Silva (2005), que obteve alto valor de herdabilidade na análise conjunta para este caráter.

4.6 Ganhos com a seleção e correlação entre os caracteres

Considerando a seleção das cinco melhores famílias com base nas médias ajustadas das análises conjuntas para tipo de grão, porte e produção de grãos, separadamente (seleção direta), observaram-se ganhos para todos os caracteres (tabela 11). É necessário salientar que as melhores famílias são aquelas que apresentam menor nota para tipo de grão e porte e maiores valores de produção em kg/ha.

TABELA 11. Estimativa de ganho esperado com a seleção das cinco famílias de maior expressão para produção, porte de planta e tipo de grão.

Estimativa	Produção	Porte	Tipo de Grão
GS ¹	315,52	-0,57	-0,026
	(10,69%)	(21,80%)	(1,18%)
GS ²	130,70	-0,53	-0,02
	(4,43%)	(20,06%)	(0,74%)
GS ³	-98,23	0,109	0,007
	(3,33%)	(4,14%)	(0,31%)

^{1/} Ganho com a seleção considerando cinco famílias mais promissoras, para cada caráter separadamente. ^{2/} Ganho com a seleção considerando todas as características em conjunto. ^{3/} Ganho com seleção considerando as cinco famílias com presença da pirâmide de alelos de resistência à antracnose (*Co-4* e *Co-5*).

A seleção com base em uma característica (seleção direta) tem se mostrado inadequada, principalmente por conduzir a um produto final superior, em relação apenas ao caráter selecionado, mas com desempenho não tão favorável em relação aos outros caracteres não considerados. Assim, a seleção simultânea de um conjunto de caracteres tende a aumentar a chance de êxito de um programa de melhoramento (Cruz e Carneiro, 2003). Utilizando-se esse procedimento, observou-se que, para o caráter porte, manteve-se praticamente o mesmo ganho obtido na seleção direta e uma redução do ganho para os demais caracteres.

Quando foram considerados todos os caracteres em conjunto, adotaram-se, como critério para seleção das famílias, aquelas que apresentaram valores diferentes da estimativa da média em um desvio padrão, para os caracteres tipo de grão e produção e média mais 1,2 desvios para porte (tabela 11). As cinco melhores famílias selecionadas foram 2, 3, 9, 12 e 14.

Considerando as cinco famílias (6, 18, 19, 29 e 33) que apresentaram a pirâmide de alelos de resistência à antracnose *Co-4* e *Co-5*, não se verificou

ganho com a seleção para os caracteres considerados, e sim, uma tendência de leve piora, provavelmente influenciado por alguns alelos desfavoráveis ainda ligados aos alelos de resistência, especialmente ao *Co-4*.

Ao considerar vários caracteres no processo de seleção, os ganhos para cada um isoladamente são menores, como pode ser observado na tabela 11. Uma das causas da redução do ganho com a seleção de um caráter individual, em comparação com a seleção em múltiplos caracteres, pode ser devido à correlação desfavorável entre os caracteres avaliados. Na tabela 12 verifica-se correlação significativa e negativa, porém baixa, entre produção e tipo de grão e entre produção e porte, ou seja, as famílias que apresentarem melhor tipo de grão e porte são também as mais produtivas, nesse caso favorecendo a seleção. Contudo, os baixos valores das correlações, não interferiram significativamente na seleção de famílias que sejam superiores em todos os caracteres. Collichio et al. (1997) verificaram correlações positivas entre porte e produtividade de grãos e também entre peso de cem sementes e produção, permitindo inferir que é possível obter cultivares de porte ereto, boa produtividade e qualquer tamanho de sementes. Uma melhor caracterização do desempenho médio das 35 famílias está representada na Tabela 13.

TABELA 12. Estimativa de correlações fenotípicas entre os caracteres avaliados por safra.

Safra	Caracteres	Correlação
INVERNO/2004	Produção x tipo de grão	-0,047 ^{ns}
SECA/2005	Produção x tipo de grão	-0,166 [*]
	Produção x porte	-0,345 ^{**}
	Porte x tipo de grão	0,108 [*]
INVERNO/2005	Produção x tipo de grão	-0,239 [*]
	Produção x porte	0,097 ^{ns}
	Porte x tipo de grão	0,263 [*]

* , **, ^{ns} - Significativo pelo teste de T a 1 e 5% de probabilidade e não significativo, respectivamente.

TABELA 13. Médias ajustadas de porte, tipo de grão, produção e alelos de resistência

Família	Porte nota (1-5)	Grão nota (1-5)	Produção (kg/ha)	Alelos de Resistência
1	2.72b	2.124a	2691.08b	<i>Co-4?, Co-5?</i>
2	2.00a	2.041a	2838.11b	<i>Co-5?</i>
3	2.26a	2.033a	3416.82a	<i>Co-5?</i>
4	2.47b	2.123a	3289.46a	<i>Co-5?</i>
5	2.56b	2.298a	3365.79a	<i>Co-4, Co-5?</i>
6	3.07b	2.265a	2785.25b	<i>Co-4, Co-5</i>
7	2.86b	2.149a	3131.45a	<i>Co-4, Co-5?</i>
8	2.85b	2.292a	2633.29b	<i>Co-5?</i>
9	1.82a	2.200a	3240.39a	<i>Co-5?</i>
10	3.65b	2.235a	2734.79b	<i>Co-5?</i>
11	2.68b	2.278a	3829.05a	<i>Co-5?</i>
12	2.18a	2.173a	2944.10a	<i>Co-4, Co-5?</i>
13	3.26b	2.317a	2560.18b	<i>Co-4, Co-5?</i>
14	1.89a	2.295a	3620.48a	<i>Co-5?</i>
15	2.68b	2.168a	2911.13b	<i>Co-4?, Co-5?</i>
16	2.52b	2.188a	3104.64a	<i>Co-4?, Co-5?</i>
17	2.69b	2.153a	3670.30a	<i>Co-4</i>
18	2.53b	2.097a	2971.99a	<i>Co-4, Co-5?</i>
19	2.65b	2.442a	2195.25b	<i>Co-4, Co-5</i>
20	2.84b	2.258a	3148.75a	<i>Co-4?, Co-5?</i>
21	2.81b	2.249a	2793.14b	<i>Co-4?, Co-5?</i>
22	2.69b	2.325a	2470.77b	<i>Co-4?, Co-5?</i>
23	2.99b	2.223a	2299.38b	<i>Co-4?</i>
24	2.74b	2.341a	2746.75b	<i>Co-4?, Co-5?</i>
25	3.15b	2.463a	2581.08b	<i>Co-4?, Co-5?</i>
26	2.10a	2.276a	3086.71a	<i>Co-5?</i>
27	2.51b	2.121a	3131.16a	<i>Co-5</i>
28	2.24a	2.277a	2784.47b	<i>Co-5?</i>
29	2.93b	2.363a	2564.48b	<i>Co-4, Co-5</i>
30	2.92b	2.326a	3038.56a	<i>Co-4</i>
31	2.69b	2.487a	2254.18b	<i>Co-4, Co-5?</i>
32	3.03b	2.409a	3112.62a	<i>Co-4?, Co-5?</i>
33	2.59b	2.308a	3271.93a	<i>Co-4, Co-5</i>
34	2.67b	2.198a	3126.13a	<i>Co-4?, Co-5?</i>
35	2.08a	2.413a	2953.39a	<i>Co-5?</i>

Médias seguidas de letras diferentes nas colunas diferem estatisticamente entre si pelo teste de Scott e Knot com 5% de probabilidade.

5 CONCLUSÕES

Foi possível selecionar famílias que reuniram alta produtividade, tipo de grão semelhante ao da cultivar Carioca, porte mais ereto e resistência à antracnose devido à pirâmide de alelos *Co-4* e *Co-5*, bem como algumas famílias portadoras dos alelos individuais *Co-4* e *Co-5*.

O marcador SCAR foi eficiente para identificar genótipos portadores do alelo *Co-4*, dentro do conjunto de famílias avaliado.

As inoculações com as raças 321 e 337 foram eficientes para seleção de famílias portadoras do alelo *Co-5*.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ABREU, A. F. B.; RAMALHO, M. A. P.; GONÇALVES, F. M. A.; MENDONÇA, H. A. Utilização da produtividade de grãos na seleção para resistência ao *Colletotrichum lindemuthianum* no feijoeiro. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 27, n. 2, p. 356-362, mar./abr. 2003.
- ADAMS, M. H. Plant architecture and yield breeding. **Iowa State Journal of Research**, Ames, v. 56, n. 3, p. 356-362, 1982.
- ALZATE-MARIN, A. L.; SARTORATO, A. Analysis of the pathogenic variability of *Colletotrichum lindemuthiaum* in Brazil. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, Fort Collins, v. 47. p.241-242, 2004.
- ANDRADE, M. J. B. de; RAMALHO, M. A. P. **A cultura do feijoeiro-comum no curso de agronomia**. Lavras: UFLA, 1999. 99 p.
- ARAÚJO, G. A. A. Preparo do solo e Plantio. In: VIEIRA, C. ; PAULA JR, T. J.; BORÉM, A. (Ed). **Feijão: aspectos gerais e cultura no Estado de Minas Gerais**. Viçosa: UFV, 1998. p. 99-122.
- ARRUDA, K. M. A.; MELO, C. L. P.; SOUZA, T. L. P. O.; CARNEIRO, J. E. S.; MOREIRA, M. A.; BARROS, E. G. Caracterização fenotípica e molecular de linhagens de feijão tipo “Carioca” quanto à resistência a patógenos. In: CONGRESSO NACIONAL DE PESQUISA DE FEIJÃO, 8., 2005, Goiânia – GO. **Anais...** Goiânia, 2005.
- AWALE, H. E.; KELLY, J. D. Development of SCAR markers linked to Co-4² gene in common bean. **Annual Report of Bean Improvement Cooperative**, Fort Collins, v. 44, p. 119-120, 2001.
- BALARDIN, R. S.; JAROSZ, A. M.; KELLY, J. D. Virulence and molecular diversity in *Colletotrichum lindemuthiaum* from South, Central, and North America. **Phytopatology**, St. Paul, v. 87, n. 12, p. 1184-1191, Dec. 1997.
- BALDONE., A. B.; TEIXEIRA, F. F.; SANTOS, J. B. dos. Controle genético de alguns caracteres relacionadas à cor da semente de feijão no cruzamento Rosinha x ESAL 693. **Acta Scientiarum**, Maringá, v. 24, n. 5, p. 1427-1431, set./out. 2002.

BARRUS, M. F. Varietal of varieties of bean in their susceptibility to anthracnose. **Phytopatology**, St. Paul, v. 1, p. 190-195, 1911.

BASSET, M. J. List of genes – *Phaseolus vulgaris* L. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, Fort Collins, v. 39, p. 1-19, 1996.

BERGAMIN FILHO, A.; LOPES, D. B.; AMORIM, L.; GODOY, C. D. Avaliação de danos causados por doenças de plantas. **Revisão Anual de Patologia de Plantas**, Passo Fundo, RS, v. 3 p. 133-184, 1995.

BERTOLUCCI, F. L. G.; RAMALHO, M. A. P.; DUARTE, G. S. Alternativas de tamanho e forma da parcela para avaliação de progênies de feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.). **Ciência e Prática**, Lavras, v. 15, n. 3, p. 295-305, jul./set. 1991.

BORÉM, A.; CARNEIRO, J. E. S. A cultura. In: VIEIRA, C.; PAULA JR, T. J.; BORÉM, A. **Feijão: Aspectos gerais e cultura no Estado de Minas**. 2. ed. Viçosa: UFV, 2006. p. 13-18.

CENTRO INTERNACIONAL DE AGRICULTURA TROPICAL – CIAT. **Programa de frijol**: informe anual de 1988. Cali, 1990. p. 128-129. (CIAT. Documento de trabajo, 72).

CHAVES, G. La Antracnosis. In: SCHWARTZ, H. F.; Galvez, G. E. (Ed.). **Problemas de production del frijol**: enfermedades, insectos, limitacionis edáficas y climáticas de phaseolus vulgaris. Cali: CIAT, 1980. p. 37-53.

COLLICHIO, E. **Associação entre o porte da planta do feijoeiro e o tamanho dos grãos**. 1995. 98 p. Dissertação (Mestrado em Genética e melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

COLLICHIO, E.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Associação entre o porte da planta do feijoeiro e o tamanho dos grãos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 32, n. 3, p. 297-304, mar. 1997.

CONAB. Disponível em: 2005. <<http://www.conab.gov.br>>. Acesso em: 2005.

COUTO, M. A. **Seleção de linhagens de feijão tipo Carioca com resistência à antracnose e à mancha angular**. 2005. 74 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade de Lavras, Lavras, MG.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2003. v. 2, 585 p.

DAVIDE, L. M. C. Comparação da variedade patogênica dentro da raça 65 de *Colletotrichum lindemuthianum*. 2006. 65 p Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

FERREIRA, M. E.; GRATTAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores RAPD e RFLP em análise genética**. 3. ed. Brasília: Embrapa-Cenargen, 1998. 220 p. (Embrapa-Cenargen. Documento, 20).

FLOR, H. H. Current status of the gene-for-gene concept. **Annual Review Phytopathology**, Palo alto, v. 9, p. 275-296, 1971.

HABGOOD, H. Designation of physiological races of plant pathogens. **Nature**, London, v. 227, n. 5264, p. 1267-126, Set. 1970.

HALL, R. **Compendium of bean diseases**. Ontário: The American Phytopathological Society, 1991. p. 1-17.

ISHIKAWA, F. H.; SILVA, K. J. D.; SOUZA, E. A.; DAVIDE, L. M. C.; FREIRE, C. N. S. Levantamento de raças de *Colletotrichum lindemuthianum* de regiões produtoras de feijão. In: CONGRESSO NACIONAL DE PESQUISA DE FEIJÃO, 7., 2005, Goiânia, GO. **Anais...** Goiânia, 2005.

JESUS JÚNIOR, W. C.; VALE, F. X. R.; COELHO, R. R.; ZAMBOLIM, L. Relações entre severidade da mancha angular, duração e absorção da área foliar sadia e efetiva e produção na cultura do feijoeiro. In: CONGRESSO NACIONAL DE PESQUISA DE FEIJÃO, 7., 2002, Viçosa, MG. **Anais...** Viçosa, 2002.

KNAPP, S. J.; STOUP, W. W.; ROSS, W. M. Exact intervals for heritability on a progeny mean basis. **Crop Science**, Madison, v.25, n.1, p. 192-194, Jan./Feb. 1985.

LEAKEY, C. L. A. Genotypic and phenotypic markers in common bean. In: GEPTS, P. (Ed). **Genetics resources of Phaseolus beans**. Dordrecht: Kluwer Academics, 1988. p. 245-327.

MARQUES JÚNIOR, O. G. **Eficiência com experimentos com a cultura do feijão**. 1997. 80 p Tese (Doutorado) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

MELOTTO, M.; AFANADOR, L.; KELLY, J. D. Development of a SCAR marker linked to the gene in common bean. **Genome**, Ottawa, v. 39, n. 6, p. 1216-1219, Dec. 1996.

MELOTTO, M.; KELLY, J. D. An allelic series at the Co-1 locus conditioning resistance to anthracnose in common bean of Andean origin. **Euphytica**, Wageningen, v. 116, n. 2, p. 143-149, 2000.

MENDONÇA, H. A. de. **Controle genético ao fungo *Colletotrichum lindemuthianum* e da cor de halo em feijão (*Phaseolus vulgaris*)**. 1996. 60f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

MOHAN, S. K.; BIANCHINI, A.; MENEZES, J. R. de. **Doenças do feijoeiro no Estado do Paraná: guia para identificação e controle**. 3. ed. Londrina: IAPAR, 1989. 56 p.

MORA-BRENES, B.; CHAVES, G.M.; ZAMBOLIN, L. Estimativas de perdas no rendimento do feijoeiro comum (*P. vulgaris* L.) causada pela mancha angular (*Isariopsis griseola* Sacc.). **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 8, n. 3, p. 599, out. 1983.

MSTAT. **Microcomputer statistical program**. Michigan: Michigan State University, 1983.

NIENHUIS, J.; TIVANG, J.; SCKROCH, P.; SANTOS, J. B. dos. Genetic relationships among cultivars and lines of lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) as measured by RAPD marker. **Journal of American society for Horticultural Science**, Alexandria, v. 120, n.9, p.300-306, Mar. 1995.

PARRELLA, R. A. C.; SANTOS, J. B.; PARRELLA, N. N. L. D.; SILVA, K. J. D. Alternativas para avaliação da severidade da mancha angular na cultura do feijoeiro comum. In: CONGRESSO NACIONAL DE PESQUISA DE FEIJÃO, 8., 2005, Goiânia, GO. **Anais...** Goiânia, 2005.

PASTOR-CORRALES, M. A.; OTAYA, M. M.; MOLINA, A.; SINGH, S. P. Resistance to *Colletotrichum lindemuthianum* isolates from Middle América and Andean South America in different common bean races. **Plant Disease**, St. Paul, v. 79, n.1, p. 63-67, Jan. 1995.

PAULA JÚNIOR, T. J.; VIEIRA, R. F.; ZAMBOLIM, L. Manejo integrado de doenças do feijoeiro. Feijão de alta produtividade. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v. 25 n. 223, p. 99-103, 2004.

PEREIRA, H. S. **Seleção de linhagens de feijão tipo carioca com pirâmides de alelos de resistência à antracnose e outros fenótipos favoráveis**. 2003. 78 p. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

PEREIRA, H. S.; SANTOS, J. B.; ABREU, A. F. B. Linhagens de feijoeiro com resistência à antracnose selecionadas quanto a características agrônômicas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 39, n. 3, p. 209-215, mar. 2004. QUEIROZ, V. T.; SOUZA, C. S.; COSTA, M. R.; SANGLARD, D. A.; ARRUDA, K. M.; SOUZA, T. L. P. O.; REGAGNIN, V. A.; BARROS, E. G.; MOREIRA, M. A. Development of SCAR markers linked to common bean anthracnose resistance gene Co-4. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, Fort Collins, v. 47, p. 249-250, 2004.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Cultivares. In: VIEIRA, C.; PAULA JR, T. J.; BORÉM, A. **Feijão: aspectos gerais e cultura no Estado de Minas**. 2. ed. Viçosa: UFV, 2006. p. 415-436.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. de F. B.; SANTOS, J. B. Melhoramento de espécies autógamas. In: _____. **Recursos Genéticos e melhoramento**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. 1183 p.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; ZIMMERMANN, M. J. O. **Genética Quantitativa em plantas autógamas; aplicação ao melhoramento do feijoeiro**. Goiânia: Editora da UFG, 1993. 271 p.

RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA A. C. **Experimentação em Genética e Melhoramento de Plantas**. Lavras: UFLA, 2000. 303 p.

RAVA, C. A.; PURCHIO, A. F.; SARTORATO, A. Caracterização de patótipos de *Colletotrichum lindemuthianum* que ocorrem em algumas regiões produtoras de feijoeiro comum. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 19, n. 2, p. 167-172, jun. 1994.

ROCA, M. M. G. **Recombinação genética em *Colletotrichum lindemuthianum* por meio de anastomoses entre conídios**. 2002. 138 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

ROGERS, S. O.; BENDICH, A. J. Extration of DNA from plant tissues. **Plant Molecular Biology**, Dordrecht, v. 5, n. 2, p. 69-76, 1988.

SANTOS, J. B.; GAVILANES, M. L. Botânica. In: VIEIRA, C.; PAULA JR, TT. J.; BORÉM, A. (Ed). **Feijão: aspectos gerais e cultura no Estado de Minas**, Viçosa: UFV, 1998. p.55-82.

SANTOS, J. B.; VENCOVSKY, R.; RAMALHO, M. A. P. Controle genético da produção de grãos e de seus componentes primários em feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 20, n. 10, p. 1203-1211, out. 1985.

SANTOS, V. S. **Implicações da seleção precoce para tipo de grão no melhoramento genético do feijoeiro comum**. 2001. 57 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, MG.

SARTORATO, A. Resistência do feijoeiro comum à mancha angular. In: CONGRESSO NACIONAL DE FEIJÃO – CONAFE, 7., 2002, Viçosa, MG. 2002. **Anais...** Viçosa, 2002.

SILVA, K. J. D. **Distribuição e caracterização de isolados de *Colletotrichum lindemuthianum* no Brasil**. 2004. 86 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, MG.

SILVA, M. G. M. **Seleção de famílias superiores de feijoeiro com resistência a antracnose e mancha angular**. 2005. 80 p. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

SILVA, M. V.; SANTOS, J. B. Identificação de marcador RAPD ligado ao alelo *Co-4²* de resistência do feijoeiro comum ao agente causal da antracnose. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 25, n. 5, p. 1097-2001, set./out. 2001.

TALAMINI, V.; SOUZA, E. A. de; POZZA, E. A.; CARRIJO, F. R. F.; ISHIKAWA, F. H.; SILVA, K. J. D. e; OLIVEIRA, F. A. de. Identificação de raças patogênicas de *Colletotrichum lindemuthianum* a partir de isolados provenientes de regiões produtoras de feijoeiro comum. **Summa Phytopathologica**, Jaboticabal, v. 30, n. 3, p. 371-375, jul./set. 2004.

TEIXEIRA, F. F.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. genetic control of plant architecture in the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 22, n. 4, p. 577-582, Dec. 1999.

THOMAZELLA, C.; GONÇALVES-VIDIGAL, M. C.; VIDA, J. B.; VIDIGAL FILHO, P. S.; RIMOLDI, F. Identification of *Colletotrichum lindemuthianum* races in *Phaseolus vulgaris* L. **Annual Report of the bean Improvement Cooperative**, Fort Collins, v. 43, p. 82-83, 2000.

VALLEJO, V.; KELLY, J. D. Development of a SCAR marker linked to *Co-5* locus in common bean. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, Fort Collins, v. 44, p. 121-122, 2001.

VIEIRA, C. Métodos Culturais. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v.25, n. 223, p. 27-59, 2004.

YOUNG, R. A.; MELOTTO, M.; NODARI, R. O.; KELLY, J. D. Marker-assisted dissection of the oligogenic anthracnose resistance in the common bean cultivar, "G2333". **Theoretical Applied Genetics**, Berlin, v. 96, n. 1, p. 97-94, Jan. 1998.

YOUNG, R.; KELLY, J. D. Characterization of genetic resistance to *Colletotrichum lindemuthianum* in common bean differential cultivars. **Plant Disease**, St. Paul, v.80, n.6, p.650-654, June 1996.