

**SELEÇÃO DE FAMÍLIAS SUPERIORES DE
FEIJOEIRO COM RESISTÊNCIA A
ANTRACNOSE E MANCHA ANGULAR**

MARCELO GERALDO DE MORAIS SILVA

2005

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

Silva, Marcelo Geraldo de Moraes

Seleção de famílias superiores de feijoeiro com resistência a antracnose e mancha angular / Marcelo Geraldo de Moraes Silva. -- Lavras : UFLA, 2005.

80 p. : il.

Orientador: João Bosco dos Santos.

Dissertação (Mestrado) – UFLA.

Bibliografia.

1. Feijão. 2. Melhoramento genético vegetal. 3. Antracnose. I. Universidade Federal de Lavras. II. Título.

CDD-635.6523
-635.65294

MARCELO GERALDO DE MORAIS SILVA

**SELEÇÃO DE FAMÍLIAS SUPERIORES DE FEIJOEIRO COM
RESISTÊNCIA A ANTRACNOSE E MANCHA ANGULAR**

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 a obtenção do título de “Mestre”.

Orientador

Prof. Dr. João Bosco dos Santos

LAVRAS
MINAS GERAIS – BRASIL
2005

MARCELO GERALDO DE MORAIS SILVA

**SELEÇÃO DE FAMÍLIAS SUPERIORES DE FEIJOEIRO COM
RESISTÊNCIA A ANTRACNOSE E MANCHA ANGULAR**

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 a obtenção do título de “Mestre”.

APROVADA em 4 de agosto de 2005.

Dra. Ângela de Fátima Barbosa Abreu

EMBRAPA/UFLA

Profa. Dra. Ana Lilia Alzate-Marin

USP

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

LAVRAS
MINAS GERAIS – BRASIL

Aos meus pais, Ari Germano e Elizabeth Morais.

À minha irmã, Lilian Karina Morais.

À minha esposa, Alline S. Cordeiro Morais.

Ao meu filho, Pedro Germano C. Morais.

DEDICO

AGRADECIMENTOS

A Deus, por ser o criador de todas as coisas e por ter me concedido a oportunidade de concretizar mais esta etapa de minha vida.

À Universidade Federal de Lavras, por meio do Departamento de Biologia, pela oportunidade de realização do mestrado.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela concessão da bolsa de estudos.

À pesquisadora Eveline Teixeira Caixeta, pelos primeiros ensinamentos na atividade científica.

À pesquisadora Ana Lilia Alzate-Marin, pela sua amizade, dedicação à pesquisa e seu conhecimento científico, os quais foram muito importantes para a minha formação.

Ao professor Dr. João Bosco dos Santos, pela sua serenidade e sua valiosa orientação.

À pesquisadora Dra. Ângela de Fátima B. Abreu, pelos momentos descontraídos na condução dos experimentos de campo e pelas viagens agradáveis à Lambari e Viçosa.

Aos professores do Departamento de Biologia, pelos ensinamentos teóricos e práticos transmitidos ao longo de todo o curso.

Ao laboratorista e amigo Lamartine, pelo seu excelente gosto musical, fazendo com que o dia no laboratório passasse mais rápido.

Aos funcionários do Departamento de Biologia, em especial à secretária Elaine, pela sua eficiência e por ser uma pessoa tão prestativa.

A todos os colegas do GEN, pela amizade, companheirismo e churrascos inesquecíveis.

Aos colegas de república Diogo, Gustavo e Deyne, pelas seções de cinema em casa, pela culinária atrapalhada, pelo futebol de Play Station II no computador, enfim, pelo convívio harmonioso durante todo o mestrado.

Aos maninhos especiais, Diogo, Dedé, Sarah e Matheus, pelos estudos em grupo, pelas comemorações de aniversário e principalmente pela amizade, que será eterna.

Aos meus pais, Ari Germano e Elizabeth Moraes, pelo amor incondicional e esforço na criação dos filhos.

A minha irmã Karina, pelo seu carinho e suporte financeiro nos momentos difíceis.

À minha esposa, Alline, pela compreensão durante esses dois anos de ausência em nosso lar. Te amo.

Ao meu filho, Pedro, que, provavelmente, não entendeu a minha ausência durante este período. Você é a razão da minha vida.

A todos que, de alguma forma, contribuíram para o meu crescimento profissional e para a realização deste trabalho.

Aos amigos que passaram e os que deixarei em Lavras;

De Lavras, sentirei saudades.

SUMÁRIO

	Página
RESUMO.....	i
ABSTRACT.....	ii
1 INTRODUÇÃO.....	1
2 REFERENCIAL TEÓRICO.....	4
2.1 Melhoramento do feijoeiro por hibridação.....	4
2.1.1 Escolha dos genitores a serem recombinados.....	4
2.1.2 Obtenção da população segregante.....	5
2.1.3 Métodos de condução da população segregante.....	6
2.2 Caracteres utilizados na seleção.....	8
2.2.1 Tipo de grão.....	8
2.2.2 Porte.....	11
2.2.3 Produtividade.....	14
2.2.4 Reação à mancha angular.....	16
2.2.5 Reação à antracnose.....	21
3 MATERIAL E MÉTODOS.....	28
3.1 Materiais genéticos e cruzamentos.....	28
3.2 Avaliação das famílias em campo.....	29
3.2.1 Locais.....	29
3.2.2 Safras.....	29
3.3 Procedimentos adotados nas avaliações.....	30
3.3.1 Tipo de grão.....	30
3.3.2 Porte.....	31
3.3.3 Produtividade de grãos.....	31
3.3.4 Reação à mancha angular.....	31
3.4 Análise dos dados de características agronômicas.....	33
3.5 Identificação de famílias com diferentes alelos de resistência à antracnose.....	35
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	38
4.1 Reação à antracnose.....	38
4.2 Reação à mancha angular.....	44
4.3 Tipo de grão.....	50
4.4 Porte.....	53
4.5 Produção de grãos.....	57
4.6 Ganhos com a seleção correlações entre caracteres.....	60
5 CONCLUSÕES.....	66
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	67

RESUMO

SILVA, Marcelo Geraldo de Moraes. **Seleção de famílias superiores de feijoeiro com resistência a antracnose e mancha angular.** Lavras: UFLA, 2005. 80p. (Dissertação – Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).*

Na obtenção de cultivares com resistência múltipla à antracnose e mancha angular, outros atributos agronômicos também devem ser considerados. Entre eles, o tipo de grão carioca, o porte ereto e a alta produtividade. Neste contexto, o presente trabalho teve como objetivo identificar famílias de feijoeiro, conduzidas pelo método do *Bulk* dentro de famílias F_2 , com resistência a *Colletotrichum lindemuthianum* e *Phaeoisariopsis griseola* e outros fenótipos agronômicos desejáveis. Foram utilizadas 144 famílias, obtidas do cruzamento entre a linhagem H91, portadora de três alelos de resistência à antracnose, com três famílias $F_{2.5}$ resistentes à mancha angular, derivadas da cultivar Jalo. Inicialmente, foram avaliadas 144 famílias $F_{2.3}$ no inverno de 2004, em Lavras, com base no tipo de grão. Foram selecionadas 80 famílias $F_{2.4}$ e avaliadas com a testemunha Talismã, nas águas de 2004/2005, no mesmo local. Considerando tipo de grãos e resistência à mancha angular e antracnose, foram mantidas 48 famílias $F_{2.5}$, que foram avaliadas na seca de 2005, em Lavras e Lambari, MG. Em todos os experimentos foi utilizado, o delineamento látice quadrado e foram avaliados o tipo e a produção de grãos, o porte e a reação à mancha angular. Essas 48 famílias foram também inoculadas com as raças 2047, 73 e 1545 de *C. lindemuthianum*, para verificação da presença dos alelos de *Co-4*², *Co-5* e *Co-7*. Foi possível identificar a constituição genética da maioria das 48 famílias quanto à reação à antracnose e selecionar 4 que reúnem simultaneamente, tipo de grãos semelhantes ao carioca, porte ereto, produtividade elevada e alta resistência à mancha angular. Todas as quatro famílias são portadoras do alelo *Co-4*², sendo duas em homozigose que podem ter a pirâmide dos alelos *Co-5* e *Co-7* e duas segregantes, que possuem o alelo *Co-5*.

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

ABSTRACT

SILVA, Marcelo Geraldo de Morais. **Selection of superior common bean families with resistance to anthracnose and angular leaf spot.** Lavras: UFLA, 2005. 80p. (Dissertation - Master Program in Genetic and Plant Breeding).*

In the selection of common bean cultivars, besides resistance to anthracnose and angular leaf spot, grain type like carioca, upright plant and high grain yield, must also be considered for they being accepted in most part of Minas Gerais State. So, the objective of the research was to select families resistant to *C. lindemuthianum* and *P. griseola*, and superior on those others agronomical traits. Using the bulk within F₂ families procedure, 144 F_{2:3} families were derived from crosses between the line H91, bearing the anthracnose resistant alleles *Co-4*², *Co-5* and *Co-7*, and three families derived from Jalo cultivar, that are resistant to angular leaf spot. Firstly these F_{2:3} families were evaluated in the winter of 2004, in Lavras county, based on grain type. Eighty families were selected and evaluated plus the Talismã check, in the spring/summer of 2004/2005, in the same place. Considering grain type, anthracnose and angular leaf spot resistances, 48 families were selected and evaluated in summer/fall of 2005, in two places, Lavras and Lambari, MG State. Square lattice design was used in all experiments, when grain type, plant type, grain yield and angular leaf spot reaction were evaluated. These 48 families were also inoculated with the 2047, 73 and 1545 of *C. lindemuthianum* races. The genotypes for anthracnose resistance were identified in most families, and four were selected with grain type like carioca, upright plant, high grain yield and resistance to angular leaf spot. These four families have also the allele *Co-4*², being two homozygous and two segregant.

* Major professor: João Bosco dos Santos – Universidade Federal de Lavras.

1 INTRODUÇÃO

O feijão é um alimento de grande importância econômica e social, constituindo, juntamente com o arroz, a base da dieta do povo brasileiro (Moura et al., 1994). Este produto, além de excelente fonte de proteínas, possui um bom conteúdo de carboidratos e é rico em ferro. Apesar de sua importância e do fato de o Brasil ser o maior produtor e consumidor mundial de feijão (*Phaseolus vulgaris*), a cultura ainda apresenta baixa produtividade média, cerca de 745 kg/ha (IBGE, 2004), decorrente de vários fatores danosos, tais como a ocorrência de várias doenças.

Dentre as doenças do feijoeiro, destacam-se a antracnose, causada pelo fungo *Colletotrichum lindemuthianum* e a mancha angular, causada pelo fungo *Phaeoisariopsis griseola*. Segundo Peloso (1992), a antracnose pode ocasionar perdas de até 100%, principalmente quando se associam condições ambientais favoráveis e uso de sementes contaminadas. Já para a mancha angular, as perdas podem chegar a 70%, dependendo do maior ou menor grau de suscetibilidade das cultivares, das condições ambientais e da patogenicidade dos isolados (Sartorato, 2005). Essas doenças, além de prejudicarem o rendimento da cultura, também depreciam a qualidade do produto final para o consumo e uso como sementes.

O controle integrado, das doenças é a estratégia ideal. Dentro desse sistema integrado, uma alternativa prática e econômica é a utilização de cultivares resistentes aos dois patógenos. No entanto, a criação de cultivares resistentes a essas doenças tem sido dificultada pela enorme capacidade de variação patogênica desses fungos, resultando no aparecimento de um grande número de raças fisiológicas (Rava et al., 1994). Para antracnose, o controle via resistência é facilitada, haja vista que vários genes independentes já foram

identificados e, em cada, um ou mais alelos conferem resistência a várias raças (Kelly & Vallejo, 2004). Para mancha angular, a resistência tem sido atribuída a um, dois, três ou mais genes independentes, em alguns casos dominantes, em outros recessivos, alguns com formas alélicas e que podem ser encontrados em diversas cultivares (Abreu et al., 2002a; Caixeta, 2002). No entanto, quase todas as cultivares plantadas no país são, em maior ou menor grau, suscetíveis à mancha angular (Caixeta et al., 2002; Vieira, 1994;), sugerindo também a existência de resistência horizontal.

Um dos entraves para o uso da resistência vertical contra os dois patógenos é a existência de um grande número de raças, reduzindo a vida útil de uma cultivar com apenas um alelo de resistência. Uma alternativa eficiente para se obter uma cultivar com resistência mais duradoura é a piramidação de alelos de resistência, ou seja, transferir para uma única linhagem vários alelos presentes em outras fontes (Kelly & Miklas, 1998). Uma dificuldade na identificação das plantas portadoras de uma pirâmide é quando não se dispõem de raças do patógeno que as identifiquem. No entanto, ela pode ser contornada utilizando-se as raças disponíveis e marcadores moleculares (Caixeta et al., 2003; Couto, 2005; Pereira, 2003; Queiroz et al., 2004; Silva & Santos, 2001; Young et al., 1998).

Um problema enfrentado na utilização de cultivares doadoras desses alelos é o fato que, na grande maioria das vezes, elas não são adaptadas às condições de cultivo e também possuem caracteres indesejáveis, do ponto de vista agrônomo. Por exemplo, a cultivar G2333 é uma diferenciadora que possui três alelos de resistência à antracnose, *Co-4²*, *Co-5* e *Co-7*, sendo que o alelo *Co-4²* confere resistência a todas as raças identificadas no Brasil. Contudo, defeitos, como hábito de crescimento do tipo IV, sensibilidade ao fotoperíodo e baixa produtividade, inviabilizam a sua utilização, ficando restrita apenas como doadora.

Na obtenção de cultivares com pirâmide de alelos de resistência para as duas doenças em questão, outros atributos agronômicos também devem ser considerados. Entre eles, o tipo de grão aceitável pelo consumidor, como o tipo padrão carioca; porte ereto, que evita perdas na colheita e favorece a colheita mecanizada e alta produtividade, essencial no processo da obtenção de uma nova cultivar (Pereira et al., 2004).

Neste contexto, o presente trabalho teve como objetivos: identificar famílias de feijoeiro, conduzidas pelo método do *Bulk* dentro de Famílias F₂, com pirâmide de alelos de resistência a *C. lindemuthianum* e *P. griseola* e outros fenótipos desejáveis.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Melhoramento do feijoeiro por hibridação

Existem várias opções de métodos de melhoramento aplicáveis ao feijoeiro. Estes enquadram-se em três categorias: introdução de linhagens, seleção de linhas puras e a hibridação. Esta deve ser utilizada quando o objetivo do programa é combinar, em uma mesma linhagem, os alelos desejáveis que se encontram em linhagens distintas (Fehr, 1987; Ramalho et al., 1993; Ramalho, 1997).

Este processo de geração de variabilidade por meio de cruzamentos artificiais é o mais utilizado nos programas de melhoramento de feijoeiro. Segundo Ramalho et al. (2001), para a aplicação do método existem três etapas fundamentais.

2.1.1 Escolha dos genitores a serem recombinados

A decisão mais importante do melhorista é a escolha criteriosa dos genitores a serem recombinados. Isto porque o sucesso do programa é diretamente relacionado com esta escolha e qualquer erro nesta etapa irá comprometer todo o processo, com conseqüentes perdas de recursos e, sobretudo, de tempo. Dentre outros fatores, a decisão depende dos caracteres a serem melhorados, do tipo de controle genético e da fonte de germoplasma disponível (Fehr, 1987).

Se o objetivo do programa é envolver vários caracteres ao mesmo tempo, o melhorista deve estabelecer prioridades, pois, quanto maior o número de caracteres envolvidos, menor é a possibilidade de sucesso. Assim, na escolha dos genitores, o melhorista deve dar preferência aos materiais portadores de

fenótipos mais desejáveis para os caracteres que são prioritários (Ramalho et al., 1993).

A escolha dos genitores depende da fonte de germoplasma disponível. O ideal seria utilizar apenas material já adaptado e, de preferência, com características aceitáveis pelo consumidor.

A herança do caráter pode ser qualitativa ou quantitativa. Quando se trabalha com caracteres quantitativos, ou seja, controlados por muitos genes e muito influenciados pelo ambiente, a escolha dos genitores não é simples. Segundo Ramalho et al. (2001), os genitores devem possibilitar a obtenção de populações segregantes com média alta associada a uma maior variabilidade possível para o caráter sob seleção. Os métodos de escolha de genitores, visando o melhoramento de um caráter quantitativo, foram classificados em duas categorias por Baenziger & Peterson (1991). A primeira envolve os procedimentos que utilizam apenas informações dos pais e a segunda utiliza o desempenho de suas progênies. Nesse contexto, existem algumas opções de procedimentos que não serão tratados aqui, mas poderão ser vistos com mais detalhes nos trabalhos de Abreu (1997), Abreu et al. (2002b), Carneiro et al. (2002), Cruz & Regazzi (1994), Mendonça (2001) e Cunha (2005). Se o caráter a ser melhorado for de herança qualitativa, ou seja, controlado por poucos genes e pouco influenciada pelo ambiente, a decisão sobre os genitores é mais simples. Nesse caso, normalmente é realizada a hibridação de uma linhagem portadora do alelo de interesse, com outra que apresente boas características agronômicas.

2.1.2 Obtenção da população segregante

Considerando que os recursos escassos são o fator limitante da maioria dos programas de melhoramento, principalmente de instituições públicas, levanta-se um questionamento sobre o número de cruzamentos a serem realizados e a quantidade de famílias a serem avaliadas de cada cruzamento.

Para responder a este questionamento, Ramalho et al. (2001) sugerem que deve-se avaliar um maior número de famílias para explorar melhor a variabilidade gerada quando se conhecem os genitores utilizados no cruzamento. Quando não houver informações precisas sobre os genitores, a opção é obter o maior número de combinações possíveis. Contudo, o número de famílias a serem avaliadas de cada combinação não deve ser muito pequeno, especialmente se o caráter sob seleção tem herdabilidade baixa. Assim, a chance de identificar linhagens superiores é reduzida.

Há inúmeras opções de como obter as populações segregantes a partir de um certo número de genitores previamente escolhidos, uma das opções mais comumente utilizadas é gerar várias famílias a partir do cruzamento entre dois genitores. Maiores informações sobre alternativas de obtenção das populações segregantes podem ser vistas em Carneiro (2002) e Ramalho (2003).

2.1.3 Métodos de condução da população segregante

Em razão da importância da hibridação na geração de variabilidade genética, vários métodos foram desenvolvidos para a condução das populações segregantes. A literatura relata que qualquer um destes métodos, se conduzidos corretamente, permite obter sucesso com a seleção. Em estudo de comparação de diversos métodos de condução de populações segregantes em feijoeiro, Raposo et al. (2000) verificaram que eles não apresentaram diferenças marcantes na obtenção de famílias superiores, mas, considerando a facilidade e flexibilidade de condução, os métodos *Bulk* e SSD são mais vantajosos para os melhoristas.

Dentre os diversos métodos, um dos mais utilizados é o *Bulk* dentro de famílias. Este método separa as fases de endogamia das fases de seleção, isto é, a seleção intensiva só é iniciada após a maioria dos locos estarem em homozigose. Foi proposto inicialmente por Frey (1954) e associa os dois

procedimentos padrões na condução das famílias segregantes em plantas autógamas, o método genealógico e o “*bulk*”. Seu princípio consiste na colheita de plantas individuais nas gerações F_2 ou F_3 , em que cada planta originará uma família, sendo as sementes provenientes de cada família misturadas e utilizadas na obtenção da geração seguinte. A partir da geração $F_{2:3}$ ou $F_{3:4}$, as famílias são avaliadas em experimento com repetição. Esse processo é repetido por duas a três gerações, sendo, então, identificadas as melhores famílias.

Quando a obtenção das famílias é realizada na geração F_2 , é explorado 1 σ^2_A entre as famílias. Já, quando realizada em F_3 , explora-se 1,5 σ^2_A , ou seja, 50% a mais. Dessa maneira, iniciar a avaliação nesta geração é mais vantajoso e deve ser a estratégia preferida, mas, neste caso, o número de famílias deve ser maior. No entanto, Raposo et al. (2000) observaram valores não coerentes com o esperado, provavelmente devido ao efeito de amostragem ou de ambiente entre famílias derivadas do *bulk* dentro de F_3 . Com o decorrer das sucessivas autofecundações, a variabilidade dentro vai sendo liberada e, por isso, é necessário que o número de indivíduos por família seja acrescido a cada geração. Desse modo, reduzem-se também as perdas por amostragem dentro das famílias.

Este método vem sendo amplamente utilizado na Universidade Federal de Lavras, em experimentos com feijoeiro e tem duas grandes vantagens. A primeira e principal vantagem é a redução nas perdas por amostragem que ocorre no método do “*bulk*”, pois os descendentes das plantas F_2 e F_3 são mantidos individualizados. A outra vantagem, agora em relação ao genealógico, é que a seleção não é efetuada visualmente e dispensa as anotações da genealogia. Além disso, as famílias são avaliadas em experimentos conduzidos por mais de uma geração e em mais locais, propiciando ao melhorista uma maior segurança no momento da seleção, visto que o efeito da interação genótipos por ambientes é atenuado.

A principal desvantagem é o grande trabalho envolvido na avaliação das famílias em experimento com repetição. Em função disso, fica muito difícil avaliar um maior número de famílias e, em consequência, pode-se não se ter uma boa representatividade da variabilidade gerada no cruzamento.

2.2 Caracteres utilizados na seleção

2.2.1 Tipo de grão

Uma das características mais importantes a ser considerada em um programa de melhoramento de feijão é a qualidade de grãos, que pode ser avaliada sob os aspectos de aceitação comercial, propriedades nutritivas e características culinárias. A obtenção de cultivares com alta qualidade nutricional e culinária é desejável, porém, para que uma cultivar seja comercialmente aceita, é preciso que o melhorista se preocupe em desenvolver cultivares com o tipo de grão exigido pelo mercado (Vieira, 2004).

O fato de o feijão comum ser cultivado em uma grande diversidade de ambientes, torna-o uma das espécies com maior variabilidade de caracteres agrônômicos, tais como tipo de grãos, que envolve variação no tamanho, forma, cor e brilho (Santos & Gavilanes, 1998). O conhecimento do controle genético dessas características relacionadas ao tipo de grão poderá auxiliar os melhoristas no processo seletivo para esse caráter.

Desde o início do século, vários estudos já foram feitos para tentar explicar o controle genético da cor do grão. Contudo, existem muitas dificuldades no sentido de descrever a cor, pois sua descrição em artigos científicos é muitas vezes subjetiva, dificultando a interpretação entre os pesquisadores. Desse modo, sua caracterização perfeita se torna muito difícil. Leakey (1988) estima que existam pelo menos 18 genes controlando esse

caráter, vários deles com alelos múltiplos, pleiotropismo e interações epistáticas, dificultando, assim, o entendimento do controle genético da cor.

No Brasil, são cultivados feijões dos tipos, preto, carioca, roxo, mulatinho, rosinha, vermelho e manteigão, e a preferência por cada tipo difere de região para região. Por exemplo, na Zona da Mata Mineira, além das cultivares de feijoeiro do tipo carioca e preto, amplamente difundidos nesta região, o feijão de cor vermelha tem chamado bastante a atenção por ser o mais aceito pelos consumidores, sendo comercializado rotineiramente por até o dobro do preço das outras cultivares (Silva et al., 2003). Já na região do Vale do Rio Doce, em Minas Gerais e no estado do Rio de Janeiro, a preferência é por feijão de cor preta. Contudo, salvo algumas exceções, o feijão do tipo carioca é o mais cultivado e consumido no estado de Minas Gerais e no Brasil.

O feijão carioca possui o tegumento de cor bege, com rajas marrons. Contudo, há uma ampla variação no que se refere à tonalidade da cor do tegumento, assim como das rajas. Os programas de melhoramento obtiveram, nos últimos anos, inúmeras cultivares com esse tipo de grão, sempre com vantagens em termos de produtividade e resistência a algumas doenças em relação à cultivar carioca original. Mas, detalhes, como cor amarela do halo, tamanho das sementes, presença de brilho e cor do fundo creme escura, fazem com que essas cultivares dificilmente sejam aceitas pelos produtores, principalmente porque os atacadistas pagam menor preço para os grãos com essas características.

Outro fator preponderante na aceitação do tipo de grão no mercado é o fato de que as donas de casa associam o problema de cozimento demorado com feijões de halo amarelo, grãos com brilho e grãos de fundo escuro (Ramalho & Abreu, 1998). Existem explicações para a não aceitação desses grãos. Segundo Leakey (1988), o gene J, responsável simultaneamente pela cor do halo e também pelo brilho das sementes, afeta também a qualidade culinária, pois

acelera o processo de escurecimento dos grãos, conseqüentemente, aumenta o tempo de cozimento e reduz a digestibilidade. Comparações entre feijões de grãos brilhantes e de grãos opacos demonstraram não haver diferenças entre eles, em termos de absorção de água (Brick et al., 2000). Uma outra explicação para a não aceitação é que, no feijão carioca, a cor creme do fundo escurece com algum tempo de armazenamento e, com isso, a capacidade de absorção de água é reduzida, fazendo com que o tempo de cozimento seja mais demorado e o produto final seja de pior qualidade. Assim, cultivares lançadas com tipo de grão opaco e sem halo amarelo, mas que têm a cor do fundo dos grãos mais escura, não são aceitos (Ramalho & Abreu, 1998).

Vários estudos levam à afirmação de que existe uma correlação negativa entre tempo de cocção e capacidade de absorção de água, ou seja, quanto maior o tempo de cozimento, menor é a absorção de água. Contudo, recentemente, Asensio et al. (2005) verificaram a existência de uma correlação positiva (0,2378**) entre estes dois caracteres, contrariando, assim, os resultados de vários autores.

Paula (2004) realizou um trabalho com o objetivo de verificar, entre os constituintes dos grãos, quais afetam o tempo de cocção. Para isso, foram avaliados os genitores, as gerações F_1 , F_2 e F_3 e os recíprocos de três cruzamentos entre pais contrastantes. Como resultado, verificou-se efeito materno no controle do tempo de cocção, indicando que o tegumento foi o constituinte que mais o afetou. Ficou evidenciado também, que, no controle genético do caráter, devem estar envolvidos genes com alelos que expressam dominância no sentido de aumentar o tempo de cocção.

Outra característica associada à aceitação de cultivares do tipo carioca é o tamanho do grão, sendo preferidas aquelas com peso de cem sementes em torno de 23 a 25 gramas (Ramalho & Abreu, 1998).

Diante da grande demanda por feijão com grãos tipo carioca, o grande desafio dos melhoristas, desde então, é desenvolver cultivares com esse tipo de grão, associado com outros fenótipos favoráveis, como porte ereto, produtividade e resistência múltipla à doenças.

2.2.2 Porte

Uma planta de feijão com porte ereto proporciona ao agricultor uma série de vantagens, tais como facilidade nos tratos culturais e possibilidade de colheita mecânica. Outra vantagem é a redução de perdas na colheita, devido ao menor contato das vagens com o solo, propiciando uma melhor qualidade dos grãos colhidos. Uma última vantagem seria a menor incidência de patógenos, principalmente *Sclerotinia sclerotiorum*, causador do mofo branco, haja vista que uma maior circulação de ar na planta desfavorece o seu desenvolvimento.

O porte é considerado um dos caracteres mais importantes, pois ele é essencial na descrição das cultivares, na escolha das mais adequadas para o plantio nas mais variadas condições de cultura e também na obtenção de novas cultivares pelo melhoramento (Santos & Gavilanes, 1998).

Um dos seus componentes mais importantes é o hábito de crescimento, que pode ser determinado e indeterminado. Para classificar uma cultivar quanto a estes hábitos de crescimento, é necessário apenas observar a disposição das inflorescências na planta. Outras características morfológicas, como comprimento de entrenós, número de ramificações e aptidão trepadora, embora relacionadas com o porte, não são decisivas para separar as plantas nestas duas classes (Debouck, 1991).

As plantas de hábito determinado são as que desenvolvem uma inflorescência no ápice da haste principal e das hastes laterais, sendo que o florescimento ocorre do ápice da planta para a base. Nas plantas de hábito indeterminado, os meristemas apicais da haste principal e das laterais continuam

vegetativos durante o florescimento; neste caso, diz-se que o florescimento ocorre da base para o ápice. De maneira simplificada, pode-se classificar o hábito de crescimento em quatro tipos básicos: tipo I, hábito de crescimento determinado e arbustivo; tipo II, hábito de crescimento indeterminado e guia curta; tipo III, hábito de crescimento indeterminado e guia longa; e tipo IV, hábito de crescimento indeterminado e trepador. O gene *Fin/fin* foi o primeiro descrito para controle de hábito de crescimento e, se o genótipo é recessivo, o hábito de crescimento é determinado. Este gene já foi mapeado e se localiza no grupo de ligação B1 (Pedrosa et al., 2003). No trabalho de Campa et al. (2005a), verificou-se ligação entre o gene para proteína de semente *Sp9/Sp10* e o gene *Fin/fin*, mostrando que *Sp9/Sp10* pode ser um marcador eficiente na seleção de plantas de hábito de crescimento desejado.

Os estudos do controle genético do porte da planta têm demonstrado que vários caracteres morfológicos estão envolvidos na expressão fenotípica da arquitetura do feijoeiro, tais como hábito de crescimento, comprimento da haste principal, número e comprimento dos entrenós, altura da planta, número e ângulo de ramificações, distribuição das vagens, diâmetro do hipocótilo e *stay green* (Teixeira, 1997). Visando obter maiores informações sobre o controle genético de caracteres relacionados ao porte das plantas, Teixeira et al. (1999) verificaram que, entre os caracteres morfológicos associados ao porte, o comprimento dos entrenós foi o que explicou a maior parte da variação na arquitetura, com predominância do efeito aditivo no controle do caráter. Resultados semelhantes foram observados por Santos & Vencovsky (1986), porém, a herdabilidade estimada por estes foi mais elevada. Aguiar et al. (2000) avaliando famílias resultantes do cruzamento de cultivares contrastantes para *stay green*, ou seja, senescência tardia do caule e das folhas em relação às vagens, constataram predominância dos efeitos de dominância e que a herança do caráter deve ser oligogênica.

Outras duas importantes características que comumente são relacionadas com a arquitetura da planta são produção e tamanho de grãos. Em geral, cultivares de crescimento determinado são menos produtivas que as cultivares de hábito indeterminado (White et al., 1992). Collicchio et al. (1997) fizeram um estudo com o objetivo de verificar a existência de associação entre porte da planta e tamanho de grãos, já que todos os materiais cultivados de porte ereto disponíveis naquela época, possuíam sementes pequenas. Como resultado, observaram que não houve correlação entre o porte e o peso de cem sementes e que houve correlação positiva entre porte e produção, porém, esta foi de baixa magnitude, indicando assim ser possível selecionar plantas eretas com qualquer tamanho de sementes e boa produtividade. Também com o objetivo de se obter estimativas da correlação entre porte e produtividade, Teixeira (1997) verificou que a maioria destas correlações foi significativamente diferente de zero, porém, de baixa magnitude, o que reforça inferir que é possível obter cultivares com porte ereto e boa produtividade.

Talvez o principal entrave em um programa de melhoramento visando à seleção de plantas de porte ereto é o acentuado efeito ambiental na expressão desse caráter. Com alta umidade, temperaturas elevadas e fertilidade abundante, a planta apresenta um maior desenvolvimento vegetativo, fazendo com que até mesmo linhagens que se mostraram bem eretas em algumas condições de cultivo tornem-se decumbentes em outras. Collicchio (1995), avaliando porte na safra das águas, verificou um acréscimo nas notas dadas ao porte em relação às safras de inverno e da seca. O autor recomendou que a avaliação seja feita justamente em condições ambientais desfavoráveis ao porte, ou seja, em condições de alta temperatura e umidade, pois, assim, as plantas que se mantiverem eretas sob essas condições também o serão nas condições favoráveis ao porte.

Mais recentemente, Cunha (2005), conduzindo um programa de seleção recorrente para obter simultaneamente linhagens com porte ereto, tipo de grão

carioca e alta capacidade produtiva, verificou que o progresso genético para produtividade e tipo de grão foi expressivo e de grande magnitude quando consideradas as 10 melhores famílias selecionadas para a recombinação. Já para o porte, o progresso foi negativo, porém, as notas atribuídas às famílias selecionadas tinham média inferior a dois, ou seja, porte ereto. Nesse mesmo trabalho considerando os três caracteres simultaneamente, o progresso genético foi de cerca de 3,1%, mostrando que a seleção recorrente para porte e outros fenótipos ideais foi eficiente.

2.2.3 Produtividade

O objetivo de qualquer programa de melhoramento é obter cultivares com alta capacidade produtiva. Desse modo, a produtividade de grãos é o caráter mais importante no processo seletivo.

A produtividade de grãos é resultado de uma série de fatores que, associados, levam à expressão do “caráter”. Por consequência, a influência ambiental é muito acentuada, refletindo em baixas estimativas de herdabilidade. Nessa condição, a seleção só será eficiente se associada a avaliações das famílias em experimentos com repetição.

Um dos meios de se identificar indivíduos e ou famílias superiores geneticamente é por meio de seleção fenotípica visual, mas, resultados experimentais utilizando esse tipo de seleção massal indicam baixa eficiência, especialmente para produção de grãos. No trabalho realizado por Silva et al. (1994), a seleção visual conseguiu identificar, em média, apenas 7,8% e 18,4% das famílias com melhor desempenho de dois cruzamentos. Outro fato observado é que foram utilizados vários selecionadores, com diferentes graus de experiência com a cultura e foi constatado que não houve associação entre a experiência do selecionador com a cultura e a eficiência da seleção. A maior habilidade foi, inclusive, obtida por um indivíduo com menor experiência com a

cultura. Nessa condição, os melhoristas devem dar maior atenção às avaliações nos experimentos com repetições e utilizar a seleção visual em outros caracteres, sobretudo aqueles que têm maior herdabilidade.

Abreu et al. (2003) constataram que, sob alta severidade da antracnose, a produtividade de grão foi um ótimo critério seletivo para a identificação de famílias resistentes. Desse modo, é possível selecionar famílias produtivas e resistentes. Esses resultados evidenciam 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. Contudo, se o objetivo do programa for selecionar linhagens totalmente resistentes, somente a produtividade de grãos pode não ser um bom indicativo, pois cultivares que apresentam poucos sintomas podem não ter a produtividade afetada. O critério seria interessante apenas para descartar materiais altamente suscetíveis, pois, nesse caso, a produtividade é drasticamente reduzida.

Santos (2001), com o objetivo de verificar as implicações da seleção precoce (F_2) para tipo de grãos sobre a produção de grãos, observou que a seleção precoce não reduziu o potencial da população para a extração de linhagens superiores, pois a média e a variabilidade genética para produção de grãos não foram reduzidas. Dessa forma, os melhoristas podem concentrar os seus esforços na seleção de outros caracteres apenas nas famílias possuidoras de grãos comercialmente aceitos, ampliando a probabilidade de sucesso. Com a finalidade de avaliar a eficiência da seleção precoce para o caráter produtividade de grãos, Rosal et al. (2000) verificaram que esta foi eficiente, sobretudo na eliminação das famílias com pior desempenho, reduzindo o trabalho dos melhoristas nas gerações mais avançadas.

2.2.4 Reação à mancha angular

Até o final da década de 1980, a mancha angular, causada pelo fungo *Phaeoisariopsis griseola* (Sacc.) Ferr., era reconhecida como doença de pouca importância econômica, isso porque a doença ocorria basicamente no final do ciclo da cultura, quando a produção já estava praticamente garantida (Vieira, 1994). Entretanto, algumas mudanças fizeram com que esta doença passasse a ser apontada como a mais importante da parte aérea, causando perdas de até 70%, especialmente nas safras da seca (outono/inverno), quando as temperaturas são mais amenas. Dentre essas mudanças, pode-se citar o plantio de cultivares suscetíveis associado a ambientes favoráveis e em praticamente todo o ano (três safras). Com isso, criaram-se condições ideais para o desenvolvimento e permanência do patógeno no campo (Paula-Jr. & Zambolim, 1998; Sartorato, 2005)

Os sintomas podem ser visualizados nas folhas, vagens, caules e ramos, embora seja mais comum e facilmente identificada nas folhas (Sartorato & Rava, 1994). Nas folhas primárias, as lesões não possuem um formato característico, tendendo para circulares e diferindo do sintoma típico, o qual pode ser observado nas folhas trifolioladas, na forma de lesões angulares, em razão da limitação do desenvolvimento do patógeno pelas nervuras das folhas (Paula-Jr. & Zambolim, 1998). Quando as lesões atingem grande número, é comum a união destas em uma mesma folha, o que causa necrose parcial, amarelecimento das folhas e, por fim, um desfolhamento prematuro. Nos caules e ramos, as lesões são alongadas. Nas vagens, as lesões são, a princípio, superficiais, quase circulares e com bordos escuros.

Os principais agentes de disseminação do patógeno são respingos de chuva, sementes contaminadas, restos de cultura deixados no campo e, principalmente, o vento.

Inúmeros fungicidas têm sido recomendados para o controle da mancha angular e, muitas das vezes, estes apresentam grande eficiência e baixo grau de toxicidade, porém, a estratégia mais recomendada para o controle da doença, continua sendo o uso de cultivares resistentes. No entanto, quase todas as cultivares recomendadas no país são, em maior ou menor grau, suscetíveis à mancha angular (Caixeta et al., 2002; Melo et al., 2004; Vieira, 1994). A resistência tem sido atribuída a um, dois, três ou mais genes, em alguns casos dominantes, em outros recessivos, alguns com formas alélicas e que podem ser encontrados em diversas cultivares (Caixeta, 2002; Carvalho et al., 1998; Correa et al., 2001; Ferreira et al., 2000; Nietzsche et al., 2000a; Sartorato et al., 2000).

Foi demonstrado que patótipos andinos atacam apenas cultivares andinas e patótipos mesoamericanos atacam tanto cultivares andinas quanto mesoamericanas (Mahuku et al., 2003; Pastor-Corrales & Jara, 1995). Entretanto, até o momento, não se têm relatos, no estado de Minas Gerais, de que a resistência da cultivar de origem andina Jalo, tenha sido vencida. Bruzi et al. (2002), visando estudar o controle genético da resistência à mancha angular oriunda da cultivar Jalo EEP 558, cruzou a linhagem resistente ESAL 550, selecionada dentro desta cultivar, com a cultivar suscetível Carioca MG. Como resultado do trabalho, das 136 famílias $F_{2,3}$ avaliadas desse cruzamento, 28% apresentaram resistência à doença. Neste trabalho, a cultivar Carioca MG foi utilizada como ponte para transferência de alelo(s) de resistência. É conhecido que cruzamentos entre cultivares pertencentes a grupos gênicos distintos levam a uma incompatibilidade, que é devido à interação de dois genes. As cultivares andinas apresentam genótipo $dl_1dl_1Dl_2Dl_2$, e cultivares mesoamericanas $Dl_1Dl_1dl_2dl_2$. No cruzamento são produzidos descendentes em que os alelos Dl_1 e Dl_2 passam a ocorrer juntos e eles interagem entre si, produzindo plantas pouco desenvolvidas, cloróticas e que chegam a morrer antes de produzir sementes (Vieira et al., 1989).

Diante da predominância de raças que vencem os alelos de resistência de origem mesoamericana, o uso de resistência de origem andina deverá contribuir, em princípio, para a obtenção de cultivares com resistência mais durável. Pensando dessa forma, o trabalho de Silva et al. (2003) teve como objetivo marcar o alelo de resistência de origem andina, presente na cultivar Jalo EEP 558, por meio de marcadores moleculares. Como resultado, foi encontrado um marcador microssatélite a 7,2 cM de distância do alelo. O emprego desse marcador representa uma importante contribuição para programas de melhoramento que visam resistência à mancha angular, pois permite selecionar os genótipos portadores destes, em qualquer época, contribuindo, assim, para aumentar a eficiência do processo seletivo.

A grande dificuldade no desenvolvimento de cultivares resistentes tem sido a ampla variabilidade do fungo causador dessa doença. No Brasil, alta variabilidade patogênica de *P. griseola* tem sido relatada em diferentes regiões (Aparício, 1998; Cayasso & Fernández, 2004; Niestche, 1997; Nietzsche et al., 2001; Pastor-Corrales & Paula-Jr. 1996). Segundo Sartorato & Alzate-Marin, (2004), entre 1996 e 2002, 51 patótipos foram identificados no Brasil (02-23, 05-07, 07-23, 07-31, 07-39, 09-23, 11-19, 11-39, 13-23, 13-55, 15-07, 15-23, 15-31, 15-33, 15-39, 15-47, 15-55, 29-55, 31-07, 31-15, 31-17, 31-21, 31-23, 31-31, 31-33, 31-39, 31-47, 31-53, 31-55, 39-23, 45-39, 47-31, 47-39, 47-47, 55-23, 55-31, 55-39, 57-23, 59-23, 59-47, 61-41, 63-07, 63-15, 63-19, 63-23, 63-31, 63-35, 63-39, 63-47, 63-55 e 63-63). Segundo estes autores, 88% desses patótipos encontram-se distribuídos nos estados de Goiás e Minas Gerais.

Para determinação das raças de *P. griseola*, uma escala de valores binários proposta por Pastor-Corrales & Jara (1995) foi utilizada e se encontra na Tabela 1. Por exemplo, se o isolado ataca a cultivar andina G 5686, de valor binário 32 e as cultivares mesoamericanas Pan 72, de valor binário 1 e Bat 332, de

valor binário 16, a raça é classificada de acordo com a soma dos valores binários de cada grupo. Neste caso, o isolado é nomeado como pertencente à raça 32-17.

A alta variabilidade de *P. griseola* explica o alto potencial adaptativo desse patógeno, responsável pela rápida “quebra” da resistência das cultivares. Isso implica que a resistência obtida nem sempre é duradoura ou eficiente em todas as regiões de cultivo (Oliveira et al., 2004; Ramalho & Abreu, 1998). A resistência devido a todos os alelos presentes nas cultivares diferenciadoras já foi vencida pela raça 63.63. Isso indica que a procura de novas fontes de resistência à mancha angular deve ser contínua.

TABELA 1. Cultivares diferenciadoras de feijoeiro comum usadas para caracterizar as raças de *P. griseola*.

Cultivares diferenciadoras	Tamanho da semente ¹	Pool gênico	Valor binário ²
A. Don Timóteo	G	Andino	1
B. G11796	G	Andino	2
C. Bolón Bayo	G	Andino	4
D. Montcalm	G	Andino	8
E. Amendoim	G	Andino	16
F.G5686	G	Andino	32
G. PAN 72	P	Mesoamericano	1
H. G2858	M	Mesoamericano	2
I. Flor de Mayo	P	Mesoamericano	4
J. México 54	M	Mesoamericano	8
K. BAT 332	P	Mesoamericano	16
L. Cornell 49-242	P	Mesoamericano	32

¹ G = grande, M = médio e P = pequeno.

² Valor binário usado para classificar as raças de *P. griseola*.

Mahuku et al. (2003) avaliaram acessos de uma coleção núcleo de feijão, *pools* gênicos primários e secundários e linhas derivadas do cruzamento interespecífico de *P. Vulgaris* x *P. Coccineus* e *P. Polyanthus* para a resistência à mancha angular. Como resultado, eles verificaram que, dos 1.441 acessos da coleção núcleo, apenas 2,2% foram resistentes a ambas raças, andinas e mesoamericanas, 28% somente para raças andinas e 9% somente para raças mesoamericanas. Dos acessos de feijão selvagem (*pool* gênico primário), apenas 4% foram resistentes. Em contraste, alto nível de resistência foi encontrado nos acessos do *pool* gênico secundário (68%). Entre as 1.010 linhas interespecíficas, 109 foram altamente resistentes, mostrando o potencial desses genótipos na obtenção de uma resistência à mancha angular ampla e durável.

Nietsche et al. (1998 e 2000b) identificaram cinco fontes de resistência: México 54, AND 277, MAR-2, Cornell 49-242 e BAT 332, todas com herança monogênica dominante. Caixeta (2002), visando entender a relação entre esses genes, realizou um teste de alelismo entre essas cinco cultivares. Como resultado, foi demonstrado que Cornell 49-242 possui apenas um alelo dominante, *Phg-3*; México 54 possui três alelos, *Phg-2*, *Phg-5* e *Phg-6*; em MAR-2 foram encontrados dois genes, um independente *Phg-4* e outro, uma forma alélica de *Phg-5*, o alelo *Phg-5*². Formas alélicas também foram encontradas em BAT 332, *Phg-6*² e em AND 277, *Phg-2*², *Phg-3*² e *Phg-4*².

Outra fonte de resistência é a cultivar Jalo EEP 558, de origem andina. Essa cultivar possui um alelo dominante de grande importância e tem conferido resistência à mancha angular na região Sul de Minas Gerais há mais de 20 anos (Teixeira, 2004). Outros trabalhos também citam esta cultivar como resistente à mancha angular (Sartorato & Rava, 1992; Sartorato et al., 1996), embora no trabalho de Oliveira et al. (2004), esta tenha-se mostrado suscetível a três raças

do patógeno 31-17, 63-19 e 63-55 e resistência intermediária à raça 63-23 que, segundo Nietsche (2000b), é a mais prevalente em Minas Gerais. Esses resultados são de especial importância para programas de melhoramento cujo objetivo é a piramidação de genes de resistência, pois o melhorista tem a oportunidade de escolher os genitores para seu programa de forma a obter uma cultivar com o maior número e melhor combinação possível de alelos de resistência.

Em função da alta variabilidade patogênica do *P. griseola* e considerando que, para obter linhagens resistentes a todas as raças do patógeno, envolvem-se alguns genes maiores e, provavelmente, vários genes de efeitos menores, portanto de caráter quantitativo. Uma estratégia que vem sendo utilizada no Programa de Melhoramento da UFLA desde 1999 é o uso da seleção recorrente fenotípica. Os ciclos sucessivos de seleção, avaliação e recombinação têm contribuído grandemente na seleção de famílias que reúnam maior grau de resistência à mancha angular e também outros fenótipos importantes (Abreu et al., 2002a).

2.2.5 Reação à antracnose

A antracnose do feijoeiro, causada pelo fungo *Colletotrichum lindemuthianum* (Sacc. & Magn.) Scrib., é uma das doenças mais graves do feijoeiro, afetando cultivares suscetíveis em todo o mundo e estabelecendo-se, preferencialmente, em regiões de temperatura moderada a fria, com ótimas entre 13°C e 26°C e com alta umidade ambiental, como nas zonas temperadas e subtropicais (Paula-Jr. & Zambolim, 1998).

O patógeno sobrevive de uma safra a outra como micélio dormente no interior das sementes ou na forma de esporos em restos culturais. Os fatores que contribuem para a disseminação do patógeno à longa distância são o uso de sementes contaminadas e chuvas moderadas e frequentes, acompanhadas de

ventos. Na disseminação à curta distância, destaca-se o salpico de chuva sobre os resíduos de colheita, insetos, animais, homem e implementos agrícolas (Pastor-Corrales, 1985; Sartorato et al., 1996).

Os sintomas da antracnose podem ser observados em qualquer órgão da parte aérea da planta, dependendo da fonte de inóculo e da intensidade da doença. Quando a fonte de infecção é a semente, os primeiros sintomas aparecem como lesões necróticas nos cotilédones. A infecção pode também ocorrer no pecíolo da folha, onde, em casos severos, enfraquecem a tal ponto que a folha se dobra no sítio da lesão. Nas folhas, os sintomas mais característicos surgem na face inferior, com um escurecimento ao longo das nervuras. Às vezes, cancrios ou necroses das áreas adjacentes às nervuras são também observados. Nas vagens, as lesões apresentam-se como cancrios deprimidos, de forma arredondada, com margens ligeiramente proeminentes, delimitadas por um anel preto com borda laranja-avermelhada. Em condições favoráveis, surge, no centro das lesões, uma coloração rósea, ocasionada pela produção de uma massa de esporos do fungo. Sementes infectadas apresentam lesões escuras e deprimidas, de tamanhos variáveis (Paula-Jr. & Zambolim, 1998).

Em relação às perdas ocasionadas pela antracnose, em algumas ocasiões onde as condições são ideais para o desenvolvimento do patógeno, elas podem chegar a 100%, principalmente quando são empregadas sementes infectadas (Peloso, 1992). Em Minas Gerais, a antracnose causa perdas consideráveis particularmente nas regiões Sul e Zona da Mata, onde ocorrem, com frequência, alta umidade e temperaturas moderadas. Já nas regiões mais secas e quentes do Estado, como o norte, o noroeste e o leste, a doença não chega a ser tão importante.

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). Diante da utilização de diferentes conjuntos de cultivares diferenciadoras para a classificação das raças, em 1998, numa reunião realizada no Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), decidiu-se pela adoção universal de um conjunto de cultivares diferenciadoras e uma nova metodologia para a nomenclatura de raças do patógeno da antracnose foi proposta. Essa nova nomenclatura é baseada num sistema binário, no qual doze cultivares diferenciadoras de feijão (d_i) são identificadas ordenadamente de 1 a 12 (Tabela 2). A designação de uma determinada raça se dá pela soma dos valores numéricos (2^{d_i-1}) de cada cultivar diferenciadora que é suscetível a essa raça. Por exemplo, a raça 5 ($1 + 4$) vence a cultivar Michelite (2^0) e a cultivar Perry Marrow (2^2).

TABELA 2. Cultivares diferenciadoras de feijoeiro comum usadas para caracterizar as raças de *C. lindemunthianum*.

Cultivares diferenciadoras (d_i)	<i>Pool</i> gênico	Série binomial (2^{d_i-1})	Nome (número) da raça ¹
1 Michelite	Mesoamericano	2^0	1
2 MDRK	Andino	2^1	2
3 Perry Marrow	Andino	2^2	4
4 Cornell 49242	Mesoamericano	2^3	8
5 Widusa	Mesoamericano	2^4	16
6 Kaboon	Andino	2^5	32
7 Mexico 222	Mesoamericano	2^6	64
8 PI 207262	Mesoamericano	2^7	128
9 TO	Mesoamericano	2^8	256
10 TU	Mesoamericano	2^9	512
11 AB 136	Mesoamericano	2^{10}	1024
12 G 2333	Mesoamericano	2^{11}	2048

¹ Valor binário usado para classificar as raças de *C. lindemunthianum*.

Utilizando esse procedimento de identificação, apenas no período de 1994 e 2002, identificou-se no Brasil, um total de 50 raças: 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 e 585 (Alzate-Marin & Sartorato, 2004). De acordo com os autores, as raças 65, 73, 81 e 87 são as mais freqüentes e estão largamente distribuídas em praticamente todos os estados amostrados do Brasil. No estado do Paraná, foi encontrada a maior variabilidade (29 raças), seguido por Goiás, Santa Catarina, Rio Grande do Sul e Minas Gerais, com 17, 16, 14 e 9 raças, respectivamente.

Diversas estratégias podem ser utilizadas a fim de controlar o patógeno, como controle químico, uso de sementes sadias e rotação de culturas, mas a estratégia de controle mais prática e econômica é a utilização de cultivares resistentes e tem sido amplamente utilizada em diversos países.

O controle via resistência é facilitada, haja vista que vários genes independentes já foram identificados e, em cada, um ou mais alelos conferem resistência a várias raças (Alzate-Marin et al., 1997, 2002b; 2003a,b,c; Bannerot, 1965; Fouilloux, 1976 e 1979; Geffroy et al., 1999; Mastenbrock, 1960; McRostie, 1919; Melotto & Kelly, 2000; Pastor-Corrales, et al., 1994; Schwartz et al., 1982; Vidigal et al., 2003 e 2005; Vallejo & Kelly, 2005a,b; Young et al., 1998), como pode ser observado na Tabela 3.

TABELA 3. Alelos de resistência à antracnose e número de raças por eles controladas.

Alelos de resistência	Número de raças ¹	Resistente às raças ¹
Co-1	31	1, 8, 9, 17, 64, 65, 69, 72, 73, 77, 81, 85, 89, 93, 96, 97, 101, 105, 109, 117, 121, 125, 135, 193, 217, 249, 320, 321, 337, 453, 585
<i>Co-1</i> ²	4	5, 7, 73, 89
<i>Co-1</i> ³	1	73, 89
<i>Co-1</i> ⁴	1	64
<i>Co-1</i> ⁵	3	7, 65, 73
<i>Co-2</i>	28	1, 7, 17, 23, 55, 64, 65, 67, 69, 71, 81, 83, 85, 86, 87, 96, 97, 101, 102, 117, 119, 193, 320, 321, 337, 339, 343, 453
<i>Co-3</i>	8	1, 7, 8, 17, 23, 31, 55, 137
<i>Co-3</i> ³	-	-
<i>Co-4</i>	43	1, 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, 585
<i>Co-4</i> ²	50	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
<i>Co-4</i> ³	15	1, 7, 17, 23, 31, 55, 64, 65, 69, 73, 81, 87, 89, 95, 193
<i>Co-5</i>	42	1, 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
<i>Co-6 e co-8</i> *	49	1, 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
<i>Co-7</i>	4	1, 7, 17, 55,
<i>Co-9</i>	1	7, 23, 38, 65, 79, 89
<i>Co-10</i>	15	23, 64, 67, 73, 79, 81, 83, 87, 89, 95, 102, 117, 119, 343, 453
<i>Co-11</i>	1	64

¹ Considerando as 50 raças identificadas no Brasil.

* Efeitos dos alelos *Co-6* e *co-8* considerados em conjunto.

A resistência à antracnose, segundo revisão feita por Kelly & Vallejo (2004), é condicionada por nove genes independentes, *Co-1* ao *Co-10* e os genes *Co-3/Co-9* são, na verdade, formas alélicas de um mesmo gene. Desses, apenas o gene *Co-1* é de origem andina. Com exceção do alelo recessivo *co-8*, todos os outros são dominantes e alelismo múltiplo é observado nos locos, *Co-1*, *Co-3* e *Co-4*. Mais recentemente, Vidigal et al. (2005), estudando a herança da resistência à antracnose na cultivar diferenciadora Michelite, demonstraram que esta carrega um alelo de resistência dominante e independente de todos os outros já previamente caracterizados, sendo designado *Co-11*. Vallejo & Kelly (2005b) identificaram a presença de um segundo gene na cultivar diferenciadora México 222. É conhecido que esta cultivar possui o alelo *Co-3*, mas, uma caracterização adicional é necessária para determinar se este é independente dos outros previamente identificados ou se é uma forma alélica de um outro gene.

Até o presente momento, sete alelos de resistência têm sido mapeados para integrar o mapa de ligação do feijão. Assim, o *loco Co-1* foi localizado no grupo de ligação B1, o *loco Co-2* no B11, os *locos Co-3/ Co-9* e *Co-10* no B4, o *Co-4* no B8 e os *locos Co-6* e *Co-5* no B7 (Campa et al., 2005b; Kelly & Vallejo, 2004). Os genes que se encontram no mesmo grupo de ligação não estão ligados, mas, segundo os autores, existe uma co-localização de genes maiores e QTLs que condicionam resistência parcial à antracnose.

O melhoramento assistido por marcadores oferece maior eficiência e rapidez e também viabiliza a construção de pirâmide de alelos, principalmente se forem utilizados marcadores genéticos intimamente ligados ao alelo de interesse (Kelly & Milkas, 1998). Uma vantagem adicional em se construir uma pirâmide de alelos para resistência à antracnose, como já comentado, é o fato de a maioria dos alelos importantes de resistência já estarem marcados e informações de *primers* que os identificam são encontradas em várias publicações.

A caracterização e o mapeamento dos alelos de resistência possibilitam, cada vez mais, identificar marcas moleculares ligadas a estes alelos. Vários marcadores já foram identificados e têm exercido um papel importante em programas de seleção assistida e de piramidação de genes no Brasil (Alzate-Marin et al., 2001; Castanheira et al., 1999; Silva & Santos, 2001).

Alelos de resistência também podem ser identificados por meio de inoculação. Em trabalhos recentes, Pereira (2003) e Couto (2005) identificaram o alelo de resistência *Co-4*², em linhagens quase isogênicas, utilizando a raça 2047. Esta raça somente não vence o alelo *Co-4*², que tem valor binário 2¹¹, ou seja, 2048. Portanto, esse alelo de resistência deve ser vencido por raças de valor binário igual ou superior a 2048, as quais ainda não foram identificadas no Brasil.

O trabalho destes autores também visava identificar a presença dos alelos *Co-5* e *Co-7* nas linhagens, porém, estes só podem ser identificados na ausência do alelo *Co-4*², pois este, como já foi comentado, é resistente a todas as raças identificadas no Brasil. Dessa forma, por meio da inoculação não é possível identificar pirâmide de alelos de resistência para os três alelos. Uma alternativa seria o uso de marcadores moleculares ligados a esses alelos, mas o alelo *Co-7* ainda não foi marcado e o marcador SCAR para o alelo *Co-5*, segundo Couto (2005), não foi eficiente, sobretudo pela distância entre o marcador e o alelo e também devido ao procedimento de seleção utilizado, que foi o retrocruzamento.

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Materiais genéticos e cruzamentos

Os cruzamentos e a obtenção da geração F_1 foram realizados em casa de vegetação do Departamento de Biologia (DBI) da Universidade Federal de Lavras (UFLA).

Foi utilizada a linhagem H91, resistente à antracnose (Pereira et al., 2004). Esta linhagem, além de portadora dos alelos *Co-4²*, *Co-5* e possivelmente o *Co-7*, é possuidora de fenótipos desejáveis, tais como porte ereto, tipo de grão carioca e boa produtividade de grãos. Esta linhagem é oriunda de um programa de retrocruzamentos cujo objetivo é a transferência da pirâmide de alelos de resistência à antracnose, presentes na linhagem G2333. Mas especificamente, ela é proveniente de uma família segregante F_3 do segundo retrocruzamento {[(G2333 X ESAL696) X ESAL696] X CI140} e sua constituição genética foi identificada por inoculações e marcador RAPD (Pereira et al., 2004).

Outros materiais genéticos utilizados foram três famílias segregantes $F_{2,5}$, denominadas B1, B2 e B3, resistentes à mancha angular (Bruzi et al., 2004). Estas famílias são derivadas do cruzamento entre ESAL 550 e Carioca MG. ESAL 550 é uma linha pura selecionada dentro da cultivar andina Jalo EEP 558 e carrega o mesmo alelo de resistência A resistência andina é muito importante, haja vista que a maioria das cultivares utilizadas no Brasil é de origem mesoamericana e, apesar de patógenos mesoamericanos atacarem cultivares andinas, no estado de Minas Gerais, até o momento, não se têm relatos de que a resistência à mancha angular da cultivar Jalo EEP 558 tenha sido “quebrada”. Assim, alelos de resistência de origem andina, como o da cultivar Jalo EEP 558,

pode contribuir para o melhoramento visando resistência de forma mais eficiente e durável.

Os cruzamentos da linhagem com as três famílias foram realizados artificialmente sem emasculação do botão floral (Paternelli & Borém, 1999). As sementes F_1 obtidas foram semeadas em vasos de cerâmica para a obtenção das sementes F_2 . As sementes F_2 foram semeadas em campo experimental para a obtenção das famílias $F_{2,3}$.

3.2 Avaliação das famílias em campo

3.2.1 Locais

Os experimentos de campo foram conduzidos na área experimental do Departamento de Biologia (DBI) da Universidade Federal de Lavras (UFLA), no município de Lavras, localizado na região sul de Minas Gerais, a 900m de altitude, 21°14' S de latitude e 45°00' W de longitude e na fazenda experimental da Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais (EPAMIG), no município de Lambari, também localizado no sul do estado, a cerca de 850m de altitude, 21°31' S de latitude e 45°22' W de longitude.

3.2.2 Safras

Na safra de inverno de 2004, foram avaliadas 144 famílias $F_{2,3}$ derivadas do cruzamento (H91 x B's), no município de Lavras, MG. O experimento foi conduzido em delineamento látice quadrado simples 12 x 12, com duas repetições e parcelas constituídas de uma linha de um metro de comprimento. As famílias foram avaliadas pelo tipo de grão, porte e produtividade, mas selecionaram-se as mais promissoras só quanto ao tipo de grão.

Na safra das águas de 2004/2005, foram avaliadas, também no município de Lavras, 80 famílias $F_{2,4}$ selecionadas na safra de inverno de 2004,

mais a cultivar Talismã como testemunha. O experimento foi conduzido em látice quadrado triplo 9 x 9, com três repetições e parcelas constituídas de duas linhas de dois metros. As famílias foram avaliadas para tipo de grão, porte, produtividade, reação à mancha angular e antracnose. Nessa safra, as famílias mais promissoras foram selecionadas com base no tipo de grão e resistência à doenças.

Na safra da seca de 2005, foram avaliadas em dois municípios, Lavras e Lambari, 48 famílias F_{2:5} selecionadas na safra das águas, juntamente com a cultivar Talismã. O experimento foi conduzido também em um látice quadrado triplo 7 x 7, com três repetições e cada parcela foi novamente representada por duas linhas de dois metros. Foram avaliadas as características porte, tipo de grãos, produção de grãos e, principalmente, reação ao *P. griseola*, pois é nessa época que a incidência natural da doença é maior.

Em relação ao manejo dos experimentos, todos eles receberam adubação, na semeadura, de 300 kg/ha da fórmula 8-28-16 (N-P₂O₅-K₂O), mais 150 kg/ha de sulfato de amônio em cobertura, aproximadamente vinte dias após a emergência. A irrigação por aspersão foi utilizada quando necessário. Em todos os experimentos, o espaçamento entre linhas foi de 50cm e a densidade de semeadura foi de quinze sementes por metro linear.

3.3 Procedimentos adotados nas avaliações

3.3.1 Tipo de grão

Nas avaliações para tipo de grão, tomando-se como padrão o tipo “Carioca”, grãos com coloração creme-clara, rajas marrom-clara, sem halo, tamanho médio e não achatados, foi utilizada uma escala descritiva proposta por Marques-Jr (1997), com notas variando de 1 (grãos tipo “carioca”) a 5 (grãos fora do padrão “carioca”), ou seja, creme com rajas marrom-escuras, fundo

escuro, com halo e grãos de tamanho pequeno e achatados. As notas foram dadas por dois avaliadores com reconhecida experiência com a cultura e submetidas à análise de variância.

3.3.2 Porte

A avaliação de porte foi realizada por meio de um diagrama de notas semelhante ao de Collicchio (1995), com notas variando de 1 a 5, em que: 1 - hábito I ou II, planta ereta, com uma haste e com inserção alta das primeiras vagens; 1,5 - hábito I ou II, planta ereta, com guia curta; 2 - hábito I ou II, planta ereta, com algumas ramificações; 2,5 - hábito I ou II, planta ereta, com algumas guias longas; 3 - hábito II ou III, planta ereta, com muitas ramificações e tendência a prostrado; 3,5 - hábito II ou III, planta semi-ereta, pouco prostrada; 4 - hábito III, planta semi-ereta, mediantemente prostrada; 4,5 - hábito III, planta prostrada; 5 - hábito III, planta com entrenós longos, muito prostrada. As notas foram dadas em consenso por dois avaliadores.

3.3.3 Produtividade de grãos

A produção de grãos foi mensurada em g/parcela e, posteriormente, foi realizada a transformação em kg/ha, a fim de padronizar os dados. Isso foi necessário, pois, tamanhos diferentes de parcela foram utilizados nos experimentos.

3.3.4 Reação à mancha angular

As avaliações da severidade da mancha angular foram realizadas utilizando-se um diagrama de notas variando de 1 (ausência de sintomas visíveis) a 9 (susceptibilidade máxima), proposto por Van Schoonhoven & Pastor-Corrales (1987).

Esta avaliação foi realizada também na safra das águas de 2004/2005, mas, geralmente, é realizada nos experimentos da seca, pois, nessa época, a incidência natural do patógeno é maior, devido ao fato das condições climáticas serem as mais favoráveis para seu desenvolvimento.

Buscando uma alternativa para avaliação de severidade da mancha angular, na safra da seca de 2005, foi realizado um estudo para verificar a eficiência de metodologias na avaliação da severidade dessa doença. Para isso, foram tomadas notas (1 a 9) das parcelas por dois avaliadores quanto à severidade da mancha angular e, paralelamente, uma folha de cada parcela que representasse a nota foi coletada. As folhas de cada parcela foram fotografadas com câmara digital (Olympus 3,2 Megapixel) e, posteriormente, as imagens geradas foram submetidas à análise pelo software QUANT Versão 1.0.1. (Vale et al., 2003). Este software de análise de imagens foi desenvolvido para quantificar severidade de doenças de plantas, a partir de imagens digitais obtidas por meio de "scanner" ou máquinas fotográficas digitais. O objetivo do programa é reduzir as dezenas ou centenas de milhares de cores da imagem digital original a três ou quatro cores apenas, cada uma representando uma parte da imagem. Por exemplo, tecido sadio, necrótico e o fundo da imagem. Além disso, o programa também fornece a área foliar sadia e doente (clorótica, necrótica e esporulada), a severidade, bem como o número, tamanho, forma e posição das lesões na folha. Os resultados gerados pelo software foram submetidos a uma análise de variância, assim como as notas dadas pelos avaliadores e a produção de cada parcela. As correlações fenotípicas e genéticas entre as médias ajustadas das características avaliadas foram estimadas por meio dos programas computacionais GENES (2001) e MSTAT (1983).

3.4 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:

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

em que:

Y_{ijk} = observação referente ao tratamento i , no bloco k , dentro da repetição j ;

m = efeito fixo da média geral do ensaio;

t_i = efeito fixo do tratamento i , sendo $i = 1, 2, 3, \dots, I$;

r_j = efeito aleatório da repetição j , sendo $j = 1, 2, \dots, J$;

$b_{k(j)}$ = efeito aleatório do bloco k , na repetição j , sendo $k = 1, 2, \dots, K$;

e_{ijk} = efeito aleatório do erro experimental, da parcela que recebeu o tratamento i , no bloco k , dentro da repetição j , assumindo-se que os erros são independentes e normalmente distribuídos, com média zero e variância σ^2 .

Para a análise conjunta, foram consideradas as médias ajustadas dos 48 tratamentos comuns (famílias) em cada ambiente ou safra. Para certificar se os quadrados médios do erro entre as análises individuais são semelhantes, foram aplicados dois testes de homogeneidade de variância, o teste de Hartley e o teste de Bartlett (Ramalho et al., 2000). O modelo considerado para a análise conjunta foi:

$$Y_{ijkl} = m + t_i + a_l + r_{j(l)} + b_{k(jl)} + (ta)_{il} + e_{ijkl(l)}$$

em que:

Y_{ijk} = observação referente ao tratamento i , no bloco k , dentro da repetição j , na safra l ;

m = efeito fixo da média geral do ensaio;

t_i = efeito fixo do tratamento i , sendo $i = 1, 2, 3, \dots, I$;
 a_l = efeito fixo da safra l , sendo $l = 1, 2, \dots, L$;
 $r_{j(j)}$ = efeito aleatório da repetição j , dentro da safra l , sendo $j = 1, 2, \dots, J$;
 $b_{k(jl)}$ = efeito aleatório do bloco k , dentro da repetição j e da safra l , sendo $k = 1, 2, \dots, K$;
 $(ta)_{il}$ = efeito fixo da interação entre o tratamento i e a safra l ;
 $e_{ijk(l)}$ = é o erro experimental médio.

Com o resultado das análises de variância individual e conjunta (Tabela 4), foi estimada a herdabilidade e seus intervalos de confiança segundo a expressão de Knapp et al. (1985) para cada caráter, em cada safra e nas análises conjuntas. Como o efeito de tratamentos foi considerado fixo, essa herdabilidade corresponde, na verdade, ao coeficiente de determinação genotípico (R^2), que indica a proporção da variação fenotípica observada que é de natureza genética. Essa estimativa será referida como herdabilidade (h^2) e é restrita ao conjunto de famílias utilizadas nesse trabalho.

TABELA 4. Esquema das análises de variância individuais e conjuntas.

Fontes de Variação	QM	F
Análise individual		
Repetições	Q1	Q ₂ /Q ₃
Famílias	Q2	
Erro efetivo	Q3	
Análise conjunta		
Safras (S)	Q4	Q ₅ /Q ₇ Q ₆ /Q ₇
Famílias (F)	Q5	
F X L	Q6	
Erro médio	Q7	

As estimativas de herdabilidade foram obtidas por meio das expressões:

$$h^2 = R^2 = (Q2 - Q3)/Q2, \text{ para análises individuais;}$$

$$h^2 = R^2 = (Q5 - Q7)/Q5, \text{ para análises conjuntas.}$$

Os estimadores para o cálculo dos limites inferior (LI) e superior (LS) de herdabilidade foram, segundo Knapp et al. (1985), os seguintes:

$$LI = \{1 - [(Q2/Q3) F_{1-\alpha/2; GL\ Erro:GL\ Família}]^{-1}\}$$

$$LS = \{1 - [(Q2/Q3) F_{\alpha/2; GL\ Erro:GL\ Família}]^{-1}\}$$

considerando $\alpha = 5\%$.

Para as análises conjuntas, foi estimado, além da herdabilidade e seu intervalo de confiança, o ganho de seleção (GS) para os caracteres avaliados por meio da expressão:

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

em que:

ds: diferencial de seleção, ou seja, a diferença entre a média das famílias selecionadas e a média geral do experimento;

h^2 : herdabilidade do caráter.

As correlações fenotípicas para os caracteres avaliados foram estimadas utilizando-se os programas computacionais GENES (2001) e MSTAT (1983).

3.5 Identificação de famílias com diferentes alelos de resistência à antracnose

O preparo do inóculo e as inoculações com *Colletotrichum lindemuthianum* foram realizadas no Laboratório de Resistência a Doenças (DBI/UFLA).

Foram utilizadas 48 famílias $F_{2,5}$ previamente selecionadas a campo para tipo de grão e resistência à mancha angular e antracnose, nas safras de inverno de 2004 e águas de 2004/2005.

Estas famílias podem possuir um, dois ou três alelos de resistência ($Co-4^2$, $Co-5$ e $Co-7$), provenientes da linhagem genitora H91. Para identificar a constituição genética das famílias quanto à presença dos alelos de resistência, foram realizadas inoculações com três raças distintas (2047, 1545 e 73) de *Colletotrichum lindemuthianum*, agente causal da antracnose (Figura 1).

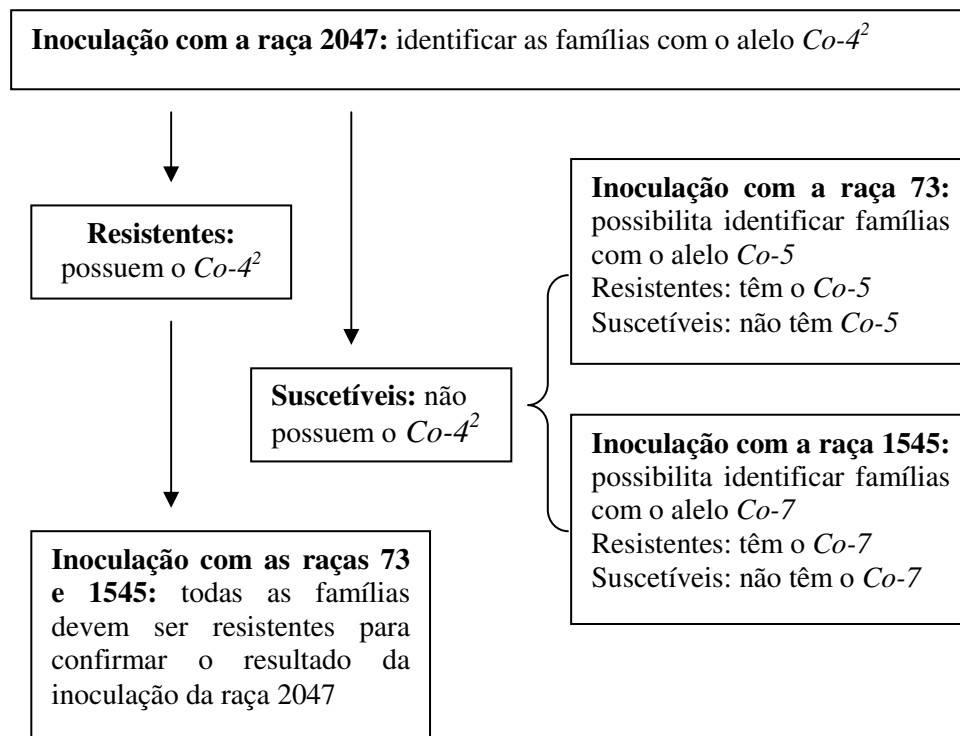


FIGURA 1. Esquema de inoculações para a identificação da constituição genética das famílias quanto aos alelos de resistência à antracnose.

As raças de *C. lindemuthianum* utilizadas nas inoculações foram provenientes de culturas monospóricas repicadas em placas de petri. A produção de inóculo foi realizada multiplicando-se o fungo em vagens de feijão esterilizadas, parcialmente imersas em meio ágar-água em tubo de ensaio (Pio-Ribeiro & Chaves, 1975), as quais foram incubadas a uma temperatura em torno de 21°C, em ausência de luz, durante oito a dez dias em BOD. Posteriormente, a partir destes tubos, preparou-se uma suspensão de conídios, adicionando-se água destilada e raspando-se a superfície das vagens com ajuda de uma alça de metal até a água ficar turva. Em seguida, a suspensão foi coada por meio de gaze, tendo a concentração dos conídios presentes na suspensão sido determinada em um hemacitômetro e ajustada para a concentração de $1,2 \times 10^6$ conídios/ml.

Sementes das 48 famílias F_{2:5}, dos genitores e testemunha resistente (G2333) e suscetível (Carioca) foram semeadas em bandejas de isopor, composta por 128 células, contendo substrato 'plantimax'. Utilizando-se doze plantas de cada família, por volta de dez dias após a semeadura, procedeu-se a inoculação pulverizando-se a suspensão de esporos nas faces abaxial e adaxial das folhas primárias com a ajuda de um borrifador. Em seguida, as plântulas foram mantidas em câmaras especiais de inoculação sob condições controladas de temperatura, luz e umidade por 36 horas. Após esse período, as bandejas foram transferidas para um telado, com irrigação intermitente, onde permaneceram até o momento da avaliação dos sintomas, a qual foi realizada em torno de dez dias após a inoculação. A avaliação dos sintomas da doença foi feita visualmente, considerando apenas resistência completa e suscetibilidade, ou seja, plantas com qualquer sintoma da doença eram consideradas suscetíveis.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Reação à antracnose

Uma das estratégias para se ter uma resistência durável é a construção de uma pirâmide de alelos de resistência (Young & Kelly, 1997). Nesse sentido, um dos objetivos do trabalho em questão é a piramidação dos alelos de resistência à antracnose presentes na linhagem H91 (Pereira, 2003). Esta linhagem, além de características agronômicas superiores, foi utilizada como doadora dos alelos *Co-4*², *Co-5* e, possivelmente, o *Co-7*. No entanto, a recombinação gerada no cruzamento e na condução das populações segregantes faz com que se torne necessário conhecer a constituição genética das famílias em relação aos alelos de resistência. A Tabela 5 mostra as possíveis combinações de alelos que se espera encontrar nas famílias por meio de inoculações.

A identificação das três raças utilizadas no trabalho foi realizada segundo o método binário proposto por Habgood (1970), por meio da expansão binomial, de tal forma que o nome de cada raça é, na verdade, um número. Dada a simplicidade e eficiência desse método, o Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), no final da década de 1980, recomendou o uso universal de doze cultivares diferenciadoras, utilizadas sempre em uma mesma ordem, para a identificação das raças de *C. lindemuthianum*. Segundo esse procedimento, a raça 2047 somente não vence o alelo de resistência *Co-4*², presente na cultivar diferenciadora G2333. Assim o valor binário desse alelo é 2¹¹, podendo ser vencido apenas por uma raça de valor igual ou superior a 2048, a qual, felizmente, ainda não foi identificada no Brasil. Conseqüentemente, famílias portadoras do alelo *Co-4*² são resistentes a todas as raças já identificadas no país.

TABELA 5. Possíveis combinações dos alelos identificados nas famílias por meio das inoculações com as três raças de *C. lindemunthianum*.

Alelos de resistência	Reação às raças		
	2047	73	1545
<i>Co-4²</i> , <i>Co-5</i> *, <i>Co-7</i> *	R	R	R
<i>Co-4²</i> , <i>Co-5</i> *	R	R	R
<i>Co-4²</i> , <i>Co-7</i> *	R	R	R
<i>Co-5</i> , <i>Co-7</i>	S	R	R
<i>Co-5</i>	S	R	S
<i>Co-7</i>	S	S	R
nenhum	S	S	S

* Não foi possível identificar se as famílias possuem os alelos *Co-5* e *Co-7*.
R: Resistente; S: Suscetível.

Inicialmente, foram inoculadas as 48 famílias F_{2.5} com a raça 2047 para verificar a presença do alelo *Co-4²* e identificaram-se 15 famílias resistentes, 27 segregantes e 6 suscetíveis (Tabela 6). O resultado esperado, considerando um *loco* (*Co-4²*), é uma relação de 1:2:1, ou seja, 12:24:12. Para verificar se a frequência observada se ajusta à esperada, foi feito o teste do χ^2 e este foi não significativo, indicando que os desvios são devido ao acaso e aceitando-se a hipótese de que a herança do alelo *Co-4²* é monogênica.

Nas quinze famílias homozigóticas para o *Co-4²*, não foi possível identificar a presença da pirâmide dos alelos *Co-5* e *Co-7*, cujos efeitos foram encobertos pelo amplo espectro de resistência do *Co-4²*. Uma alternativa para identificar a presença dos alelos *Co-5* e *Co-7* é a utilização de marcadores moleculares. Entretanto, dois problemas são enfrentados nesse caso. O primeiro é que o alelo *Co-7* ainda não foi marcado. O segundo é a baixa eficiência do marcador OPAB03₄₅₀ ligado ao *Co-5*. Embora Young & Kelly (1997) tenham reportado que a distância entre o marcador e o alelo de resistência é 5,9 cM,

outros estudos mostraram distâncias bem superiores (Alzate-Marin et al., 2001 e 2002a), de maneira que seu uso efetivo no processo de piramidação é limitado. Couto (2005), utilizando o SCAR desse marcador, também verificou baixa eficiência na seleção de genótipos portadores do *Co-5*, provavelmente pela alta frequência de recombinação entre eles. Em relação à variação das distâncias genéticas, vale ressaltar que vários trabalhos levam à conclusão que, para cada população, diferentes distâncias genéticas podem ser observadas, até quando os genitores utilizados são aparentados (Alzate-Marin et al., 2001).

TABELA 6. Resultados da reação das famílias frente à inoculação com as três raças de *C. lindemunthianum* e constituição genética das famílias quanto aos locos de resistência.

Famílias	Raças de <i>C. lindemunthianum</i>			Constituição genética das famílias		
	2047	73	1545	<i>Co-4</i> ²	<i>Co-5</i>	<i>Co-7</i>
1	R/S	R	R/S	<i>Co-4</i> ²	<i>Co-5</i>	<i>Co-7</i> ?
2	R/S	R/S	R/S	<i>Co-4</i> ²	<i>Co-5</i> ?	<i>Co-7</i> ?
3	S	R/S	S	-	<i>Co-5</i>	-
4	R/S	R/S	R/S	<i>Co-4</i> ²	<i>Co-5</i> ?	<i>Co-7</i> ?
5	R/S	R	R/S	<i>Co-4</i> ²	<i>Co-5</i>	<i>Co-7</i> ?
6	R/S	R/S	R/S	<i>Co-4</i> ²	<i>Co-5</i> ?	<i>Co-7</i> ?
7	S	R/S	R/S	-	<i>Co-5</i>	<i>Co-7</i>
8	R	R	R	<i>Co-4</i> ²	<i>Co-5</i> ?	<i>Co-7</i> ?
9	S	R	S	-	<i>Co-5</i>	-
10	R/S	R/S	S	<i>Co-4</i> ²	<i>Co-5</i> ?	-
11	R/S	R/S	R/S	<i>Co-4</i> ²	<i>Co-5</i> ?	<i>Co-7</i> ?
12	R/S	R	R/S	<i>Co-4</i> ²	<i>Co-5</i>	<i>Co-7</i> ?
13	R/S	R/S	R/S	<i>Co-4</i> ²	<i>Co-5</i> ?	<i>Co-7</i> ?
14	R	R	R	<i>Co-4</i> ²	<i>Co-5</i> ?	<i>Co-7</i> ?
15	R/S	R/S	R/S	<i>Co-4</i> ²	<i>Co-5</i> ?	<i>Co-7</i> ?
16	R/S	R/S	R	<i>Co-4</i> ²	<i>Co-5</i> ?	<i>Co-7</i>
17	R	R	R	<i>Co-4</i> ²	<i>Co-5</i> ?	<i>Co-7</i> ?
18	R/S	R	R	<i>Co-4</i> ²	<i>Co-5</i>	<i>Co-7</i>
19	R/S	R/S	R/S	<i>Co-4</i> ²	<i>Co-5</i> ?	<i>Co-7</i> ?
20	R	R	R	<i>Co-4</i> ²	<i>Co-5</i> ?	<i>Co-7</i> ?

“...continua...”

“TABELA 6, Cont.”

21	R	R	R	<i>Co-4²</i>	<i>Co-5?</i>	<i>Co-7?</i>
22	R/S	R	R	<i>Co-4²</i>	<i>Co-5</i>	<i>Co-7</i>
23	R	R	R	<i>Co-4²</i>	<i>Co-5?</i>	<i>Co-7?</i>
24	R/S	R	R	<i>Co-4²</i>	<i>Co-5</i>	<i>Co-7</i>
25	R	R	R	<i>Co-4²</i>	<i>Co-5?</i>	<i>Co-7?</i>
26	R	R	R	<i>Co-4²</i>	<i>Co-5?</i>	<i>Co-7?</i>
27	R/S	R/S	R	<i>Co-4²</i>	<i>Co-5?</i>	<i>Co-7</i>
28	R/S	R/S	R/S	<i>Co-4²</i>	<i>Co-5?</i>	<i>Co-7?</i>
29	R	R	R	<i>Co-4² ?</i>	<i>Co-5?</i>	<i>Co-7?</i>
30	R/S	R/S	R	<i>Co-4²</i>	<i>Co-5?</i>	<i>Co-7</i>
31	R/S	R	R/S	<i>Co-4²</i>	<i>Co-5</i>	<i>Co-7?</i>
32	R/S	R/S	R/S	<i>Co-4²</i>	<i>Co-5?</i>	<i>Co-7?</i>
33	R	R	R	<i>Co-4²</i>	<i>Co-5?</i>	<i>Co-7?</i>
34	R	R	R	<i>Co-4²</i>	<i>Co-5?</i>	<i>Co-7?</i>
35	S	R	R/S	-	<i>Co-5</i>	<i>Co-7</i>
36	R/S	R/S	R/S	<i>Co-4²</i>	<i>Co-5?</i>	<i>Co-7?</i>
37	S	R/S	R	-	<i>Co-5</i>	<i>Co-7</i>
38	R/S	R/S	R	<i>Co-4²</i>	<i>Co-5?</i>	<i>Co-7</i>
39	R/S	R	R/S	<i>Co-4²</i>	<i>Co-5</i>	<i>Co-7?</i>
40	R/S	R/S	R/S	<i>Co-4²</i>	<i>Co-5?</i>	<i>Co-7?</i>
41	R/S	R/S	R/S	<i>Co-4²</i>	<i>Co-5?</i>	<i>Co-7?</i>
42	R	R	R	<i>Co-4²</i>	<i>Co-5?</i>	<i>Co-7?</i>
43	R	R	R	<i>Co-4²</i>	<i>Co-5?</i>	<i>Co-7?</i>
44	R/S	R/S	R	<i>Co-4²</i>	<i>Co-5?</i>	<i>Co-7</i>
45	S	R/S	R	-	<i>Co-5</i>	<i>Co-7</i>
46	R	R	R	<i>Co-4²</i>	<i>Co-5?</i>	<i>Co-7?</i>
47	R/S	R/S	R/S	<i>Co-4²</i>	<i>Co-5?</i>	<i>Co-7?</i>
48	R	R	R	<i>Co-4²</i>	<i>Co-5?</i>	<i>Co-7?</i>

R, S e R/S: famílias resistentes, suscetíveis e segregantes, respectivamente;

? indica possibilidade das famílias terem ou não os alelos de resistência.

As inoculações das famílias com as raças 73 e 1545 foram feitas independentemente do resultado da inoculação com a raça 2047 (Tabela 6). Como era esperado, as 15 famílias portadoras do *Co-4²* mostraram-se resistentes às duas raças. Com isso, a inoculação dessas famílias foi uma espécie de validação da inoculação feita com a raça 2047.

A raça 1545 foi utilizada para verificar a presença do alelo de resistência *Co-7*. Young et al. (1998) inocularam uma população F_2 derivada do cruzamento entre SEL 1360 e G2333, ambas portadoras do alelo *Co-5*, com a raça 1545. Como resultado, eles verificaram uma segregação de 15:1, ou seja, dois alelos independentes controlando a resistência. Como a raça vence o alelo *Co-5*, fica claro que a resistência é conferida pelos alelos *Co-4*² e o *Co-7*. A resistência conferida pelo alelo *Co-5* é vencida por raças que têm o valor binário $2^9 = 512$ na sua constituição e, portanto, a raça 1545 ($2^0 + 2^3 + 2^9 + 2^{10}$) utilizada na inoculação das famílias vence a resistência conferida pelo alelo *Co-5*.

A raça 73 foi utilizada para verificar a presença do alelo *Co-5*, já que esse confere resistência a esta raça. Alzate-Marin et al. (2001), estudando a herança da resistência da cultivar G2333 frente às raças 73 e 89, verificaram que as segregações fenotípicas das populações F_2 não permitiram detectar a presença do alelo *Co-7*, indicando que este é suscetível às raças testadas. Com base nos trabalhos dos autores citados, pode-se concluir que a resistência do alelo *Co-7* é vencida por raças que possuem o alelo de virulência $2^6 = 64$ na sua constituição e, portanto, a raça 73 ($2^0 + 2^3 + 2^6$) utilizada na inoculação vence a resistência conferida pelo alelo *Co-7* e não vence a conferida pelo *Co-5*. É importante salientar que, de acordo com as evidências existentes, raças que possuem o alelo de virulência 2^6 na sua constituição vencem o alelo *Co-7*. Como as raças mais frequentemente distribuídas no Brasil, segundo Alzate-Marin & Sartorato (2004), são também aquelas portadoras do alelo de virulência 2^6 , tais como 65, 73, 81, e 87, o alelo *Co-7* é ineficiente e tem pouca importância no processo de melhoramento. Entretanto, as famílias possuidoras deste alelo podem ser isoladas para a verificação de seu espectro de resistência frente às raças disponíveis e também para a realização de estudos de alelismo.

Neste trabalho ficou evidenciada a distribuição independente dos genes, haja vista que, para três genes segregando independentemente, era esperado que

uma em cada 64 famílias fosse suscetível a todas as raças. Como foram utilizadas apenas 48 famílias, não foi encontrada nenhuma família com ausência dos três alelos e nem resistentes, apenas devido ao *Co-7*. No entanto, as demais combinações ocorreram (Tabela 7). Os alelos *Co-5* e *Co-4*² estão mapeados nos cromossomos B8 e B7, respectivamente (Campa et al., 2005b; Kelly & Vallejo, 2004), confirmando a distribuição independente dos alelos.

Com os resultados das inoculações foi possível confirmar que a linhagem H91, utilizada como doadora, realmente era possuidora dos três alelos de resistência à antracnose.

Portanto, ficaram definidas as constituições genéticas da maioria das 48 famílias selecionadas (tabela 7), sendo 15 portadoras do *Co-4*², que podem ou não ter a pirâmide do *Co-5* e *Co-7*. Outras 27 famílias segregantes para o *Co-4*², dentre essas 4, possuem o *Co-5*, 6 o *Co-7* e 3 ambos. As 14 restantes podem não ter os alelos *Co-5* e *Co-7* porque foram segregantes para as três raças. Outras combinações também foram identificadas, sendo 4 com *Co-5* e *Co-7* e 2 portadoras apenas do *Co-5*. É importante frisar que as famílias portadoras do *Co-4*² são as mais promissoras no processo de melhoramento, pois, até o momento, no Brasil, não se têm relatos de que a resistência conferida por esse alelo tenha sido quebrada.

Um comentário pertinente diz respeito à resistência apresentada pela família 29 (Tabela 6). De acordo com a inoculação, esta família é portadora do alelo *Co-4*², mas, ela apresentou-se altamente suscetível nas três repetições do experimento em Lambari. Uma explicação é que uma nova raça deve ter surgido e a resistência desse alelo pode ter sido quebrada. Outra explicação é que o alelo *Co-4*² requer a presença de outros genes complementares, os quais estão presentes em germoplasma mesoamericano, mas estão ausentes em certos genótipos andinos (Ernest & Kelly, 2004). Como um dos genitores utilizados neste trabalho é a cultivar andina Jalo, esta explicação é mais plausível.

TABELA 7. Número de famílias identificadas em cada combinação de alelos

Combinação dos alelos	Número de famílias
<i>Co-4², Co-5?</i> , <i>Co-7?</i>	15
<i>Co-4²*</i> , <i>Co-5*</i> , <i>Co-7*</i>	13
<i>Co-4²*</i> , <i>Co-5</i> , <i>Co-7*</i>	4
<i>Co-4²*</i> , <i>Co-5*</i> , <i>Co-7</i>	6
<i>Co-4²*</i> , <i>Co-5</i> , <i>Co-7</i>	3
<i>Co-4²*</i> , <i>Co-5*</i>	1
<i>Co-5*</i> , <i>Co-7*</i>	1
<i>Co-5</i> , <i>Co-7*</i>	1
<i>Co-5*</i> , <i>Co-7</i>	2
<i>Co-5</i>	1
<i>Co-5*</i>	1
nenhum	0
Total	48

* alelos derivados de famílias segregantes para o *loco* de interesse;

? indica possibilidade das famílias terem ou não os alelos de resistência.

4.2 Reação à mancha angular

O caráter reação à mancha angular foi avaliado na safra das águas de 2004/2005, em Lavras e nas safras da seca de 2005, em dois locais, Lavras e Lambari. A safra das águas é uma época atípica para a sua ocorrência, principalmente pelas altas temperaturas, mas ela pode ocorrer esporadicamente. Dessa forma, a época ideal para avaliar essa doença em campo é na safra da seca, quando a semeadura é feita, normalmente, em fevereiro. Nessa condição, o fungo encontra condições favoráveis para seu desenvolvimento, ou seja, temperaturas moderadas, períodos suficientemente longos de alta umidade e ação dos ventos (Sartorato & Rava, 1994).

Verificou-se existência de diferenças genéticas significativas ($P \leq 0,01$) entre as famílias quanto à reação a mancha angular em todas as safras (Tabela 8).

A precisão experimental, avaliada por meio do coeficiente de variação (CV), está dentro dos intervalos observados em outros trabalhos (Couto, 2005; Marques Jr., 1997; Pereira, 2003), exceto para a safra das águas, em que o coeficiente de variação foi de quase 35%, provavelmente porque nessa época a incidência do patógeno no campo experimental foi muito irregular.

As estimativas de herdabilidade foram altas, sendo superiores às apresentadas por Couto (2005) e Pereira (2003), sugerindo a possibilidade de sucesso com a seleção das famílias mais resistentes. A herdabilidade é a proporção da variância fenotípica que é de origem genética. Dessa forma ela mede a confiabilidade de valor fenotípico como indicador do nível de resistência. Observando-se os valores de herdabilidade nas safras das águas e da seca, ressalta-se que esta é inconstante, sendo uma propriedade não só do caráter, mas também da população e das condições ambientais a que a população é submetida. Na verdade, o aumento da herdabilidade de um caráter pode ser obtido por meio da incorporação de maior variabilidade genética na população ou pela minimização da influência ambiental sobre a característica (Cruz, 2005).

Nesses experimentos, foi utilizada como testemunha a cultivar Talismã, que é altamente produtiva e possui ótimo tipo de grão, porém, sua suscetibilidade ficou demonstrada por suas notas médias na safra da seca em Lavras (5,14) e, principalmente, em Lambari (6,95). Em relação à avaliação feita em Lavras na safra das águas, a cultivar Talismã mostrou-se resistente, mas, este resultado não deve ser considerado, pois, como comentado anteriormente, esta não é a melhor época para se avaliar mancha angular no campo e confirma a irregularidade de distribuição do patógeno.

TABELA 8. Resumo das análises de variância individuais para reação à mancha angular (nota 1-9) e estimativas de herdabilidade, com os respectivos limites inferior (LI) e superior (LS).

ESTIMATIVAS	ÁGUAS 04/05	SECA 2005	
	Lavras	Lavras	Lambari
Número famílias	80	48	48
QM famílias	2,01**	3,78**	5,12**
Média	2,03	4,83	4,87
Média/testemunha	1,14	5,14	6,96
CV experimental (%)	34,81	21,8	12,72
Herdabilidade - h^2 (%)	75,1	70,7	92,49
h^2_{LI}	62,73	50,25	87,24
h^2_{LS}	83,02	82,19	95,43

** significativo, a 1% de probabilidade, pelo teste F.

Em razão da distribuição desuniforme da doença e o elevado erro experimental, na análise conjunta, não foi considerada a safra das águas de 2004/2005. Verificam-se diferenças genéticas significativas, a 1% de probabilidade, entre as famílias na média dos dois locais (Tabela 9), confirmando os resultados das análises individuais. As notas variaram de 1,39 a 6,9, sendo assim possível selecionar famílias com alto nível de resistência. Também foi verificada interação famílias por ambientes e isso indica um comportamento não coincidente das famílias nos dois ambientes. Esse comportamento pode significar ocorrência de raças diferentes em Lavras e Lambari, já que o *P. griseola* possui grande variabilidade patogênica (Oliveira et al., 2004).

TABELA 9. Resumo da análise conjunta de variância para reação à mancha angular (notas 1-9) e estimativas de herdabilidade, com os respectivos limites inferior (LI) e superior (LS) considerando as safras da seca de 2005 em Lavras e Lambari.

Fonte de variação	GL	QM
Famílias (F)	48	7,657**
Ambientes (A)	1	0,1667 ^{ns}
Interação (F x A)	48	1,2483**
Erro médio	156	0,7466
Média	-	4,85
CV (%)	-	17,81
h^2 (%)	-	90,4
h^2_{LI}	-	84,08
h^2_{LS}	-	93,68

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

Segundo Bergamin-Filho et al. (1995), a avaliação da severidade da mancha angular por meio de um diagrama de notas não é eficiente para explicar os danos em produtividade de grãos. Os autores verificaram que a área sadia remanescente das plantas doentes é a que melhor explica o dano. Assim, na safra da seca de 2005, em Lavras, foi realizado um estudo para verificar a eficiência de metodologias na avaliação de severidade de mancha angular, por meio do programa computacional Quant Versão 1.0.1. (Vale et al., 2003).

Observa-se, pela análise de variância (Tabela 10), que houve diferenças significativas entre as famílias avaliadas para todas as características analisadas, exceto para produção de grãos.

A precisão experimental, medida pelo CV para reação à mancha angular (nota) e produção de grãos, está dentro dos valores observados na cultura do feijoeiro (Marques Jr., 1997; Pereira, 2003). A discrepância dos valores de CV para as avaliações das áreas com lesão e sadia é proporcional à discrepância das áreas per se. É necessário lembrar que elas foram obtidas por uma única avaliação por parcela que corresponde a uma foto. Um único folíolo fotografado por parcela para representar a severidade identificada pelo diagrama de notas, certamente não constituiu a representação ideal da severidade. Entretanto, a observação de elevadas diferenças genéticas entre as famílias, tanto para área doente quanto para sadia, permite identificar as famílias mais resistentes.

As estimativas de herdabilidade foram altas, sugerindo que ambas as metodologias utilizadas na avaliação da severidade de mancha angular podem ser eficientes na seleção de famílias superiores.

TABELA 10. Resumo das análises de variância para produção de grãos, notas de severidade à mancha angular e porcentagem de área da lesão e de área sadia, avaliados na safra da seca de 2005, em Lavras.

FV	GL	QM			
		Produção (g/parcela)	Notas (escala 1-9)	Área da lesão (%)	Área sadia (%)
Repetições	2	12346,2	2,38	16,13	17,23
Famílias	48	9484,2 ^{ns}	4,31**	95,71**	96,02**
Erro efetivo	78	7713,5	0,89	29,12	28,95
Média	-	497,23	4,24	8,19	91,79
CV	-	17,66	22,31	65,84	5,86
h ²	-	18,67	79,23	69,57	69,85

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

As estimativas das correlações fenotípicas e genéticas entre os caracteres estão apresentadas na Tabela 11. Nota-se a não existência de correlação fenotípica entre produção e os outros caracteres avaliados. Essa ausência de associação é devido à não existência de diferenças genéticas entre as famílias para produção de grãos na safra da seca de 2005. Foram verificadas correlações alta e positiva entre nota e % de área lesionada e alta e negativa entre nota e % de área sadia, ou seja, quanto maior a nota, maior é % de área com lesão e quanto maior a nota, menor % de área sadia. Como a folha de cada parcela analisada no Quant foi amostrada com base na nota tomada de cada parcela individual, a associação entre essas metodologias era esperada. Isso mostra que a nota reflete a porcentagem de lesão, haja vista que a nota é dada visualmente e é baseada na quantidade de lesões da parcela, indicando que os avaliadores têm identificado eficientemente a severidade da doença por meio da avaliação visual. Entretanto, deve ser questionado o procedimento adotado para avaliação pelo meio digital, isto é, devem ser adotados outros procedimentos para amostrar mais eficientemente a severidade da doença.

As correlações genéticas foram semelhantes às fenotípicas, embora uma correlação de baixa magnitude tenha sido observada entre produção e área lesionada (0,259) e produção e área sadia (0,266). Parrela (2005) verificou correlações genéticas bem superiores entre produção e área lesionada (-0,6129) e produção e área sadia (0,8301). Ressalta-se, no entanto, que a metodologia de amostragem de folhas utilizada por este autor foi diferente. O mesmo autor não observou correlação entre nota e % de área lesionada ou sadia, mostrando a diferença das metodologias utilizadas.

TABELA 11. Estimativas de correlações fenotípicas e genéticas entre notas de severidade à mancha angular, porcentagem de área com lesão e sadia da folha e produção de grãos, avaliados na seca de 2005, em Lavras.

Caracteres	Correlação		
	Nota/severidade	% área com lesão	% de área sadia
Produção	-0,042 ^{ns} (-0,111) ¹	-0,135 ^{ns} (-0,259) ¹	0,135 ^{ns} (0,266) ¹
Nota/severidade		0,854 ^{**} (0,918) ¹	-0,857 ^{**} (-0,913) ¹
% área com lesão			-1,0 ^{**} (-1,0) ¹

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

¹ Correlações genéticas

4.3 Tipo de grão

Considerando a análise de variância individual para o caráter tipo de grão (Tabela 12), observa-se a existência de diferenças genéticas significativas ($P < 0,01$) entre as famílias em todas as safras, indicando a possibilidade de seleção de algumas superiores.

A precisão experimental, medida pelo coeficiente de variação, foi ligeiramente inferior às obtidas por Couto (2005) e Pereira (2003). As estimativas de herdabilidade foram altas, coerente com as observadas por Pereira (2003) e ligeiramente inferiores às observadas por Couto (2005), indicando que o caráter tipo de grão é influenciado pelo ambiente, só que de maneira mais uniforme, de forma que a seleção nessa situação é favorável. O fato de as estimativas estarem sempre dentro do intervalo de confiança em todas as safras também é um indicativo da confiabilidade dos valores obtidos.

Um aspecto a ser considerado é que, apesar de ter ocorrido seleção para tipo de grão em todas as safras, ampla variação genética entre as famílias foi observada, mesmo na última safra. Isso mostra que, embora esse caráter seja pouco influenciado pelo ambiente, muitos genes estão envolvidos no seu controle. Leakey (1988) estima que, apenas para cor do grão, existam, pelo menos, 18 genes. Vale destacar que estas famílias têm, na sua genealogia, as cultivares G2333 e Jalo EEP 558, ambas com cores, tamanhos e formas bem distintas do tipo carioca, ampliando ainda mais a variabilidade para esse caráter, embora dificultando a seleção daquelas com tipo mais semelhante ao carioca.

Com relação à média, nota-se certa melhoria nas notas ao longo das safras, embora, na safra das águas de 2004/2005, a média tenha sido superior à média da safra de inverno 2004, mesmo tendo sido feita seleção nessa safra para esse caráter. Veja que a média da cultivar Talismã também aumentou na safra das águas, quando tradicionalmente há excesso de umidade, o que contribui para piorar o aspecto do grão. Isso, aliado ao maior rigor do avaliador, aumentou a média das famílias. Um fato a observar é que, em nenhuma das safras, foram obtidas famílias que suplantassem a cultivar testemunha Talismã, que é sabidamente uma cultivar com excelente tipo de grão. No entanto, foi possível obter famílias com tipo de grão semelhante a ela e com vários atributos superiores, principalmente resistência à antracnose e mancha angular. Outra observação importante é que foram avaliadas famílias segregantes, de modo que a próxima etapa do trabalho é a seleção de plantas individuais entre e dentro das famílias. Dessa forma, as diferenças genéticas entre as famílias e a alta herdabilidade para o caráter em questão, associadas à seleção dentro, sugerem a possibilidade de obter linhagens com chances de serem bem aceitas pelos consumidores.

TABELA 12. Resumo das análises de variância individuais para tipo de grão (nota 1-5) e estimativas de herdabilidade, com os respectivos limites inferior (LI) e superior (LS).

ESTIMATIVAS	INVERNO 2004	ÁGUAS 04/05	SECA 2005
	Lavras	Lavras	Lavras
Número famílias	144	80	48
QM famílias	0,5472**	0,5722**	0,4242**
Média	3,31	3,58	2,67
Média/testemunha	-	2,28	1,98
CV experimental (%)	11,76	12,68	12,62
Herdabilidade - h^2 (%)	72,07	63,75	73,07
h^2_{LI}	60,72	45,77	54,27
h^2_{LS}	80,25	75,28	83,62

** Significativo, a 1% de probabilidade, pelo teste F.

Visando conhecer melhor as 48 famílias selecionadas na última safra, realizou-se a análise conjunta para tipo de grãos (Tabela 13). Observou-se existência de diferenças genéticas significativas entre as famílias ($P \leq 0,01$), indicando possibilidade de selecionar as superiores. Outro resultado que confirma o que já foi comentado anteriormente é a influência do ambiente de maneira uniforme na manifestação do caráter, haja vista que a interação de famílias por safras foi não significativa e o efeito de safras foi significativo, indicando que o ambiente influencia o tipo de grão, mas não altera a classificação das famílias nas diferentes safras. Observam-se notas médias variando entre 2,5 a 3,42, sendo que, na média, nenhuma família foi superior à cultivar testemunha Talismã. A estimativa de herdabilidade, assim como nas análises individuais, também se mostrou alta (68,41%), salientando, mais uma vez, a possibilidade de seleção de famílias geneticamente superiores.

TABELA 13. Resumo da análise de variância conjunta para tipo de grão (notas 1-5) e estimativas de herdabilidade, com os respectivos limites inferior (LI) e superior (LS), considerando as safras de inverno de 2004, águas de 2004/2005 e da seca de 2005, ambas em Lavras.

Fonte de variação	GL	QM
Famílias (F)	47	0,1947**
Safras (S)	2	5,3903**
Interação (F x S)	94	0,0573 ^{ns}
Erro médio	335	0,0615
Média	-	2,96
CV (%)	-	8,06
h^2 (%)	-	68,41
h^2_{LI}	-	49,35
h^2_{LS}	-	78,82

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

4.4 Porte

Para o caráter porte, foram feitas avaliações em todas as safras e as análises de variância individuais mostraram a existência de diferenças genéticas significativas ($P \leq 0,01$ e $P \leq 0,05$) entre as famílias (Tabela 14), exceto para o experimento de inverno de 2004. Isso, provavelmente, porque, no experimento de inverno de 2004, foram utilizadas parcelas com apenas uma linha de um metro e nas extremidades das parcelas foram usados corredores de 50cm, que devem ter reduzido a competição entre as plantas. Como o porte é muito influenciado pelo ambiente, provavelmente, as famílias ficaram mais semelhantes. Com alta umidade, temperaturas elevadas e fertilidade abundante, a

planta apresenta um alto desenvolvimento vegetativo. Diante disso, torna-se necessário realizar várias avaliações, em diferentes épocas, para se certificar de que as variações são de origem genética ou ambiental. Collicchio (1995) recomendou que a avaliação seja feita justamente em condições ambientais desfavoráveis ao porte, ou seja, em condições de alta temperatura e umidade, pois, assim, as plantas que se mantiverem eretas sob essas condições, também o serão nas condições favoráveis ao porte.

A precisão experimental, medida pelo CV, mostrou-se semelhante em todas as avaliações, apresentando valores de 14,3% a 16,2%, coerentes com os observados por Couto (2005), que obteve valores de 11,94% a 17,63%.

As estimativas de herdabilidade apresentaram valores de 22,5% a 64,6%, sendo inferiores às obtidas por Couto (2005). Na safra de inverno de 2004 e seca de 2005, ambas em Lavras, o efeito de famílias foi não significativo e significativo a 5% de probabilidade, respectivamente. Nessas safras ocorreram as menores estimativas de herdabilidade e intervalos de confiança negativos, mostrando o grande o efeito ambiental na expressão desse caráter.

Nota-se, pela média das notas atribuídas ao porte nas quatro safras, que há possibilidade de seleção de plantas de porte ereto. Em todas as avaliações em que foi usada a testemunha Talismã, seu porte foi inferior à média das famílias.

TABELA 14. Resumo das análises de variância individuais para porte (nota 1-5) e estimativas de herdabilidade, com os respectivos limites inferior (LI) e superior (LS).

ESTIMATIVAS	INVERNO 04	ÁGUAS 04/05	SECA 05	
	Lavras	Lavras	Lavras	Lambari
Número famílias	144	80	48	48
QM famílias	0,1854 ^{ns}	0,3891**	0,2458*	0,4168**
Média	2,34	2,57	2,68	2,81
Média/testemunha	-	2,98	3,41	3,13
CV experimental (%)	16,2	14,41	14,26	14,26
Herdabilidade (%)	22,47	64,56	40,36	61,28
h^2_{LI}	-9,07	46,97	-1,27	34,26
h^2_{LS}	45,17	75,83	63,75	76,47

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

Visando conhecer melhor as 48 famílias selecionadas e avaliadas na última safra, tomaram-se as médias ajustadas das quatro safras em que o caráter foi avaliado e realizou-se uma análise conjunta (Tabela 15). Verifica-se que houve diferenças genéticas significativas ($P \leq 0,01$) entre elas, indicando possibilidade de seleção de famílias com porte mais ereto. A interação famílias por safras também foi significativa, mostrando um comportamento não coincidente das famílias nas diferentes safras, ou seja, famílias que se mostraram eretas numa dada safra, foram decumbentes em outra. O efeito de safras foi significativo, mostrando que, na média, as safras foram diferentes. A explicação da significância dos efeitos de safras e da interação famílias por safras é o grande efeito ambiental que as safras exercem sobre o porte, mostrando a importância de se avaliar o porte em um maior número de ambientes possível.

Na safra das águas, por exemplo, as altas temperaturas e o excesso de chuvas favorecem o maior crescimento vegetativo das plantas, em consequência, as notas tendem a ser maiores. Esse fato não foi observado neste trabalho, provavelmente porque na safra da seca, a ocorrência de chuvas foi elevada, além disso, altas temperaturas e a irrigação contribuíram para que a média dessa safra fosse maior do que a da safra das águas.

A estimativa de herdabilidade foi alta, sobretudo, pelo caráter ser muito influenciado pelo ambiente. Couto (2005) encontrou valor superior, mas é importante reforçar que a herdabilidade é mutável e varia com a população e a condição ambiental a que o material genético foi submetido.

TABELA 15. Resumo da análise de variância conjunta para porte (notas 1-5) e estimativas de herdabilidade, com os respectivos limites inferior (LI) e superior (LS), considerando as safras de inverno de 2004, águas de 2004/2005 e da seca de 2005, em Lavras e Lambari.

Fonte de variação	GL	QM
Famílias (F)	47	0,1993**
Safras (S)	3	1,9425**
Interação (F x S)	141	0,0885**
Erro médio	413	0,0552
Média	-	2,59
CV (%)	-	11,47
h^2 (%)	-	72,31
h^2_{LI}	-	55,78
h^2_{LS}	-	81,32

** Significativo, a 1% de probabilidade, pelo teste F.

4.5 Produção de grãos

As análises de variância individuais da produção de grãos nas safras de inverno de 2004, águas de 2004/2005, ambas em Lavras e na safra da seca de 2005, em Lavras e Lambari, estão apresentadas na Tabela 16. Observam-se diferenças genéticas significativas ($P \leq 0,01$) entre as famílias nas safras de inverno de 2004 e águas de 2004/2005.

A precisão experimental, medida pelo coeficiente de variação (CV), apresentou valores de 17,13% a 26% 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 de 2004, em Lavras e na safra da seca de 2005, em Lambari. No inverno de 2004, as famílias avaliadas eram constituídas de uma linha de um metro e, mesmo assim, foi possível detectar diferenças entre elas. Porém, esse fato contribuiu para elevar o valor do CV. A viabilidade do uso de parcelas pequenas na avaliação de famílias foi mostrada por Bertolucci et al. (1991), porém, a estimativa do CV sempre foi maior em parcelas menores. Já na safra da seca, em Lambari, os fatores que contribuíram para elevar o valor do CV foram a provável fertilidade desuniforme da área experimental, competição com plantas daninhas, irrigação deficiente e alta incidência de doenças, sobretudo antracnose, contribuindo para reduzir a média. Segundo Marques Jr. (1997), o CV pode ser influenciado pela média, ou seja, maiores estimativas de CVs seriam obtidas em experimentos com menor média e não necessariamente com maior erro experimental. Isso é verdade, pois, a média faz parte do denominador da fórmula do CV e, com isso, quanto maior a média, menor o CV.

Um dado mostrado na Tabela 16 é a visível eficiência do delineamento látice em relação ao de blocos casualizados. A eficiência média foi de 13,66%, variando de 8,54% a 20,82%. Resultados similares foram obtidos por Marques

Jr. (1997), na avaliação de famílias, num total de 28 experimentos. Este autor 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 de látice funciona com sendo um seguro para um problema que pode ou não ocorrer e, ocorrendo, poderá ser ou não sério. As estimativas de herdabilidade podem ser consideradas altas para o caráter em questão, já que ele é muito influenciado pelo ambiente. Além disso, as estimativas sempre estiveram dentro do intervalo de confiança, sendo seus limites sempre positivos nas safras em que as famílias foram geneticamente diferentes entre si.

A média da safra de inverno de 2004 foi a mais elevada de todas, possivelmente devido às condições ambientais mais favoráveis e também porque foram utilizadas parcelas de apenas uma linha de um metro, separadas por corredores de 50cm. Isso, provavelmente, reduziu a competição entre as plantas, quando comparadas com as condições convencionais de plantio, o que deve ter levado uma superestimativa da produtividade. As oscilações nas produtividades médias de grãos das famílias nas diferentes avaliações, assim como na testemunha, ocorreram devido às variações ambientais. Entretanto, nota-se que as médias das famílias foram semelhantes às da testemunha ‘Talismã’.

Nos experimentos da seca de 2005 ocorreram pelo menos duas particularidades que provavelmente explicam as produtividades de grãos similares das famílias. Em Lavras, a irrigação, juntamente com uma precipitação elevada na fase inicial do experimento, propiciou um grande desenvolvimento vegetativo e, certamente, maior competição entre as famílias. Já em Lambari, a deficiência de irrigação associada, possivelmente, a problemas de fertilidade e a alta incidência de doenças, além de aumentar o erro experimental, possivelmente impediu as famílias de expressarem seus potenciais de produtividade.

TABELA 16. Resumo das análises de variância individuais para produção de grão (g/parcela) e estimativas de herdabilidade, com os respectivos limites inferior (LI) e superior (LS).

ESTIMATIVAS	INVERNO/04	ÁGUAS04/05	SECA2005	
	Lavras	Lavras	Lavras	Lambari
Número famílias	144	80	48	48
QM famílias	3516,2**	22199,6**	9484,2 ^{ns}	8676,46 ^{ns}
Média (kg/ha)	3506,6	2745,35	2486,2	1758,15
Média/testemunha	-	2386,1	2519,65	1514,1
CV experimental (%)	26,0	17,13	17,66	22,6
Eficiência látice (%)	108,54	109,13	120,82	116,17
Herdabilidade (%)	40,87	60,15	18,67	27,21
h^2_{LI}	16,82	40,37	-38,1	-23,59
h^2_{LS}	58,18	72,82	50,56	55,75

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

Visando conhecer melhor as 48 famílias avaliadas na seca de 2005, realizou-se a análise conjunta para produção de grãos (Tabela 17).

Verificou-se efeito significativo para famílias, evidenciando diferenças genéticas entre elas ($P \leq 0,01$) e possibilidade de seleção das mais produtivas. O efeito da interação famílias por safras também foi significativo, indicando um comportamento não coincidente das famílias nas diferentes safras, certamente devido ao enorme efeito ambiental a que esse caráter foi submetido.

A estimativa de herdabilidade foi de 61,99%, sendo superior à observada por Pereira (2003) e inferior à observada por Couto (2005). Esta estimativa pode ser considerada alta e possibilita sucesso com a seleção, sobretudo porque a estimativa está dentro do intervalo de confiança e apresenta valores positivos.

TABELA 17. Resumo da análise de variância conjunta para produção de grãos (kg/ha) e estimativas de herdabilidade, com os respectivos limites inferior (LI) e superior (LS), considerando as safras de inverno de 2004, águas de 2004/2005 e da seca de 2005, em Lavras e Lambari.

Fonte de variação	GL	QM
Famílias (F)	48	345719,4**
Safras (S)	3	29488424,3**
Interação (F x S)	141	189655,2**
Erro médio	413	131408,6
Média	-	2669,5
CV (%)	-	16,31
h^2 (%)	-	61,99
h^2_{LI}	-	39,30
h^2_{LS}	-	74,36

** Significativo, a 1% de probabilidade, pelo teste F.

A produção média de grãos das famílias foi semelhante à da testemunha Talismã. Entretanto, vale lembrar, mais uma vez, que as famílias são segregantes e há a possibilidade de seleção de linhagens dentro dessas famílias com produtividade de grãos superior à da testemunha.

4.6 Ganhos com a seleção e correlações entre caracteres

Considerando a seleção das cinco melhores famílias com base nas médias ajustadas das análises conjuntas para reação à mancha angular, tipo de grão, porte e produção de grãos, separadamente (seleção direta), observaram-se ganhos para todos os caracteres, com destaque para reação à mancha angular, em que o ganho foi expressivo (Tabela 18). É necessário explicar que as melhores

famílias são aquelas que apresentaram menor nota para reação à mancha angular, tipo de grão e porte e maiores valores de produção de grãos em kg/ha. 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 & Carneiro, 2003).

Considerando resistência à mancha angular e presença do alelo *Co-4²* de resistência à antracnose em homozigose como critérios de seleção (Tabela 18), foi observada uma redução muito drástica nos ganhos para as outras características, principalmente para tipo e produção de grãos, em que os ganhos foram praticamente nulos e negativos, respectivamente. As famílias selecionadas foram 20, 21, 25, 33 e 42 e estão apresentadas na Tabela 20. Como pode ser observado, elas possuem alta resistência à mancha angular e são portadoras do alelo *Co-4²*, mas, por outro lado, as outras características são bem inferiores agronomicamente. Entretanto, pelo menos a família 20 é adequada para a seleção.

Como comentado anteriormente, ao considerar vários caracteres no processo de seleção, os ganhos para cada um isoladamente são menores (Tabela 18). Nesse caso, em vez de obter um ganho de 44,4% para resistência à mancha angular, o ganho considerando os quatro caracteres em conjunto foi de 35,6%, sendo ainda bastante expressivo. O mesmo comportamento pode ser observado para todas as outras características e ainda de forma mais drástica para porte, em que a média das famílias selecionadas é praticamente igual à média de todas as famílias. As quatro famílias selecionadas com base nos quatro caracteres simultaneamente foram 20, 24, 31 e 33 (Tabela 20). Apesar de não ter sido considerada a resistência à antracnose, nesse procedimento de seleção todas as

quatro famílias são portadoras do alelo *Co-4*², sendo duas homozigóticas e duas segregantes. Porém, destaca-se novamente entre elas, a família 20 que, além de possuir o melhor tipo de grão da população, porte ereto, produção acima da média e alta resistência à mancha angular, é também portadora do alelo *Co-4*² em homozigose, que confere resistência a todas as raças de antracnose já identificadas no Brasil. Vale destacar que, entre as famílias selecionadas, a 20 e a 33 podem ter a pirâmide dos alelos *Co-5* e *Co-7*, a 24 tem a pirâmide *Co-5* e *Co-7* e a 31 tem o *Co-5* e pode ter *Co-7*.

TABELA 18. Estimativas de ganho esperado com a seleção (GS).

Estimativa	Mancha angular	Tipo de grão	Porte	Produção
GS ¹	-2,15 (44,4%)	-0,273 (9,21%)	-0,284 (10,9%)	323,3 (12,11%)
GS ²	-2,09 (43,4%)	-0,004 (0,16%)	-0,072 (2,79%)	-37,7 (-1,41%)
GS ^{3*}	-1,72 (35,56%)	-0,150 (5,06%)	-0,043 (1,68%)	170,78 (6,4%)

¹ Ganho com a seleção, considerando as 5 melhores famílias para cada caráter em separado (seleção direta). ² Considerando as mais resistentes à mancha angular e possuidoras do alelo *Co-4*² de resistência à antracnose em homozigose.

³ Considerando como critérios para seleção: reação à mancha angular < 3,8; tipo de grão < 3,0; porte < 2,8 e produção > média kg/ha.

* ganho considerando uma intensidade de seleção maior (4 famílias)

Conforme já comentado, ao considerar vários caracteres no processo de seleção, os ganhos para cada um isoladamente são menores (Tabela 18). A seleção em certas características pode provocar alterações indesejáveis em outras quando houver correlações desfavoráveis, de forma que a população melhorada poderá apresentar sérios problemas, sendo rejeitada pelo produtor e ou consumidor. A causa para a resposta indireta à seleção é a correlação. Baseado nisso, foram estimadas as correlações fenotípicas entre os caracteres avaliados. De acordo com a Tabela 19, nota-se que houve correlação baixa e negativa entre tipo de grão e produção e correlação baixa e positiva entre porte e produção, ou seja, as famílias mais produtivas são aquelas que possuem um tipo de grão de maior aceitação e um porte inferior. Para as demais estimativas, as correlações foram não significativas, indicando possibilidade de seleção de famílias que sejam superiores em todos os caracteres avaliados.

TABELA 19: Correlações fenotípicas entre os caracteres avaliados.

Caracteres	Correlação		
	Tipo de grão	Porte	Produção
Mancha angular	0,017 ^{ns}	0,206 ^{ns}	0,043 ^{ns}
Tipo de grão		0,136 ^{ns}	-0,314*
Porte			0,315*

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

TABELA 20. Médias ajustadas de reação à mancha angular, tipo de grãos, porte, produção e alelos de resistência à antracnose, presentes nas 48 famílias utilizadas nas análises conjuntas.

Famílias	M. angular (1-9)	Tipo grão (1-5)	Porte (1-5)	Produção (kg/ha)	Alelos de resistência
1	5,38 a	3,29 a	2,91 a	2707,8 a	<i>Co-4²*</i> , <i>Co-5</i> , <i>Co-7</i> *?
2	5,64 a	2,94 a	2,73 a	2659,4 b	<i>Co-4²*</i> , <i>Co-5</i> *?, <i>Co-7</i> *?
3	5,66 a	2,74 b	2,74 a	3018,0 a	<i>Co-5</i> *
4	5,57 a	3,12 a	2,70 a	2552,0 b	<i>Co-4²*</i> , <i>Co-5</i> *?, <i>Co-7</i> *?
5	4,82 a	3,25 a	2,79 a	2912,6 a	<i>Co-4²*</i> , <i>Co-5</i> *?, <i>Co-7</i> *?
6	4,66 a	2,60 b	2,76 a	2374,9 b	<i>Co-4²*</i> , <i>Co-5</i> , <i>Co-7</i> *?
7	5,40 a	3,32 a	2,36 b	2420,2 b	<i>Co-4²*</i> , <i>Co-5</i> *?, <i>Co-7</i> *?
8	5,01 a	2,57 b	2,74 a	3246,3 a	<i>Co-5</i> *, <i>Co-7</i> *
9	4,95 a	2,70 b	2,23 b	2824,3 a	<i>Co-4²</i> , <i>Co-5</i> ?, <i>Co-7</i> ?
10	6,52 a	3,43 a	2,91 a	2637,2 b	<i>Co-5</i>
11	5,28 a	3,18 a	3,18 a	3469,9 a	<i>Co-4²*</i> , <i>Co-5</i> *?
12	5,27 a	2,66 b	2,52 b	2791,9 a	<i>Co-4²*</i> , <i>Co-5</i> *?, <i>Co-7</i> *?
13	4,86 a	3,05 a	2,50 b	2875,7 a	<i>Co-4²*</i> , <i>Co-5</i> , <i>Co-7</i> *?
14	4,64 a	3,20 a	2,63 a	2413,8 b	<i>Co-4²</i> , <i>Co-5</i> ?, <i>Co-7</i> ?
15	4,21 b	2,83 b	2,31 b	2414,3 b	<i>Co-4²*</i> , <i>Co-5</i> *?, <i>Co-7</i> *?
16	4,87 a	2,52 b	2,77 a	2450,9 b	<i>Co-4²*</i> , <i>Co-5</i> *?, <i>Co-7</i>
17	4,79 a	2,60 b	2,70 a	3055,1 a	<i>Co-4²</i> , <i>Co-5</i> ?, <i>Co-7</i> ?
18	3,93 b	3,34 a	2,59 a	2704,2 a	<i>Co-4²*</i> , <i>Co-5</i> , <i>Co-7</i>
19	5,26 a	3,02 a	2,30 b	2534,1 b	<i>Co-4²*</i> , <i>Co-5</i> *?, <i>Co-7</i> *?
20	3,27 b	2,57 b	2,46 b	2867,3 a	<i>Co-4²</i> , <i>Co-5</i> ?, <i>Co-7</i> ?
21	2,80 b	3,15 a	2,74 a	2633,1 b	<i>Co-4²</i> , <i>Co-5</i> ?, <i>Co-7</i> ?
22	6,11 a	3,05 a	2,76 a	2508,3 b	<i>Co-4²*</i> , <i>Co-5</i> , <i>Co-7</i>
23	5,15 a	2,73 b	2,46 b	2796,1 a	<i>Co-4²</i> , <i>Co-5</i> ?, <i>Co-7</i> ?
24	3,29 b	2,74 b	2,83 a	3005,6 a	<i>Co-4²*</i> , <i>Co-5</i> , <i>Co-7</i>
25	3,27 b	2,88 b	2,09 b	2441,6 b	<i>Co-4²</i> , <i>Co-5</i> ?, <i>Co-7</i> ?
26	5,99 a	2,96 a	2,47 b	2248,6 b	<i>Co-4²</i> , <i>Co-5</i> ?, <i>Co-7</i> ?
27	4,51 a	3,06 a	2,63 a	2353,5 b	<i>Co-4²*</i> , <i>Co-5</i> *?, <i>Co-7</i>
28	5,28 a	2,63 b	2,81 a	2691,7 a	<i>Co-4²*</i> , <i>Co-5</i> *?, <i>Co-7</i> *?
29	5,98 a	2,85 b	2,51 b	2547,7 b	<i>Co-4²</i> , <i>Co-5</i> ?, <i>Co-7</i> ?
30	2,94 b	3,00 a	2,18 b	2495,6 b	<i>Co-4²*</i> , <i>Co-5</i> *?, <i>Co-7</i>
31	3,79 b	2,67 b	2,20 b	3165,6 a	<i>Co-4²*</i> , <i>Co-5</i> e <i>Co-7</i> *?
32	5,00 a	2,59 b	2,83 a	2862,9 a	<i>Co-4²*</i> , <i>Co-5</i> *?, <i>Co-7</i> *?
33	1,39 c	3,04 a	2,64 a	2741,5 a	<i>Co-4²</i> , <i>Co-5</i> ?, <i>Co-7</i> ?
34	4,13 b	3,35 a	2,68 a	2238,0 b	<i>Co-4²</i> , <i>Co-5</i> ?, <i>Co-7</i> ?
35	4,57 a	3,33 a	2,71 a	2931,4 a	<i>Co-5</i> *, <i>Co-7</i> *

“...continua...”

“TABELA 20, Cont.”

36	5,03 a	2,83 b	2,47 b	2883,3 a	<i>Co-4²*, Co-5*?, Co-7*?</i>
37	5,90 a	3,03 a	2,50 b	2805,0 a	<i>Co-5*, Co-7</i>
38	4,17 b	2,89 b	2,38 b	2433,8 b	<i>Co-4²*, Co-5*?, Co-7</i>
39	4,59 a	3,18 a	2,66 a	2915,3 a	<i>Co-4²*, Co-5, Co-7*?</i>
40	6,20 a	2,98 a	2,41 b	2636,5 b	<i>Co-4²*, Co-5*?, Co-7*?</i>
41	5,29 a	3,23 a	2,89 a	2322,5 b	<i>Co-4²*, Co-5*?, Co-7*?</i>
42	1,95 c	3,16 a	2,55 b	2359,9 b	<i>Co-4², Co-5?, Co-7?</i>
43	5,18 a	3,19 a	2,44 b	2297,9 b	<i>Co-4², Co-5?, Co-7?</i>
44	5,56 a	3,28 a	2,63 a	2471,2 b	<i>Co-4²*, Co-5*?, Co-7</i>
45	5,91 a	2,75 b	2,84 a	2773,3 a	<i>Co-5*, Co-7</i>
46	5,91 a	3,01 a	2,51 b	2887,6 a	<i>Co-4², Co-5?, Co-7?</i>
47	6,90 a	2,84 b	2,54 b	2826,7 a	<i>Co-4²*, Co-5*?, Co-7*?</i>
48	5,04 a	3,15 a	2,30 b	1932,1 b	<i>Co-4², Co-5?, Co-7?</i>

Médias seguidas da mesma letra são semelhantes, pelo teste de Scott-Knnot, a 5% de probabilidade.

* alelos derivados de famílias segregantes para o loco de interesse;

? indica possibilidade das famílias terem ou não os alelos de resistência.

5 CONCLUSÕES

Detectou-se ampla variabilidade das famílias de feijão, principalmente para reação à mancha angular. Aquelas com alto nível de resistência, provavelmente, são portadoras do alelo de resistência à mancha angular proveniente da cultivar andina Jalo EEP 558.

Foi possível identificar quatro famílias com tipo de grão semelhante ao carioca, porte ereto, produtividade superior e alta resistência à mancha angular, além de portadoras do alelo de resistência à antracnose *Co-4*² e pelo menos uma possui também os alelos *Co-5* e *Co-7*.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABREU, A. F. B. **Predição do potencial genético de populações segregantes do feijoeiro utilizando genitores inter-raciais**. 1997. 79 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG, 1997.

ABREU, A. de F. B.; RAMALHO, M. A. P.; CARNEIRO, J. E. de S.; GONÇALVES, F. M. A. Seleção recorrente fenotípica no melhoramento do feijoeiro visando a resistência a *Phaeoisariopsis griseola*. In: CONGRESSO NACIONAL DE PESQUISA DE FEIJÃO, 2002, Viçosa. **Anais...** Viçosa, 2002a. p. 233-235.

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.

ABREU, A. F. B.; RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B. dos. Prediction of seed-yield potential of common bean populations. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 25, n. 3, p. 323-328, Sept. 2002b.

AGUIAR, A. M.; RAMALHO, M. A. P.; MARQUES-JUNIOR, O. G. Controle genético do stay green no feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.). **Revista Ceres**, Viçosa, v. 47, n. 270, p. 155-167, mar./abr. 2000.

ALZATE-MARIN, A. L.; ARRUDA, K. M.; BARROS, E. G.; MOREIRA, M. A. Allelism studies for anthracnose resistance genes of common bean cultivar And 277. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, Fort Collins, v. 46, p. 173-174, 2003a.

ALZATE-MARIN, A. L.; ARRUDA, K. M.; BARROS, E. G.; MOREIRA, M. A. Validation of a RAPD marker linked to the anthracnose resistant gene *Co-5* in the common bean. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 2, n. 4, p. 591-594, Oct./Dec. 2002a.

ALZATE-MARIN, A. L.; BAIA, G. S.; PAULA-JR., T. J.; CARVALHO, G. A.; BARROS, E. G.; MOREIRA, M. A. Inheritance of anthracnose resistance in common bean differential cultivar AB136. **Plant Disease**, St. Paul, v. 81, n. 9, p. 996-998, Sept. 1997.

ALZATE-MARIN, A. L.; COSTA, M. R.; ARRUDA, K. M.; BARROS, E. G.; MOREIRA, M. A. Characterization of the anthracnose resistance genes present in Ouro Negro (Honduras 35) common bean cultivar. **Euphytica**, Wageningen, v. 133, p. 165-169, 2003b.

ALZATE-MARIN, A. L.; MENARIM, H.; BAÍA, G. S.; PAULA JR, J. T.; SOUZA, K. A.; COSTA, M. R.; BARROS, E. G.; MOREIRA, M. A. Inheritance of anthracnose resistance in the common bean differential cultivar G 2333 and identification of a new molecular marker linked to the *Co-4²* gene. **Journal of Phytopathology**, Berlin, v. 149, n. 5, p. 259-264, May 2001.

ALZATE-MARIN, A. L.; SARTORATO, A. Analysis of the pathogenic variability of *Colletotrichum lindemuthianum* in Brazil. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, Fort Collins, v. 47, p. 241-242, 2004.

ALZATE-MARIN, A. L.; SILVA, M. G. M.; MOREIRA, M. A.; BARROS, E. G. Inheritance of anthracnose resistance in common bean differential cultivar PI 207. 262. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, Fort Collins, v. 45, p. 112-113, 2002b.

ALZATE-MARIN, A. L.; SILVA, M. G. M.; OLIVEIRA, E. J.; MOREIRA, M. A.; BARROS, E. G. Identification of the second anthracnose resistant gene present in the common bean cultivar PI 207. 262. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, Fort collins, v. 46, p. 177-178, 2003c.

APARÍCIO, B. H. E. **Caracterizacion de la diversidad molecular y la virulencia de aislamentos del hongo *Phaeoisariopsis griseola* de Brasil y Bolívia**. Cali, Colômbia: Universidade del Valle – Facultad de Ciencias, 1998. 120 p.

ASENSIO, S.; MANZANERA, M. C.; IBEAS, A.; FERNÁNDEZ, S. **Environmental influence on cooking time**. Annual Report of the Bean Improvement Cooperative, **Fort Collins**, v. 48, p. 44-45, 2005.

BAENZIGER, P. S.; PETERSON, C. J. Genetic variation: Its origin and use for breeding self-pollinated species. In: STALKER, H. T.; MURPHY, J. P. (Ed.) **Plant breeding in the 1990's**. Raleigh: North Carolina State University, 1991. p. 69-100.

BANNEROT, H. Résultats de l'infection d'une collection de haricots par six races physiologiques d'anthracnose. **Annales De Améliora des Plantes**, Paris, v. 15, n. 2, p. 201-222, 1965.

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.

BRICK, M. A.; GUL, G.; SCHWARTZ, H. F. Morphological features of the seed coat surface of shiny and opaque black bean seed. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, New York, v. 43, n. 43, p. 15, 2000.

BRUZI, A. T.; SILVA, F. B.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Melhoramento visando a resistência à mancha angular utilizando cultivares de raças andinas e mesoamericanas de feijão. In: CONGRESSO NACIONAL DE PESQUISA DE FEIJÃO, 2002, Viçosa. **Anais...** Viçosa, 2002. p. 207 -208.

BRUZI, A. T.; SILVA, F. B.; RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B. dos. Performance of common bean families from crossing of Andean and Mesoamerican lines. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, New York, v. 47, p. 299-300, 2004.

CAIXETA, E. T. **Caracterização da Resistência Genética à Mancha-angular e desenvolvimento de Marcadores Microssatélites para regiões específicas do genoma do feijoeiro**. 2002 90 p. Tese (Doutorado em genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa MG.

CAIXETA, E. T.; BORÉM, A.; FAGUNDES, S. A.; NIESTCHE, S.; BARROS, E. G.; MOREIRA, M. A. Inheritance of angular leaf spot resistance in common bean line BAT 332 and identification of RAPD markers linked to the resistance gene. **Euphytica**, Wageningen, v. 134, n. 3, p. 297-303, 2003.

CAIXETA, E. T.; BORÉM, A.; SILVA, M. G. M.; ROCHA, R. C.; BARROS, E. G.; MOREIRA, M. A. Teste de Alelismo para genes do Feijoeiro que conferem Resistência ao fungo *Phaeoisariopsis griseola*. In: CONGRESSO NACIONAL DE PESQUISA DE FEIJÃO, 2002, Viçosa. **Anais...** Viçosa, 2002. p. 201 -284.

CAMPA, A.; PÉREZ, E.; GIRALDEZ, R.; FERREIRA, J. J. Linkage relationship between a common bean seed protein and *Fin/fin*, a gene involved in the genetic control of growth habit. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, New York, v. 43, p. 36-37, 2005a.

CAMPA, A.; RODRÍGUEZ-SUAREZ, C.; PÃNEDA, A.; GIRALDEZ, R. FERREIRA, J. J. The bean anthracnose resistance gene *Co-5*, is located in linkage group B7. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, New York, v. 48, p. 68-69, 2005b.

CARNEIRO, J. E. de S. **Alternativas para obtenção e escolha de populações segregantes no feijoeiro**. 2002. 134 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

CARNEIRO, J. E. de S.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. de F. B.; GONÇALVES, F. M. A. Breeding potential of single, double and multiple crosses in common bean. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 2, n. 4, p. 515-524, Oct./Dec. 2002.

CARVALHO, G. A.; PAULA, J. T.; ALZATE-MARIN, A. L.; NIETSCHKE, S.; BARROS, E. G.; MOREIRA, M. A. Herança da resistência da linhagem AND-277 de feijoeiro-comum à raça 63-23 de *Phaeoisariopsis griseola* e identificação de marcador RAPD ligado ao gene de resistência. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v 23, n. 4, p. 482-485, out./dez. 1998.

CASTANHEIRA, A. L. M.; SANTOS, J. B. dos.; FERREIRA, D. F.; MELO, L. C. Identification of common bean alleles resistant to anthracnose using RAPD. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 22, n. 4, p. 565-569, Dec. 1999.

CAYASSO, S. O.; FERNÁNDEZ, M. A. Pathogenic diversity of *Phaeoisariopsis griseola* in Costa Rica. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, New York, v. 47, p. 233-234, 2004.

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

COLLICCHIO, 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.

CORRÊA, R. X.; GOOD-GOD, P. I.; OLIVEIRA, M. L. P.; NIETSCHÉ, S.; MOREIRA, M. A.; BARROS, E. G. Herança da resistência à mancha-angular do feijoeiro e identificação de marcadores moleculares flanqueando o loco de resistência. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 26, n. 1, p. 27-32, jan./mar. 2001.

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 Federal de Lavras, Lavras, MG.

CRUZ, C. D. **Princípios da genética quantitativa**. Viçosa: UFV, 2005. 394 p.

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

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 1994. 390 p.

CUNHA, W. G. da. **Seleção de feijão do tipo carioca para porte ereto**. 2005. 130 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

DEBOUCK, D. Systematics and morphology. In: SCHOONHOVEN, A. V.; VOYSEST, O. (Ed). **Common beans: research for crop improvement**. Cali: CAB International, CIAT, 1991. p. 55-118.

ERNEST, E. G.; KELLY, J. D. The mesoamerican anthracnose resistance gene, *Co-4²*, does not confer resistance in certain andean genetic backgrounds. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, New York, v. 47, p. 245-246, 2004.

FEHR, W. R. **Principles of cultivar development**. New York: McMillan, 1987. 525p.

FERREIRA, C. F.; BORÉM, A.; CARVALHO, G. A.; NIETSCHÉ, S.; PAULA-JR, T. J.; BARROS, E. G.; MOREIRA, M. A. Inheritance of angular leaf spot resistance in common bean and identification of a RAPD marker linked to aresistance gene. **Crop Science**, Madison, v. 40, n. 4, p. 1130-1133, July/Aug. 2000.

FOUILLOUX, G. Bean anthracnose: new genes of resistance. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, New York, v. 19, p. 36-37, 1976.

FOUILLOUX, G. New races of bean anthracnose and consequences on our breeding programs. In: MARAITE, H. A.; MEYER, J. A. (Ed.). **Diseases of tropical food crops**. Belgium: Université Catholique de Louvain-la-Neuve, 1979. p. 221-235.

FREY, K. J. The use of F_2 lines in predicting the performance of F_3 selections in two barley crosses. **Agronomy Journal**, Madison, v. 46, n. 12, p. 541-544, Dec. 1954.

GEFFROY, V.; DELPHINE, S.; OLIVEIRA, J. C. F.; SÉVIGNAC, M.; COHEN, S.; GEPS, P.; NEEMA, C.; LANGIN, T. 7 DRON, M. Identification of an ancestral resistance gene cluster involved in the coevolution process between *Phaseolus vulgaris* and its fungal pathogen *C. lindemuthianum*. **Molecular Plant-Microbe Interactions**, St. Paul, v. 12, n. 9, p. 774-784, Sept. 1999.

HABGOOD, R. M. Designation of physiologic races of plant pathogens. **Nature**, Madison, v. 227, p. 1268-1269, 1970.

IBGE. **Área plantada, área colhida, quantidade, rendimento médio e valor da produção de cereais, leguminosas e oleaginosas**. Disponível em: <<http://www.ibge.gov.br>>. Acesso em: 2004.

KELLY, J. D.; MIKLAS, P. N. The role of RAPD markers in breeding for disease resistance in common bean. **Molecular Breeding**, Dordrecht, v. 4, n. 1, p. 1-11, 1998.

KELLY, J. D.; VALLEJO, V. A. A comprehensive review of the major genes conditioning resistance to anthracnose in common bean. **Hortscience**, Alexandria, v. 39, n. 6, p. 1196-1207, Oct. 2004.

KNAPP, S. J.; STROUP, W. W.; ROSS, W. M. Exact confidence 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.

MAHUKU, G. S.; JARA, C.; CAJIAO, C.; BEEBE, S. Sources of resistance to angular leaf spot (*Phaeoisariopsis griseola*) in common bean core collection, wild *Phaseolus vulgaris* and secondary gene pool. **Euphytica**, Wageningen, v. 130, n. 3, p. 303-313, 2003.

MARQUES JR., O. G. **Eficiência de experimento com a cultura do feijão**. 1997. 80 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

MASTENBROEK, C. A breeding program for resistance to anthracnose in dry shell haricot beans, based on a new gene. **Euphytica**, Wageningen, v. 9, p. 177-184, 1960.

MCROSTIE, G. P. Inheritance of anthracnose resistance as indicated by a cross between a resistant and a susceptible bean. **Phytopathology**, St. Paul, v. 9, p. 141-148, 1919.

MELO, C. L. P.; CARNEIRO, J. E. S.; REGAGNIN, V. A.; CRUZ, L. C.; MOREIRA, M. A.; BARROS, E. G.; Evaluation of common bean elite lines developed in Brazil for angular leaf spot resistance. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, New York, v. 47, p. 231-232, 2004.

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. **Escolha de populações segregantes de feijoeiro utilizando parâmetros genéticos, fenotípicos e marcadores RAPD**. 2001. 117 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

MOURA, P. A. M.; PAIVA, B. M.; RESENDE, L. M. A. Aspectos econômicos da cultura do feijão. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v. 17, n. 178, p. 67-72, 1994.

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

NIETSCHKE, S.; BORÉM, A.; CARVALHO, G. A.; PAULA-JR, T. J.; BARROS, E. G.; MOREIRA, M. A. Fontes de resistência à mancha-angular do feijoeiro em Minas Gerais. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 45, n. 262, p. 567-571, nov./dez. 1998.

- NIETSCHÉ, S.; BORÉM, A.; CARVALHO, G. A.; PAULA-JR, T. J.; FERREIRA, C. F.; BARROS, E. G.; MOREIRA, M. A. Genetic diversity of *Phaeoisariopsis griseola* in the State of Minas Gerais, Brazil. **Euphytica**, Wageningen, v. 117, n. 1, p. 77-84, 2001.
- NIETSCHÉ, S.; BORÉM, A.; CARVALHO, G. A.; ROCHA, R. C.; PAULA JR., T. J.; BARROS, E. G.; MOREIRA, M. A. RAPD and SCAR markers linked to a gene conferring resistance to angular leaf spot in common bean. **Journal of Phytopathology**, Berlin, v. 148, n. 2, p. 117-122, Feb. 2000a.
- NIETSCHÉ, S.; BORÉM, A.; ROCHA, R. C.; CAIXETA, E. T.; BARROS, E. G.; MOREIRA, M. A. Fontes de resistência à mancha-angular do feijoeiro comum no Brasil. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 47, n. 273, p. 567-572, set./out. 2000b.
- OLIVEIRA, E. J. de.; ALZATE-MARIN, A. L.; BORÉM, A.; MELO, C. L. P.; BARROS, E. G.; MOREIRA, M. A. Reação de cultivares de feijoeiro comum a quatro raças de *Phaeoisariopsis griseola*. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 29, n. 2, p. 220-223, mar./abr. 2004.
- PARRELA, R. A. C.; SANTOS, J. B.; PARRELA, N. N. L. D.; SILVA, K. J. D. Alternativas para avaliação de severidade da mancha angular na cultura do feijão. **Conafe**, Goiânia, 2005. (artigo aceito)
- PASTOR-CORRALES, M. A. Enfermedades del frijol causadas por hongos. In: LÓPEZ, M.; FERNÁNDEZ, F.; SCHOONHOVEN, A. (Ed.). **Frijol: investigación y producción**. Cali: PNUD-CIAT, 1985. p. 172 – 180.
- PASTOR-CORRALES, M. A.; ERAZO, O. A.; ESTRADA, E. I.; SINGH, S. P. Inheritance of anthracnose resistance in common bean accession G2333. **Plant Disease**, St. Paul, v. 78, n. 10, p. 959-962, Oct. 1994.
- PASTOR-CORRALES, M. A.; JARA, C. E. La evolución de *P. Griseola* con el frijol común en América Latina. **Fitopatologia Colombiana**, Santa Fe de Bogota, v. 19, p. 15-22, 1995.
- PASTOR-CORRALES, M. A.; PAULA-JR, T. J. Estudo da diversidade genética de *Phaeoisariopsis griseola* no Brasil. In: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA DE FEIJÃO, 5., 1996, Goiânia. **Anais...** Goiânia: EMBRAPA-CNPAF-APA, 1996. v. 1, p. 23-41.

PAULA, S. R. **Efeito materno associado à capacidade de cozimento do feijoeiro**. 2004. 53 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

PAULA-JR, T. J.; ZAMBOLIM, L. Doenças. In: VIEIRA, C.; PAULA-JR, T. J.; BORÉM, A. (Ed.). **Feijão: aspectos gerais e cultura no estado de Minas Gerais**. Viçosa: Editora UFV, 1998. p. 375-433.

PEDROSA, A.; VALLEJOS, C. E.; BACHMAIR, A.; SCHWEIZER, D. Integration of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) linkage and chromosomal maps. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 106, n. 2, p. 205-212, Jan. 2003.

PELOSO, M. J. Antracnose do feijoeiro no Estado de Minas Gerais-Brasil. In: PASTOR-CORRALES, M. A. (Ed.). **La antracnosis del frijol común, *Phaseolus vulgaris*, en América Latina**. Cali, Colômbia: CIAT, 1992. (Doc. de Trabajo n. 113.).

PEREIRA, H. S. **Seleção de linhagens de feijão tipo Carioca com pirâmide de alelos de resistência a antracnose e outros fenótipos favoráveis**. 2003. 78 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – 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 agrônomicas desejáveis. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 39, n. 3, p. 209-215, mar. 2004.

PETERNELLI, L. A.; BORÉM, A. Hibridação em Feijão. In: BORÉM, A. (Ed.). **Hibridação artificial de plantas**. Viçosa: Editora UFV, 1999. p. 269-294.

PIO-RIBEIRO, G.; CHAVES, G. M. Raças fisiológicas de *Colletotrichum lindemuthianum* Scrib. que ocorrem em alguns municípios de Minas Gerais, Espírito Santo e Rio de Janeiro. **Experientiae**, Viçosa, MG, v. 19, n. 6, p. 95-118, mar. 1975.

PROGRAMA GENES. **Aplicativo computacional em genética e estatística**. 2001. 648 p.

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**, New York, v. 47, p. 249-250, 2004.

RAMALHO, M. A. P. **Melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: UFLA/FAEPE, 2003. 66 p. (Curso de Pós-Graduação “Lato Sensu”).

RAMALHO, M. A. P. Melhoramento do feijoeiro. In: SIMPÓSIO SOBRE ATUALIZAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS, 1997, **Anais...** Lavras: UFLA, 1997. p. 167-196.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. de F. B. Cultivares. In: VIEIRA, C.; PAULA-JR, T. J. E BORÉM, A. (Ed.). **Feijão: aspectos gerais e cultura** no Estado de Minas. Viçosa: Editora UFV, 1998. p. 435-449.

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.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. Lavras: UFLA, 2000. 360 p.

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

RAPOSO, F. V.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Comparação de métodos de condução de populações segregantes de feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 10, p. 1991-1997, out. 2000.

RAVA, C.; PURCHIO, A.; 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, jan. 1994.

ROSAL, C. J. de S.; RAMALHO, M. A. P.; GONÇALVES, F. M. A.; ABREU, A. F. B. Seleção precoce para produtividade de grãos do feijoeiro. **Bragantia**, Campinas, v. 59, n. 2, p. 158-165, 2000.

SANTOS, J. B.; GAVILANES, M. L. Botânica. In: VIEIRA, C.; PAULA-JR, T. J.; BORÉM, A. (Ed.). **Feijão: Aspectos gerais e cultura no Estado de Minas**. Viçosa: Editora UFV, 1998. p. 435-449.

SANTOS, J. B.; VENCOSKY, R. Controle genético de alguns componentes do porte da planta em feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 21, n. 9, p. 957-963, set. 1986.

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, Lavras, MG.

SARTORATO, A. Determinação da variabilidade patogênica do fungo *Colletotrichum lindemuthianum* (sac.) Scrib. In: CONGRESSO NACIONAL DE PESQUISA DE FEIJÃO, 2002, Viçosa. **Anais...** Viçosa, 2002. p. 114 -116.

SARTORATO, A. Resistance of andean and mesoamericana common bean genotypes to *Phaeoisariopsis griseola*. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, New York, v. 48, p. 88-89, 2005.

SARTORATO, A.; ALZATE-MARIN, A. L. Analysis of the pathogenic variability of *Phaeoisariopsis griseola*. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, New York, v. 47, p. 235-236, 2004.

SARTORATO, A.; NIETSCHE, S.; BARROS, E. G.; MOREIRA, M. A. RAPD and SCAR markers linked to resistance gene to angular leaf spot in common beans. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 25, n. 4, p. 637-642, out./dez. 2000.

SARTORATO, A.; RAVA, C. A. Influência da cultivar e do número de inoculações na severidade da mancha angular (*Isariopsis griseola*) e nas perdas na produção do feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris*). **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 17, n. 2, p. 247-251, jun. 1992.

SARTORATO, A.; RAVA, C. A. **Principais doenças do feijoeiro comum e seu controle**. Brasília: Embrapa, 1994. 300 p.

SARTORATO, A.; RAVA, C. A.; RIOS, G. P. Doenças fúngicas e bacterianas da parte aérea. In: ARAÚJO, R. S.; RAVA, C. A.; STONE, L. F.; ZIMMERMANN, M. J. O. (Ed.) **Cultura do feijoeiro comum no Brasil**. Piracicaba: Potafos, 1996. p. 669-700.

SCHWARTZ, H. F.; PASTOR-CORRALES, M. A.; SINGH, S. P. New sources of resistance to anthracnose and angular leaf spot of beans (*Phaseolus vulgaris*). **Euphytica**, Wageningen, v. 31, n. 3, p. 741-754, 1982.

SILVA, G. F.; SANTOS, J. B.; RAMALHO, M. A. P. Identificação of SSR and RAPD markers linked to a resistance allele for angular leaf spot in the common bean (*Phaseolus vulgaris*) line ESAL 550. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 26, n. 4, p. 459-463, Dec. 2003.

SILVA, H. D.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; MARTINS, L. A. Efeitos da seleção visual para produtividade de grãos em populações segregantes do feijoeiro. II Seleção entre famílias. **Ciência e Prática**, Lavras, v. 18, v. 2, p. 181-185, abr./jun. 1994.

SILVA, M. G. M.; ALZATE-MARIN, A. L.; BRESSAN, G.; MOREIRA, M. A.; BARROS, E. G. Avaliação da resistência à mancha angular do cultivar de feijoeiro “Vermelho”. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE GENÉTICA, 49., 2003, Águas de Lindóia. **Resumos...** Águas de Lindóia, 2003. p. 683. 1CD-ROM

SILVA, M. V. da; 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. 1097-1104, set./out. 2001.

TEIXEIRA, F. F. **Controle Genético do porte do feijoeiro**. 1997. 86 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

TEIXEIRA, F. F. **Mapeamento de QTLs para caracteres do feijoeiro por meio de microssatélites**. 2004. 189 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

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.

VALE, F. X. R.; FERNANDES FILHO, E. I.; LIBERATO, J. R. QUANT – A software for plant disease severity assessment. In: INTERNATIONAL CONGRESS OF PLANT PATHOLOGY, 8., 2003, Christchurch, New Zealand. **Abstract...** Christchurch, New Zealand, 2003. p. 105.

VALLEJO, V. A.; KELLY, J. D. Initial dissection of the anthracnose resistance in the landrace cultivar G2338. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, New York, v. 48, p. 76-77, 2005a.

VALLEJO, V. A.; KELLY, J. D. Unexpected resistance genes for anthracnose uncovered. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, New York, v. 48, p. 74-75, 2005b.

VAN SCHOONHOVEN, A.; PASTOR-CORRALES, M. A. (Comps.). **Standard system for evaluation of bean germplasm**. Cali, Colombia: CIAT, 1987. 54 p.

VIDIGAL, M. C. G.; SILVA, C. R.; VIDIGAL FILHO, P. S.; POLETINE, J. P. Characterization of the anthracnose resistance gene in common bean cultivar Michelite. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, New York, v. 48, p. 78-79, 2005.

VIDIGAL, M. C. G.; VALLEJO, V.; KELLY, J. D. Characterization of the Anthracnose resistance in the differential cultivar Widusa. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, New York, v. 46, p. 175-176, 2003.

VIEIRA, A. L.; RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B. dos. Crossing incompatibility in some bean cultivars utilized in Brazil. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 12, n. 1, p. 169-171, mar. 1989.

VIEIRA, C. Principais doenças do feijoeiro no inverno. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v. 17, n. 178, p. 46-53, 1994.

VIEIRA, F. C. **Controle genético da reação do feijoeiro ao *Phaeoisariopsis griseola* e seleção de famílias baseada em caracteres agronômicos**. 2004. 31 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

WHITE, J. W.; SINGH, S. P.; PINO, C.; RIOS, B. M. J.; BUDDENHAGEN, I. Effects of seed size and photoperiod response on crop growth and yield of common bean. **Field Crops Research**, Amsterdam, v. 28, n. 4, p. 295-307, Feb. 1992.

YOUNG, R.; KELLY, J. D. RAPD markers linked to three major anthracnose resistance genes in common bean. **Crop Science**, Madison, v. 37, n. 3, p. 940-946, May/June 1997.

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 and Applied Genetics**, Berlin, v. 96, n. 1, p. 87-94, Jan. 1998.

Livros Grátis

(<http://www.livrosgratis.com.br>)

Milhares de Livros para Download:

[Baixar livros de Administração](#)

[Baixar livros de Agronomia](#)

[Baixar livros de Arquitetura](#)

[Baixar livros de Artes](#)

[Baixar livros de Astronomia](#)

[Baixar livros de Biologia Geral](#)

[Baixar livros de Ciência da Computação](#)

[Baixar livros de Ciência da Informação](#)

[Baixar livros de Ciência Política](#)

[Baixar livros de Ciências da Saúde](#)

[Baixar livros de Comunicação](#)

[Baixar livros do Conselho Nacional de Educação - CNE](#)

[Baixar livros de Defesa civil](#)

[Baixar livros de Direito](#)

[Baixar livros de Direitos humanos](#)

[Baixar livros de Economia](#)

[Baixar livros de Economia Doméstica](#)

[Baixar livros de Educação](#)

[Baixar livros de Educação - Trânsito](#)

[Baixar livros de Educação Física](#)

[Baixar livros de Engenharia Aeroespacial](#)

[Baixar livros de Farmácia](#)

[Baixar livros de Filosofia](#)

[Baixar livros de Física](#)

[Baixar livros de Geociências](#)

[Baixar livros de Geografia](#)

[Baixar livros de História](#)

[Baixar livros de Línguas](#)

[Baixar livros de Literatura](#)
[Baixar livros de Literatura de Cordel](#)
[Baixar livros de Literatura Infantil](#)
[Baixar livros de Matemática](#)
[Baixar livros de Medicina](#)
[Baixar livros de Medicina Veterinária](#)
[Baixar livros de Meio Ambiente](#)
[Baixar livros de Meteorologia](#)
[Baixar Monografias e TCC](#)
[Baixar livros Multidisciplinar](#)
[Baixar livros de Música](#)
[Baixar livros de Psicologia](#)
[Baixar livros de Química](#)
[Baixar livros de Saúde Coletiva](#)
[Baixar livros de Serviço Social](#)
[Baixar livros de Sociologia](#)
[Baixar livros de Teologia](#)
[Baixar livros de Trabalho](#)
[Baixar livros de Turismo](#)