

**CAPACIDADE COMBINATÓRIA E HERANÇA DA RESISTÊNCIA AO
CRESTAMENTO BACTERIANO COMUM EM *Phaseolus vulgaris* L.**

ROBERTO DOS SANTOS TRINDADE

**UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE
DARCY RIBEIRO - UENF**

**CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ
DEZEMBRO - 2010**

Livros Grátis

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

Milhares de livros grátis para download.

**CAPACIDADE COMBINATÓRIA E HERANÇA DA RESISTÊNCIA AO
CRESTAMENTO BACTERIANO COMUM EM *Phaseolus vulgaris* L.**

ROBERTO DOS SANTOS TRINDADE

Tese apresentada ao Centro de Ciências e
Tecnologias Agropecuárias da Universidade
Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro,
como parte das exigências para obtenção do
título de Doutor em Genética e Melhoramento
de Plantas.

Orientador: Prof. Antônio Teixeira do Amaral Júnior
Coorientadora: Prof.^a Rosana Rodrigues

CAMPOS DOS GOYTACAZES, RJ
DEZEMBRO – 2010

CAPACIDADE COMBINATÓRIA E HERANÇA DA RESISTÊNCIA AO CRESTAMENTO BACTERIANO COMUM EM *Phaseolus vulgaris* L.

ROBERTO DOS SANTOS TRINDADE

Tese apresentada ao Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, como parte das exigências para obtenção do título de Doutor em Genética e Melhoramento de Plantas.

Aprovada em 09 de dezembro de 2010.

Comissão Examinadora:

Dr. João Sebastião de Paula Araújo (D.Sc. Fitotecnia) – UFRRJ

Prof. Rogério Figueiredo Daher (D.Sc., Produção Vegetal) – UENF

Prof^a. Rosana Rodrigues (D.Sc., Produção Vegetal) – UENF (Coorientadora)

Prof. Antônio Teixeira do Amaral Júnior (D.Sc., Genética e Melhoramento) –
UENF (Orientador)

DEDICATÓRIA

Ao Deus Pai Todo Poderoso
a meu pai Roberto Trindade (*In memoriam*)
ao agricultor brasileiro
Dedico

AGRADECIMENTOS

Ao Deus Pai todo poderoso pela vitória, a Jesus soberano pelo amor dedicado a mim e ao Deus Espírito Santo pelo consolo nas horas de dificuldade.

A Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro e ao Curso de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, por permitir a realização de um sonho e por estes quatro anos de formação, aprendizado e crescimento intelectual, moral e social.

À FAPERJ, pelo auxílio financeiro concedido durante o curso.

Ao meu orientador, prof. Antônio Teixeira do Amaral Júnior, pelo privilégio de sua orientação, pela confiança em mim depositada, por seu incentivo, presença e auxílio nos momentos difíceis deste trabalho e pela constante troca de experiências e aprendizado durante estes quatro anos.

À professora Rosana Rodrigues pela coorientação e auxílio em todas as etapas do experimento, pelos recursos humanos e laboratoriais a mim disponibilizados, pela paciência e pela segurança que sempre me transmitiu nos momentos de dúvida e dificuldade nesta caminhada.

Ao professor Rogério Daher, pelo auxílio na parte estatística, e pela sua amizade e disponibilidade em dividir seus conhecimentos.

Ao professor Messias Gonzaga Pereira, pela orientação na etapa de identificação dos híbridos via marcadores moleculares, e por disponibilizar os recursos e pessoal do laboratório 225 para este fim.

Aos técnicos Jader Zacharias Freitas, José Manoel de Miranda, Vitória Régia Melo de Almeida Miranda e Cláudia Pombo Sudré, por todo o apoio, auxílio e orientações prestadas durante as diferentes etapas desta tese, e pelo privilégio de conviver com vocês.

Aos muitos amigos dos laboratórios 222, 225 e 110 do LMGV, que colaboraram com as diferentes etapas dos experimentos da tese. Sem esta ajuda este projeto nunca se tornaria realidade.

Aos demais amigos feitos durante estes quatro anos de doutoramento na UENF. Todos foram importantes no processo de crescimento como pessoa e profissional.

A minha família e parentes, pelo apoio incondicional e compreensão nos momentos de ausência.

A meu pai (*in memoriam*), que, involuntariamente, ao sugerir que me tornasse técnico em agropecuária me direcionou rumo à realização profissional, científica e pessoal.

Ao agricultor brasileiro, motivador deste trabalho, e ao povo deste imenso país chamado Brasil. Se de alguma forma o conhecimento contido nestas páginas auxiliar o mínimo que seja para mitigar a fome, aumentar a renda e distribuir a riqueza nesta nação, todo o trabalho aqui despendido será rico de significado.

SUMÁRIO

LISTA DE TABELAS	VIII
LISTA DE FIGURAS	XII
RESUMO.....	XV
ABSTRACT	XVII
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	5
2.1. <i>PHASEOLUS VULGARIS</i> : ORIGEM E BOTÂNICA	5
2.2 – ASPECTOS GERAIS DE PRODUÇÃO E MERCADO EM FEIJÃO-DE-VAGEM	8
2.3 – O CRESTAMENTO BACTERIANO COMUM (CBC) CAUSADO POR <i>XANTHOMONAS AXONOPODIS</i> PV. <i>PHASEOLI</i>	11
2.3.1 – Sintomatologia.....	12
2.3.2 – Epidemiologia.....	14
2.4. - MELHORAMENTO GENÉTICO VEGETAL VISANDO À RESISTÊNCIA AO CBC EM <i>PHASEOLUS VULGARIS</i> L.	18
2.5. - ANÁLISE DIALÉLICA: CONCEITOS, MODELOS E APLICAÇÃO NO MELHORAMENTO DE PLANTAS VISANDO À RESISTÊNCIA A DOENÇAS... 21	

3. TRABALHOS.....	28
3.1. SELEÇÃO DE GENITORES E COMPARAÇÃO DE PARÂMETROS DE AVALIAÇÃO DA RESISTÊNCIA AO CRESTAMENTO BACTERIANO COMUM EM <i>Phaseolus vulgaris</i> L.	28
3.1.1. RESUMO.....	28
3.1.2. ABSTRACT	29
3.1.3. INTRODUÇÃO.....	30
3.1.4. MATERIAL E MÉTODOS.....	33
3.1.4.1. Condições experimentais	33
3.1.4.2. Metodologia de inoculação de <i>Xanthomonas axonopodis</i> pv. <i>phaseoli</i> em folhas e vagens	35
3.1.4.3. Análises estatísticas	37
3.1.5. RESULTADOS E DISCUSSÃO	40
3.1.5.1. Componentes de resistência ao CBC.....	40
3.1.5.2. Progresso do CBC em folhas	48
3.1.5.3. Correlações fenotípicas entre os estimadores de resistência ao CBC.....	53
3.1.5.4. Seleção de genitores.....	55
3.1.6. CONCLUSÕES.....	57
3.1.7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	58
3.2. CAPACIDADE COMBINATÓRIA EM <i>Phaseolus vulgaris</i> L.: CARACTERÍSTICAS MORFOAGRONÔMICAS E RESISTÊNCIA AO CRESTAMENTO BACTERIANO COMUM.....	66
3.2.1. RESUMO.....	66
3.2.2. ABSTRACT	67
3.2.3. INTRODUÇÃO.....	68
3.2.4. MATERIAL E MÉTODOS.....	71
3.2.4.1. Obtenção da população F ₁	71
3.2.4.2. Avaliação de características morfoagronômicas na geração F ₁	77
3.2.4.3. Avaliação da resistência ao CBC na geração F ₁	81

3.2.4.4. Confirmação do cruzamento na população F ₁ via marcadores ISSR	85
3.2.4.5. Análises estatísticas	87
3.2.4.6. Análise dialélica de Griffing e determinação da capacidade combinatória.....	89
3.2.5. RESULTADOS E DISCUSSÃO	91
3.2.5.1. Confirmação dos cruzamentos e avaliação por caracteres qualitativos e quantitativos	91
3.2.5.2. Avaliação de características morfoagronômicas em <i>Phaseolus vulgaris</i> L.....	98
3.2.5.3. Capacidade combinatória para características morfoagronômicas em <i>Phaseolus vulgaris</i> L.	104
3.2.5.4. Efeitos de CGC, CEC e de Heterose para características morfoagronômicas em <i>Phaseolus vulgaris</i> L.....	106
3.2.5.5. Análise de variância, componentes de variância e médias para a resistência ao CBC em genitores e híbridos F ₁ de <i>Phaseolus vulgaris</i>	115
3.2.5.6. Capacidade combinatória para resistência ao Crestamento Bacteriano Comum em genitores e híbridos de <i>Phaseolus vulgaris</i> L.	121
3.2.5.7. Efeitos de CGC e CEC para resistência ao Crestamento Bacteriano Comum em genitores e híbridos de <i>Phaseolus vulgaris</i> L.	126
3.2.6. CONCLUSÕES	134
3.2.7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	135
7. RESUMO E CONCLUSÕES	148
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	152
ANEXOS	169

LISTA DE TABELAS

3. TRABALHOS.....	28
3.1. SELEÇÃO DE GENITORES E COMPARAÇÃO DE PARÂMETROS DE AVALIAÇÃO DA RESISTÊNCIA AO CRESTAMENTO BACTERIANO COMUM EM <i>Phaseolus vulgaris</i> L.....	28
Tabela 1 - Características dos 14 genótipos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento determinado e de três genótipos de feijão comum avaliados em Campos dos Goytacazes, RJ.*.....	34
Tabela 2 - Modelo para a análise de variância da resistência ao CBC em folhas e vagens de 14 genótipos de feijão-de-vagem e três genótipos de feijão comum.....	38
Tabela 3 - Modelo para a análise de regressão linear do 1º grau para as notas atribuídas à resistência ao CBC em folhas de 14 genótipos de feijão-de-vagem e três genótipos de feijão comum.....	40
Tabela 4 – Estimativas dos quadrados médios obtidos pela análise de variância para área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD), período latente, média das notas (Nota) e diâmetro de lesão em vagens em 14 acessos de feijão-	

de-vagem e três acessos de feijão comum, inoculados com as estirpes 139-y (E1) e 775-9 (E2) de *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*, em Campos dos Goytacazes, RJ, 2008..... 41

Tabela 5 - Quadrados médios de regressão, desvios de regressão, coeficientes β_0 e β_1 da reta de regressão linear e valores de R^2 relativos ao progresso do CBC em folhas de 14 acessos de feijão-de-vagem e três acessos de feijão-comum inoculados com as estirpes 139-y (E1) e 775-9 (E2) de *Xap*, em Campos dos Goytacazes, RJ, 2008..... 49

Tabela 6 – Coeficientes de correlação fenotípica entre seis características avaliadas em 14 genótipos de feijão-de-vagem e três genótipos de feijão comum inoculados com as estirpes 139 y e 775-9 de *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*, em Campos dos Goytacazes, RJ, 2008..... 54

3.2. CAPACIDADE COMBINATÓRIA EM *Phaseolus vulgaris* L.: CARACTERÍSTICAS MORFOAGRONÔMICAS E RESISTÊNCIA AO CRESTAMENTO BACTERIANO COMUM..... 66

Tabela 1 - Esquema de dialelo completo sem recíprocos entre os seis genótipos de *Phaseolus vulgaris* utilizados no experimento..... 75

Tabela 2 - Análise de variância individual e esperança de quadrados médios, utilizando $F_{1's}$ e genitores..... 88

Tabela 3 - Esquema de análise de variância para CGC e CEC, com as respectivas esperanças de quadrados médios e expressões de soma de quadrados, segundo Griffing (1956), Modelo B, Método 2. 91

Tabela 4 – Descritores morfoagronômicos relacionados a seis genótipos de *Phaseolus vulgaris* L. e seus 15 híbridos inter cruzados em um dialelo completo sem recíprocos..... 94

Tabela 5 – Estimativa dos quadrados médios obtidos pela análise de variância e componentes de variância para 14 características morfoagronômicas avaliadas em seis genitores e 15 híbridos de *Phaseolus vulgaris* L. intercruzados em dialelo..... 99

Tabela 6 – Valores médios obtidos para 14 características morfoagronômicas avaliadas em seis genitores e 15 híbridos F₁ de *Phaseolus vulgaris* L. intercruzados em dialelo em Campos dos Goytacazes – RJ, 2009. 101

Tabela 7 – Análise de variância para a capacidade geral (CGC) e específica (CEC) de combinação e média dos quadrados dos efeitos de CGC e CEC para 14 características morfoagronômicas avaliadas em seis genitores e 15 híbridos de *Phaseolus vulgaris* L. intercruzados em dialelo, em Campos dos Goytacazes – RJ, 2009. 105

Tabela 8 – Estimativas dos efeitos de capacidade geral de combinação (\hat{g}_i) e desvios-padrão (CGC) dos efeitos de dois genitores para 14 características morfoagronômicas avaliadas em seis genitores e 15 híbridos de *Phaseolus vulgaris* L. intercruzados em dialelo, em Campos dos Goytacazes – RJ, 2009..... 107

Tabela 9 – Estimativas dos efeitos de capacidade específica de combinação (\hat{s}_{ij} e \hat{s}_{ij}) e desvios-padrão (DP) dos efeitos de dois F₁'s com e sem genitor comum e entre dois genitores, obtidos para 14 características morfoagronômicas avaliadas em seis genitores e 15 híbridos de *Phaseolus vulgaris* L. intercruzados em dialelo, em Campos dos Goytacazes – RJ, 2009. 109

Tabela 10 – Estimativas de heterose média percentual em relação à média dos pais (H_{MP}), obtidas para 14 características morfoagronômicas avaliadas em seis genitores e 15 híbridos de *Phaseolus vulgaris* L. intercruzados em dialelo. 113

Tabela 11 – Estimativas dos quadrados médios obtidos pela análise de variância e componentes de variância para quatro componentes de resistência ao

Crestamento Bacteriano Comum, em seis genitores e 15 híbridos de <i>Phaseolus vulgaris</i> L. inoculados com as estirpes 139 y e 775-9 de <i>Xanthomonas axonopodis</i> pv. <i>phaseoli</i>	116
Tabela 12 – Valores de médias obtidas para os quatro componentes de resistência ao Crestamento Bacteriano Comum avaliados em seis genitores e 15 híbridos de <i>Phaseolus vulgaris</i> L. inoculados com as estirpes 139 y e 775-9 de <i>Xanthomonas axonopodis</i> pv. <i>phaseoli</i>	119
Tabela 13 – Análise de variância para a capacidade geral (CGC) e específica (CEC) de combinação e média dos quadrados dos efeitos de CGC e CEC para os quatro componentes de resistência ao Crestamento Bacteriano Comum avaliados em seis genitores e 15 híbridos F ₁ de <i>Phaseolus vulgaris</i> L. inoculados com as estirpes 139 y e 775-9 de <i>Xanthomonas axonopodis</i> pv. <i>phaseoli</i>	122
Tabela 14 – Estimativas dos efeitos de capacidade geral de combinação (\hat{g}_i) e desvios-padrão (CGC) entre dois genitores para quatro componentes de resistência avaliados em seis genitores de <i>Phaseolus vulgaris</i> L. inter cruzados em dialelo.....	127
Tabela 15 – Estimativas dos efeitos de capacidade específica de combinação (S _{ii} e S _{ij}) e desvios-padrão (DP) dos efeitos de dois F ₁ s com e sem genitor comum e entre dois genitores, obtidos para os quatro componentes de resistência ao Crestamento Bacteriano Comum, avaliados em seis genitores e 15 híbridos de <i>Phaseolus vulgaris</i> L. inoculados com as estirpes 139 y e 775-9 de <i>Xanthomonas axonopodis</i> pv. <i>phaseoli</i>	130
Tabela 16 – Estimativas de heterose percentual em relação à média dos pais (H _{MP}), obtidas para os quatro componentes de resistência ao Crestamento Bacteriano Comum avaliados em seis genitores e 15 híbridos de <i>Phaseolus vulgaris</i> L. inoculados com as estirpes 139 y e 775-9 de <i>Xanthomonas axonopodis</i> pv. <i>phaseoli</i>	132

LISTA DE FIGURAS

2.REVISÃO DE LITERATURA.....	5
------------------------------	---

Figura 1 – Oferta de feijão-de-vagem no CEASA unidade Grande Rio entre os anos de 2008 e 2009 (CEASA-RJ, 2010).....	10
---	----

3.TRABALHOS.....	28
------------------	----

3.1. SELEÇÃO DE GENITORES E COMPARAÇÃO DE PARÂMETROS DE AVALIAÇÃO DA RESISTÊNCIA AO CRESTAMENTO BACTERIANO COMUM EM <i>Phaseolus vulgaris</i> L.....	28
--	----

Figura 1 – A) Disposição dos vasos sobre bancadas para avaliação dos 14 genótipos de feijão-de-vagem e dos três genótipos de feijão comum avaliados em Campos dos Goytacazes, RJ, 2009; B) Folíolo expressando sintomas da inoculação com CBC; C) Folha inoculada com <i>Xap</i> por meio de corte com tesoura previamente imersa em solução bacteriana.....	36
--	----

Figura 2 – Histogramas representativos da reação de 14 acessos de feijão-de-vagem e três acessos de feijão comum à inoculação com as estirpes 139-y (E1) e 775-9 (E2) de <i>Xanthomonas axonopodis</i> pv <i>phaseoli</i> em Campos dos Goytacazes, RJ, 2008.....	43
---	----

Figura 3 – Médias do período latente de 14 acessos de feijão-de-vagem e três acessos de feijão comum inoculados com as estirpes 139-y e 775-9 de <i>Xanthomonas axonopodis</i> pv <i>phaseoli</i> em Campos dos Goytacazes, RJ, 2008.....	45
Figura 4 - Médias do diâmetro da lesão em vagens de 14 acessos de feijão-de-vagem e três acessos de feijão comum inoculados com as estirpes 139-y e 775-9 de <i>Xanthomonas axonopodis</i> pv <i>phaseoli</i> em Campos dos Goytacazes, RJ, 2008.....	47
Figura 5 – Vagens após 10 dias de inoculação com <i>Xanthomonas axonopodis</i> pv. <i>phaseoli</i> , avaliadas em Campos dos Goytacazes, RJ, 2008.....	48
Figura 6 - Progresso da doença para três genótipos de feijão-de-vagem e dois genótipos de feijão-comum inoculados com as estirpes 139-y e 775-9 de <i>Xanthomonas axonopodis</i> pv. <i>phaseoli</i> em 20 dias de avaliação, em Campos dos Goytacazes,RJ, 2008.	52
3.2. CAPACIDADE COMBINATÓRIA EM <i>Phaseolus vulgaris</i> L.: CARACTERÍSTICAS MORFOAGRONÔMICAS E RESISTÊNCIA AO CRESTAMENTO BACTERIANO COMUM.....	66
Figura 1 – Aspectos da planta, vagem, flor e sementes dos seis genitores de <i>Phaseolus vulgaris</i> L. utilizados no experimento instalado em Campos dos Goytacazes - RJ, 2009.....	73
Figura 2 – Etapas do cruzamento entre plantas de <i>Phaseolus vulgaris</i> L.....	76
Figura 3 – Etapas para a inoculação de <i>Xap</i> em folhas e vagens de <i>Phaseolus vulgaris</i> L efetuada em Campos dos Goytacazes – RJ, 2009.....	82
Figura 4 – Escala diagramática de notas utilizada para aferição da resistência ao Crestamento Bacteriano Comum em genótipos de <i>Phaseolus vulgaris</i> L.....	84

Figura 5 – Efeito de dominância observada para a coloração da flor em híbridos F₁ de feijão-de-vagem..... 92

Figura 6 – Confirmação do cruzamento entre seis genitores de *Phaseolus vulgaris* L. em esquema dialélico via marcadores ISSR..... 93

ANEXOS.....169

Figura 1 – Progresso da doença para 14 genótipos de feijão-de-vagem e três genótipos de feijão comum inoculados com as estirpes 139-y e 775-9 de *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* em 20 dias de avaliação... 170

RESUMO

TRINDADE, Roberto dos Santos; D.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; Dezembro, 2010; Capacidade combinatória e herança da resistência ao Crestamento Bacteriano Comum em *Phaseolus vulgaris* L.; Orientador: Antônio Teixeira do Amaral Júnior; Coorientadora: Rosana Rodrigues; Conselheiro: Rogério Figueiredo Daher.

A principal doença bacteriana tanto na cultura do feijão comum quanto em feijão-de-vagem é o Crestamento Bacteriano Comum (CBC), cujo agente causal é a bactéria *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* (*Xap*). Dentre as medidas de controle para esta patologia, a estratégia mais efetiva, ambientalmente segura e vantajosa do ponto de vista econômico e do aspecto da agricultura sustentável é o desenvolvimento de cultivares resistentes. Como passo inicial, para a implantação de um programa de melhoramento visando à obtenção de cultivares resistentes e adaptadas ao Norte Fluminense, foram conduzidos dois experimentos. No primeiro, visou-se a avaliar o nível de resistência de genótipos de feijão-de-vagem de crescimento determinado ao CBC com base em quatro componentes de resistência; comparar a avaliação de dados de resposta à inoculação de *Xap* em folhas com a avaliação pelo estimador β_1 da equação de regressão; e a seleção de genótipos de feijão-de-vagem com potencial para resistência ao CBC. O delineamento experimental foi blocos ao acaso com seis repetições, em esquema de parcelas subdivididas, com 14 genótipos de feijão-de-vagem e três genótipos de feijão comum na parcela e dois isolados de *Xap* na subparcela. As notas atribuídas ao progresso da doença ao longo do tempo

também foram analisados via regressão linear. Observaram-se interações significativas entre genótipo e estirpe para área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD), diâmetro da lesão em vagens (DLV) e média das notas (NOTA). Não foram observadas diferenças significativas entre os genótipos de feijão comum resistentes ao CBC e os acessos de feijão-de-vagem avaliados para o diâmetro da lesão em vagens. Houve alta correlação entre AACPD, NOTA e β_1 e correlações negativas entre o período latente (PL) e os demais componentes de resistência avaliados. A partir dos dados obtidos com o primeiro experimento, realizou-se uma segunda avaliação objetivando estudar a capacidade combinatória para a resistência ao Crestamento Bacteriano Comum e outras características de interesse agrônomo em *Phaseolus vulgaris* L. por meio da aplicação da metodologia de dialelo proposta por Griffing (1956). Seis genitores, sendo dois genótipos de feijão comum resistentes ao CBC e quatro acessos de feijão-de-vagem de hábito determinado foram cruzados em esquema de dialelo completo sem recíprocos para estimar a capacidade geral e específica de combinação dos genitores e híbridos, respectivamente, para a resistência a *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*. A resistência ao CBC foi avaliada por meio da inoculação de duas estirpes de *Xap*, tendo a severidade sido determinada por meio de quatro componentes de resistência: AACPD, Período Latente em folhas (PLF), DLV e Nota. Foram avaliadas 14 características morfoagronômicas qualitativas e 16 características quantitativas. Houve a predominância de efeitos aditivos no controle das características morfoagronômicas, enquanto que, para a herança da resistência ao CBC, foram observados efeitos aditivos e não-aditivos, corroborando a complexidade da herança para esta patologia. Os resultados obtidos apontam para a necessidade do uso de métodos mais sofisticados e focados no controle parental, visando ao melhoramento da resistência ao Crestamento Bacteriano Comum em *Phaseolus vulgaris* L., como o método genealógico e a seleção recorrente.

ABSTRACT

TRINDADE, Roberto dos Santos; D.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; Dezembro, 2010; Combining ability and inheritance of resistance to common bacterial blight in *Phaseolus vulgaris* L.; Advisor: Antônio Teixeira do Amaral Júnior; Co-advisor: Rosana Rodrigues; Counselor Rogério Figueiredo Daher.

The main bacterial disease in both common bean and snap bean is the common bacterial blight (CBB), whose causative agent is the bacterium *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* (*Xap*). Among the control measures for this disease, the development of resistant cultivars is the most effective, environmentally safe, economical and sustainable agricultural strategy. Two experiments were conducted to start a common bacterial blight snap bean breeding program aiming to obtain resistant cultivars adapted to Norte Fluminense. The first experiment aimed to determine the level of resistance to CBB in genotypes of determinate growth habit snap bean, based on four resistance components; to compare the evaluation of *Xap* inoculation reaction in leaves by using β_1 estimator of the regression equation; and to select genotypes of snap bean with potential for resistance to CBB. A randomized block design was used, with six replications in split plot, with 14 snap bean genotypes and three common bean genotypes in the plot and two strains of *Xap* in the subplot. Scores to disease advanced over time were also analyzed by linear regression. There were significant interactions between genotype and strain for the area under the disease progress curve

(AUDPC), lesion diameter in pods (DLV) and average score (Nota). There were no significant differences among the genotypes of common bean resistant to CBC and the accessions of snap bean evaluated for lesion diameter in pods. There were high correlations among AUDPC, Nota and β_1 , and negative correlations between the latent period and the other resistance components evaluated. Based on the data obtained in the first experiment, a second evaluation was carried out to study the combining ability for resistance to CBB and other agronomic traits in *Phaseolus vulgaris* L. by applying the diallel methodology proposed by Griffing. Six parents, two common bean genotypes resistant to CBC and four accessions of snap bean with determinate growth habit, were crossed in a complete diallel scheme without reciprocal, to estimate the general and specific combining ability of parental lines and hybrids considering resistance to *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*. CBB resistance was evaluated by the inoculation of two strains of *Xap*, and the severity was assessed using four components of resistance: AUPDC, latent period in leaves (PLF), DLV and Nota. Fourteen qualitative and sixteen quantitative agronomic traits were also evaluated. Additive effects prevailed in the control of morphological characteristics, whereas for the inheritance of CBB resistance, additive and non-additive effects were observed, which corroborates the complexity of inheritance for this pathogen. The results indicate the necessity of using more sophisticated methods focused on parental control to improve resistance to Common Bacterial Blight in *Phaseolus vulgaris* L., such as the pedigree method and recurrent selection.

1. INTRODUÇÃO

O feijão-de-vagem é uma forma diferenciada do feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.), em que o produto final para consumo é a vagem, um alimento rico em proteínas, ferro, vitaminas, sais minerais e outros nutrientes (Silbernagel et al., 1991; Rodrigues et al., 1998a). É um alimento consumido em vários países ao redor do globo, se constituindo em uma rica fonte de fibra e proteínas, e sua boa aceitação no mercado aliado aos benefícios proporcionados ao ambiente edáfico pelo plantio de leguminosas torna o feijão-de-vagem uma excelente opção de cultivo para pequenos e médios agricultores (Abreu et al. 2004; Silva et al. 2004a; Vilela et al. 2009).

Para o consumo, a vagem deve apresentar características específicas como baixo teor de fibras, textura carnosa, coloração verde-clara e comprimento variando de 15 a 18 cm (Filgueira, 2003). Existem dois tipos de hábito de crescimento em feijão-de-vagem: o hábito determinado, quando a porção terminal da haste se encerra em uma inflorescência; e o hábito indeterminado, quando a extremidade da haste apresenta um meristema vegetativo que possibilita a continuidade do crescimento da planta (Castellane et al., 1988; Vilhordo et al., 1996; Filgueira, 2003; Checa e Blair, 2008).

No Brasil, o cultivo do feijão-de-vagem é feito com cultivares de ambos os hábitos de crescimento. Contudo, genótipos de hábito determinado possuem vantagens no cultivo, como: eliminação da necessidade de tutoramento; facilidade na aplicação de tratamentos culturais e colheita; redução do ciclo, aumentando o

número de colheitas por ano, e a possibilidade de ocupação da área de plantio por um maior período de tempo, intensificando o uso do solo (Fernandez et al., 1986; Peixoto et al., 1997; Filgueira, 2003). Estas características facilitam o manejo e reduzem o custo da produção do feijão-de-vagem, permitindo que o agricultor explore a cultura juntamente com outras olerícolas, diversificando a oferta de produtos ao mercado, o que resulta em aumento de renda para o homem do campo.

Entretanto, a produção do feijão-de-vagem no Brasil é sujeita a variações em virtude do baixo nível tecnológico aplicado em sua produção e do uso de cultivares não adaptadas às condições edafoclimáticas, o que acarreta problemas fitossanitários, fisiológicos e nutricionais (Peixoto et al., 2001; Silva et al., 2004a; Krause et al., 2009). O principal entrave na cultura de feijão-de-vagem é o desenvolvimento de cultivares mais resistentes a fatores ambientais adversos, como déficits hídricos, nutricionais e ataques de patógenos, sem que isto afete o valor comercial do produto (Castellane et al., 1988; Silva et al., 2004b; Krause et al., 2009).

Uma das principais doenças da cultura do feijão-de-vagem é o Crestamento Bacteriano Comum (CBC), que se caracteriza pelo surgimento de lesões necróticas em órgãos da parte aérea da planta (Rava e Sartorato, 1994; Rodrigues et al., 1998a; Vauterin et al., 2000). Seu agente causal é a bactéria *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* (Xap) (Vauterin et al., 2000), a qual pode ser disseminada via semente. A manifestação da patologia em estádios iniciais do crescimento vegetal em conjunto com condições de alta umidade, temperaturas entre 20 a 30°C e a alternância entre períodos de chuva e estiagem podem potencializar o ataque e a disseminação do patógeno, provocando quedas de até 45% da produtividade em genótipos suscetíveis (Díaz et al., 2001; Mahuku et al., 2006).

Dentre as medidas de controle do CBC, a estratégia mais efetiva, ambientalmente segura e vantajosa do ponto de vista econômico, é o desenvolvimento de cultivares resistentes (Yu et al., 2000). Para tanto, a identificação de variabilidade genética para resistência ao CBC e a recombinação de genótipos que possuam características complementares em seu genoma possibilitam a obtenção de indivíduos superiores, o que constitui a idéia central do melhoramento genético em qualquer espécie vegetal (Allard, 1971). Desta forma,

o sucesso de um programa de melhoramento depende dos genitores selecionados e de sua competência para gerar indivíduos superiores quando em cruzamento, a chamada capacidade combinatória de um grupo de genitores (Allard, 1971; Cruz et al., 2004).

Dentre as metodologias para estimação da capacidade combinatória, a análise dialélica se destaca como um procedimento que permite conhecer o comportamento de todos os híbridos possíveis de um conjunto de materiais parentais, possibilitando a obtenção de informações sobre o potencial genético das cultivares e da magnitude de sua capacidade de combinação, fornecendo informações sobre quais genitores serão capazes de gerar híbridos promissores em gerações segregantes avançadas (Vencovsky e Barriga, 1992; Borém e Cavassim, 1999; Cruz et al., 2004).

A avaliação da capacidade combinatória para resistência ao CBC entre três genótipos de feijão-de-vagem e dois genótipos de feijão comum, por meio do modelo dialélico de Griffing (1956), permitiu a identificação de efeitos genéticos aditivos controlando a resistência ao CBC em folhas, enquanto que a resistência em vagens foi controlada por genes com efeitos dominantes e aditivos, o que indicou a possibilidade de fixação da resistência ao CBC em folhas (Rodrigues et al.; 1999). Estes dados corroboram a hipótese de que a seleção de genótipos de feijão-de-vagem resistentes ao CBC e o cruzamento entre os mesmos em um esquema de dialelo possibilitam a avaliação da capacidade combinatória e o estudo da herança da resistência a *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*, indicando quais cruzamentos originariam segregantes superiores em gerações avançadas.

Trabalhos anteriores realizados na UENF (Teixeira, 2002; Teixeira et al., 2004) avaliaram a divergência genética em genótipos de feijão-de-vagem de hábito determinado por meio de uma série de caracteres morfoagronômicos visando à seleção de genitores para um programa de melhoramento para obtenção de genótipos adaptados as características edafoclimáticas do Norte Fluminense.

O objetivo deste projeto foi avaliar a capacidade combinatória, a natureza e os mecanismos de herança da resistência ao CBC em genótipos de feijão-de-vagem de hábito determinado, estudados por Teixeira et al. (2004), por meio de cruzamentos dialélicos, visando ao início de um programa de melhoramento para

a obtenção de cultivares de *Phaseolus vulgaris* L. de hábito determinado, resistentes ao CBC e adaptadas à Região do Norte Fluminense.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. *Phaseolus vulgaris*: Origem e Botânica

Dados de literatura apontam a cultura do feijão como originária das Américas, com diferentes centros de diversidade genética em todo o continente (Singh, 2001; Acosta-Gallegos et al., 2007). São conhecidos três centros principais de domesticação para a espécie, caracterizados pelo tipo de faseolina contido nas sementes: México e América Central; Colômbia e Andes (Gepts et al., 1986; Acosta-Gallegos et al., 2007; Arantes et al., 2008).

Uma vasta gama de metodologias tem sido utilizada para a caracterização de germoplasma em *Phaseolus vulgaris*, como caracteres morfoagronômicos e moleculares, padrões eletroforéticos de proteína e o tipo de faseolina (Gepts et al. 1986; Singh et al., 1991; Teixeira et al., 2004; Checa e Blair, 2008; Moreira et al., 2009).

Gepts et al. (1986) e Debouck (1991), com base no tipo de faseolina contido nas sementes de feijão, preconizaram três centros de domesticação para *P. vulgaris*: México e América Central; Colômbia e Andes. De acordo com Debouck (1991), o feijão comum teve dois centros principais de domesticação e um terceiro de menor expressão. Um centro na região central das Américas, o chamado centro Mesoamericano, de onde se originaram cultivares de grãos pequenos, como a cultivar “carioca”, e um segundo centro, no sul dos Andes, o chamando centro Andino, de onde se originaram as cultivares de sementes

grandes, como “Jalo”. O terceiro centro de domesticação, identificado com estudos baseados na faseolina, a principal proteína de reserva da semente de feijão, situa-se na Colômbia. Apesar destes três centros localizados nas Américas, são reconhecidos outros centros secundários de domesticação em outros continentes, em países como Espanha, China, Filipinas, Turquia, Irã, Afeganistão e países do leste da África (Debouck, 1991).

Embora pertencente ao gênero *Phaseolus*, a comparação do tipo de faseolina na semente (S – grupo Mesoamericano) e de aspectos morfológicos da planta característicos do Grupo Andino demonstrou que o feijão-de-vagem possui uma base genética mais ampla que a do feijão comum (Skroch e Nienhuis, 1995). Estudos relatam o feijão-de-vagem como uma mutação do feijão comum selecionada em regiões da América do Norte e Europa (Silbernagel et al., 1991). Porém, de acordo com Zaumeyer (1972), 70% do germoplasma de feijão-de-vagem das variedades em cultivo comercial provêm de três fontes: as cultivares Tendercrop, Blue Lake e Harvest.

O feijão-de-vagem e o feijão comum compartilham a mesma classificação botânica, pertencendo ao ramo Embryophytae Syphonogamae; sub-ramo Angiospermae; classe Dicotyledoneae; subclasse Archichlamydeae; ordem Rosales; família Leguminosae; subfamília Papilionideae; tribo Phaseoleae; subtribo Phaseolineae; gênero *Phaseolus* L.; e espécie *Phaseolus vulgaris* L. (Vieira et al., 1999). O feijão-de-vagem é uma espécie diploide, com $2n=2x= 22$, e assim como o feijão comum, seus cromossomos são considerados extremamente curtos quando comparados com os de outras espécies vegetais (Vieira et al., 1999).

Botanicamente, o feijão-de-vagem é uma fabácea anual, herbácea, com sistema radicular superficial, do tipo pivotante, contendo caule anguloso e com pelos simples, de onde são emitidos os ramos laterais, com folhas compostas e trifoliadas. Devido à sua estrutura floral, o feijão-de-vagem é classificado como uma planta autógama, uma vez que tanto o estigma quanto as anteras se encontram protegidos pelas pétalas, com a polinização ocorrendo no momento da abertura da flor, fenômeno comumente conhecido como cleistogamia (Castellane et al., 1988). Os frutos são vagens que possuem polpa espessa e formato afilado dentro do qual se desenvolvem as sementes (Figueira, 2003).

O principal diferencial entre o feijão-de-vagem e o feijão comum são suas vagens, as quais têm mesocarpo suculento e reduzido teor de fibras, sendo utilizadas na alimentação, quando a semente se encontra ainda em um estágio imaturo (estádio R8) (Fernandez et al., 1986; Silbernagel et al., 1991; Singh, 2001). Para seu consumo, as vagens podem passar por cocção, ou ainda podem ser industrializadas para serem consumidas como conservas (Castellane et al., 1988).

As variedades de feijão-de-vagem são diferenciadas entre si principalmente em função de três caracteres básicos: o tipo de vagem, a coloração da vagem e o hábito de crescimento.

Os genótipos com vagem do tipo “manteiga” possuem vagens de formato achatado em toda sua extensão; e o tipo “macarrão”, em que as vagens possuem um formato arredondado, sendo que, com relação à cor de vagem, existem quatro tipos básicos de colorações que podem ser assumidas pelos genótipos de feijão de vagem: verde-escura, verde-clara, amarela ou púrpura (Vilhordo et al., 1996; Filgueira, 2003).

Quanto ao hábito de crescimento, existem dois tipos: o hábito determinado, quando a porção terminal da haste se encerra em uma inflorescência; e o hábito indeterminado, quando a extremidade da haste termina em um meristema vegetativo que possibilita a continuidade do crescimento da planta (Castellane et al., 1988; Filgueira, 2003). Além destas características, o comprimento da vagem mais acentuado quando comparado ao do feijão comum também é uma característica distintiva das variedades de feijão-de-vagem (Vilhordo et al., 1996; Filgueira 2003).

Durante décadas, melhoristas norte-americanos e europeus desenvolvem programas de cruzamentos de cultivares de feijão-de-vagem para características como: resistência a patógenos; morfologia e teor de fibra de vagem; hábito de crescimento; resistência ao acamamento em cultivares eretas; coloração de vagem; tolerância a estresses abióticos e outras características (Singh, 2001; Acosta-Gallegos et al., 2007). Contudo, a adaptação da cultura ao sistema de produção de baixo uso de insumos, característico do pequeno agricultor, e a indução de resistência a estresses bióticos e abióticos ainda constitui um desafio aos melhoristas (Castellane et al., 1988; Singh, 2001; Acosta-Gallegos et al., 2007).

2.2 – ASPECTOS GERAIS DE PRODUÇÃO E MERCADO EM FEIJÃO-DE-VAGEM

O feijão-de-vagem é um alimento consumido em diversos países, sendo estimado que a produção mundial de vagem esteja em torno de 6,5 milhões de t.ano⁻¹ (FAO, 2010), sendo que 250 a 300 mil toneladas deste montante sejam produzidas na América Latina por pequenos produtores que se utilizam de áreas de 2 a 20 ha, usando em sua maioria, germoplasma de porte indeterminado (Silbernagel et al., 1991; Henry e Jansen, 1992; Abreu et al., 2004).

No Brasil, a produção de feijão comum se encontra em torno de 3 milhões e 400 mil toneladas (CEASA, 2010; FAO 2010). Entretanto, dentro do grupo das hortaliças cultivadas, o feijão-de-vagem ocupa a sexta posição em volume produzido e a 13^a em importância econômica, com produção de 56 t.ano⁻¹, produtividade de 7 t.ha⁻¹.ano⁻¹ e consumo de 0,7 kg.pessoa.⁻¹ano⁻¹ (Pereira et al., 2003; SIDRA, 2006; CEASA, 2010). No Brasil, da mesma forma que o feijão comum, o feijão-de-vagem é explorado principalmente por pequenos agricultores, utilizando reduzido número de cultivares, com restrita variabilidade genética e limitado emprego de tecnologia e insumos, predominando o emprego de mão-de-obra familiar no processo de produção (Peixoto et al., 2001; 2002b).

No Brasil, as principais cultivares de feijão-de-vagem recomendadas são de crescimento indeterminado (Abreu et al., 2004; Moreira et al., 2009), devido à sua maior produtividade frente aos genótipos de hábito determinado. Entretanto, as cultivares de feijão-de-vagem de hábito determinado proporcionam vantagens como: eliminação da necessidade de tutoramento; facilidade nos tratos culturais e na colheita, e redução do ciclo da cultura (Peixoto et al., 1993; Pereira et al., 2003; Filgueira, 2003; Checa e Blair, 2008; Moreira et al. 2009). A produtividade média do feijão-de-vagem é de 6 a 15 t.ha⁻¹ para cultivares de hábito determinado e entre 20 a 30 t.ha⁻¹ para materiais de hábito indeterminado (Silbernagel et al., 1995; Filgueira, 2003), embora existam relatos, em experimentos de campo, de rendimentos superiores a 15 t.ha⁻¹ para genótipos de hábito determinado (Leal & Bliss, 1990; Peixoto et al., 1993; Pinto et al., 2001).

O Estado do Rio de Janeiro possui intenso desenvolvimento urbano, com 94,53% de sua população morando em cidades e vilas, constituindo o segundo maior polo industrial brasileiro, com um setor de serviços responsável por cerca

de 40% de seu Produto Interno Bruto (CIDE, 2009). A contribuição da agricultura para o PIB no Estado do Rio de Janeiro correspondeu a aproximadamente R\$ 952.607.000,00 no ano de 2008, (CIDE, 2009) o que equivale a apenas 0,4% do Produto Interno Bruto estadual, demonstrando a existência de espaço para uma maior contribuição da agricultura no PIB do Estado. As características econômicas e fisiográficas do Rio de Janeiro implicam um modelo de agricultura baseado no atendimento das demandas de seus centros urbanos (Lumbrelas et al., 2003; Gonçalves, 2006).

No Rio de Janeiro, a média de comercialização de feijão-de-vagem somando-se todas as unidades de revenda do CEASA é de aproximadamente 600 t.mês⁻¹ (CEASA, 2010). Entretanto, a menor área ocupada, os menores custos de produção, a facilidade observada para o preparo e a praticidade para processamento industrial (Filgueira, 2003), distinguem o feijão-de-vagem como um alimento de alto valor para alimentação em centros urbanos e uma opção vantajosa para complementação de renda e diversificação da produção para o olericultor. No mercado, estão presentes os dois formatos existentes de vagem: o tipo “manteiga”, que engloba cultivares de vagens com formato achatado; e o tipo “macarrão”, em que as vagens possuem um formato redondo (Castellane et al., 1988; Filgueira, 2003). Existe mercado para ambos os tipos de vagem, mas, no Estado do Rio de Janeiro, a preferência e o maior volume de revenda recaem sobre o tipo “manteiga” (Abreu, 2001; Abreu et al., 2004).

A Figura 1 revela a oferta de feijão-de-vagem no Rio de Janeiro no período de janeiro de 2008 a janeiro de 2010 (CEASA, 2010). Verifica-se que, para as condições do Estado do Rio de Janeiro, o período de maior oferta se localiza entre os meses de julho e janeiro, com variações de acordo com o clima. Esta flutuação na oferta do produto, ao longo do ano, é decorrente do clima e do manejo. Neste aspecto, o período de maior temperatura e alta precipitação no Estado se dá entre dezembro e março (Lumbrelas et al., 2003), o que favorece o surgimento de doenças, dentre elas, o crestamento bacteriano (Sartorato et al., 1996; Torres e Maringoni, 1999; Bianchini et al., 2005; Torres et al., 2009b).

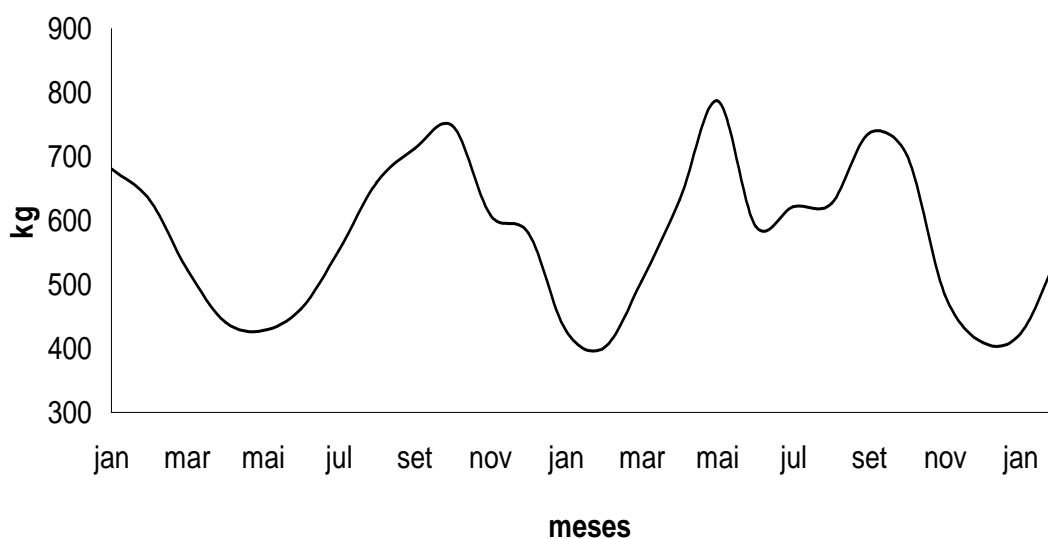


Figura 1 – Oferta de feijão-de-vagem no CEASA unidade Grande Rio entre os anos de 2008 e 2009 (CEASA-RJ, 2010).

Ademais, a produção de feijão-de-vagem no Estado é quase toda feita com cultivares de hábito indeterminado (Abreu et al., 2004; Vilela et al., 2009) que carecem do uso de tutores para o perfeito desenvolvimento da planta, levando o produtor a utilizar a cultura de feijão-de-vagem em rotação com outras culturas, como a do tomate de mesa e a do pimentão, aproveitando-se do tutoramento e de parte da adubação da cultura anterior (Abreu, 2001; Silva et al., 2001; Filgueira, 2003). Embora esta estratégia permita gerar uma fonte de renda a mais para os agricultores em um período em que o solo estaria ocioso, esta prática torna a oferta do feijão-de-vagem muito elevada no período do ano entre setembro e dezembro, o que reduz o preço do produto no mercado.

Estimativas de lucro para a cultura revelam que 1 kg de feijão-de-vagem pode equivaler a 43% do lucro obtido com o feijão comum para o agricultor, mas com a vantagem do maior volume do produto final por hectare (Castellane et al., 1988; Silbernagel et al., 1991).

Diante do exposto, o desenvolvimento de cultivar de feijão-de-vagem de hábito determinado, adaptada à região Norte Fluminense, e com resistência ao CBC proporcionará a produção de vagem em diferentes períodos do ano, permitindo ao produtor oferecer o produto ao mercado de forma mais estável e programada, sobretudo na época de maior demanda e maior preço, o que contribui para um aumento da renda e da fixação do homem no campo.

2.3 – O CRESTAMENTO BACTERIANO COMUM (CBC) CAUSADO POR *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*

O Crestamento Bacteriano Comum (CBC) é uma doença de parte aérea, cujo agente causal é a bactéria *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* (Smith) (= *X. campestris* pv. *phaseoli*) (Xap) (Vauterin et al., 2000). *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* é uma bactéria gram-negativa, com dimensões de 0,4-0,9 x 0,6-2,6 µm, apresentando um flagelo polar simples, sendo que suas colônias em ágar são convexas, com coloração amarelada e brilhante (Coyne e Schuster, 1974a; Goszczyńska e Serfontein, 1998; López et al., 2003; Abd-Alla et al.; 2010).

O CBC é considerado a segunda doença mais importante na cultura do feijoeiro e a principal doença bacteriana da cultura em todo o mundo, provocando perdas de até 45% na produção em feijoeiro comum, dependendo da pressão do patógeno, das condições ambientais e da cultivar utilizada (Diaz et al., 2001; Dursun et al., 2002; Mkandawire et al., 2004; Mutlu et al., 2005; Manzanera, et al., 2005; Mahuku et al., 2006; Abd-Alla et al.; 2010). O CBC também causa danos à cultura do feijão-de-vagem, induzindo a perdas tão significativas quanto em feijão comum (Coyne e Schuster, 1974a; Rava e Sartorato, 1994; Rodrigues et al., 1999; Ferreira et al., 2004; Bianchini et al., 2005).

No Brasil, o CBC tem sido relatado em praticamente todas as regiões produtoras de *Phaseolus vulgaris*, com maior importância no Norte do Estado do Paraná, no Estado do Rio de Janeiro e na região central do Brasil, sobretudo nas safras das águas (Torres e Maringoni, 1999; Torres et al., 2009b).

São conhecidos dois tipos de bactérias do gênero *Xanthomonas* capazes de provocar o crestamento bacteriano em *Phaseolus vulgaris*. A bactéria *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* (Xap), causadora do Crestamento Bacteriano Comum (CBC), e a variante *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* var. *fuscans*, causadora do crestamento bacteriano fosco (Vauterin et al., 2000; Mkandawire et al., 2004). Os sintomas dos dois tipos de crestamento são semelhantes, no entanto, a capacidade de produzir melanina *in vitro* permite a identificação da variante *fuscans* de *Xanthomonas* (Chan e Goodwin, 1999; Halfed-Viera et al., 2001). Este pigmento resulta da secreção e oxidação de um ácido que é intermediário do metabolismo da tirosina, não tendo relação com a patogenicidade da bactéria (Darsonval et al., 2008). Ambas as bactérias são

capazes de desenvolver o CBC em feijão, mas estudos indicam que a variante *fuscans* expressa maior agressividade no avanço dos sintomas (Opio et al., 1996; Mutlu et al., 2007; Darsonval et al., 2008; Torres et al., 2009a).

A despeito desta divisão dentro do gênero, existem evidências de diversidade genética dentro da própria espécie *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*, o que é expresso tanto por dados de biologia molecular quanto pelas reações observadas pela inoculação do mesmo isolado em espécies diferenciadoras (Valarin e Menten, 1992; Halfeld-Vieira e Souza, 2000; Dursun et al., 2002; Mkandawire et al., 2004; Mahuku et al., 2006), revelando uma diversidade genética na espécie ainda não compreendida.

No Brasil, os primeiros registros de CBC datam de 1954, no Estado do Paraná, por Travassos e Caldeira, sendo, posteriormente, isolado o patógeno em plantas oriundas do Rio de Janeiro. Em 1967, o patógeno foi registrado por Kimati e Mascarenhas (1967; citado por Rava e Satorato, 1994) e Paradela Filho et al. (1967) em São Paulo. O CBC está disseminado em todas as regiões do país, apresentando maior incidência na safra das águas, quando as condições de temperatura e umidade são mais favoráveis ao patógeno (Rava e Sartorato, 1994; Bianchini et al., 2005; Marques et al., 2005).

As estratégias de controle do CBC incluem o uso de sementes certificadas, a rotação de culturas, a remoção de restos da cultura anterior (Mkandawire et al., 2004; Zanatta et al., 2007). Porém, mesmo com a aplicação destas medidas, o controle da doença pode ser dificultado. Estudos demonstram a necessidade de uma inoculação na concentração mínima de 5×10^6 UFC.cm⁻² de folha para expressão dos sintomas, sendo que o patógeno é capaz de manter-se de forma epifítica em plantas próximas ao organismo-alvo ou mesmo em plantas suscetíveis ao CBC, sem ocasionar a expressão dos sintomas, ou seja, sem ativar as reações que caracterizam a interação patógeno x hospedeiro (Jacques et al., 2005; Darrasse et al., 2007; Danhorn e Fuqua, 2007).

2.3.1 – Sintomatologia

O principal meio de transmissão de *Xap* é a semente, na qual o inóculo pode permanecer viável por até 15 anos em dormência (Zapata et al., 1985, Bianchini et al., 2005). Contudo, o patógeno pode ser transmitido também via insetos vetores, como *Bemisia tabaci*, *Cerotoma ruficornia*, *Chalcoderma*

ebeninus, *Diaprepes abbreviata*, *Empoasca* sp. e *Nezara viridula*. Além destes vetores, sua disseminação pode ser intensificada por condições de chuvas com vento, pela presença de restos de cultura sem enterrio e pela circulação de pessoas ou máquinas na área de cultivo nas primeiras horas do dia, quando as plantas ainda estão molhadas por orvalho (Sartorato et al., 1996; Bianchini et al., 2005). O patógeno pode sobreviver, de um ano para outro, nos restos de cultura de forma hipobiótica e em hospedeiros alternativos, de forma epifítica (Sartorato et al., 1996; Gent et al., 2005; Torres et al., 2009a).

A bactéria penetra na folha, via estômatos ou ferimentos na superfície das mesmas, colonizando em seguida os espaços intercelulares, levando à dissolução gradual da lamela média (Jacques et al., 2005). A semente é penetrada via pedicelo, pelo funículo ou mesmo pelo microfilo, sendo que a penetração direta pelo tegumento da semente não tem sido observada (Sartorato et al., 1996; Bianchini et al., 2005; Darsonval et al., 2008). O patógeno pode permanecer sobre o tegumento de forma epifítica e penetrar pelos cotilédones no momento da germinação, resultando na infecção da planta jovem (Jacques et al., 2005; Danhorn e Fuqua, 2007; Darrasse et al., 2007).

Os sintomas do CBC são caracterizados por lesões em toda a parte aérea da planta, que se iniciam como pequenas manchas verde-escuras encharcadas e oleosas, podendo o tecido adjacente se tornar flácido. Com o progresso da infecção, as lesões tornam-se maiores e adquirem uma coloração marrom, com bordos amarelados, o que confere ao tecido atingido um aspecto necrótico de queima, o chamado crestamento (Mohan et al., 1983; Sartorato et al., 1996; Diaz et al., 2001; Mutlu et al., 2008). Estas lesões podem coalescer e levar à morte da folha, com conseqüente redução da fotossíntese. As lesões podem surgir em qualquer parte da folha, sendo comum a evolução a partir dos bordos foliares (Coyne et al., 2003; Bianchini et al., 2005; Torres et al., 2009b).

Nas vagens, os sintomas consistem em lesões que são geralmente circulares, levemente côncavas, e de coloração marrom. Em casos graves, vagens inteiras podem murchar e morrer (Coyne et al., 2003; Darrasse et al., 2007). Sementes em vagens menos afetadas podem não possuir sintomas de doença ou serem ligeiramente enrugadas (Jacques et al., 2005; Tebaldi et al., 2007).

Quando plântulas crescem a partir de sementes infectadas, verificam-se as mesmas injúrias causadas por manchas características da infecção por *Xap* ou suas extremidades são totalmente destruídas. Na folhas primárias, podem ser observadas manchas aquosas em ambos os lados do filoplano após a germinação, indicando que a infecção inicial ocorreu, enquanto elas ainda estavam dobradas no interior das sementes (Coyne e Schuster, 1974b; Maringoni e Lauretti, 1999; Silva et al., 2009).

As lesões no caule de mudas jovens começam como pequenas manchas aquosas que gradualmente se ampliam, podendo ter um aspecto de afundamento. Quando não morrem, estas plantas possuem um aspecto de nanismo e alguma lignificação no caule. Outra característica é o murchamento durante o calor do dia, com recuperação da turgência durante a noite. A superfície do caule, muitas vezes, divide-se, liberando um exudato bacteriano amarelado e um anelamento do tronco, geralmente começando no nó acima da inserção cotiledonar (Valarini et al., 1992; Mabagala, 1997; Darrasse et al., 2007).

A intensidade do ataque e a rapidez do avanço da doença podem variar em função do tipo de isolado, da cultivar e das condições do ambiente (Mahuku et al., 2006). Contudo, a tendência natural é a de morte da planta por redução da superfície fotossintetizante, o que reduz a disponibilidade de carbono para atender às demandas da planta e à necrose dos tecidos. Estudos indicam que *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* tem a capacidade de penetrar em vagens, via sistema vascular, e infectar sementes sem causar lesões na superfície das vagens. (Mabagala, 1997; Darrase et al., 2007; Lopes et al., 2008). Estudos utilizando a variante *fuscans* de *Xap*, revelam um sistema de secreção do tipo III, com a ação de genes *hrp* na regulação do processo de colonização (Darsonval et al., 2008).

2.3.2 – Epidemiologia

A disseminação do patógeno no campo ocorre pelo vento, pela chuva em conjunto com vento, por insetos, por irrigação por aspersão com água contaminada pelo patógeno e por outros vetores, sendo que o excesso de potássio e fósforo pode favorecer o ataque do patógeno (Torres e Maringoni, 1999; Bianchini et al., 2005; Manzanera et al., 2005).

Condições de temperatura elevada (25 a 35°C) e a intermitência entre chuva e seca são ideais para a propagação do inóculo, sendo que condições de temperatura de 28°C em conjunto com alta umidade são propícias à ocorrência de epidemias (Mkandawire et al., 2004), condições estas comuns em regiões tropicais e, especificamente, no Estado do Rio de Janeiro, durante o período chuvoso (Lumbrelas et al., 2003).

Os principais alvos de ataque do patógeno são as folhas e as vagens, embora, nos estádios finais de contaminação, a doença atinja toda a parte aérea (Pozza et al., 1999; Theodoro, 2004; Silva et al., 2009). A bactéria *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* pode se manter viável por longo período de tempo em diferentes locais do agroecossistema, como sobre o tegumento da semente, restos de cultura, plantas hospedeiras em que o patógeno possa hibernar, ou mesmo em sobrevivência no solo (Jacques et al., 2005; Marques et al., 2005; Darrasse et al., 2007; Danhorn e Fuqua, 2007).

Estudos demonstram que as condições ótimas para a conservação de sementes são as mesmas para a manutenção da longevidade de *Xap*, sendo que uma simples fonte de inóculo em uma planta pode contaminar uma área equivalente a um círculo de 8 metros em seu entorno, ou seja, uma planta doente em 10000, é suficiente para causar uma grave epidemia (Coyne e Schuster, 1974a; Díaz et al., 2001; Marques et al., 2005).

Nos EUA, foram estimadas perdas de produção por ataque do CBC em torno de 10 a 40% em feijoeiro comum (Wallen e Jackson, 1975). Yoshii (1980) observou perdas causadas pelo CBC, na Colômbia entre 22 e 45% em condições de infecção natural e inoculação artificial, respectivamente.

O estágio de desenvolvimento da planta interfere significativamente na reação do feijoeiro à infecção de *Xap* (Coyne et al., 1983; Torres e Maringoni, 1999). No entanto, trabalhos de avaliação da resistência de feijoeiro à *Xap* têm realizado a inoculação tanto na fase vegetativa quanto na fase reprodutiva (Coyne e Schuster, 1974a; Zapata et al., 1985).

No Brasil, as informações disponíveis sobre as perdas de produtividade, ocasionadas pelo CBC em feijão-de-vagem, são ainda inexistentes. No Estado do Paraná, foi observada uma taxa de 84% de contaminação com *Xap* em lotes de sementes de feijão comum examinados (Maringoni e Komori, 1989), sendo que

outros estudos indicam perdas de produtividade de 22 a 45% (Rava e Sartorato, 1994; Sartorato et al., 1996; Diaz et al., 2001).

Valarini e Menten (1992) observaram que a emergência de plântulas não é afetada por taxas de infestação com *Xap* maiores que 10%, contudo a produção de grãos é afetada em níveis de infecção nas sementes a partir de 5%. Para algumas cultivares de feijoeiro, o desenvolvimento de epidemia do CBC dependeu mais do nível de resistência horizontal das cultivares e das condições climáticas do que da quantidade de inóculo presente nas sementes (Maringoni et al., 1993).

Opio et al. (1996) constataram que a população mínima para iniciar a infecção foi de 10^2 UFC.semente⁻¹ em condições de campo, e que uma porcentagem de 0,2% de sementes infectadas foi suficiente para provocar severa epidemia. Habtu et al. (1996) estudando a relação entre práticas de manejo e condições edafoclimáticas com a ocorrência de doenças foliares na cultura do feijão comum, por três anos consecutivos, observaram influência da época de plantio, da presença de plantas invasoras e do plantio sucessivo do feijoeiro na ocorrência do CBC em regiões da Etiópia. Na Tanzânia, Mabagala (1997) detectou infecção por *Xap* em sementes oriundas de plantas assintomáticas de cultivares de feijoeiro consideradas como resistentes ao CBC, o que foi apontado pelos autores como um componente importante na epidemiologia da doença.

Contreras et al. (2001) analisaram, por microscopia eletrônica, o desenvolvimento das interações patógeno-hospedeiro entre *Xap* e tecidos foliares de plantas de feijoeiro com três níveis distintos de resistência ao CBC, inoculados com o patógeno 17 dias após a semeadura. Neste estudo, em análises efetuadas aos 14 e 21 dias após a inoculação, os autores observaram que plantas resistentes possuíam a capacidade de encapsular o patógeno, enquanto que plantas moderadamente resistente tinham poucas bactérias em espaços intercelulares, observando-se a formação de vesículas entre a membrana plasmática e a parede celular. Para o genótipo suscetível, observou-se um maior número de bactérias nos espaços intercelulares, ocorrendo um processo de rompimento da lamela média, com condensação do citoplasma e desintegração de organelas celulares. Os autores observaram ainda a penetração de células bacterianas no tecido vascular, demonstrando que, em estádios mais avançados, *Xap* pode colonizar tecidos vasculares, levando à degradação dos tecidos e à morte da planta.

Com relação aos danos causados pelo CBC, Diaz et al. (2001), avaliando efeitos do CBC na produção e na fotossíntese do feijoeiro, observaram que o CBC reduz a taxa fotossintética líquida da planta, não somente devido à redução de área foliar pelas lesões formadas, mas também pela redução da eficiência fotossintética dos tecidos verdes remanescentes da folha e da duração da área fotossintética sadia. Neste trabalho, foram observadas quedas da taxa fotossintética de 5 a 45%, variando em função do genótipo utilizado e da quantidade inicial do inóculo.

Jaques et al. (2005) avaliaram a ocorrência de *Xap* no filoplano das folhas de feijão, observaram a presença de células isoladas e de colônias de *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* na superfície foliar, sendo que a indução de um estresse hídrico reduziu drasticamente a proporção de células isoladas de *Xap*, indicando que a agregação seguida da formação de um biofilme na superfície da folha, é uma estratégia utilizada por *Xap*, durante a colonização da folha, para proteção contra estresses e manutenção de reservas.

A diversidade genética e as propriedades fenotípicas de *Xap*, em diferentes regiões da Espanha, sugerem múltiplos eventos de introdução deste patógeno, denotando que este processo pode ter-se repetido em escala global nos diferentes ambientes de cultivo de *Phaseolus vulgaris* (López et al., 2006). Danhorn e Fuqua (2007), revisando vários autores, destacam a presença de genes que codificam a fixação na superfície do hospedeiro em *Xanthomonas*, indicando um comportamento “coletivo e sedentário” ao invés do “nomadismo”.

Torres et al. (2009a), avaliando a presença de *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* em folíolos de feijoeiro na superfície do solo, ou incorporados em profundidades de até 15 cm, observaram uma capacidade de sobrevivência entre 65 a 180 dias para folíolos na superfície do solo, e entre 30 a 120 dias quando os folíolos foram incorporados no solo. Com a ocorrência de chuvas e altas temperaturas, o período de sobrevivência de *Xap* nos folíolos e no interior do solo se reduziu em 1/3 em relação ao anteriormente observado.

Contudo, o principal meio de transmissão de *Xap* ainda é a semente (Gitaitis e Walcott, 2007; Tebaldi et al., 2007). De sete lotes de sementes de feijão comum coletados em quatro diferentes locais, em cinco lotes, foram detectadas respostas positivas quanto à presença de *Xap*, o que foi confirmado por testes bioquímicos, fisiológicos e de patogenicidade nas plântulas de *Phaseolus vulgaris*

(Abd-Alla et al., 2010). Cabe ressaltar que, no Brasil, a portaria nº 3 de 5 de janeiro de 2004 do Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA), considera *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* como praga não-quarentenária e adota tolerância zero para a presença deste patógeno em lotes de sementes.

2.4. - MELHORAMENTO GENÉTICO VEGETAL VISANDO À RESISTÊNCIA AO CBC EM *Phaseolus vulgaris* L.

O emprego de germoplasma resistente é a forma ideal para o controle de doenças, uma vez que conjuga baixo custo e fácil utilização, constituindo o principal componente no manejo integrado de doenças (Agrios, 2005). Segundo Matos et al. (2007), os programas de melhoramento genético para *Phaseolus vulgaris* no Brasil são restritos e predominantemente concentrados no setor público, sendo necessária a análise periódica dos mesmos para avaliação de suas contribuições e busca de novas metodologias que possam melhorar a sua eficácia.

Embora já exista no mercado cultivares de feijão comum com moderada resistência ao CBC, ainda não foram lançadas cultivares de feijão-de-vagem com nenhum nível de resistência a esta patologia. A natureza complexa da resistência ao CBC e a elevada influência do ambiente e do período de avaliação na expressão dos sintomas, justificam os reduzidos valores de herdabilidade, observados em diversos trabalhos, buscando transferir resistência a esta patogenia, sobretudo, em gerações segregantes iniciais (Singh e Munoz; 1999; Jung et al., 1999; Rodrigues et al., 1999; Santos, 2000; Ferreira et al., 2003; Marquez et al., 2007).

Esta mesma complexidade da herança para este caráter também dificulta a seleção de indivíduos resistentes ao CBC, uma vez que existe a possibilidade de reação diferenciada entre folhas e vagens quanto à resistência, em que os genes que controlam a resistência em folhas são distintos dos que controlam a resistência em vagens (Coyne e Schuster, 1974a; Tar'an et al., 1998; Rodrigues et al., 1999; Santos et al., 2003; Mutlu et al., 2005; Mutlu et al., 2008; Vandermark et al., 2008; Vandermark et al., 2009).

Com relação à variabilidade genética observada para a manifestação do CBC em função do ambiente, Rava et al. (1990), avaliando o potencial patogênico

de diversos isolados de *Xap* oriundos de regiões tropicais e temperadas, observaram uma maior severidade de ataque por parte de variedades dos ambientes tropicais, com um predomínio dos isolados brasileiros mais adaptados ao ambiente. Opió et al. (1996) avaliaram a variabilidade patogênica de isolados de *Xap* coletados em diversas regiões da África, sendo observada intensa variação entre os isolados quanto à severidade de ataque em função do genótipo utilizado para teste.

Avaliando a variabilidade genética quanto à infecção por *Xap* em genótipos de feijão-comum, Mkandwire et al. (2004) verificaram uma especificidade com relação à resposta à inoculação de *Xap* entre cultivares e isolados fitopatogênicos de uma mesma região, o que levou os autores a concluir a possibilidade de coevolução entre o patógeno e o hospedeiro em feijão comum, o que demanda uma constante busca por fontes de resistência a esta bacteriose.

Por sua vez, Mahuku et al. (2006) avaliando estirpes de *Xap* de diferentes origens por marcadores moleculares associados a genes ribossomais observaram uma grande diversidade dentro da espécie, demonstrando que, embora não ocorram distinções de raça dentro da cultura, existe uma variabilidade genotípica dentro de *Xap* que se manifestará principalmente nas interações planta x patógeno.

A resistência do feijoeiro ao CBC é geneticamente complexa, sendo relatada por diversos autores como oligogênica ou poligênica (Coyne e Schuster, 1974(a); Coyne e Schuster, 1983; Kelly et al., 2003; Santos et al., 2003; Manzanera et al., 2005). Em adição a este fato, o estágio de desenvolvimento da planta interfere significativamente na reação do feijoeiro à infecção de *Xap* (Coyne et al., 1973; Torres e Maringoni, 1999). No entanto, trabalhos de avaliação da resistência de feijoeiro à *Xap* têm realizado a inoculação tanto na fase vegetativa quanto na fase reprodutiva (Zapata et al., 1985; Singh e Munoz, 1999; Tar'an et al., 2001; Sbalcheiro et al., 2009).

Duas das principais fontes de resistência ao CBC, a cultivar Great Northern Nebraska nº1 (GN nº1) e a cultivar Great Northern Nebraska nº1 Sel. 27 (GN nº1 Sel. 27), originam-se do cruzamento entre raças locais de *Phaseolus vulgaris* e genótipos de *Phaseolus acutifolius*. Até 2003, acreditava-se que os genes de resistência ao CBC fossem oriundos de *Phaseolus acutifolius*. Porém, a avaliação nas populações F₂ e F₃ de ambos os genitores de GN nº1, e GN nº1 Sel. 27, via

marcadores SCAR, visando a determinar de qual dos genitores originou-se a incompatibilidade à *Xap* observada nestes genótipos, determinou que o QTL maior responsável pela resistência ao CBC era originário da raça local de feijão comum Montana nº 5 (Miklas et al., 2003).

Em uma avaliação da transmissão de *Xap* para sementes a partir de vagens infectadas, verificou-se uma baixa porcentagem de sementes colonizadas por *Xap* em G.N. Nebraska nº 1 sel. 27, confirmando sua resistência ao patógeno (Maringoni et al., 1993). Contudo, o fato de se detectar a presença do inóculo na variedade resistente demonstra a dificuldade de conferir resistência total ao patógeno, em função do alto nível de mutabilidade e variabilidade observada no gênero *Xanthomonas*.

Kelly et al (2003), revisando diversos autores, relatam que estudos genéticos, utilizando marcadores moleculares identificaram quatro QTLs “maiores” capazes de conferir resistência ao CBC em *Phaseolus vulgaris*, os quais são homólogos em *Phaseolus acutifolius*. A combinação dos grupos B6, B8 e B10, por retrocruzamento e piramidação de genes oriundos de cultivar G.N. Nebraska nº1 sel. 27, e de variedades de *Phaseolus acutifolius* em um programa de seleção assistida por marcadores, permitiu a obtenção de genótipos de *Phaseolus vulgaris* resistentes ao CBC (Mutlu et al., 2005).

Em pesquisa realizada com o objetivo de avaliar a resistência ao CBC sob condições naturais de 109 linhagens de indivíduos F₇ de *Phaseolus vulgaris*, originados do cruzamento entre o genótipo de feijão-de-vagem HAB 52, considerado suscetível ao CBC, e o genótipo de feijão comum BAC 6, considerado resistente ao CBC, Ferreira et al. (2003), trabalhando em dois ambientes distintos, observaram valores significativos de genótipo, ambiente e interação genótipo x ambiente, indicando, na expressão da resistência ao patógeno, a existência de efeitos de ambiente e genótipo. A comparação dos resultados da população F₇ com os da população F₃, oriunda do mesmo cruzamento, demonstrou elevação da herdabilidade para índice de doença de 26,85% para 91,77% e do índice de variação de 0,26 para 1,36, respectivamente. Estes dados demonstram que, mesmo com níveis baixos de herdabilidade nas gerações iniciais, é possível a obtenção de indivíduos resistentes ao CBC, uma vez que a herdabilidade para este caráter tende a se elevar com o avanço da endogamia em gerações avançadas de autofecundação.

Um programa de melhoramento para qualquer espécie vegetal deve contemplar: a definição precisa do problema; a avaliação dos caracteres a serem melhorados; a determinação da existência, do nível e da natureza da variação genética na espécie; a hibridação e seleção das progênies mais adaptadas; e a avaliação a campo dos genótipos resultantes (O'Toole e Bland, 1987). Na UENF, um programa de melhoramento vem sendo desenvolvido ao longo de dez anos visando à compreensão da genética e da herança de resistência ao CBC em *Phaseolus vulgaris* L., e à obtenção de material de feijão-de-vagem e de feijão comum com resistência ao CBC (Rodrigues, 1997; Rodrigues et al., 1999; Santos, 2000; Ferreira et al., 2003; Ferreira et al., 2004). Contudo, devido à inexistência de cultivares de feijão-de-vagem de hábito determinado com resistência ao CBC, torna importante a identificação de fontes de resistência, bem como o estudo de mecanismos de herança e a aferição da capacidade de intercombinação entre genótipos de feijão-de-vagem de hábito determinado.

2.5. - ANÁLISE DIALÉLICA: CONCEITOS, MODELOS E APLICAÇÃO NO MELHORAMENTO DE PLANTAS VISANDO À RESISTÊNCIA A DOENÇAS.

Em um programa de melhoramento genético, a seleção de genótipos visando à obtenção de indivíduos capazes de propiciarem ganhos de seleção, em gerações avançadas, representa uma das etapas mais críticas (Silva et al., 2000; Viana, 2000; Ferreira et al., 2004). Para iniciar um programa de melhoramento, o melhorista dispõe de algumas estratégias, destacando-se os cruzamentos dialélicos, que permitem a identificação de genitores com base em seus próprios valores genéticos e, principalmente, nas suas capacidades de se combinarem em híbridos que produzem populações segregantes promissoras (Ramalho et al., 1993; Vencovsky e Barriga, 1992; Cruz et al., 2004).

Um dialelo consiste em um esquema de acasalamento para o cruzamento de um grupo de genitores, que podem ser linhagens, variedades, clones, etc., resultando em um conjunto de $p(p-1)/2$ híbridos, que pode incluir, além dos respectivos pais, híbridos recíprocos e outras gerações relacionadas, retrocruzamentos, etc. (Borém e Cavassim, 1999; Cruz et al., 2004). Na literatura, são citadas diferentes metodologias de análise dos cruzamentos dialélicos, como os métodos de Jinks e Hayman (1953), Hayman (1954), Griffing (1956), e Gardner

e Eberhart (1966), envolvendo os dialelos balanceados, e os que abordam dialelos parciais, incluindo os circulantes (Kempthorne e Curnow, 1961), dialelos incompletos e dialelos desbalanceados (Cruz et al., 2004).

As metodologias de análise objetivam: estimar parâmetros úteis para a seleção de genitores; o entendimento dos efeitos genéticos envolvidos na determinação dos caracteres de interesse para a seleção dos genitores para hibridação; a avaliação do comportamento de híbridos possíveis em um conjunto de genótipos parentais; o entendimento da natureza e magnitude dos efeitos genéticos envolvidos na determinação dos caracteres; e o fornecimento de subsídios para decidir a melhor estratégia para o melhoramento de uma população (Vencovsky e BARRIGA, 1992; Viana e Matta, 2003; Gonçalves-Vidigal et al. 2007; Vieira et al., 2009).

Existem cinco tipos de esquemas de dialelos (Cruz et al., 2004): a) Dialelos balanceados, que incluem os híbridos F_1 's entre todos os pares, podendo incluir os genitores, que são dialelos balanceados de meia tabela, ou ainda os híbridos recíprocos, chamados dialelos balanceados completos; b) Dialelos parciais, que são aqueles que envolvem dois grupos de genitores e seus respectivos cruzamentos; c) Dialelos circulantes, nos quais os genitores são representados no delineamento por um mesmo número de cruzamentos, porém inferior a $P-1$, como nos balanceados; d) Dialelos incompletos, em que os genitores são representados por um número variável de cruzamentos e; e) Dialelos desbalanceados, em que todas as combinações híbridas estão representadas, mas em frequência variável devido ao número desigual de repetições por tratamento.

Todas as metodologias de análise dialélica já disponíveis pressupõem a homogeneidade e a independência dos erros relativos às médias, exceto a que trata dos dialelos desbalanceados de Cruz et al. (2004), que contempla a heterocedasticidade das médias, advinda de número desigual de observações das diferentes combinações híbridas, avaliadas em delineamento experimental inteiramente ao acaso. Nesses casos especiais devem-se adotar métodos generalizados na estimação dos parâmetros genéticos (Silva et al., 2000).

Ramalho et al. (1993) destacam a necessidade da escolha criteriosa dos genitores para dialelos em plantas autógamas. Em função das características a serem recombinadas nos indivíduos segregantes, pode haver uma amostragem

limitada de genitores na população-base, não permitindo aferir parâmetros genéticos importantes, como variâncias, herdabilidade e grau médio de dominância, devido ao número reduzido de indivíduos selecionados para avaliação. Para estudos de herança em plantas autógamas, das metodologias possíveis de uso na análise dialélica, três são as mais utilizadas para estudos de herança (Vencovsky e Barriga, 1992; Cruz et al., 2004): a Metodologia proposta por Gardner e Eberhart (1966), a metodologia proposta por Hayman (1954), e a metodologia proposta por Griffing (1956).

A metodologia proposta por Gardner e Eberhart (1966), inclui p populações e seus $p(p-1)$ híbridos F_1 's, fornecendo informações detalhadas do potencial dos genitores e da heterose manifestada em seus híbridos, sendo aplicada principalmente para genitores que se acasalam segundo os princípios do equilíbrio de Hardy-Weinberg (Cruz et al., 2004). Contudo, este método também é passível de uso para a cultura do feijoeiro. Para estimar parâmetros de heterose entre seis genitores de feijão e seus 15 híbridos, Barelli et al. (2000) utilizaram o modelo preconizado por Gardner e Eberhart. Avaliando dados de dias para emergência, dias para floração, altura de inserção da 1ª vagem, massa de parte aérea, número de sementes por vagem e produção de grãos, estes autores obtiveram estimativas de heterose média entre 0,2056 a 14,4553; heterose varietal de -0,033 até 20,3833, e de heterose específica de -0,0449 até 13,4799, sendo que os dados de heterose específica permitiram a identificação de combinações híbridas com alto potencial para precocidade e produtividade.

A metodologia proposta por Hayman (1954) se baseia no conhecimento da natureza ambiental e genética de parâmetros estatísticos de uma população, para determinar o mecanismo de herança do caráter, o valor genético dos genitores testados e o limite de seleção dos mesmos. Porém, o método de análise dialélica proposto por Hayman, impõe seis restrições para sua aplicação (Cruz et al., 2004): a) segregação diploide; b) homozigose dos genitores; c) ausência de efeito materno; d) ausência de alelismo múltiplo; e) distribuição independente de genes entre genitores; e f) ausência de epistasia. Em espécies diploides e autógamas como o feijão-de-vagem, as quatro primeiras restrições podem ser satisfeitas e os fracassos parciais de algumas suposições podem não afetar as conclusões sobre a análise genética. Contudo, a distribuição independente de genes pode gerar a

falha neste método, o que exige a análise das pressuposições de suficiência do modelo aditivo–dominante (Ramalho et al., 1993; Cruz et al., 2004).

Em uma avaliação da herança de caracteres morfoagronômicos pela metodologia de Hayman, em genótipos de feijão-de-vagem de hábito indeterminado, Silva et al. (2004b) observaram influência de efeitos gênicos aditivos para peso de vagem por planta, número de sementes por vagem, altura da inserção da primeira vagem e número de dias para florescimento, enquanto os efeitos gênicos não-aditivos foram os mais importantes para número de vagens por planta. A população avaliada atendeu a todos os pressupostos impostos para aplicação da metodologia de Hayman, o que foi validado por meio do teste de suficiência do modelo aditivo-dominante, demonstrando que a aderência do modelo dialélico de Hayman pode ser obtido a contento para a cultura do feijão-de-vagem (Silva et al., 2004b).

A metodologia de Griffing (1956) baseia-se em parâmetros obtidos por meio de dialelo, para a estimação da capacidade combinatória, que é definida como a habilidade ou a capacidade de complementação de alelos no genoma de híbridos resultantes do cruzamento de dois genitores distintos (Allard, 1971). A capacidade combinatória se divide em capacidade geral de combinação (CGC), que consiste na capacidade de um genitor produzir progênes com um dado comportamento ou característica quando cruzado com uma série de genitores; e em capacidade específica de combinação (CEC), que representa o comportamento de dois indivíduos em uma combinação específica, sendo utilizada para estimar os desvios de comportamento de um híbrido com relação ao esperado com base no CGC, estando associada aos efeitos dos desvios de dominância e epistasia envolvendo dominância (Cruz et al., 2004).

Em situações em que o quadrado médio da CEC não é significativo, admite-se que o comportamento dos híbridos resultantes do dialelo pode ser previsto com base na CGC (Vencovsky e Barriga, 1992). A CGC constitui uma estimativa fortemente vinculada à variância aditiva e, assim, os genitores com alta CGC, são os mais recomendados para constituírem novas populações (Miranda et al., 1988; Ramalho et al., 1993; Ferreira et al., 2004; Cruz et al., 2004).

Esta metodologia apresenta quatro modelos experimentais: a) o método 1, em que são avaliadas p^2 combinações; b) o método 2, em que são incluídas $p(p+1)/2$ combinações, excetuando-se os genitores; c) o método 3, em que são

incluídas $p(p-1)$ combinações, excetuando-se genitores; d) método 4, em que são incluídas $p(p-1)/2$ combinações, menos os genitores e os híbridos recíprocos. Cada um destes modelos apresentados por Griffing pode ser considerado: um modelo fixo, em que os genitores possuem propriedades genéticas particulares que os distinguem da população de origem; ou um modelo aleatório, quando os genitores representam a população (Ramalho et al., 1993).

Silva et al. (2004a) avaliaram a CGC e CEC, entre cinco acessos de feijão-de-vagem de hábito indeterminado geneticamente divergentes, e seus híbridos mediante o modelo de dialelo de Griffing para dados desbalanceados. Utilizando cinco características de interesse agrônomo (número de vagens por planta; peso médio de vagens; número de sementes por vagem; altura de inserção da 1ª vagem; e comprimento da vagem), estes autores observaram valores significativos de CGC e CEC para todos os caracteres avaliados, com exceção do número de sementes por vagem e da altura de inserção da 1ª vagem. Os valores de CGC e CEC para as características observadas variaram de -9,5536 até 7,2064, e de CEC, de -6,1195 até 6,7432, demonstrando que a análise combinatória permite estimar o potencial de transmissão de alelos favoráveis, para as gerações segregantes, e a complementação alélica gerada pela hibridação entre genótipos de feijão-de-vagem.

Estimativas de capacidade combinatória também podem indicar a competência de grupos de genitores para resistência a fitopatógenos. Gravina et al. (2003), utilizando o modelo II do dialelo de Griffing, encontraram efeitos de dominância, epistasia e aditividade na herança da resistência à mancha-olho-de-rã (*Cercospora sojina*) em genótipos e híbridos de soja (*Glycine Max* (L.) Merrill), sendo identificados, nos genótipos avaliados, diferentes níveis de resistência à doença. Em pimentão (*Capsicum annuum* L. var. *annuum*) estimativas de CGC e CEC para resistência ao vírus do mosaico amarelo, utilizando o modelo dialélico de Gardner e Eberhart, permitiram identificar híbridos com resistência equivalente ou superior aos genitores, dentre os quais havia cultivares de alto valor agrônomo (Nascimento, 2005).

Em uma avaliação da herança da resistência ao crestamento bacteriano em *Phaseolus vulgaris* L. por dialelo, observaram-se resultados equivalentes entre as metodologias de Gardner e Eberhart e a de Griffing, mas o uso do método de Gardner e Eberhart permitiu a decomposição da heterose total em

efeitos de variedades e de heterose, sendo observados efeitos de variedade para resistência ao CBC entre 0,5491 e -0,9651, para folhas, e entre 0,7000 e -0,6000, para a resistência em vagens (Rodrigues, 1997).

Para a estimação dos efeitos genéticos da reação de genitores de pimentão à mancha bacteriana, nas condições de Campos dos Goytacazes, foram obtidos 10 híbridos F_1 sem recíprocos a partir de cruzamentos dialélicos entre cinco genótipos de pimentão, sendo três suscetíveis e dois resistentes a *Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria* (Costa et al., 2002). Neste trabalho, a metodologia de Gardner e Ebehart permitiu a estimação de efeitos significativos de variedade e heterose média para resistência em folhas, a ação de efeitos aditivos e de dominância no controle genético deste caráter, enquanto que, para a resistência em frutos, foram observados efeitos significativos de variedade, denotando a presença de efeitos aditivos no controle desta característica (Costa et al., 2002).

Com base em uma pesquisa sobre a resistência ao CBC, em condições de casa de vegetação, por meio de um dialelo completo sem recíprocos, composto por cinco genótipos de feijão comum, sendo três resistentes ao CBC e dois suscetíveis e seus híbridos F_1 , observou-se contribuição mais expressiva dos genitores CB 733753, CB 511687-1 e Diamante Negro para a resistência enquanto Rosinha G-2 e Compuesto Chimaltenango 2 contribuíam para a suscetibilidade dos híbridos avaliados para o CBC, sendo constatados efeitos de dominância parcial da suscetibilidade à *Xap* para a maioria dos cruzamentos analisados (Silva et al., 2000).

Gonçalves-Vidigal et al. (2007), em um dialelo completo entre sete variedades de feijão e seus 21 híbridos para resistência a duas raças de *Colletotrichum lindemuthianum*, causador da antracnose, utilizando a metodologia de Hayman, obtiveram resultados totalmente distintos, conforme a raça do patógeno utilizada, sendo que, para uma das raças, houve predominância de efeitos gênicos aditivos, e, para outra raça, os efeitos gênicos não-aditivos controlavam a reação de incompatibilidade. Os percentuais dos coeficientes de determinação genotípica no sentido restrito neste experimento, foram de 78,12%, valores considerados elevados para a resistência a esta patogenia.

Um dialelo completo entre seis genitores de tomateiro e seus híbridos permitiu a identificação de genótipos resistentes às raças T1, T2 e T3 de

Xanthomonas spp, agente causal da mancha-bacteriana, sendo o primeiro trabalho em que identificou resistência às três raças no Brasil (Souza et al., 2008).

Investigando a capacidade combinatória para resistência ao cretamento bacteriano, por meio de dialelo envolvendo cinco genitores de *Phaseolus vulgaris*, avaliado pelo modelo II de Griffing, Rodrigues et al. (1999) verificaram valores de CGC significativos para resistência ao CBC em folhas e vagens, e valores significativos de CEC apenas para a resistência em vagens. A CGC, para resistência ao CBC entre os genitores variou de 0,275 a -0,483 em folhas, e de 0,325 a -0,326 em vagens, sendo que as combinações mais promissoras entre os híbridos avaliados foram Alessa x Bac-6; Alessa x A-794; e Hab 52 x Bac-6. Os autores concluíram que a herança da resistência ao ataque de *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* é controlada por efeitos aditivos, para a resistência em folhas e por efeitos dominantes, para resistência em vagens, sendo possível a fixação dos genes de resistência à doença em gerações avançadas, o que foi confirmada pela avaliação da população oriunda do cruzamento Hab 52 x Bac 6 na geração F₇ (Ferreira et al., 2003).

3. TRABALHOS

3.1. SELEÇÃO DE GENITORES E COMPARAÇÃO DE PARÂMETROS DE AVALIAÇÃO DA RESISTÊNCIA AO CRESTAMENTO BACTERIANO COMUM EM *Phaseolus vulgaris* L.

3.1.1. RESUMO

O Crestamento Bacteriano Comum (CBC), causado por *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* (*Xap*), é a principal doença bacteriana em *Phaseolus vulgaris*. É uma doença de natureza cosmopolita, sendo o controle químico totalmente ineficaz para seu controle. Os objetivos deste trabalho foram: avaliar o nível de resistência ao CBC em três genótipos de feijão comum e 14 genótipos de feijão-de-vagem de hábito determinado, com base em quatro componentes de resistência; comparar a avaliação de dados de resposta à inoculação de *Xap* em folhas com a avaliação pelo estimador β_1 da equação de regressão; e selecionar genótipos de *Phaseolus vulgaris* para obtenção de material resistente ao CBC adaptado às condições do Norte Fluminense. O delineamento experimental foi em blocos ao acaso com seis repetições, em esquema de parcelas subdivididas, com os três genótipos de feijão comum e os 14 genótipos de feijão-de-vagem na parcela, e dois isolados de *Xap* na subparcela. As notas atribuídas ao progresso da doença ao longo do tempo

também foram analisadas via regressão linear. Observaram-se interações significativas entre genótipo e estirpe para área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD), diâmetro da lesão em vagens (DLV) e média das notas (NOTA). Não foram observadas diferenças significativas entre os genótipos de feijão comum resistentes ao CBC e os acessos de feijão-de-vagem avaliados para o diâmetro da lesão em vagens. Houve alta correlação entre AACPD, NOTA e β_1 e correlações negativas entre o período latente e os demais componentes de resistência avaliados. A resposta dos genótipos de feijão-de-vagem avaliados quanto ao CBC torna recomendável o cruzamento dos mesmos com acessos de *Phaseolus vulgaris* L., com vistas ao incremento da resistência à *Xap*. Os acessos de feijão-de-vagem UENF 1482, UENF 1483, UENF 1486, UENF 1487 e UENF 1579 expressaram níveis de resistência ao CBC em folhas e vagens próximos aos dos três genótipos de feijão comum resistentes à *Xap*, sendo recomendado o uso destes cinco acessos em programas de melhoramento visando à resistência ao CBC.

3.1.2. ABSTRACT

The Common Bacterial Blight (CBB) caused by *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* (*Xap*) is a cosmopolitan disease and the main bacterial disease in *Phaseolus vulgaris*. Chemical control is totally ineffective in mitigating it. The objectives of this work were to assess the level of resistance to CBB in three common bean and 14 snap bean genotypes with determinate habit based on four resistance components; to compare the data evaluation related to *Xap* inoculation in leaves by using the estimator β_1 of a regression equation; and to select genotypes of *Phaseolus vulgaris* to obtain genotypic resistance to CBB adapted to the conditions of Norte Fluminense. A randomized block was used, with six replicates in a split plot design with three common bean genotypes and 14 snap bean genotypes in the plot and two strains of *Xap* in the subplot. Scores to disease advanced over time were also analyzed by linear regression. Significant interactions were observed between genotype and strain for the area below the disease progress curve (AUPDC), lesion diameter in pods (DLV) and average

scores (Notas). There were no significant differences among genotypes of common bean resistant to the CBB and the accessions of snap bean evaluated for lesion diameter in pods. There was high correlation among AUPDC, Notas and β_1 and negative correlations between the latent period and the other resistance components evaluated. The response of the genotypes of snap bean evaluated for CBB revealed that they are suited for crossing with accessions of *Phaseolus vulgaris* L. aiming to increase resistance to *Xap*. The accessions of snap bean UENF 1482, UENF 1483, UENF 1486, 1487 and UENF UENF 1579 presented levels of resistance to the CBB in leaves and pods close to those of the three common bean genotypes resistant to *Xap*. The use of these five accessions is recommended in breeding programs seeking resistance to CBB.

3.1.3. INTRODUÇÃO

O feijão-de-vagem (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma forma diferenciada do feijão comum, no qual o produto final para consumo é a vagem, um alimento bastante apreciado no mercado brasileiro (Pinto et al., 2001; Peixoto et al., 2002; Abreu et al., 2004; Silva et al., 2004; Vilela et al., 2009). É um produto de grande aceitação no mercado brasileiro, com estimativas de produção de 70 t.ano⁻¹ e consumo de 0,7 kg.pessoa⁻¹.ano⁻¹ (Silbernagel et al., 1991; Peixoto et al., 2002). Entre as hortaliças, o feijão-de-vagem ocupa a sexta posição em volume produzido e a 13ª em termos de importância econômica (SIDRA, 2006; CEASA, 2010). No Brasil, esta cultura é explorada principalmente por pequenos agricultores, utilizando reduzido número de cultivares, com restrita variabilidade genética e limitado emprego de tecnologia e insumos, predominando o emprego de mão-de-obra familiar no processo de produção (Peixoto et al., 2002; Pereira et al., 2003).

As principais cultivares de feijão-de-vagem recomendadas são de crescimento indeterminado (Abreu et al., 2004; Moreira et al., 2009). Entretanto, as cultivares de feijão-de-vagem de hábito determinado proporcionam vantagens como: eliminação da necessidade de tutoramento; facilidade nos tratamentos culturais e na colheita, e redução do ciclo da cultura (Filgueira, 2003; Checa e Blair, 2008).

Contudo, o principal entrave para seu uso mais intensivo é o desenvolvimento de cultivares mais resistentes a estresses de origem biótica e abiótica (Rava et al., 1990; Rodrigues et al., 1999; Miklas et al., 2003; Krause et al., 2009).

O Crestamento Bacteriano Comum (CBC), causado pela *Xanthomonas axonopodis* pv. *Phaseoli* (Smith) (= *X. campestris* pv. *phaseoli*) (*Xap*) (Vauterin et al., 2000) é uma das principais doenças que atingem o feijão-de-vagem e a principal doença de origem bacteriana da cultura (Rava et al., 1990; Maringoni et al., 1993; Miklas et al., 2003). É uma doença de natureza cosmopolita, disseminada em todos os ambientes de cultivo de *Phaseolus vulgaris* L (Diaz et al., 2001; Dursun et al., 2002; Mkandawire et al., 2004; Mutlu et al., 2005; Manzanera et al., 2005; Mahuku et al., 2006; Abd-Alla et al., 2010).

Os sintomas da doença se caracterizam pelo surgimento de pequenas manchas pardas circundadas por um halo amarelado, as quais se coalescem formando lesões necróticas em órgãos da parte aérea da planta (Rava et al., 1990; Maringoni et al., 1993). O surgimento da doença em estádios iniciais da cultura, em associação com temperaturas entre 25 e 35°C e a alternância entre períodos de chuva e estiagem típicos de ambientes tropicais, potencializam o ataque e a disseminação do patógeno, provocando perdas de até 45% da produtividade em *Phaseolus vulgaris* L. (Diaz et al., 2001; Bianchini et al., 2005). Além disso, o uso de defensivos químicos é ineficaz para o controle da doença (Lopes et al., 2008; Silva et al., 2009).

Em função da ineficácia do controle químico para esta doença, diversas outras medidas de controle têm sido empregadas, a saber: i) cultivo em áreas não infestadas com o patógeno; ii) uso de sementes saudáveis; iii) rotação de culturas; iv) uso adequado de irrigação; e v) emprego de cultivares resistentes ou tolerantes ao CBC (Jacques et al., 2005; Silva et al., 2009).

Devido ao baixo nível de tecnologia empregado por pequenos produtores para a produção de feijão-de-vagem no Brasil, a ineficácia do controle químico contra o CBC, e o enfoque atual dado pelo mercado à produção de alimentos de forma sustentável, o emprego de cultivares resistentes é considerado a estratégia mais efetiva, economicamente viável e ambientalmente segura para o controle do CBC.

Como o sucesso de um programa de melhoramento depende dos genitores selecionados, e de sua competência para gerar indivíduos superiores quando em

cruzamento, a obtenção de cultivares resistentes ao CBC demanda a identificação da diversidade genética para resposta ao ataque de *Xap* em feijão-de-vagem, e a compreensão do mecanismo de herança desta resistência. Neste sentido, tendo em vista a estreita base genética da cultura do feijão-de-vagem, em que 76% do germoplasma de feijão-de-vagem provêm das variedades Tendercrop, Blue Lake e Harvest (Zaumeyer, 1972), torna-se evidente a necessidade de estudos buscando fontes de resistência ao CBC e a introgressão destes genes de resistência ao *background* genético da cultura.

Entretanto, a caracterização do progresso de uma doença no tempo e no espaço é o objetivo da epidemiologia, sendo que cada doença tem uma estrutura em que os padrões espaciais e temporais são determinados pelas características do patossistema e pelas condições ambientais (Van Maanen e Xu, 2003). Para a correta identificação e avaliação da resistência ao CBC em feijoeiro, são necessárias metodologias que permitam a fidedigna identificação de fontes de resistência.

A grande maioria dos trabalhos de avaliação da resistência ao CBC em *Phaseolus vulgaris* L., utilizam a avaliação do progresso da doença ao longo do tempo como base para determinação da resistência ou susceptibilidade (Jung et al., 1999; Díaz et al., 2001; Fininsa e Yuen, 2002; Van Maanen e Xu, 2003; Marques et al., 2005; Liu et al., 2008). Esta metodologia é consagrada na literatura e amplamente utilizada devido à sua precisão e acuidade, facilidade de aplicação e eficiência para discriminar indivíduos resistentes ou suscetíveis a um patógeno (Jeger e Viljanen-Rollinson, 2001). Esta metodologia consiste na conversão de notas atribuídas ao progresso dos sintomas da doença sobre algum órgão da planta, ao longo do tempo, em uma medida qualitativa que distingue indivíduos resistentes ou suscetíveis pelo cálculo da área abaixo da curva de progresso da doença (Ahamed et al., 2004; Jeger, 2004).

Entretanto, quando se têm dados quantitativos tomados ao longo do tempo, para estabelecer a forma de relação entre duas variáveis, a metodologia mais utilizada é a análise de regressão (Madden e Hugues, 1995; Jeger, 2004; Dias e Barros, 2009). A regressão consiste em um procedimento analítico no qual se descreve a relação entre duas variáveis a partir de *n* observações, sendo uma das variáveis independente, e outra, dependente da primeira (Zimmerman, 2004; Dias e Barros, 2009). Desta forma, busca-se obter uma reta ajustada para estas

duas variáveis, definida por $y = ax + b$, onde a é o estimador do coeficiente linear ($\hat{\beta}_0$) e b é o estimador do coeficiente angular de regressão ($\hat{\beta}_1$), correspondendo ao intercepto da reta no eixo x e ao ângulo de inclinação da reta, respectivamente (Pimentel-Gomes, 2000; Zimmerman, 2004; Dias e Barros, 2009).

Tendo em vista que $\hat{\beta}_0$ e $\hat{\beta}_1$ constituem estimadores lineares não-viciados de variância mínima (Dias e Barros, 2009), o coeficiente $\hat{\beta}_1$ pode ser utilizado como um estimador de valores atribuídos para a resistência ao CBC, permitindo distinguir materiais suscetíveis e resistentes.

Assim sendo, os objetivos deste trabalho foram: avaliar o nível de resistência de acessos de feijão-de-vagem, de crescimento determinado ao CBC, com base em quatro componentes de mensuração da resistência; comparar a resposta à inoculação de *Xap* em folhas, por meio da área abaixo da curva de progresso da doença, com a avaliação pelo estimador $\hat{\beta}_1$ da equação de regressão; e, com base nestes dados, proceder à seleção de genótipos de feijão-de-vagem com vistas à obtenção de material resistente ao CBC e adaptado às condições do Norte Fluminense.

3.1.4. MATERIAL E MÉTODOS

3.1.4.1. Condições experimentais

Foram avaliados 14 acessos de feijão-de-vagem de hábito determinado da coleção de germoplasma de hortaliças da UENF, previamente investigados quanto à sua divergência genética por Teixeira et al. (2004), e três genótipos de feijão comum com elevada resistência ao CBC tanto em folhas quanto em vagens: Bac 6; A-794 e PI 207262, anteriormente avaliados por Rodrigues et al. (1999) (Tabela 1).

Tabela 1 - Características dos 14 genótipos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento determinado e de três genótipos de feijão comum avaliados em Campos dos Goytacazes, RJ.*

Genótipo	Cor de flor	Cor de vagem	Cor da semente	Seção transversal da vagem	Tipo de vagem	Dias para floração
-----Feijão-de-vagem-----						
UENF 1453	Lilás	Verde	Preta	Achatada	Manteiga	41
UENF 1466	Branca	Verde	Castanha	Achatada	Manteiga	44
UENF 1467	Lilás	Verde	Creme	Achatada	Manteiga	38
UENF 1469	Lilás	Verde	Roxa	Achatada	Manteiga	46
UENF 1480	Branca	Verde	Preta	Achatada	Manteiga	49
UENF 1481	Lilás	Amarela	Preta	Achatada	Macarrão	46
UENF 1482	Lilás	Amarela	Preta	Achatada	Manteiga	54
UENF 1483	Branca	Verde	Branca	Elíptica	Macarrão	39
UENF 1484	Branca	Verde	Branca	Elíptica	Macarrão	47
UENF 1485	Branca	Verde	Branca	Elíptica	Macarrão	46
UENF 1486	Branca	Verde	Branca	Achatada	Manteiga	38
UENF 1487	Branca	Verde	Branca	Circular	Macarrão	49
UENF 1488	Branca	Verde	Branca	Achatada	Manteiga	55
UENF 1579	Lilás	Verde	Preta	Elíptica	Macarrão	50
-----Feijão comum (resistente ao CBC)-----						
PI 207262	Branca	Verde	Creme	Achatada	Manteiga	41
BAC 6	Branca	Verde	Carioca	Achatada	Manteiga	44
A 794	Lilás	Verde	Creme	Achatada	Manteiga	40

*Informações extraídas de Rodrigues, 1999; e Teixeira, 2004.

O experimento foi conduzido em casa de vegetação localizada na Unidade de Apoio à Pesquisa do Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias da UENF, entre março e junho de 2008. O delineamento experimental foi blocos ao acaso, com seis repetições, em esquema de parcelas subdivididas, em que 14 genótipos de feijão-de-vagem e três genótipos de feijão comum constituíram as parcelas, e as subparcelas foram constituídas pela inoculação com dois isolados de *Xap*, a saber: 139-y e 775-90, totalizando 102 vasos. Os dois isolados bacterianos utilizados no experimento foram cedidos pelo Instituto Biológico de

São Paulo à Bacterioteca do setor de Recursos Genéticos do Laboratório de Genética e Melhoramento Vegetal da UENF.

Os acessos foram cultivados em vasos de 5 litros, com substrato composto por 50% de solo, 30% de esterco e 20% de areia, sendo que cada vaso recebeu 2g de 4-14-8. Em cada vaso, foram utilizadas quatro sementes, com posterior desbaste para duas plantas por vaso, após a emergência das plântulas. Os vasos foram dispostos sobre bancadas e irrigados conforme as necessidades da cultura. Durante o período de condução do experimento, as temperaturas máximas e mínimas variaram entre 20 a 30°C, respectivamente, com umidade relativa do ar entre 70 e 85%.

3.1.4.2. Metodologia de inoculação de *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* em folhas e vagens

A inoculação com *Xap* em folhas foi feita aos 25 dias após o plantio. Para tanto, cada isolado (139-y e 775-90) foi riscado em placa contendo meio DYGS sólido (Rodrigues Neto et al., 1986). Após 36 horas, as colônias bacterianas foram suspensas em água destilada, e a concentração de células ajustada para 10^7 CFU.mL⁻¹, em espectrofotômetro, a 640 nm de absorvância, para uso no mesmo dia. A inoculação procedeu-se a partir da seleção de um trifólio por vaso e, em cada trifólio, foram selecionados dois folíolos, os quais foram previamente identificados, quanto à estirpe a ser utilizada, com fios de lã amarrados ao folíolo. Cada folíolo recebeu a inoculação com um dos isolados de *Xap* (139-y ou 775-90), por meio de dois cortes de 2 cm com tesoura previamente imersa na suspensão bacteriana, com base em avaliações prévias da eficiência de diferentes metodologias para inoculação de *Xap*, efetuadas por Santos (2000).

A inoculação em vagens foi efetuada 45 dias após o plantio, no início do enchimento das vagens. Foram selecionadas duas vagens por vaso, as quais foram identificadas com fios de lã relativos à estirpe com que seriam inoculadas (Figura 1). Cada vagem foi inoculada com um inóculo de *Xap* distinto (139-y ou 775-9), por inserção de agulha hipodérmica previamente inserida em placas de “petri”, contendo meio DYGS sólido com colônias previamente riscadas de uma das estirpes de *Xap*, em três pontos equidistantes da vagem (Rodrigues et al., 1999).

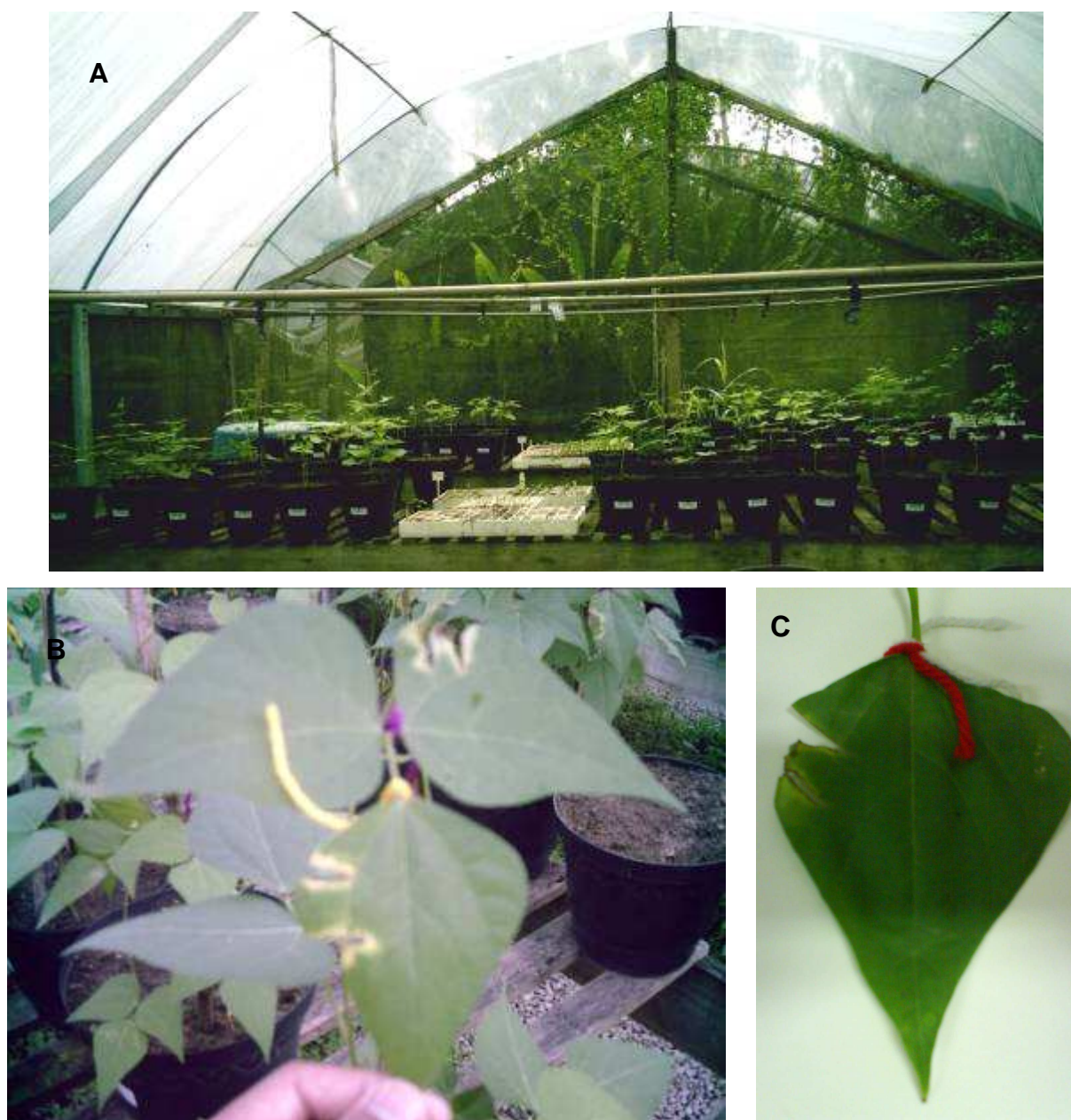


Figura 1 – A) Disposição dos vasos sobre bancadas para avaliação dos 14 genótipos de feijão-de-vagem e dos três genótipos de feijão comum avaliados em Campos dos Goytacazes, RJ, 2009; B) Foliolo expressando sintomas da inoculação com CBC; C) Folha inoculada com *Xap* por meio de corte com tesoura previamente imersa em solução bacteriana.

Para avaliação da reação à *Xap* em folhas, foram feitas observações diárias por 20 dias, de acordo com a seguinte escala diagramática (Pastor-Corrales et al., 1981): 1 = sem sintomas; 2 = 1 a 5% de necrose; 3 = 6 a 25% de

necrose; 4 = 26 a 50% de necrose; 5 = > 50% de necrose. Os resultados destas avaliações foram utilizados para cálculo da área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD) pelo *software* AVACPD (Torres e Ventura, 1991).

A resposta à *Xap* em vagens foi avaliada pelo diâmetro da lesão (DLV) medido com paquímetro de precisão a partir do ponto de inserção da agulha. Esta avaliação foi feita 10 dias após a inoculação, usando a seguinte classificação (Rodrigues et al. 1998): resistente = $0 < x < 1$ mm; moderadamente resistente = $1 < x < 2$ mm; moderadamente suscetível = $2 < x < 3$ mm; suscetível = $3 < x < 4$ mm; altamente suscetível = $x > 4$ mm. Além destes dados, foi estimado o período latente (PL), após a inoculação de *Xap* em folhas (dias entre a inoculação em folhas e o surgimento dos sintomas), e a média das notas para o progresso do CBC nas folhas, ao longo do período de avaliação.

3.1.4.3. Análises estatísticas

Os quatro componentes de resistência avaliados foram analisados em um delineamento em blocos ao acaso, no esquema de parcelas subdivididas de acordo com o modelo:

$$Y_{ijk} = \mu + b_k + P_i + E_{ik} + S_j + PS_{ij} + \delta_{ijk}$$

Em que μ é a média, b_k é o efeito de bloco, P_i é o efeito de parcela (genótipos), E_{ik} é o erro associado à parcela, S_j o efeito de subparcela (estirpe), PS_{ij} é o efeito associado à interação parcela x subparcela (genótipo x estirpe) e δ_{ijk} é o erro B, sendo feito o desdobramento das interações genótipo x estirpe pelo teste t. O esquema da análise de variância considerando-se, como fixo, a fonte de variação genótipo e, aleatório, o efeito de repetição, encontra-se na Tabela 2.

Tabela 2 - Modelo para a análise de variância da resistência ao CBC em folhas e vagens de 14 genótipos de feijão-de-vagem e três genótipos de feijão comum

FV	GL	SQ	QM	F
BL	(r-1)	SQ _R	QM _R	QM _R /QM _{erroA}
GENÓTIPO	(a-1)	SQ _A	QM _A	QM _A /QM _{erroA}
ERRO A	(r-1) (a-1)	SQ _{erroA}	QM _{erroA}	
ESTIRPE	(b-1)	SQ _B	QM _B	QM _B /QM _{erroB}
GEN x EST	(a-1) (b-1)	SQ _{AxB}	QM _{AxB}	QM _{AxB} /QM _{erroB}
ERRO B	(r-1) (b-1)+(r-1)(a-1)(b-1)	SQ _{erroB}	QM _{erroB}	
TOTAL	abr-1			

As notas atribuídas ao progresso da doença em folhas, ao longo de 20 dias de avaliação, também foram analisadas por regressão linear, avaliando-se a variação entre as notas atribuídas aos genótipos ao longo do período de avaliação nas diferentes repetições, com o auxílio do programa GENES (Cruz, 2006), sendo, posteriormente, aplicado o teste “t” aos coeficientes β_0 e β_1 da equação de regressão linear obtidos para diferenciar o progresso da doença para cada genótipo avaliado, segundo a fórmula descrita abaixo:

$$t = \frac{\hat{\beta}}{s(\hat{\beta})}$$

Onde t é a diferença mínima significativa entre médias, $\hat{\beta}$ é o coeficiente de regressão estimado e $s(\hat{\beta})$ é o desvio-padrão. A análise de regressão linear se deu conforme o descrito abaixo.

Seja o modelo linear de 1º grau: $y_i = a_0 + a_1x_i + e_i$, logo: $y = f(x, e)$, sendo:

$$y_1 = a_0 + a_1x_1 + e_1;$$

$$y_2 = a_0 + a_1x_2 + e_2;$$

$$y_3 = a_0 + a_1x_3 + e_3;$$

:

$$y_n = a_0 + a_1x_n + e_n$$

em que, $e_i \sim N(0, \sigma^2)$, e $e_i = y_i - a_0 - a_1x_i$

A Cov $(e_i, e_j) = 0$, ou seja, os erros so linearmente independentes, com mdia 0 e varincia σ^2 .

Considera-se:

a_0 :  a constante de regresso. Representa o intercepto da reta como eixo dos y.

a_1 :  o coeficiente angular da reta. Representa a variao de y em funo da variao de uma unidade da varivel x. A estimativa dos coeficientes a_0 e a_1  obtida pela minimizao da soma de quadrado dos erros.

Por conseguinte:

$$z = \sum_{i=1}^n e_i^2 = \sum (y_i - a_0 - a_1 x_i)^2$$

$$\frac{\partial z}{\partial a_0} = \sum 2(y_i - a_0 - a_1 x_i)(-1)$$

$$\frac{\partial z}{\partial a_1} = \sum 2(y_i - a_0 - a_1 x_i)(-x_i)$$

Fazendo $\frac{\partial z}{\partial a_0} = \frac{\partial z}{\partial a_1} = 0$ obtm-se o sistema de equaoes normais:

$$\begin{cases} -2 \sum_{i=1}^n (y_i - a_0 - a_1 x_i) = 0 \\ -2 \sum_{i=1}^n (y_i - a_0 - a_1 x_i) x_i = 0 \end{cases}$$

$$\begin{cases} n \hat{a}_0 + \hat{a}_1 \left(\sum_{i=1}^n x_i \right) = \sum_{i=1}^n y_i \\ \left(\sum_{i=1}^n x_i \right) \hat{a}_0 + \hat{a}_1 \left(\sum_{i=1}^n x_i^2 \right) = \sum_{i=1}^n x_i y_i \end{cases} \quad \text{(Sistema de Equaoes Normais)}$$

O esquema da análise de regressão linear com as respectivas fontes de variação encontra-se na Tabela 3.

Tabela 3 - Modelo para a análise de regressão linear do 1º grau para as notas atribuídas à resistência ao CBC em folhas de 14 genótipos de feijão-de-vagem e três genótipos de feijão comum

FV	GL	SQ	QM	F
REGRESSÃO	1	SQ_{Reg}	QM_{Reg}	QM_{Reg}/QM_{Res}
RESÍDUO	n-2	$SQ_{residuo}$	QM_{Res}	
TOTAL	n-1			

Também foram verificadas as correlações fenotípicas entre os componentes de resistência avaliados e os coeficientes β_0 e β_1 da equação de regressão. Todas as análises foram realizadas utilizando-se os programas computacionais SISVAR (Ferreira, 2000) e GENES (Cruz, 2006).

3.1.5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1.5.1. Componentes de resistência ao CBC

Houve efeito significativo ($P < 0.01$), para a fonte de variação genótipos em todos os componentes de resistência, denotando diferenças entre os genótipos avaliados. Em contrapartida, não houve significância para fonte de variação estirpe para todos os componentes de resistência, revelando ausência de distinção de virulência entre as estirpes avaliadas (Tabela 4).

Tabela 4 – Estimativas dos quadrados médios obtidos pela análise de variância para área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD), período latente, média das notas (Nota) e diâmetro de lesão em vagens em 14 acessos de feijão-de-vagem e três acessos de feijão comum, inoculados com as estirpes 139-y (E1) e 775-9 (E2) de *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*, em Campos dos Goytacazes, RJ, 2008.

FV	GL	AACPD	Nota	Período Latente	Diâmetro da Lesão em Vagens
Repetição	5	143,0001	0,3754	3,2402	7,9555
Genótipo(Gen)	16	612,0619**	1,6025**	9,3254**	5,7247**
Erro 1	80	47,4120	0,1238	2,2423	2,7093
Estirpe(E)	1	18,1267 ^{ns}	0,0493 ^{ns}	0,2402 ^{ns}	7,1869 ^{ns}
Interação GenxE	16	23,2173**	0,0611**	0,1048 ^{ns}	9,2489**
Gen/E1	16	340,3012**	0,8855**	4,1825**	3,0024 ^{ns}
Gen/E2	16	294,9781**	0,7781**	5,2475**	11,9711**
Erro 2	85	6,4149	0,0168	0,2304	2,5959
Média Geral		57,31	3,01	4,65	4,53
CV% _{Erro 1}		12,02	11,69	32,19	36,37
CV% _{Erro 2}		4,42	4,31	10,32	35,60

*,** significativo pelo teste F, nos níveis de 5 e 1% de probabilidade.

Para a interação genótipo x estirpe, verificou-se efeito significativo em todas as características analisadas ($P < 0.01$), com exceção do período latente (PL) (Tabela 4). A decomposição da fonte de variação genótipo dentro das duas estirpes, para área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD), diâmetro da lesão da vagem (DLV) e média das notas (NOTA), revelou efeito diferenciado entre as estirpes em função dos genótipos avaliados, sendo observados maiores valores de quadrado médio para o desdobramento de genótipo dentro de estirpe, para o inóculo 139-y em AACPD e Nota (Gen/E1), e uma maior magnitude da variância para a estirpe 775-9 (Gen/E2) no caso do (DLV), não sendo observada significância da variância do desdobramento Gen/E1 para este componente.

Esta interação significativa entre genótipo e estirpe evidencia uma especificidade entre o patógeno e o hospedeiro, a qual varia conforme a expressão da resistência ao CBC nos genótipos de feijão-de-vagem avaliados. Estes dados concordam com o observado por Márquez et al. (2007), avaliando 31 genótipos de feijão comum, quanto à resposta à inoculação com duas estirpes de *Xap*, oriundas de locais distintos. Neste experimento, observaram-se interações

significativas entre genótipos e estirpes, com diferenças entre os isolados quanto à agressividade dos sintomas do CBC. Este fato torna recomendável a quantificação da resistência à *Xap* para feijão-de-vagem utilizando-se diferentes estirpes do inóculo e um grande conjunto de genótipos, possibilitando uma maior distinção dos efeitos genéticos envolvidos no patossistema feijão-de-vagem x *Xanthomonas*.

Existe uma grande variação tanto por parte dos genótipos de *Phaseolus vulgaris* quanto por parte da bactéria *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* em função do ambiente, que interfere na interação entre hospedeiro e bactéria (Jung et al., 1999). Mkandwire et al. (2004), avaliando a variabilidade genética quanto à infecção por *Xap* em genótipos de feijão-comum, verificaram uma especificidade com relação à resposta à inoculação de *Xap* entre cultivares e isolados fitopatogênicos de uma mesma região, indicando uma coevolução do patógeno em conjunto com o hospedeiro.

Por sua vez, Mahuku et al. (2006), avaliando estirpes de *Xap* de diferentes origens por marcadores moleculares associados a genes ribossomais, constataram uma grande diversidade dentro das diferentes estirpes do patógeno, demonstrando que, embora não ocorram distinções de raça patogênica em *Phaseolus vulgaris* L., existe uma variabilidade genotípica dentro de *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*, manifestada nas interações planta x patógeno.

O desdobramento das médias obtidas para os quatro caracteres avaliados pelo teste t, para AACPD e Nota (Figura 2), revelou menores valores deste componente de resistência para os genótipos A-794, Bac-6 e PI 207262, para ambas as estirpes avaliadas, os quais são reconhecidas fontes de resistência à *Xap* (Rodrigues et al., 1999) e se distanciaram significativamente dos genótipos de feijão-de-vagem.

Entretanto, foi observada uma aproximação dos valores de AACPD e Nota expressos pelos genótipos resistentes por parte do acesso UENF 1486, quando inoculado com a estirpe 139 y, e do acesso UENF 1482 em ambas as estirpes de *Xap* (Figura 2).

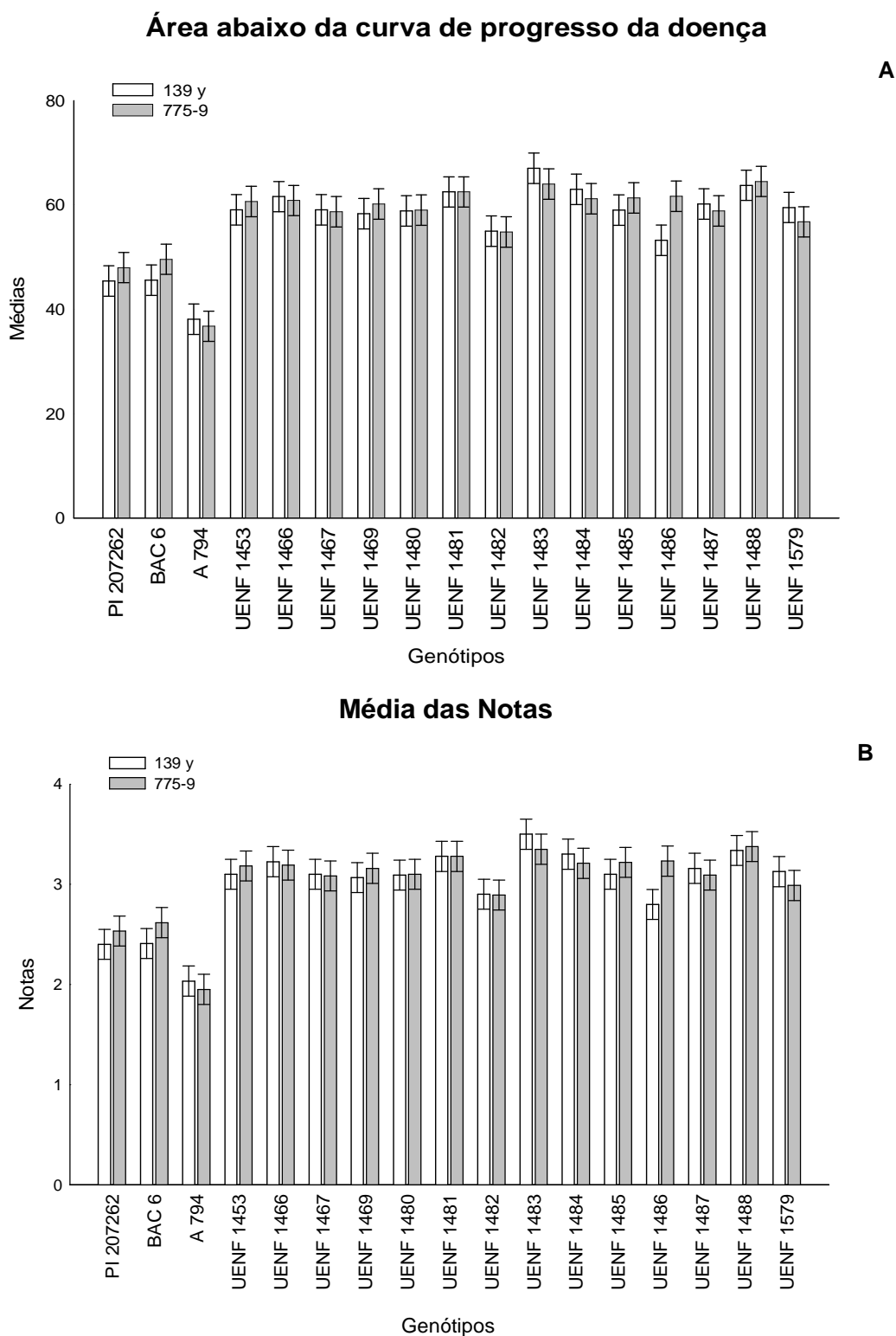


Figura 2 – Histogramas representativos da reação de 14 acessos de feijão-de-vagem e três acessos de feijão comum à inoculação com as estirpes 139-y (E1) e 775-9 (E2) de *Xanthomonas axonopodis* pv *phaseoli* em Campos dos Goytacazes, RJ, 2008. A) Ordenada relativa às estimativas de AACPD; B) Ordenada relativa às estimativas das médias das notas para o progresso da doença ao longo de 20 dias de avaliação. Barras de erro em uma mesma altura não diferem entre si pelo teste t a 5% de probabilidade.

Destacam-se também os valores expressos pelos acessos UENF 1487 e UENF 1579 para os componentes AACPD e Nota, quando inoculados com a estirpe 775-9 (Figura 2), que se aproximam dos valores referentes aos genótipos resistentes ao CBC. Estes resultados denotam a possibilidade da presença de genes que conferem uma resistência moderada ao CBC nestes acessos.

A resistência ao CBC em *Phaseolus vulgaris* L. constitui um caráter de herança oligo ou poligênica, de natureza complexa e sob forte efeito ambiental (Coyne e Schuster, 1974; Kelly et al., 2003; Mutlu et al., 2005). Uma das principais fontes de resistência ao CBC, no gênero *Phaseolus* é a cultivar G.N. Nebraska nº1 sel. 27. Em uma avaliação da transmissão de *Xap* para sementes a partir de vagens infectadas, G.N. Nebraska nº1 sel. 27 teve uma baixa porcentagem de sementes colonizadas por *Xap*, confirmando sua resistência ao patógeno (Maringoni et al., 1993). Contudo, o fato de se detectar a presença do inóculo, na variedade resistente, demonstra a dificuldade de conferir resistência total ao patógeno, em função do alto nível de mutabilidade e variabilidade observado em *Xap* (Mkandwire et al., 2004; Mahuku et al., 2006).

O mapeamento de regiões do genoma do feijoeiro, relacionadas à resistência ao CBC, utilizando 143 marcadores RAPD, em plantas F₃ resultantes do cruzamento entre o genótipo resistente à *Xap* BAC-6 e o genótipo suscetível HAB-52, identificou seis QTLs em distintos grupos de ligação no genoma, sendo cinco QTLs associados à resistência ao CBC em folhas e um QTL associado à resistência ao CBC em vagens (Santos et al., 2003).

Todavia, outras investigações apontam para a existência de mais de 20 QTLs relacionados à resistência ao CBC, com efeitos genéticos variáveis e distribuídos por todos os 11 cromossomos do feijoeiro (Kelly et al., 2003; Manzanera et al., 2005). Desta forma, a existência de acessos com padrões de resistência próximos aos genótipos resistentes no banco de germoplasma da UENF, indica a possibilidade de que estes acessos possuam parte dos QTLs que conferem resistência ao CBC em *Phaseolus vulgaris*. Contudo são necessários estudos genéticos adicionais para corroborar este fato.

Ainda com relação aos dados observados para AACPD e Nota, observa-se que o efeito de dois ambientes distintos induzido pelo uso de duas estirpes de *Xap*, teve pouca interferência na alocação dos genótipos quanto à resistência ao CBC. Estes dados se coadunam com o observado por Rava et al. (1990),

avaliando a resistência da cultura do feijão ao CBC em casa de vegetação e a campo, em que os autores encontraram grande correlação entre as avaliações efetuadas nestes dois ambientes.

Por sua vez, a avaliação de linhas recombinadas F_7 de *Phaseolus vulgaris* L. quanto à resistência à infecção natural por *Xap* em dois ambientes distintos, resultou em interação significativa entre genótipo e ambiente, com diferenças na alocação dos genótipos em função do local, sendo que apenas quatro linhagens foram resistentes ao CBC em ambos os ambientes (Ferreira et al., 2003). Estes dados demonstram que a ação dos genes de resistência ao CBC pode ser reduzida ou elevada pelo efeito ambiental, mas não é suprimida, sendo que a ação dos genes para resistência à *Xap* predomina sobre os efeitos de ambiente.

O período latente variou entre 4 a 7 dias para todos os genótipos avaliados (Figura 3), com destaque para o valor máximo alcançado pelo genótipo A-794 (7 dias), o que se relaciona diretamente com os valores reduzidos de AACPD registrados para este genótipo.

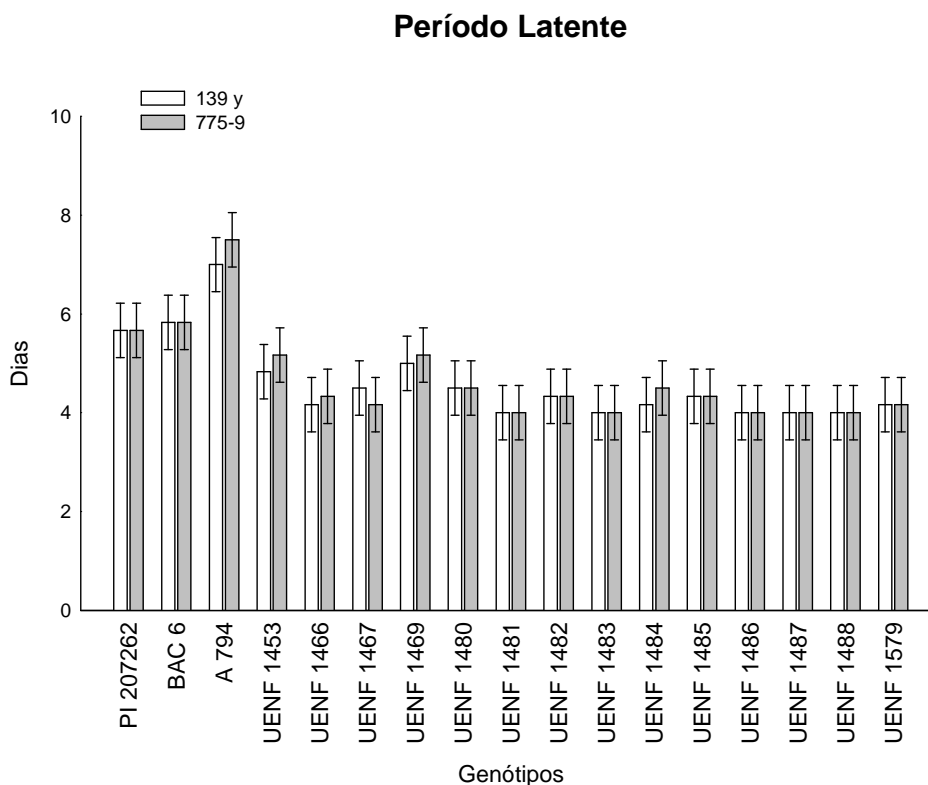


Figura 3 – Médias do Período Latente de 14 acessos de feijão-de-vagem e três acessos de feijão comum inoculados com as estirpes 139-y e 775-9 de *Xanthomonas axonopodis* pv *phaseoli* em Campos dos Goytacazes, RJ, 2008. Barras de erro em uma mesma altura, não diferem entre si, pelo teste t a 5% de probabilidade.

Houve pouca diferença entre os acessos avaliados para o período latente independentemente da estirpe utilizada, o que remete ao fato de não se observar interação genótipo x estirpe para este componente de resistência (Tabela 4). Entretanto, cabe ressaltar que a inoculação com corte de tesoura possibilita vencer as barreiras naturais da planta, facilitando a entrada do patógeno. Em condições naturais, como a penetração do patógeno ocorre de forma passiva, o período latente tende a elevar-se, constituindo um fator determinante para a ocorrência ou não de epidemia (Jeger, 2004).

Os genótipos de feijão comum resistentes ao CBC foram superiores em relação aos acessos de feijão-de-vagem do banco de germoplasma da UENF para este componente de resistência (Figura 3). Porém, os genótipos de feijão-de-vagem UENF 1453 e UENF 1469 não diferiram significativamente dos genótipos PI 207262 e BAC 6 para período latente, independentemente da estirpe com que foram testados (Figura 3), o que denota alta capacidade de retardar, nestes acessos, o início dos sintomas do CBC em folhas.

Um elevado valor de período latente constitui uma estratégia do hospedeiro para redução da pressão inicial do patógeno, ou seja, um atraso do início dos sintomas do CBC, decorrente de algum mecanismo de defesa da planta contra o patógeno para reduzir a velocidade da infecção, favorece a cultura atingir o fim de seu ciclo (Jeger, 2004; Márquez et al., 2007). Desta forma, a seleção de genótipos com valores elevados deste componente resulta em redução nos valores de AACPD e na severidade da doença.

As médias do desdobramento da interação genótipo x ambiente, para diâmetro da lesão em vagens (figura 4), exibiram elevada variação, reforçando os valores do coeficiente de variação (CV%) observados para este componente de resistência.

Não foram encontradas diferenças significativas para os genótipos testados com a estirpe 139 y, com exceção do elevado valor de DLV expresso pelo genótipo UENF 1483 (6,05 mm - Figura 4). Observaram-se os menores valores de DLV na estirpe 139 y para os genótipos PI 207262, UENF 1453, UENF 1480 e UENF 1481, apesar de não diferirem estatisticamente dos demais genótipos. Para a inoculação com a estirpe 775-9, os genótipos BAC 6, A 794, UENF 1485 e UENF 1579 tiveram os menores valores de DLV, ainda que não se tenham

distanciado estatisticamente dos demais, sendo que o maior valor de DLV para esta estirpe, foi registrado para o genótipo UENF 1481 (8mm – Figura 4).

Diâmetro da Lesão em Vagens

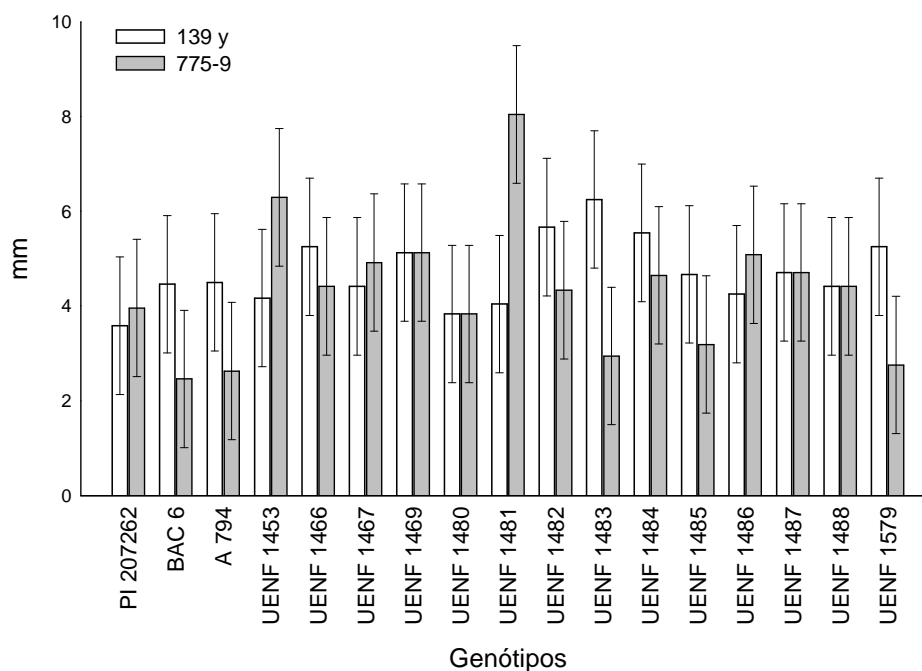


Figura 4 - Médias do diâmetro da lesão em vagens de 14 acessos de feijão-de-vagem e três acessos de feijão comum, inoculados com as estirpes 139-y e 775-9 de *Xanthomonas axonopodis* pv *phaseoli*, em Campos dos Goytacazes, RJ, 2008. Barras de erro, em uma mesma altura, não diferem entre si pelo teste t, a 5% de probabilidade.

De acordo com a classificação proposta por Rodrigues et al. (1998), os acessos com os menores valores de DLV seriam classificados como moderadamente suscetíveis, uma vez os mesmos expressaram um diâmetro da lesão feita nas vagens, por inoculação com *Xap*, entre 2 e 4 mm aos 10 dias após a inoculação.

Entretanto, o comportamento observado quanto à resistência ao CBC em vagens nos genótipos avaliados, pode ter relação com o tempo entre a inoculação e a avaliação. Na avaliação de genótipos F_1 de *Phaseolus vulgaris* para resistência ao CBC, aos 7 dias após inoculação, Rodrigues et al. (1998) detectaram cruzamentos com reações em vagens entre a resistência moderada, ou a suscetibilidade ao CBC. Porém, a existência de genótipos com níveis de

resistência à *Xap* em vagens próximo aos dos três acessos de feijão comum resistentes ao patógeno, indica, nos genótipos avaliados, a possibilidade de existência de genes de resistência para o CBC em vagens.

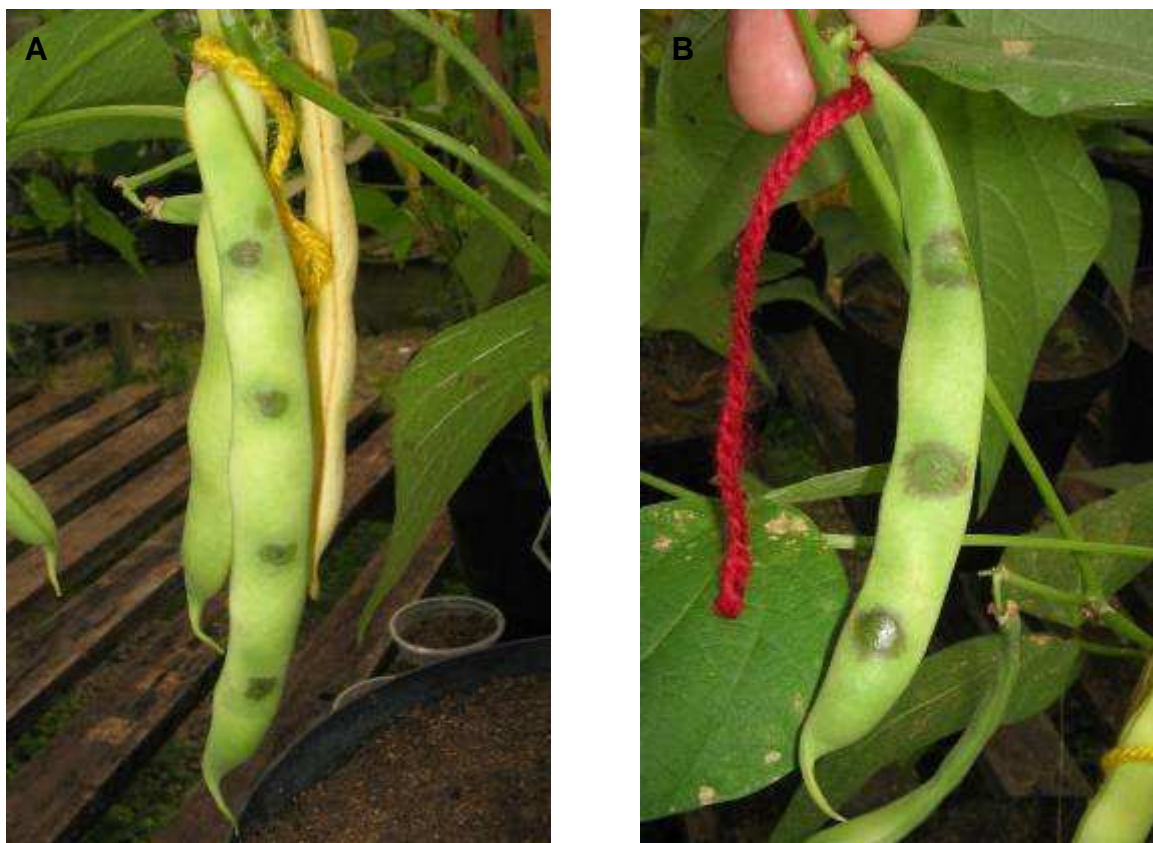


Figura 5 – Vagens após 10 dias de inoculação com *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*, avaliadas em Campos dos Goytacazes, RJ, 2008. A) Genótipo UENF 1485, inoculado com a estirpe 139 y (lã amarela); B) Genótipo UENF 1453, inoculado com a estirpe 775-9 (lã vermelha).

3.1.5.2. Progresso do CBC em folhas

As estimativas dos componentes da análise de regressão linear, para o progresso da doença nos genótipos avaliados, encontram-se na tabela 5. A análise de significância dos quadrados médios obtidos para regressão, e dos desvios de regressão indicam a possibilidade de se avançar para modelos de grau superior a 1.

Tabela 5 - Quadrados médios de regressão, desvios de regressão, coeficientes β_0 e β_1 da reta de regressão linear e valores de R^2 relativos ao progresso do CBC em folhas de 14 acessos de feijão-de-vagem e três acessos de feijão-comum inoculados com as estirpes 139-y (E1) e 775-9 (E2) de *Xap*, em Campos dos Goytacazes, RJ, 2008.

Genótipo	Quadrados Médios		Desvios de regressão		Intercepto (β_0)		Inclinação (β_1)		R^2 (%)	
	139-y	775-9	139-y	775-9	139-y	775-9	139-y	775-9	139-y	775-9
UENF 1453	258,2030*	294,5015*	0,7739*	1,0628*	0,4290 bc	0,3307 c	0,2543 ab	0,2717 a	94,59	93,56
UENF 1466	216,0696*	232,1833*	0,5382*	0,3837 ^{ns}	0,7816 a	0,6588 ab	0,2327 bc	0,2412 b	95,47	96,95
UENF 1467	222,8706*	224,7654*	0,4475*	0,4482*	0,6184 ab	0,5912 ab	0,2469 ab	0,2409 b	96,08	96,34
UENF 1469	289,0929*	292,0615*	0,9096*	1,0238*	0,2404 c	0,3175 c	0,2692 a	0,2705 a	94,34	93,74
UENF 1480	246,8825*	253,6443*	0,5338*	0,6383*	0,4798 bc	0,4526 bc	0,2487 ab	0,2521 ab	96,04	95,42
UENF 1481	254,6541*	256,4255*	0,9062*	0,9666*	0,6640 ab	0,6632 ab	0,2526 ab	0,2535 ab	93,64	93,29
UENF 1482	211,2101*	210,9801*	0,2735	0,2284 ^{ns}	0,4842 bc	0,4772 b	0,2301 bc	0,2299 c	97,59	97,98
UENF 1483	257,6948*	256,1721*	1,9169*	1,1404*	0,8649 a	0,7228 a	0,2541 ab	0,2534 ab	87,53	92,17
UENF 1484	261,2648*	261,0089*	0,8297*	0,6897*	0,6132 ab	0,5395 ab	0,2558 ab	0,2558 ab	94,29	95,21
UENF 1485	282,9351*	274,2159*	1,0012*	0,9028*	0,3290 c	0,4807 b	0,2663 a	0,2621 ab	93,68	94,09
UENF 1486	175,1629*	263,8299*	0,4335*	0,8631*	0,6500 ab	0,5167 ab	0,2095 c	0,2571 ab	95,49	94,13
UENF 1487	243,4124*	231,7011*	0,4303*	0,4142 ^{ns}	0,5649 ab	0,5614 ab	0,2363 bc	0,2373 bc	96,74	96,71
UENF 1488	258,9669*	261,2649*	1,0624*	1,2149*	0,6833 ab	0,7132 a	0,2548 ab	0,2559 ab	92,74	91,84
UENF 1579	241,6865*	189,0469*	0,5340*	0,5061*	0,5991 bc	0,7061 ab	0,2461 ab	0,2177 c	95,96	95,15
PI 207262	132,1000*	154,8369*	0,2611 ^{ns}	0,2238 ^{ns}	0,4895 bc	0,4649 bc	0,1819 d	0,1969 c	96,37	97,32
BAC 6	137,4294*	187,0926*	0,1516 ^{ns}	0,3115 ^{ns}	0,4597 bc	0,3430 c	0,1856 d	0,2165 c	97,94	96,93
A 794	97,2760*	78,5969*	0,6254*	0,2649 ^{ns}	0,3939 bc	0,4763 bc	0,1561 e	0,1403 d	89,05	93,96

* Significativo a 5% pelo teste F. Coeficientes seguidos de uma mesma letra não diferem entre si pelo teste t a 5% de probabilidade.

Porém, os valores de R^2 obtidos para os modelos de regressão linear de 1º grau indicam um ajuste dos dados, para a equação proposta acima, de 90% para a grande maioria dos genótipos avaliados (Tabela 5), demonstrando que, apesar dos desvios de regressão significativos para a maioria dos acessos estudados, os componentes de regressão não explorados acrescentariam pouca informação para a compreensão da variação observada, sendo possível proceder-se a uma consistente análise do comportamento dos diferentes genótipos a partir de modelos de regressão linear de 1º grau.

Jeger e Viljanen – Rollinson (2001) recomendam cautela quanto ao ajuste do modelo estatístico para o ajuste de dados de avaliação de doenças ao longo do tempo, sob o risco de obtenção de modelos de significado biológico duvidoso e não-representativos do que ocorre em condições de campo.

Observou-se uma aleatoriedade dos valores do intercepto da reta de regressão (β_0) não se relacionando, aparentemente, com a resistência ao CBC (tabela 5), embora pareça ocorrer uma relação entre o valor do intercepto e a nota final do genótipo à inoculação com *Xap*. Contudo, o coeficiente angular da reta de regressão (β_1 – Tabela 5) se apresentou como um estimador eficiente na detecção da resistência ao CBC, com resultados semelhantes aos obtidos para AACPD e Nota (Figura 2). A aplicação do teste t aos coeficientes β_1 permitiu a distinção dos genótipos de feijão comum resistentes ao CBC (A 794, PI 207262 e BAC 6), os quais se agruparam separadamente dos acessos de feijão-de-vagem, independentemente da estirpe utilizada.

Entretanto, foi possível observar acessos de feijão-de-vagem com valores de β_1 sem diferença estatística ou próximos aos dos genótipos de feijão comum resistentes ao CBC. Com efeito, para a estirpe 139 y, os acessos UENF 1466, UENF 1486 e UENF 1487 se aproximaram dos valores de coeficiente angular apresentados pelos genótipos resistentes, enquanto que, para a estirpe 775-9, os genótipos UENF 1482, UENF 1486, UENF 1487 e UENF 1579 expressaram estimativas de β_1 próximas às dos genótipos de feijão-comum resistentes.

A resistência observada pelos dados do coeficiente β_1 para estes genótipos de feijão-de-vagem corrobora o observado nos componentes de resistência anteriores, sobretudo os dados observados para AACPD. Fininsa e Yuen (2002), avaliando o progresso do CBC em genótipos de feijoeiro cultivados sob quatro diferentes sistemas, variando entre o convencional e o consorciado com até três

diferentes culturas, observaram uma redução do progresso, da incidência e da severidade do CBC em função do consórcio entre os diferentes cultivos, ressaltando a sensibilidade da metodologia para a distinção de genótipos e sistemas de cultivo.

Uma epidemia se constitui no incremento que uma doença recebe com o avançar do tempo (Madden e Hugues, 1995; Jeger, 2004). A caracterização da dinâmica temporal da incidência ou da severidade de uma doença tem importância fundamental em estudos epidemiológicos, uma vez que esses dados permitem descrever e compreender o desenvolvimento de doenças, a avaliação de estratégias de controle, a comparação do progresso de epidemias, a previsão de futuros níveis de dano para uma dada patologia e a seleção de indivíduos com níveis mais elevados de resistência (Madden, 1980; Maanen e Xu, 2003; Ahamed et al., 2004).

Porém, observa-se um uso rotineiro da área abaixo da curva de progresso da doença, para quantificação da resistência, devido à facilidade em sua estimação, à aplicabilidade para diferentes culturas e patossistemas, e à precisão na distinção entre materiais resistentes e suscetíveis (Maanen e Xu 2003; Manzanera et al., 2005; Manzanera et al., 2006; Márquez et al., 2007).

A Figura 6 apresenta o progresso do CBC para as estirpes 139 y e 775-9 de *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*, para os genótipos de feijão-de-vagem UENF 1466, UENF 1482 e UENF 1485 e os genótipos de feijão comum A 794 e BAC 6. Mediante os gráficos expostos, torna-se clara a distinção dos genótipos A 794 e BAC 6 dos demais genótipos de *Phaseolus vulgaris*.

Em geral os acessos de feijão-de-vagem se agruparam entre as notas finais 4 e 5, enquanto os acessos de feijão comum apresentaram notas finais entre 3 e 4. Observa-se também uma maior velocidade para atingir a nota máxima nos acessos de feijão-de-vagem, o que pode caracterizar uma maior susceptibilidade ao CBC. Márquez et al. (2007), avaliando genótipos de feijão comum de distintos *backgrounds* gênicos aos 14 e 21 dias, observaram variações para a nota dada ao progresso da doença em folhas de até quatro vezes em um período de 7 dias.

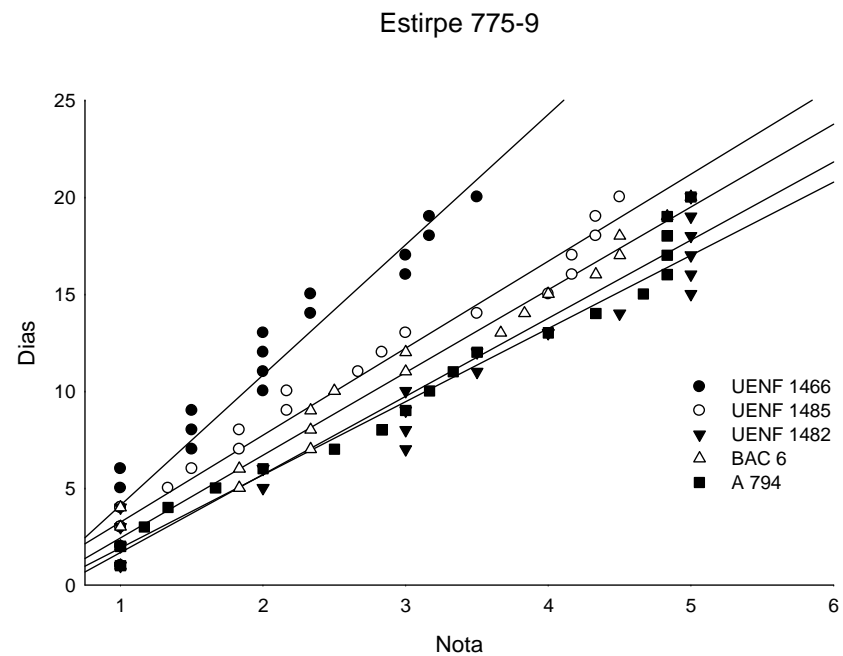
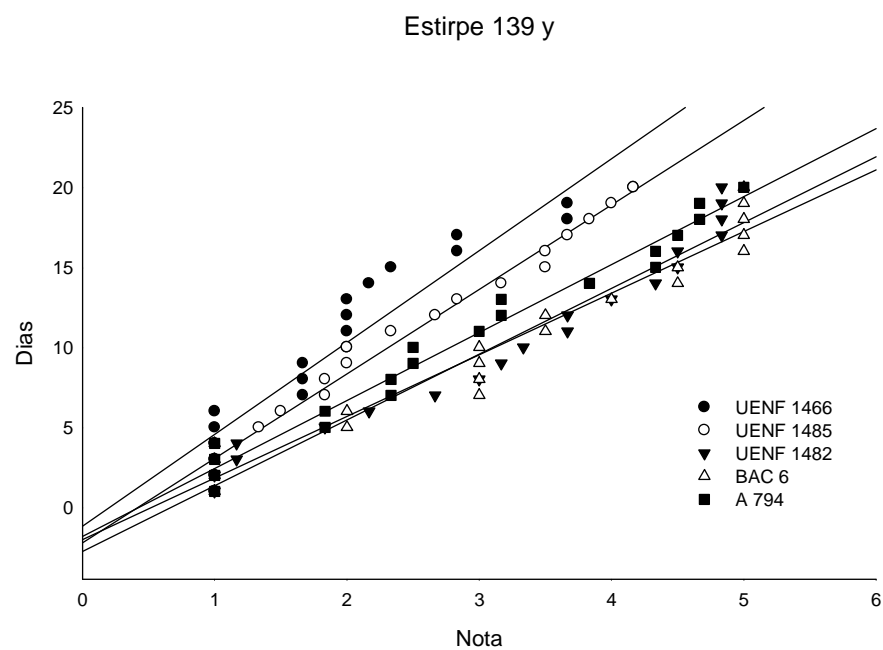


Figura 6 - Progresso da doença para três genótipos de feijão-de-vagem e dois genótipos de feijão-comum inoculados com as estirpes 139-y e 775-9 de *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* em 20 dias de avaliação, em Campos dos Goytacazes, RJ, 2008.

A redução da velocidade do progresso da doença, por parte dos genótipos resistentes ao CBC, expressa a ação de genes que codificam mecanismos de defesa à *Xap* (Jung et al., 1999; Contreras et al., 2001). Neste contexto, a concentração inicial de inóculo do patógeno e o nível de resistência do hospedeiro à infecção são preponderantes para determinar a capacidade que uma planta pode apresentar para a conclusão de seu ciclo (Islam et al., 2003; Lopes et al., 2008).

3.1.5.3. Correlações fenotípicas entre os estimadores de resistência ao CBC

Foram observadas estimativas de correlação acima de 0,7 entre os resultados observados, para cada estirpe, nos diferentes componentes de resistência avaliados, com exceção para a correlação entre as estirpes 139 y e 775-9 para o coeficiente β_0 e para o diâmetro da lesão em vagens (DLV), o que corrobora os resultados do desdobramento da interação genótipo x estirpe para DLV, em que a estirpe 775-9 apresentou uma maior agressividade, quanto à expressão dos sintomas do CBC em vagens, do que a da estirpe 139 y.

Foram observados valores negativos de correlação entre o período latente e todos os demais componentes de resistência avaliados, incluindo os coeficientes β_0 e β_1 , relativos ao intercepto e a inclinação da reta de regressão, respectivamente. Estes resultados corroboram a hipótese de que um maior período latente se constitui em uma estratégia eficaz para a redução do grau de infecção por *Xap* na planta (Jeger, 2004; Márquez et al., 2007).

As correlações entre o componente AACPD e os componentes NOTA e β_1 revelaram valores positivos e maiores que 70%, demonstrando uma equivalência entre estes componentes no que tange à estimativa da severidade do CBC em feijão-de-vagem. Os maiores valores de correlação, para o coeficiente β_0 e a variável Período Latente (-50%), demonstram que este é um caráter importante para a determinação do início da infecção por *Xap*, embora o β_0 não se apresente como um estimador eficiente do progresso da infecção.

Tabela 6 – Coeficientes de correlação fenotípica entre seis características avaliadas em 14 genótipos de feijão-de-vagem e três genótipos de feijão comum, inoculados com as estirpes 139 y e 775-9 de *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*, em Campos dos Goytacazes, RJ, 2008.

		COMPONENTE DE RESISTÊNCIA												
		Estirpe	AACPD		Média das Notas		Período Latente		DLV		Intercepto (β_0)		Inclinação (β_1)	
			139 y	775-9	139 y	775-9	139 y	775-9	139 y	775-9	139 y	775-9	139 y	775-9
COMPONENTE DE RESISTÊNCIA	AACPD	139 y	1,000	0,929**	0,999**	0,929**	-0,893**	-0,854**	0,415	0,382	0,379	0,306	0,732**	0,743**
		775 -9		1,000	0,929**	0,999**	-0,914**	-0,888**	0,2428	0,468	0,367	0,259	0,783**	0,859**
	Média das Notas	139 y			1,000	0,929**	-0,894**	-0,855**	0,416	0,383	0,377	0,306	0,736**	0,744**
		775 -9				1,000	-0,916**	-0,890**	0,244	0,466	0,366	0,260	0,785**	0,860**
	Período Latente	139 y					1,000	0,984**	-0,318	-0,389	-0,518*	-0,515*	-0,768**	-0,749**
		775 -9						1,000	-0,261	-0,354	-0,515*	-0,526*	-0,763**	-0,724**
	DLV	139 y							1,000	-0,293	0,062	0,221	0,309	0,220
		775 -9								1,000	-0,052	-0,186	0,302	0,406
	Intercepto (β_0)	139 y									1,000	0,828**	0,070	0,147
		775 -9										1,000	0,208	0,018
	Inclinação (β_1)	139 y											1,000	0,826**
		775 -9												1,000

(AACPD) Área abaixo da curva de progresso da doença, (DLV) diâmetro da lesão em vagens, intercepto (β_0) ponto de intersecção da reta com o eixo y; inclinação (β_1) coeficiente angular da reta de regressão. *,** significativo, pelo teste t, nos níveis de 5 e 1% de probabilidade.

Estimativas de correlações são úteis para o melhoramento por facilitarem a interpretação de resultados obtidos e proverem informações de herança, uma vez que correlações entre caracteres de alta magnitude possibilitam a seleção indireta de caracteres de interesse (Coelho et al., 2002). Embora as estimativas indiquem baixos valores de correlação linear entre o diâmetro da lesão em vagens e os demais componentes de resistência, estes dados estão de acordo com estudos anteriores a respeito da complexa herança para a resistência ao CBC em vagens, em que os genes que governam a resistência em folhas, para a cultura do feijão-de-vagem, não são os mesmos que governam a resistência em vagens (Arnaud-Santana et al., 1994; Rodrigues et al., 1999; Santos et al., 2003).

É importante ressaltar que mesmo que as avaliações do DLV e do PL para o início dos sintomas do CBC em folhas tenham-se dado em períodos distintos, foram observados valores de correlação negativos entre -0,26 e -0,39% para estes componentes, levando-se em consideração as duas estirpes utilizadas. Em uma situação de ocorrência natural, a resistência inicial ao Crestamento Bacteriano Comum em folhas se constitui em um mecanismo de defesa para promover uma redução da pressão inicial do inóculo no ambiente, diminuindo a possibilidade do surgimento de sintomas do CBC em vagens na fase reprodutiva (Díaz et al., 2001; Dursun et al., 2002).

3.1.5.4. Seleção de genitores

O grande desafio para a seleção e o melhoramento de espécies cultivadas, é a manutenção de ganhos genéticos, em conjunto com a manutenção da variabilidade genotípica entre genótipos submetidos à seleção, o que demanda o refinamento contínuo da fenotipagem juntamente com o aprimoramento dos métodos de melhoramento pré-existentes (Oliveira et al., 1996).

Os genótipos de feijão-de-vagem avaliados neste experimento, expressaram em sua maioria níveis limitados de resistência ao CBC, quando em comparação com os dos genótipos de feijão comum avaliados. Assim, torna-se indiscutível a necessidade de elevação dos níveis de resistência nos genótipos avaliados, o que pode ser feito por intercruzamento com genitores de níveis mais elevados de resistência.

Tendo em vista os níveis de resistência nos acessos de feijão-de-vagem avaliados, para a maximização dos possíveis ganhos genéticos com a seleção,

visando à resistência ao CBC, a melhor opção seria o uso dos acessos que possuam, principalmente, baixos valores de AACPD, característica que se relacionou positivamente com os demais componentes de estimação da resistência à *Xap*, em conjunto com os genótipos com valores de DLV mais próximos aos dos materiais resistentes ao CBC.

Além destes fatores, deve-se buscar o incremento da variabilidade genética dos genótipos avaliados visando a evitar o estreitamento da base genética pré-existente na cultura do feijão-de-vagem (Zaumeyer, 1972; Castellane et al., 1988; Acosta-Gallegos et al., 2007).

Entretanto, deve ser considerada a adaptação de cultivares de feijão-de-vagem para as características edafoclimáticas da região do Norte Fluminense e as preferências do mercado, como por exemplo, a preferência por vagens do tipo manteiga (Abreu, 2001; Abreu et al., 2004). Teixeira et al. (2004), avaliando a divergência genética nos mesmos genótipos utilizados neste experimento, com base em 11 caracteres morfoagronômicos, tanto no período de outono/inverno quanto no verão, observaram a existência de divergência genética nos genótipos avaliados, sendo que os acessos UENF 1469, UENF 1482, UENF1483, UENF 1486, UENF 1487, UENF 1488 e UENF 1579 foram os de melhor desempenho para as condições da região do Norte Fluminense, além de possuírem boas características comerciais.

A resistência ao CBC observada nos acessos avaliados pode receber considerável incremento pelo intercruzamento com genótipos resistentes de *Phaseolus vulgaris*. Tendo em vista este intento e considerando os resultados observados para AACPD e DLV, bem como as inferências de Teixeira et al. (2004), os acessos UENF 1482, UENF 1486, UENF 1487 e UENF 1579 expressaram tanto valores de AACPD e DLV próximos aos dos genótipos considerados resistentes à *Xap*, bem como boas características comerciais, o que os credencia para uso em programas de melhoramento visando à obtenção de genótipos resistentes à *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* para a Região do Norte Fluminense.

3.1.6. CONCLUSÕES

1. Os acessos de feijão-de-vagem UENF 1482, UENF 1486, UENF 1487 e UENF 1579 apresentaram níveis de resistência ao CBC em folhas e vagens próximos aos dos três genótipos de feijão comum resistentes à *Xap*, sendo recomendados em programas de melhoramento para aproveitamento da resistência ao CBC.
2. A interação significativa entre genótipo e estirpe denota a necessidade do uso de diferentes estirpes e genótipos de feijão-de-vagem para correta estimação dos efeitos genéticos e ambientais para a resistência ao CBC em feijão-de-vagem.
3. Não foram observadas diferenças significativas entre os genótipos resistentes ao CBC e os acessos de feijão-de-vagem avaliados, para o diâmetro da lesão em vagens, quando da inoculação com a estirpe 139 y.
4. Houve elevada correlação entre AACPD, NOTAS e o coeficiente β_1 , denotando equivalência entre estes estimadores para quantificação da severidade do CBC em folhas.
5. A baixa correlação entre DLV e os demais componentes de resistência corrobora indicativos de que os genes que controlam a resistência em folhas são distintos dos que controlam a resistência em vagens.
6. O grau de resistência ao CBC observado nos genótipos de feijão-de-vagem avaliados torna recomendável o intercruzamento dos mesmos com acessos de *Phaseolus vulgaris* L. para incrementos da resistência.

3.1.7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Abd-Alla, M.H.; Bashandy, S.R.; Schnell, S. (2010) Occurrence of *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*, the Causal Agent of Common Bacterial Blight Disease, on Seeds of Common Bean (*Phaseolus vulgaris* L.) in Upper Egypt. *Folia Microbiologica*. 55 (1): 47–52.

Abreu, F.B. (2001) *Análise multivariada na determinação da divergência genética em feijão-de-vagem (Phaseolus vulgaris L.) de crescimento indeterminado*. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal) – Campos dos Goytacazes - RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense – UENF, 73p.

Abreu, F.B.; Leal, N.R.; Rodrigues, R.; Amaral Júnior, A.T.; Silva, D.J.H. (2004) Divergência genética entre acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento indeterminado. *Horticultura Brasileira*. 22(3): 547-552.

Acosta-Gallegos, J.; Kelly, J.D.; Gepts, P. (2007) Prebreeding in Common Bean and Use of Genetic Diversity from Wild Germplasm. *Crop Science*. 47(S3): 44–59.

Ahamed, M.L.; Singh, S.S.; Sharma, B.; Ram, R.B. (2004) Evaluation of inheritance to leaf rust in wheat using area under disease progress curve. *Hereditas*. 141: 323-327.

Arnaud-Santana, E.; Coyne, D.P.; Eskridge, K.M.; Vidaver, A.K. (1994) Inheritance, low correlations of leaf, pod, and seed reactions to common blight disease in common beans, and implications for selection. *Journal of American Society Horticulture Science*. 119(1): 116–121.

Bianchini, A.; Maringoni, A.C.; Carneiro, S.M.T.P.G. (2005) Doenças do feijoeiro. In: Kimati, H.; Amorin, L., Bergamin Filho, A.; Camargo, L.E.A.; Rezende, J.A.M. (Eds.). *Manual de Fitopatologia: doenças das plantas cultivadas*. 4ª ed. São Paulo: Editora Ceres, p. 376-399.

Castellane, P.D.; Vieira, R.D.; Carvalho, N.M. (1988) *Feijão-de-vagem (Phaseolus vulgaris L.): Cultivo e produção de sementes*. Jaboticabal: FUNEP/FCAV-UNESP, 60p.

CEASA (2010) - Prohort - Programa Brasileiro de Modernização do Mercado de Hortigranjeiro. Disponível em <http://www.ceasa.gov.br/precos.php>. Acessado em outubro de 2010.

Checa, O.E.; Blair, M.W. (2008) Mapping QTL for climbing ability and component traits in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Molecular Breeding*. 22: 201 -205.

Coelho, A.D.F.; Cardoso, A.A.; Cruz, C.D.; Araújo, G.A.A.; Furtado, M.R.; Amaral, C.L.F. (2002) Herdabilidade e Correlações da Produção do Feijão e dos seus componentes primários nas épocas de cultivo da primavera-verão e do verão-outono. *Ciência Rural*. 32 (2): 211-216.

Contreras, N.; Trijilo, G.; Borges, O.; Centeno, F. (2001) Análisis ultraestructural de la interacción de *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* con genotipos resistentes, moderadamente resistentes y susceptibles de *Phaseolus vulgaris* L. *Interciencia*. 26(11): 1-8.

Coyne, D.P.; Schuster, M.L. (1974) Differential reaction of pods and foliage of beans (*Phaseolus vulgaris*) to *Xanthomonas phaseoli*. *Plant Disease Reporter*. 58: 278-282.

Cruz, C.D. (2006) *Programa Genes: Biometria*. Editora UFV, Viçosa, 382p.

Dias, L.A.S.; Barros, W.S. (2009). Análises de regressão e correlação. In: Dias, L.A.S.; Barros, W.S. (eds.) *Biometria Experimental*. 1ª ed. Viçosa: Editora UFV, p. 149-182.

Díaz, C.G.; Bassanezi, R.B.; Godoy, C.V.; Lopes, D.B.; Bergamin Filho, A. (2001) Quantificação do efeito do Crestamento Bacteriano Comum na eficiência fotossintética e na produção do feijoeiro. *Fitopatologia Brasileira*, 26: 71-76.

Dursun, A.; Donmez, M.F.; Sahin, F. (2002) Identification of resistance to common bacterial blight disease on bean genotypes grown in Turkey. *European Journal of Plant Pathology*. 108: 811–813.

Ferreira, C.F.; Pereira, M.G.; Santos, A.S.S.; Rodrigues, R.; Bressan-Smith, R.E.; Viana, A.P.; Daher, R.F. (2003) Resistance to common bacterial blight in *Phaseolus vulgaris* L. recombinant inbred lines under natural infection of *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*. *Euphytica*. 134: 43-46.

Ferreira, D.F. (2000) Análises estatísticas por meio do Sisvar para Windows versão 4.0. In: 45a *Reunião Anual da Região Brasileira da Sociedade Internacional de Biometria*. UFSCar, São Carlos, p. 255-258.

Filgueira, F.A.R. (2003) *Novo manual de olericultura: Agrotecnologia Moderna na produção e comercialização de hortaliças*. Viçosa: Editora UFV, 412p.

Fininsa, C.; Yuen, J. (2002) Temporal progression of bean common bacterial blight (*Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli*) in sole and intercropping systems. *European Journal of Plant Pathology*. 108: 485–495.

Islam, F.M.A.; Rengifo, J.; Redden, R.J.; Basford, K.E.; Beebe, S.E. (2003) Association between seed coat polyphenolics (Tannins) and disease resistance in common bean. *Plant Foods for Human Nutrition*. 58: 285–297.

Jacques, M.A.; Josi, K.; Darrasse, A.; Samson, R. (2005) *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* var. *fuscans* Is Aggregated in Stable Biofilm Population Sizes in the Phyllosphere of Field-Grown Beans. *Applied and Environmental Microbiology*. 71(4): 2008–2015.

Jeger, M.J. (2004) Analysis of disease progress as a basis for evaluating disease management practices. *Annual Review of Phytopathology*. 42: 61–82.

Jeger, M.J.; Viljanen-Rollinson, S.L.H. (2001) The use of the area under the disease-progress curve (AUDPC) to assess quantitative disease resistance in crop cultivars. *Theoretical and Applied Genetics*. 102: 32-40.

Jung, G.; Scrock, P.W.; Nienhuis, J.; Coyne, D.P.; Arnaud-Santana, E.; Ariyaratne, H.M.; Marita, J.M. (1999) Confirmation of QTL Associated with Common Bacterial Blight Resistance in Four Different Genetic Backgrounds in Common Bean. *Crop Science*. 39:1448-1455.

Kelly, J. D., Gepts, P.; Miklas, P.N.; Coyne, D.P. (2003) Tagging and mapping of genes and QTL and molecular marker-assisted selection for traits of economic importance in bean and cowpea. *Field Crops Reserach*. 82: 135—154.

Krause, W.; Rodrigues, R.; Gonçalves, L.S.A.; Bezerra Neto, F.V.; Leal, N.R. (2009) Genetic divergence in snap bean based on agronomic traits and resistance to bacterial wilt. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*. 9: 246-252.

Liu, S.; Yu, K.; Park, S.J. (2008) Development of STS markers and QTL validation for common bacterial blight resistance in common bean. *Plant Breeding*. 127: 62-68.

Lopes, P.; Alves, P.F.R.; Zandoná, C.; Nunes, M.P.; Mehta, Y.R. (2008) Meio semi-seletivo para detectar *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* em sementes de feijoeiro e sua erradicação através do tratamento de sementes com o fungicida tolylfluanid. *Summa Phytopathologyca*. 34(3): 287-288.

Maanen, A.V.; Xu, X.M. (2003) Modeling plant disease epidemics. *European Journal of Plant Pathology*. 109: 669-682.

Madden, L.; Hughes, G.V.D. (1995) Plant disease incidence: distributions, heterogeneity, and temporal analysis. *Annual Review of Phytopathology*. 33: 529–564.

Madden, L.V. (1980) Quantification of disease progression. *Protection Ecology*. 2: 156-176.

Mahuku, G. S.; Jará, C.; Henríquez, M. A.; Castellanos, G.; Cuasquer, J. (2006) Genotypic Characterization of the Common Bean Bacterial Blight Pathogens, *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* and *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* var. *fuscans* by rep-PCR and PCR–RFLP of the Ribosomal Genes. Berlin. *Journal of Phytopathology*. 154: 35–44.

Manzanera, M.A.S.; Asensio, C.; Singh, S.P. (2005) Gamete Selection for Resistance to Common and Halo Bacterial Blights in Dry Bean Intergene Pool Populations. *Crop Science*. 46: 131–135.

Maringoni, A.C.; Fregonense, L.H.; Tolofi, J.G.; Kurozawa, C. (1993) Reação foliar da vagem de feijoeiro a *Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli* e transmissão da bactéria pelas sementes. *Fitopatologia Brasileira*. 18(3): 412-415.

Marques, A.S.A.; Guimarães, P.M.; Santos, J.P.S.; Vieira, T.M. (2005) Sobrevivência e Viabilidade de *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* em Sementes de Feijão Armazenadas sob Condições Controladas. *Fitopatologia Brasileira*. 30(5): 527-531.

Márquez, M.L.; Terán, H.; Singh, S.P. (2007) Selecting Common Bean with Genes of different evolutionary origins for resistance to *Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli*. *Crop Science*. 47: 1367-1374.

Miklas, P.N.; Coyne, D.P.; Grafton, K.F.; Mutlu, N.; Reiser, J.; Lindgren, D.T.; Singh, S.P. (2003) A Major QTL for common bacterial blight resistance derives from the common bean great northern landrace cultivar Montana nº 5. *Euphytica*. 131: 137-146.

Mkandawire, A.B.C.; Mabagala, R.B.; Guzmán, P.; Gepts, P.; Gilbertson, R.L. (2004) Genetic diversity and pathogenic variation of common blight bacteria (*Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli* and *X. campestris* pv. *phaseoli* var.

fuscans) suggests pathogen co-evolution with the common bean. *Phytopathology*. 94: 593-603.

Moreira, R.M.P.; Ferreira, J.M.; Takahashi, L.S.A.; Vasconcelos, M.E.C.; Geus, L.C.; Botti, L. (2009) Potencial agrônômico e divergência genética entre genótipos de feijão-vagem de crescimento determinado. *Semina: Ciências Agrárias*. 30(1): 1051-1060.

Mutlu, M.; Miklas, P.; Reiser, J.; Coyne, D. (2005) Backcross Breeding for improved resistance for common bacterial blight in Pinto bean (*Phaseolus Vulgaris* L.). *Plant Breeding*. 124: 282-287.

Oliveira, L.B.; Ramalho, M.A.P.; Abreu, A.F.B.; Ferreira, D.F. (1996) Alternative procedures for parental choice in a breeding program for the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Brazilian Journal of Genetics*. 19(4): 611-615.

Pastor-Corrales, M.A.; Beebe, S.E.; Correa, F.J. (1981) *Comparing two inoculation techniques for evaluating resistance in beans to Xanthomonas campestris pv. phaseoli*. In: *International Conference on Plant Pathogenic Bacteria*. Cali, p. 493-503.

Peixoto, N.; Braz, L.T.; Banzatto, D.A.; Moraes, E.A.; Moreira, F.M. (2002) Características agrônômicas, produtividade, qualidade de vagens e divergência genética em feijão-vagem de crescimento indeterminado. *Horticultura Brasileira*. 20(3): 447-451.

Pereira, A.V.; Otto, R.F.; Reghin, M.Y. (2003) Respostas do feijão-vagem cultivado sob proteção com agrotêxtil em duas densidades de plantas. *Horticultura Brasileira*. 21(3): 564-569.

Pimentel Gomes, F. (2000) O uso da regressão na análise de variância. In: Pimentel Gomes, F. *Curso de Estatística Experimental*, 14. ed. Piracicaba: Frederico Pimentel-Gomes (editor), p. 236-260.

Pinto, C.M.F.; Vieira, R.F.; Vieira, C.; Caldas, M.T. (2001) Idade de colheita do feijão-vagem anão cultivar Novirex. *Horticultura Brasileira*.19(1): 163-167.

Rava, C.A.; Sartorato, A.; Romeiro, R.S. (1990) Avaliação de cultivares de feijoeiro quanto à resistência a *Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli* em condições de campo e casa de vegetação. *Summa Phytopathologica*. 16: 83–91.

Rodrigues Neto, J.; Malavolta, J.R.; Victor, O. (1986) Meio simples para o isolamento e cultivo de *Xanthomonas campestris* pv. *citri* tipo B. *Summa Phytopathologica*. 12: 16.

Rodrigues, R., Leal, N. R.; Pereira, M.G.; Lam-Sánchez, A. (1999) Combining ability of *Phaseolus vulgaris* L. for resistance to common bacterial blight. *Genetics and Molecular Biology*. 22(4): 571-575.

Rodrigues, R.; Leal, N.R.; Lam-Sánchez, A. (1998) Análise dialélica de cinco cultivares de feijão para resistência ao crestamento bacteriano comum. *Horticultura Brasileira*. 16(1): 61-64.

Santos, A.S. (2000). *Marcadores de DNA no melhoramento genético do feijoeiro (Phaseolus vulgaris L.) visando resistência a Xanthomonas axonopodis pv. phaseoli*. Tese (Doutorado em Produção Vegetal) - Campos dos Goytacazes - RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense - UENF, 118p.

Santos, A.S.; Bressan-Smith, R.E.; Pereira, M.G.; Rodrigues, R.; Ferreira, C.F. (2003) Genetic Linkage Map of *Phaseolus vulgaris* L. and identification of QTLs responsible for resistance to *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*. *Fitopatologia Brasileira*. 28(1): 5-10.

SIDRA – Sistema IBGE de Recuperação Automática (2006)
<http://www.sidra.ibge.gov.br>. (acessado em outubro de 2010)

Silbernagel, M.J.; Janssen, W.; Davis, J.H.C.; Oca, G.M. (1991). Snap bean production in the tropics: Implications for genetic improvement. In Van

Schoonhoven, A., Voysest, O. (eds.) *Common beans: Research for crop improvement*. Cali: CIAT, p. 835–862.

Silva, A.; Santos, I.; Balbinot, A.L.; Matei, G.; Oliveira, P.H. (2009). Reação de genótipos de feijão ao Crestamento Bacteriano Comum, avaliado por dois métodos de inoculação. *Ciência e agrotecnologia*. 33: 2019-2024.

Silva, M.P.; Amaral Júnior, A.T.; Rodrigues, R.; Pereira, M.G.; Viana, A.P. (2004) Genetic control on morphoagronomic traits in snap bean. *Brazilian Archives of Biology and Technology*. 47(6): 855-862.

Teixeira, A.B.; Amaral Júnior, A.T.; Rodrigues, R.; Pereira, T.N.S.; Bressan-Smith, R.E. (2004) Genetic divergence in Snap –bean (*Phaseolus vulgaris* L.) evaluated for different methodologies. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*. 4(1): 52–62.

Torres, J.C.; Ventura, J.A. (1991) AVACPD: Um programa para calcular a área e o volume abaixo da curva de progresso da doença. *Fitopatologia Brasileira*. 16: 8.

Van Maanen, A.; Xu, X.-M. (2003) Modelling plant disease epidemics. *European Journal of Plant Pathology*. 109: 669–682.

Vauterin, L.; Rademaker, J.; Swings, J. (2000) Synopsis on the taxonomy of the genus *Xanthomonas*. *Phytopathology*. 90: 677-682.

Vilela, F.O.; Amaral Júnior, A.T.; Freitas Júnior, S.P.; Viana, A.P.; Pereira, M.G.; Silva, M.G.M. (2009) Selection of snap bean recombined inbred lines by using EGT and SSD. *Euphytica*. 165: 21-26.

Zaumeyer, W.J. (1972) *Genetic vulnerability of major crops*. National Academy of Science, 244p.

Zimmerman, F.J.P. (2004). Regressão e Correlação. In: Zimmerman, F.J.P. *Estatística Aplicada a Pesquisa Agrícola*. 1. Ed. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, p.269-288.

3.2. CAPACIDADE COMBINATÓRIA EM *Phaseolus vulgaris* L.: CARACTERÍSTICAS MORFOAGRONÔMICAS E RESISTÊNCIA AO CRESTAMENTO BACTERIANO COMUM

3.2.1. RESUMO

O feijão-de-vagem (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma das seis hortaliças mais cultivadas no Brasil, sobretudo por pequenos agricultores. O Crestamento Bacteriano Comum (CBC), causado por *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* (*Xap*), é a principal doença bacteriana na cultura, acarretando perdas de produção acima de 45%. No Brasil, ainda são poucas as pesquisas realizadas para estimação da capacidade combinatória de componentes de resistência ao CBC em *Phaseolus vulgaris*. Assim, delineou-se este trabalho com o objetivo de estudar a capacidade combinatória para a resistência ao Crestamento Bacteriano Comum (CBC) e de outras características de interesse agrônomo em genótipos de *Phaseolus vulgaris*, por meio da aplicação da metodologia proposta por Griffing (1956). Para tanto, seis genitores, sendo dois genótipos de feijão comum resistentes ao CBC e quatro acessos de feijão-de-vagem foram cruzados em um esquema de dialelo completo sem recíprocos, para estimar a capacidade geral e específica de combinação para a resistência à *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*. A resistência ao CBC foi avaliada por meio da inoculação com duas estirpes de *Xap*, com a sua severidade avaliada a partir de quatro componentes de resistência: Área Abaixo da Curva de Progresso da Doença (AACPD), Período

Latente em Folhas (PLF), Diâmetro da Lesão em Vagens (DLV) e média das notas (NOTA) atribuídas ao progresso da doença em 30 dias de avaliação. Foram avaliadas também 14 características morfoagronômicas qualitativas e 16 caracteres quantitativos. Houve predominância de efeitos aditivos no controle das características morfoagronômicas, enquanto que, para a herança da resistência ao CBC, foram observados efeitos aditivos e não-aditivos, corroborando a complexidade da herança para esta patologia. Os resultados obtidos apontam para a necessidade do uso de métodos mais sofisticados e focados no controle parental no melhoramento da resistência ao CBC em *Phaseolus vulgaris*, como o método genealógico e a seleção recorrente.

3.2.2. ABSTRACT

Snap bean (*Phaseolus vulgaris* L.) is one of the six most widely grown vegetable crops in Brazil, especially by small farmers. The Common Bacterial Blight (CBB), caused by *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* (*Xap*) is the main bacterial disease in the crop, causing yield losses above 45%. In Brazil, there are few surveys to estimate the combining ability of resistance components to the CBB in *Phaseolus vulgaris*. Therefore, this work was developed to study the combining ability for resistance to Common Bacterial Blight (CBB) and other agronomic traits in *Phaseolus vulgaris* genotypes, by applying the methodology proposed by Griffing (1956). Six parents, two common bean genotypes resistant to CBB and four snap bean accessions were crossed in a complete diallel scheme without reciprocals to estimate the general and specific combining ability for resistance to *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*. CBB resistance was evaluated by inoculation with two strains of *Xap*, and severity was assessed based on four components of resistance: the Area Under the Disease Progress Curve (AUDPC), Latent Period in Leaves (PLF), Lesion Diameter in pods (DLV) and average scores to disease progression (Nota) in a 30-day evaluation. Fourteen qualitative morphological characteristics and 16 quantitative traits were also evaluated. There was a predominance of additive effects in the control of agronomic characteristics, while additive and non-additive effects were observed for the inheritance of

resistance to CBB, which corroborates the complexity of the inheritance against this pathogen. The results indicate the necessity of using more sophisticated and focused methods in parental control for the improvement of resistance to CBB in *Phaseolus vulgaris*, such as the pedigree method and recurrent selection.

3.2.3. INTRODUÇÃO

O feijão-de-vagem, olerícola pertencente à espécie *Phaseolus vulgaris* L. constitui uma importante fonte de fibras, proteínas, potássio, ferro e vitaminas (Pinto et al., 2001; Silva et al., 2004a). O diferencial principal entre o feijão-de-vagem e o feijão comum são suas vagens, as quais apresentam mesocarpo suculento e reduzido teor de fibras, sendo utilizadas na alimentação quando a semente se encontra ainda em um estágio imaturo, após cocção ou processamento industrial (Castellane et al., 1998; Filgueira, 2003). Todas as características que distinguem o feijão-de-vagem do feijão comum são atribuídas a mutações em locos que controlam características de qualidade das vagens, as quais foram selecionadas e recombinadas por agricultores em diferentes regiões da Europa, da Ásia e nos Estados Unidos da América há mais de 150 anos (Singh, 2001; Mariguele, 2006).

No Brasil, o feijão-de-vagem é uma das seis hortaliças mais cultivadas, sobretudo por pequenos agricultores, sob sistema de produção familiar, com o uso de um número reduzido, quando não de uma única cultivar para plantio (Peixoto et al., 2001; SIDRA, 2006). Esta restrição da variabilidade genética, conjugada ao emprego reduzido de insumos e baixa tecnificação no manejo da cultura, resulta em baixa produtividade e maior suscetibilidade da cultura a patógenos (Peixoto et al., 2002a; Vilela et al., 2009). Soma-se a isto o fato de que o feijão-de-vagem é uma espécie autógama, com elevado grau de cleistogamia e de base genética estreita, em que 76% de seu germoplasma em uso provêm das variedades Tendercrop, Blue Lake e Harvest (Zaumeier, 1972; Silbernagel et al., 1991; Singh, 2001).

Em comparação com a cultura do feijão comum, o melhoramento do feijão-de-vagem ainda é incipiente no Brasil (Maluf et al., 2001; Pinto et al., 2001).

Grande parte do melhoramento efetuado na cultura do feijão-de-vagem se baseia no uso de técnicas de seleção fenotípica aplicadas a plantas autógamas, como a seleção massal e a seleção de linhas puras, e uma grande dificuldade, no melhoramento do feijão-de-vagem, é o desenvolvimento de cultivares mais resistentes a estresses de origem biótica e abiótica sem prejuízo na qualidade do produto final (Castellane et al., 1988; Silbernagel et al., 1991; Ramalho et al., 1993; Traka-Mavrona et al., 2001; De Ron et al., 2004).

Um dos maiores desafios do melhoramento genético vegetal é a obtenção de ganhos por seleção em um material com reduzida divergência genotípica, sem que haja estreitamento da variabilidade genética, o que exige a aplicação de métodos experimentais cada vez mais refinados para a obtenção de ganhos por seleção (Oliveira et al., 1996; Singh e Munoz, 1999; Miklas et al., 2003; Singh e Schwartz, 2010). Um programa visando ao melhoramento de uma espécie vegetal requer o conhecimento dos mecanismos de herança para características de interesse econômico (Falconer, 1987; Silva et al., 2005; Singh e Schwartz, 2010).

O Crestamento Bacteriano Comum (CBC), causado por *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* (*Xap*), é a principal doença bacteriana em feijão-de-vagem (Chan e Goodwin, 1999; Bianchini et al., 2005; Liu et al., 2008). Ocorre em todos os ambientes de cultivo, proliferando principalmente em condições de alta temperatura e umidade (Rava e Sartorato, 1994; Singh e Munoz, 1999). O controle químico é completamente ineficiente contra esta patogenicidade, o que demanda uma série de práticas culturais para seu manejo, como rotação de culturas e o cultivo em áreas não infestadas (Kelemu et al., 2004; Lopes et al., 2008; Sbalcheiro et al., 2009).

Entretanto, a estratégia mais efetiva, economicamente viável e ambientalmente segura para o controle do CBC, é o uso de cultivares resistentes, o que demanda a identificação da diversidade genética para resposta ao ataque de *Xap* em feijão-de-vagem e a compreensão do mecanismo de herança desta resistência. Visando ao incremento da produtividade em feijão-de-vagem, o melhoramento tem-se direcionado para a busca de genótipos adaptados para cada região que reúnam todas as características desejáveis para a cultura (Coimbra et al., 1999; Peixoto et al., 2001).

Contudo, a base genética estreita da cultura demanda a identificação e introgressão de genes oriundos de outros *backgrounds* genéticos em *Phaseolus*

vulgaris, sendo o feijão comum uma fonte primária neste incremento de variabilidade (De Ron et al., 2004). Em feijão comum, além de serem identificadas diversas fontes de resistência à *Xap*, diferentes tipos de ferramentas moleculares têm sido utilizadas para a identificação e estudo de QTLs associados à resistência ao CBC (Tsai et al., 1998; Jung et al., 1999; Yu et al., 2000; Tar'an et al., 2001; Miklas et al., 2003; Kelly et al., 2003; Yu et al., 2004; Mahuku et al., 2006; Liu et al., 2008; Vandermark et al., 2009; Singh e Schwartz, 2010). Contudo, ainda são poucos os estudos a respeito da herança de resistência ao CBC em feijão-de-vagem (Rodrigues et al., 1999; Santos et al., 2003; Ferreira et al., 2003; Ferreira et al., 2004).

A determinação do controle genético dos caracteres em diferentes genitores constitui uma etapa fundamental no início de um programa de melhoramento (Coelho et al., 2002). O cruzamento entre genitores superiores, com a máxima exploração da variabilidade genotípica dos mesmos, é uma das principais ferramentas para o incremento da produtividade dos cultivos. Neste contexto, o cruzamento dialélico é uma importante ferramenta que permite a identificação dos melhores genitores e cruzamentos por meio da recombinação de genes entre diferentes indivíduos, explicitando os efeitos genéticos e a herança de diferentes caracteres, permitindo indicar os métodos mais eficientes para a condução da população segregante visando à obtenção de genótipos superiores em gerações avançadas (Vencovsky e Barriga, 1992; Barelli et al., 2000; Kurek et al., 2001; Cruz et al., 2004).

Existem diferentes metodologias de análise dialélica. Dentre as metodologias conhecidas, a proposta por Griffing (1956) se destaca como uma das mais utilizadas (Viana, 2000; Lima et al., 2003; Viana e Matta, 2003; Gonçalves-Vidigal et al., 2008). Este método baseia-se na estimação dos efeitos de capacidade geral de combinação de um grupo de parentais e da capacidade específica de combinação de suas respectivas combinações híbridas (Vencovsky e Barriga, 1992; Cruz et al., 2004). Segundo Sprague e Tatum (1942), a capacidade geral de combinação (CGC) é o resultado do comportamento médio de linhagens, quando cruzadas entre si, e a capacidade específica de combinação (CEC) representa o comportamento de dois indivíduos em uma série de combinações híbridas.

Independentemente do pioneirismo de estudos a respeito da herança da resistência ao Crestamento Bacteriano Comum e de caracteres morfoagronômicos em feijão-de-vagem (Leal et al., 1979; Rodrigues et al., 1998a; Rodrigues et al., 1999; Santos et al., 2003; Ferreira et al., 2003; Abreu et al., 2004; Ferreira et al., 2004; Silva et al., 2004b; Silva et al. 2005; Mariguele, 2006; Vilela et al., 2009; Krause et al., 2009; Barbé et al., 2010), ainda existe demanda de informações a respeito do mecanismo de herança para o CBC, visto que ainda não foram obtidas cultivares de feijão-de-vagem de hábito determinado com resistência a esta patologia. O objetivo deste trabalho foi estudar a capacidade combinatória para a resistência ao Crestamento Bacteriano Comum e outras características de interesse agrônomo, por meio da aplicação da metodologia proposta por Griffing (1956) em seis genitores de *Phaseolus vulgaris* e seus híbridos.

3.2.4. MATERIAL E MÉTODOS

3.2.4.1. Obtenção da população F₁

Com base nos dados obtidos em trabalho prévio utilizando genótipos de feijão-de-vagem de hábito determinado, oriundos da coleção de germoplasma de hortaliças da UENF, desenvolvido por Teixeira et al. (2004), e da avaliação de resistência ao Crestamento Bacteriano Comum (CBC), efetuada por Trindade et al. (2008; 2009) nestes mesmos genótipos, procedeu-se à seleção de quatro genitores: os acessos de feijão-de-vagem de hábito determinado UENF 1482, UENF 1486, UENF 1487 e UENF 1579. A estes quatro genótipos, somaram-se duas variedades de feijão comum resistentes ao CBC BAC 6 e PI 207262 (Figura 1). Uma breve descrição dos acessos vem a seguir:

PI 207262: este genótipo de feijão comum possui sementes de coloração creme com variegações de coloração marrom, hábito de crescimento indeterminado, vagens de coloração verde e altos níveis de resistência à Antracnose

(*Colletotrichum lindemuthianum*) e ao Crestamento Bacteriano Comum (Gonçalves-Vidigal et al., 1997; Poletine et al., 1999).

BAC 6: obtido no Instituto Agrônômico do Paraná, este genótipo deriva do cruzamento entre uma cultivar de feijão comum com grãos do tipo “carioca” e Great Northern Nebraska nº1 sel. 27. Possui hábito de crescimento indeterminado, sementes do tipo carioca, flores brancas e alta resistência ao CBC (Mohan e Mohan, 1983; Rodrigues, 1997).

UENF 1482: cultivar de feijão-de-vagem comercializada pela Isla Sementes, com o nome comercial de Manteiga Baixo. Apresenta hábito de crescimento determinado, flor com coloração lilás e vagens com coloração amarela do tipo manteiga (Teixeira et al., 2004).

UENF 1579: genótipo de feijão-de-vagem oriundo do Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT). Este material possui hábito de crescimento determinado, flor com coloração lilás e vagens verdes do tipo macarrão, com variegações de cor roxa. As sementes pretas com variegações brancas. Este genótipo também apresenta boa adaptação a altas temperaturas (Teixeira et al., 2004).

UENF 1487: a cultivar de feijão-de-vagem Andra, obtida por Leal (1990), possui hábito de crescimento determinado, flores e sementes de coloração branca e vagens verdes do tipo macarrão.

UENF 1486: desenvolvida por Leal e Bliss (1990), esta cultivar de feijão-de-vagem, conhecido por Alessa, possui hábito de crescimento determinado, flores e sementes de coloração branca e vagens verdes do tipo manteiga.




Figura 1 – Aspectos da planta, vagem, flor e sementes dos seis genitores de *Phaseolus vulgaris* L. utilizados no experimento instalado em Campos dos Goytacazes - RJ, 2009. A) PI 207262; B) BAC 6; C) UENF 1482 (Isla Manteiga Baixo; D) UENF 1579; E) UENF 1487 (Andra); F) UENF 1486 (Alessa).



Figura 1 – Continuação.

Estes genitores foram cruzados em um esquema de dialelo completo sem recíprocos, resultando na obtenção de 15 híbridos F_1 (Tabela 1). Para tanto, foram efetuados plantios semanais de sete vasos por 5 semanas, totalizando 35 vasos para cada genitor.

Tabela 1 - Esquema de dialelo completo sem recíprocos entre os seis genótipos de *Phaseolus vulgaris* utilizados no experimento.

 /	1. PI 207	2. Bac 6	3. UENF 1482	4. UENF 1579	5. UENF 1487	6. UENF 1486
1. PI 207262	1x1	1x2	1x3	1x4	1x5	1x6
2. Bac 6		2x2	2x3	2x4	2x5	2x6
3. UENF 1482			3x3	3x4	3x5	3x6
4. UENF 1579				4x4	4x5	4x6
5. UENF 1487					5x5	5x6
6. UENF 1486						6x6

Os cruzamentos dialélicos foram efetuados entre os meses de julho e outubro de 2008, sendo repetidos entre os meses de fevereiro e maio de 2009, visando à obtenção do maior número possível de sementes F₁. O substrato utilizado para plantio foi composto por 50% de solo, 30% de esterco bovino curtido e 20% de areia, sendo utilizada uma formulação de adubo mineral NPK na proporção de 4-14-8, com aplicação de 2 g de adubo por vaso. Para favorecer o enchimento das vagens, no início da formação das mesmas (estádio R7) procedeu-se a uma adubação de cobertura com 0,75g de sulfato de amônio por vaso.

O cruzamento entre os genitores foi efetuado por meio da técnica de abertura e emasculação do botão floral com esfregaço (Bushland, 1956). A técnica consiste na abertura de um botão floral próximo da antese, estágio caracterizado pelo intumescimento do botão floral, com o uso de pinça reta de ponta fina, removendo-se delicadamente a quilha para exposição das estruturas florais. Procedeu-se, então, à retirada das anteras, deixando ao final somente o estigma não-polinizado. Retirou-se então o estigma de uma flor recentemente

aberta, o qual estava recoberto por pólen e, por meio de esfregaço com o estigma do botão floral que foi aberto, o pólen foi então transferido de um estigma para outro. Posteriormente, o botão floral é fechado pela união das sépalas que o recobriam, sendo o cruzamento identificado por etiquetagem (Figura 2).

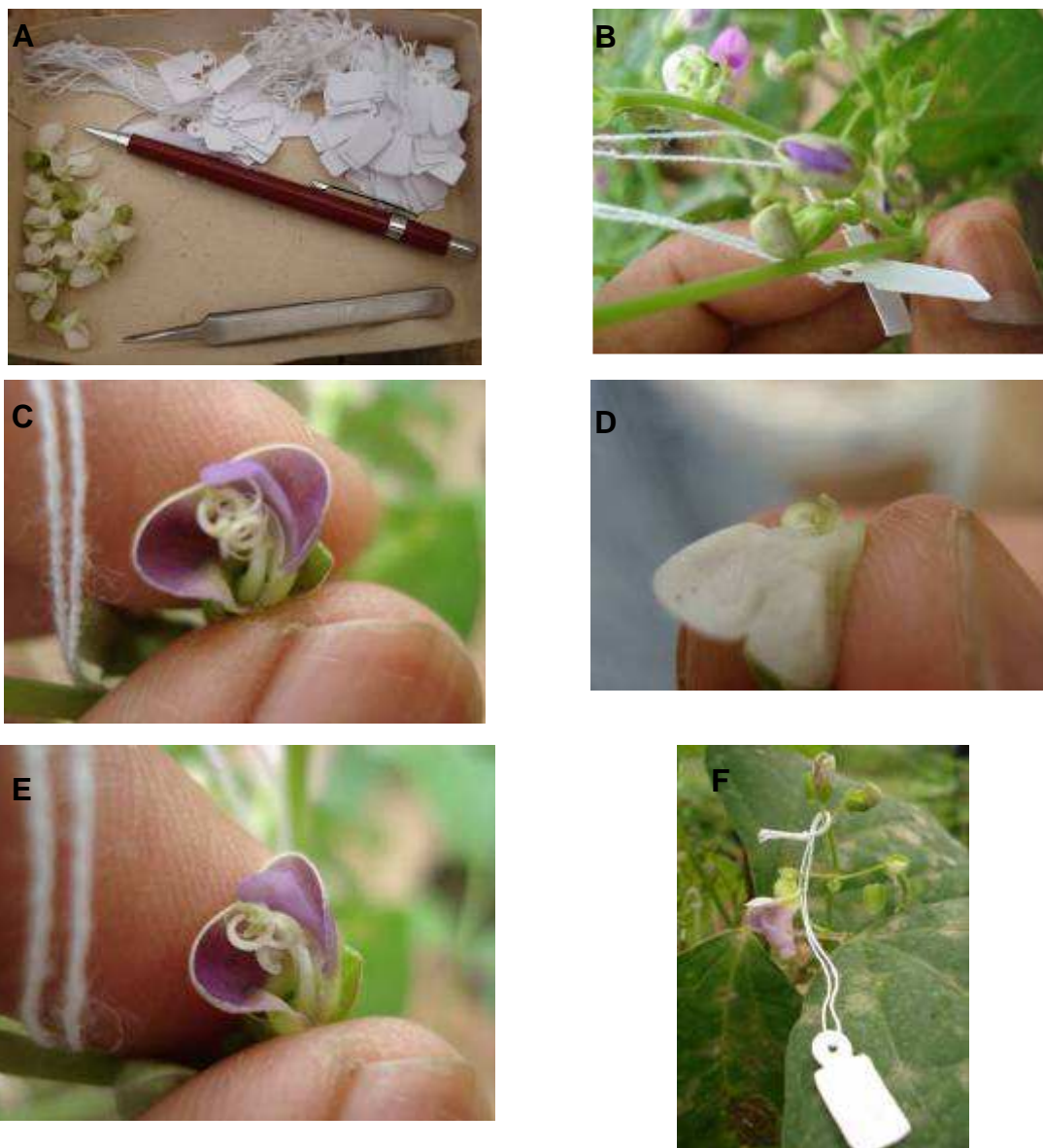


Figura 2 – Etapas do cruzamento entre plantas de *Phaseolus vulgaris* L. Do canto superior e da esquerda para a direita: A) Equipamentos utilizados; B) Abertura do botão floral; C) Exposição das estruturas florais; D) Retirada do estigma de flor fecundada; E) Cruzamento; F) Flor, após o cruzamento, fechada e identificada com etiqueta.

Para obtenção do maior número possível de sementes F_1 , realizaram-se cruzamentos em horários de temperatura mais amena, entre 6 às 10 da manhã e de 15h30min às 17h45min da tarde. Foram feitos cruzamentos diários até o final da floração do último plantio. Somando-se os dois períodos de plantio e cruzamento dos materiais, foram efetuados 987 cruzamentos. Na colheita, as vagens obtidas por hibridação foram colhidas separadamente, identificadas conforme o cruzamento que lhes deu origem e debulhadas, com a separação de suas sementes para as etapas posteriores.

3.2.4.2. Avaliação de características morfoagronômicas na geração F_1

A avaliação dos indivíduos F_1 e de seus genitores ocorreu em casa de vegetação localizada na Unidade de Apoio à Pesquisa do Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias da UENF, entre maio e setembro de 2009. O delineamento experimental foi o de blocos ao acaso, com três repetições e seis vasos para cada genótipo, por parcela experimental. Foram avaliados os seis genitores e seus 15 híbridos F_1 sob inoculação com as estirpes 139-y e 775-9 de *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*, cedidas pelo Instituto Biológico de São Paulo à Bacterioteca do setor de Recursos Genéticos do Laboratório de Genética e Melhoramento Vegetal da UENF. Os vasos foram dispostos aleatoriamente em seis fileiras por bloco, com 126 vasos em cada bloco, totalizando 378 vasos.

Os acessos foram cultivados em vasos de 5 litros com substrato composto por 50% de solo, 30 % de esterco de curral e 20% de areia, sendo utilizada uma formulação de adubo mineral NPK na proporção de 4-14-8, com aplicação de 3 g de adubo por vaso. Foi efetuada uma cobertura com 0,75g de sulfato de amônio em cada vaso, no início da formação das vagens, visando favorecer o seu enchimento. Em cada vaso, foram utilizadas quatro sementes, com desbaste para duas plantas por vaso após a emergência das plântulas. A partir do surgimento da 1ª folha trifoliada (estádio V3), foi coletado material vegetal dos seis genitores e de cada indivíduo F_1 para confirmação dos híbridos, via marcadores ISSR.

Foram avaliados 14 caracteres qualitativos, oriundos da classificação proposta em 1982 pelo *Biodiversity International Institute*, antigo IPGRI, e 16 características quantitativas. As características morfoagronômicas qualitativas são descritas a seguir:

a) Cor da Flor (CF) – receberam duas classificações, conforme a cor de flor existente nos genitores:

1. Branca
2. Lilás

b) Cor da vagem (COV) – foram classificadas em dois tipos:

1. Verde
2. Amarela

c) Cor da semente (CS) – Foi avaliada em sementes provenientes de vagem secas, conforme a seguinte classificação:

1. Preta
2. Roxa
3. Cinza
4. Creme
5. Branca

d) Presença de brilho no tegumento da semente (PBT) - recebeu a seguinte classificação:

1. Presença
2. Ausência

e) Variação no tegumento da semente (VAR) - relativa à presença de estrias ou variações no tegumento da semente. Recebeu a seguinte classificação:

1. Presença
2. Ausência

f) Perfil da vagem (PV) – Foi observado em vagens imaturas e completamente expandidas, recebendo a seguinte classificação:

1. Reto
2. Ligeiramente Curvo
3. Curvo

g) Forma do dente apical da vagem (FDA) – recebeu a seguinte classificação, de acordo com seu formato:

1. Reto
2. Arqueado

h) Posição do dente da vagem (PDV) – recebeu a seguinte classificação:

1. Marginal (alinhado com a sutura ventral do fruto)
2. Não-marginal (não-alinhado com a sutura ventral do fruto)

i) Seção Transversal da vagem (STV) - recebeu a seguinte classificação:

1. Chata
2. Redonda
3. Elíptica
4. Forma de oito

j) Transição do dente apical da vagem (TDA) - recebeu a seguinte classificação:

1. Abrupta
2. Afiliada

k) Tipo de vagem (TV) - recebeu a seguinte classificação:

1. Macarrão (corte transversal redondo)
2. Manteiga (corte transversal chato)

l). Presença de estrias/variegações na vagem (PS) - recebeu a seguinte classificação:

1. Presença
2. Ausência

m). Hábito de crescimento (HAB) - recebeu a seguinte classificação:

1. Determinado
2. Indeterminado

As 16 características morfoagronômicas quantitativas avaliadas no experimento são descritas a seguir:

- a) **Altura de planta (ALT):** distância aferida do colo da planta até seu ápice, em metros.
- b) **Diâmetro do caule (DC):** medido em milímetros, com paquímetro de precisão, na altura do colo da planta.
- c) **Massa seca de parte aérea (MSPA):** medida em gramas, por pesagem da massa seca da parte aérea total menos os grãos, a partir do colo da planta, após secagem em estufa por 48 horas a 65°C.
- d) **Comprimento de vagem (CV):** obtida pela media do comprimento total de sete vagens colhidas aleatoriamente, em milímetros, feito com o auxílio de paquímetro de precisão.
- e) **Diâmetro de vagem (DV):** medida do diâmetro total de sete vagens colhidas aleatoriamente, em milímetros, feita na porção central da vagem, com paquímetro de precisão.
- f) **Altura de inserção da primeira vagem (AIV):** distância entre o colo da planta e a inserção da 1ª vagem; medida em metros.
- g) **Número total de vagens (NTV):** número total de vagens obtidas em 12 plantas de cada genitor.
- h) **Número de vagens por planta (NVP):** número médio de vagens existente em cada planta.
- i) **Número total de sementes (NTS):** número total de sementes colhidas nas 12 plantas da parcela.

- j) Número de sementes por planta (NSP):** número médio de sementes colhidas em cada planta.
- k) Número de sementes por vagem (NSV):** expressa pela média do número de sementes colhidas em 10 vagens de cada genitor.
- l) Dias para floração (DF):** número de dias para o florescimento, quando pelo menos 50% das flores estão abertas.
- m) Peso Total de grãos (PG):** obtido pela pesagem do total de sementes obtidas nas 12 plantas da parcela.
- n) Peso de 100 grãos (P100):** obtido pela pesagem de 100 grãos, tomados aleatoriamente do conjunto total de sementes obtidas no experimento para cada genótipo.
- o) Teor de fibra na vagem (FIBRA):** obtido em amostra de 10 g de vagem *in natura*, trituradas em liquidificador por 3 minutos, que são passadas em peneira de 30 “mesh” e lavadas primeiramente em água corrente e, posteriormente em acetona a 100%. Este material foi seco em estufa a 105°C por 1 hora e pesado em balança de precisão (Frank et al., 1961, citado por Rodrigues, 1997).
- p) Índice de colheita (IC):** razão entre a massa total de grãos colhidos e a massa total da parte aérea somada ao peso dos grãos.

3.2.4.3. Avaliação da resistência ao CBC na geração F₁

A inoculação com *Xap* em folhas foi feita aos 25 dias após o plantio. Para a inoculação, foram utilizados os isolados 139 y e 775-9 de *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*, os quais foram riscados separadamente em placa de petri contendo meio DYGS sólido (Rodrigues Neto et al., 1986). Após 36 horas, as colônias bacterianas foram suspensas em água destilada, e a concentração de células ajustada para 10^7 CFU/mL em espectrofotômetro a 640 nm de absorbância, para uso no mesmo dia (Figura 3).



Figura 3 – Etapas para a inoculação de *Xap* em folhas e vagens de *Phaseolus vulgaris* L efetuada em Campos dos Goytacazes – RJ, 2009. À esquerda: A) Suspensão bacteriana utilizada para inoculação; B) Folha de feijão-de-vagem do genótipo UENF 1482, após inoculação com *Xap*; C) Efeito diferenciado das estirpes de *Xap* em folhas do genótipo BAC 6. À direita: D) Placa de petri utilizada para inoculação em vagens contendo colônias de *Xap*; E) Inoculação de *Xap* em vagens com agulha hipodérmica; F) Efeito diferenciado das estirpes de *Xap* em vagens do cruzamento entre os genótipos BAC 6 e UENF 1482.

Para a inoculação, selecionou-se um trifólio em cada vaso. De cada trifólio dois folíolos eram previamente identificados quanto à estirpe a ser utilizada com

fios de lã de coloração distinta amarrados ao folíolo. Cada folíolo recebeu a inoculação com um dos isolados de *Xap* (139-y ou 775-90), por meio de dois cortes de 2 cm com tesoura previamente imersa na suspensão bacteriana (Santos, 2000) (Figura 3).

A inoculação em vagens foi efetuada 45 dias após o plantio, no início do enchimento das vagens. Foram selecionadas duas vagens por vaso, as quais foram identificadas com fios de lã relativos à estirpe com que seriam inoculadas. Cada vagem foi inoculada com uma estirpe de *Xap* distinta (139-y ou 775-9), por inserção de agulha hipodérmica, previamente inserida em placas de petri contendo meio DYGS sólido, com colônias previamente riscadas de uma das estirpes de *Xap* em três pontos equidistantes da vagem (Figura 3).

Para avaliação da reação à *Xap* em folhas, foram feitas avaliações diárias por 30 dias, de acordo com a seguinte escala diagramática (Pastor-Corrales et al., 1981): 1 = sem sintomas; 2 = 1 a 5% de necrose; 3 = 6 a 25% de necrose; 4 = 26 a 50% de necrose; 5 = > 50% de necrose (Figura 4).

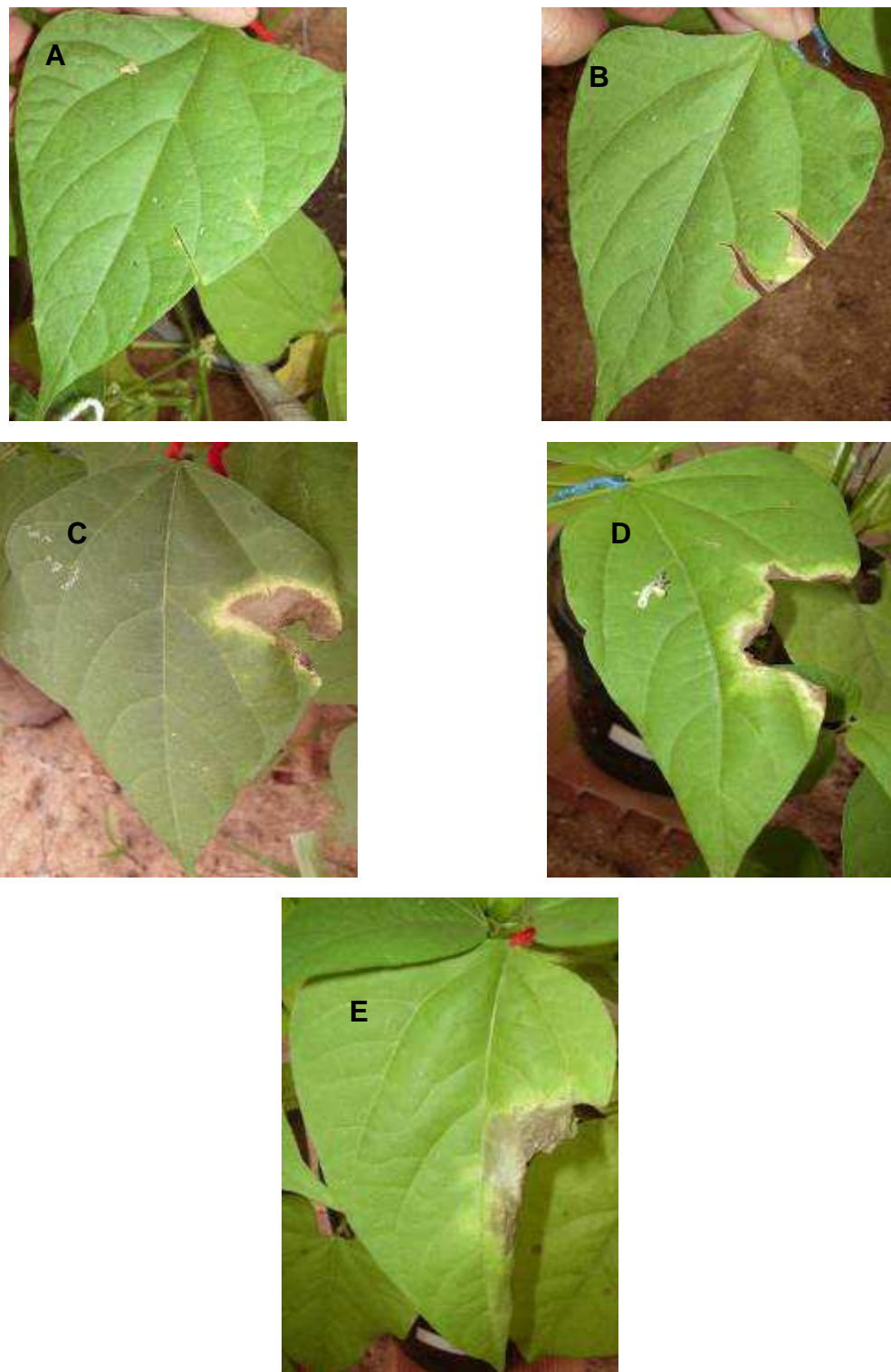


Figura 4 – Escala diagramática de notas utilizada para aferição da resistência ao Crestamento Bacteriano Comum em genótipos de *Phaseolus vulgaris* L. Do canto superior e da esquerda para a direita: A) Genótipo BAC 6: Sem sintomas; B) Genótipo BAC 6: 1 a 5% de necrose; C) Genótipo PI 207262: 6 a 25% de necrose; D) Genótipo Andra: 26 a 50% de necrose; E) Genótipo Andra: > 50% de necrose.

As notas obtidas, pela avaliação do progresso do CBC em folhas, foram utilizadas para cálculo da área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD) conforme a equação a seguir (Campbell e Madden, 1990):

$$AACPD = \sum \frac{(y_i + y_{i+1})}{2.d_{ii}} =$$

em que:

y_i e y_{i+1} = valores de severidade observados em avaliações consecutivas;

d_{ii} = intervalo entre as avaliações.

Por sua vez, a resposta à *Xap* nas vagens foi avaliada pelo diâmetro da lesão (DLV) em milímetros, medido com paquímetro de precisão a partir do ponto de inserção da agulha. Esta avaliação foi feita 10 dias após a inoculação, usando a seguinte classificação (Rodrigues et al., 1998b): resistente = $0 < x < 1$ mm; moderadamente resistente = $1 < x < 2$ mm; moderadamente suscetível = $2 < x < 3$ mm; suscetível = $3 < x < 4$ mm; altamente suscetível = $x > 4$ mm. Além destes dados, foi estimado o período latente (PL), para a inoculação de *Xap* em folhas (dias entre a inoculação em folhas e o surgimento dos sintomas), e a média da notas para o progresso do CBC nas folhas ao longo do período de avaliação.

Durante o período de condução do experimento, as temperaturas máximas e mínimas variaram entre 18,2 a 27°C respectivamente, com umidade relativa do ar entre 69,8 e 85%.

3.2.4.4. Confirmação do cruzamento na população F₁ via marcadores ISSR

As cultivares de feijão-de-vagem possuem estreita base genética, sendo que cerca de 70% do germoplasma de feijão-de-vagem em uso provêm das variedades Tendercrop, Blue Lake e Harvest (Zaumeyer, 1972).

Dentre os marcadores morfológicos mais utilizados para caracterização da hibridação em feijoeiro, encontram-se caracteres como cor de flor, hábito de crescimento, cor de grãos e tipo de vagem (Vieira, 1967; Vieira et al., 1999). Entretanto, o emprego deste tipo de marcadores, para a certificação da hibridação entre cultivares de feijão, é limitado em função da semelhança entre genitores; da

natureza quantitativa da herança de certas características morfológicas, as quais possuem forte efeito ambiental; do número reduzido de marcadores fenotípicos disponíveis; e da possível deleção de marcadores morfológicos em virtude de mutações (Guimarães e Moreira, 1999; Ferreira e Grattapaglia, 2003).

Visando a evitar a possibilidade de que, no cruzamento entre os genótipos de *Phaseolus vulgaris* L., ocorresse uma equivocada confirmação da hibridação, devido à ausência de marcadores morfológicos ou por efeito epistático, pleiotrópico ou ambiental, no marcador selecionado, foram utilizados marcadores ISSR (*Inter simple sequence repeated*) como ferramenta para identificação dos híbridos. Para tanto, foi utilizado o protocolo preconizado por Doyle e Doyle (1997) com as modificações descritas a seguir.

Foram coletadas quatro folhas jovens e tenras de cada genitor e seus 15 híbridos F₁, utilizando 14 plantas para formar uma amostra composta. Estas amostras foram imediatamente colocadas em nitrogênio líquido para preservação de sua integridade. Posteriormente, cada amostra coletada foi macerada separadamente com nitrogênio líquido até a obtenção de um pó fino, do qual uma alíquota de aproximadamente 0,1 g foi transferida para um tubo *ependorf*. Esta amostra foi utilizada para extração de DNA por uso de mini kit (RBC[®]), conforme as instruções do fabricante.

Encerrado o processo de extração do DNA, as amostras foram quantificadas em gel de agarose a 1%. Para tanto, retirou-se uma amostra de 2 µl de DNA de cada genótipo, na qual foram inseridos 6 ng de uma mistura dos corantes *gel red* e *blue juice* na proporção de 1:1. Este DNA foi então aplicado em gel de agarose, juntamente com um quantificador de peso molecular conhecido, variando entre 1000 a 10000 pb (Invitrogen[®]). Comparando-se a intensidade da banda relativa à amostra de DNA e a banda de 1000 pb do quantificador, utilizando o *software Imagej*[®], foi determinada a concentração de DNA na amostra, sendo retirada uma alíquota da amostra original para diluição do DNA a uma concentração de 5 ng.µl⁻¹, que constituiu a amostra de trabalho.

Para a detecção de polimorfismo nos genitores avaliados, foram efetuados testes prévios com 13 *primers** utilizados em trabalhos com a cultura do feijão no LMGV*, dos quais quatro foram selecionados para identificação dos híbridos obtidos no experimento: dois *primers* dímeros, um trímero e um tetrâmero. As

* Ribeiro, E.H., 2009 – Comunicação Pessoal.

sequências dos primers utilizados foram: $(AC)_8YG$, $(GAA)_6AA$, $(GACA)_4$ e $(AC)_8CTT$.

As reações de amplificação foram realizadas em um volume final de 13 μ l, composto por uma mistura de 2 μ l do DNA com os seguintes reagentes: 6,98 μ l de água ultrapura, 1,30 μ l de tampão $10x((NH_4)_2SO_4)$; 1,04 μ l de dNTP; 0,78 μ l de $MgCl_2$; 0,78 μ l do *primer* a ser utilizado e 0,12 μ l de Taq polimerase. Os ciclos de amplificação do DNA seguiram a seguinte sequência: 94°C por 4 minutos, seguido de 94°C por 1 minuto (desnaturação), 48 a 50°C por 1 minuto (anelamento), 72°C por 3 minutos (extensão) e uma extensão final de 72°C por 7 minutos.

Encerrada a amplificação, efetuou-se a adição de uma mistura dos corantes *gel red* e *blue juice* ao DNA resultante da reação, para posterior eletroforese do DNA em gel de agarose a 1,5%, em 80 volts, por 2 horas. Em seguida, o gel foi revelado sob luz ultravioleta. Por comparação entre os padrões de banda revelados pelos genitores com os de seus híbridos, procedeu-se à confirmação dos cruzamentos realizados no experimento.

3.2.4.5. Análises estatísticas

A partir das características mensuradas nos seis genitores e seus híbridos, efetuou-se a análise de variância, empregando-se o modelo genético-estatístico $Y_{ij} = m + g_i + b_j + x_{ij}$, em que:

Y_{ij} = valor fenotípico da ij -ésima observação referente ao i -ésimo genótipo no j -ésimo bloco;

m = média geral da característica;

g_i = efeito do i -ésimo genótipo;

b_j = efeito do j -ésimo bloco; e

x_{ij} = erro experimental médio.

O esquema da análise de variância individual, com as respectivas esperanças dos quadrados médios, considerando-se como fixo a fonte de variação genótipo e aleatório o ambiente, encontra-se na Tabela 2.

Tabela 2 - Análise de variância individual e esperança de quadrados médios, utilizando F₁'s e genitores.

FV	GL	QM	E (QM)
Blocos	b - 1	QM ₃	$\sigma^2 + t \sigma_B^2$
Tratamentos (T)	t - 1	QM ₂	$\sigma^2 + b \phi_T$
Genótipos (pais + F ₁ 's)	g - 1	QM _{2.1}	$\sigma^2 + bTe \phi_G$
Pais	p - 1	QM _{2.1.1}	$\sigma^2 + b \phi_P$
F ₁ 's	F ₁ - 1	QM _{2.1.2}	$\sigma^2 + b \phi_{F1}$
Pais x F ₁ 's	1	QM _{2.1.3}	$\sigma^2 + b \phi_{PF1}$
Erro	(b - 1) (t - 1)	QM ₁	σ^2

em que:

b = número de blocos;

g = número de genótipos (pais + F₁'s); e

T = número de tratamentos (pais + F₁'s).

Após a análise de variância, procedeu-se o agrupamento das médias por meio do teste de Scott-Knott. Também foram estimados os seguintes componentes de variância, com o auxílio do *software* GENES: a) Variância

fenotípica ($\hat{\sigma}_f^2$), expressa por $\hat{\sigma}_f^2 = \frac{QM_{gen}}{r}$; b) Variância genotípica ($\hat{\sigma}_g^2$), expressa

por $\hat{\sigma}_g^2 = \frac{QM_{gen} - QM_{erro}}{r}$; c) Variância ambiental ($\hat{\sigma}^2$), expressa por $\hat{\sigma}^2 = \frac{QM_{erro}}{r}$;

d) Coeficiente de determinação genotípica (H²), expresso por $H^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_f^2}$; e)

Correlação intraclasses (CI), expressa por $\hat{\rho} = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_g^2 + QM_{erro}}$; f) Coeficiente de

variação genotípica (CV_g), expresso por $CV_g\% = \frac{(100\sqrt{\hat{\sigma}_g^2})}{m}$; f) Coeficiente de

variação experimental, expresso por $CV_e\% = \frac{(100\sqrt{QM_{erro}})}{m}$; e g) Índice de variação

(IV), definido como a razão entre o coeficiente de variação genotípica e o coeficiente de variação experimental.

3.2.4.6. Análise dialélica de Griffing e determinação da capacidade combinatória

As análises de capacidade combinatória foram realizadas de acordo com o Método 2 de análise dialélica proposto por Griffing (1956), o qual inclui os genitores e F_1 's, empregando-se o Modelo B, em que se considera como fixo o efeito dos genótipos. O modelo estatístico considerado para a análise é baseado na média das repetições, a saber:

$$Y_{ij} = m + g_i + g_j + s_{ij} + \bar{\varepsilon}_{ij},$$

em que:

Y_{ij} = é o valor médio da combinação híbrida ($i \neq j$) ou do genitor ($i = j$);

m = média geral de todos os tratamentos;

g_i = corresponde ao efeito da capacidade geral de combinação do genitor i ;

g_j = corresponde ao efeito da capacidade geral de combinação do genitor j ;

s_{ij} = corresponde ao efeito da capacidade específica de combinação para os cruzamentos entre os genitores i e j ; e

$\bar{\varepsilon}_{ij}$ = corresponde ao erro experimental médio.

Os estimadores das capacidades geral e específica de combinação foram obtidos por meio do Método dos Mínimos Quadrados e as equações normais $X'Y = X'X\hat{\beta}$, derivadas a partir do modelo linear $Y = X\beta + E$, em que $E \sim \text{NID}(\varphi, I\sigma_q^2)$ (Cruz et al., 2004).

Assim, obtém-se:

$$Y_{..} = \frac{p(p+1)}{2} \hat{m} + (p+1) \sum_i \hat{g}_i + \frac{1}{2} \sum_i (\hat{s}_{ii} + \sum_j \hat{s}_{ij})$$

$$Y_{ii} + Y_{i.} = (p+1) \hat{m} + (p+2) \hat{g}_i + \sum_j \hat{g}_j + (\hat{s}_{ii} + \sum_j \hat{s}_{ij})$$

$$Y_{ij} = \hat{m} + \hat{g}_i + \hat{g}_j + \hat{s}_{ij}$$

Considerando-se as restrições $\sum_i \hat{g}_i = 0$ e $\hat{s}_{ii} + \sum_j \hat{s}_{ij} = 0$ (para cada i)

(Griffing, 1956), obtêm-se os seguintes estimadores dos efeitos (Cruz et al., 2004):

$$\hat{m} = \frac{2}{p(p+1)} Y_{..}$$

$$\hat{g}_i = \frac{1}{p+2} [Y_{ii} + Y_{i.} - (p+1)\hat{m}] = \frac{1}{p+2} \left[Y_{ii} + Y_{i.} - \frac{2}{p} Y_{..} \right]$$

$$\hat{s}_{ij} = Y_{ij} - (\hat{m} + \hat{g}_i + \hat{g}_j) = Y_{ij} - \frac{1}{p+2} [Y_{ii} + Y_{jj} + Y_{i.} + Y_{.j}] + \frac{2}{(p+1)(p+2)} Y_{..},$$

em que:

\hat{m} = estimador da média geral;

\hat{g}_i = estimador do efeito da capacidade geral de combinação; e

\hat{s}_{ij} = estimador do efeito da capacidade específica de combinação.

Então, foram obtidas as somas de quadrados (Cruz et al., 2004):

$$SQ(\hat{m}) = \hat{m}Y_{..} = \frac{1}{p(p+1)} Y_{..}^2$$

$$SQ(\hat{g}_i) = SQ(CGC) = \sum_i \hat{g}_i(Y_{ii} + Y_{i.}) = \frac{1}{p+2} \left[\sum (Y_{ii} + Y_{i.})^2 - \frac{4}{p} Y_{..}^2 \right]$$

$$SQ(\hat{s}_{ij}) = SQ(CEC) = \sum_i \sum_{j \leq i} \hat{s}_{ij} Y_{ij} =$$

$$\sum_i \sum_{j \leq i} Y_{ij}^2 - \frac{1}{p+2} \sum_i (Y_{ii} + Y_{i.})^2 + \frac{2}{[(p+1)(p+2)]} Y_{..}^2$$

O esquema da análise de variância está presente na Tabela 3.

Tabela 3 - Esquema de análise de variância para CGC e CEC, com as respectivas esperanças de quadrados médios e expressões de soma de quadrados, segundo Griffing (1956), Modelo B, Método 2.

FV	GL	SQ	QM	E(QM)	F
CGC	$p - 1$	$SQ(\hat{g}_i)$	QMG	$\sigma^2_{\epsilon} + (p + 2) \phi_g$	QMG/QMR
CEC	$p(p - 1)/2$	$SQ(\hat{s}_{ij})$	QMS	$\sigma^2_{\epsilon} + \phi_s$	QMS/QMR
RESÍDUO	f	SQR	QMR	σ^2_{ϵ}	

f = número de graus de liberdade do resíduo da análise preliminar.

Para cada característica avaliada obteve-se a heterose mediante a média dos genitores e F_1 , por meio da expressão:

$$H_{mp} = \frac{(F_1 - MP)}{MP} \times 100; \text{ sendo que: } MP = \frac{P_1 + P_2}{2}$$

Todas as análises estatísticas foram efetuadas com o auxílio dos programas SISVAR (Ferreira, 2000) e GENES (Cruz, 2006).

3.2.5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.2.5.1. Confirmação dos cruzamentos e avaliação por caracteres qualitativos e quantitativos

Dos 15 cruzamentos efetuados, nove foram comprovados por meio do marcador para cor de flor (CF), em que a coloração lilás teve prevalência sobre a cor branca. A Figura 5 apresenta a distinção para cor de flor em um cruzamento entre os genótipos UENF 1487 e UENF 1579, sendo o primeiro genótipo portador de flor branca e o segundo possui flor de coloração lilás. Pelo exposto na figura, observa-se um efeito de dominância da cor lilás sobre a cor branca. Este fenômeno também foi observado por Rodrigues (1997) e Silva (2002), em genótipos oriundos de cruzamentos dialélicos entre plantas de feijão-de-vagem.

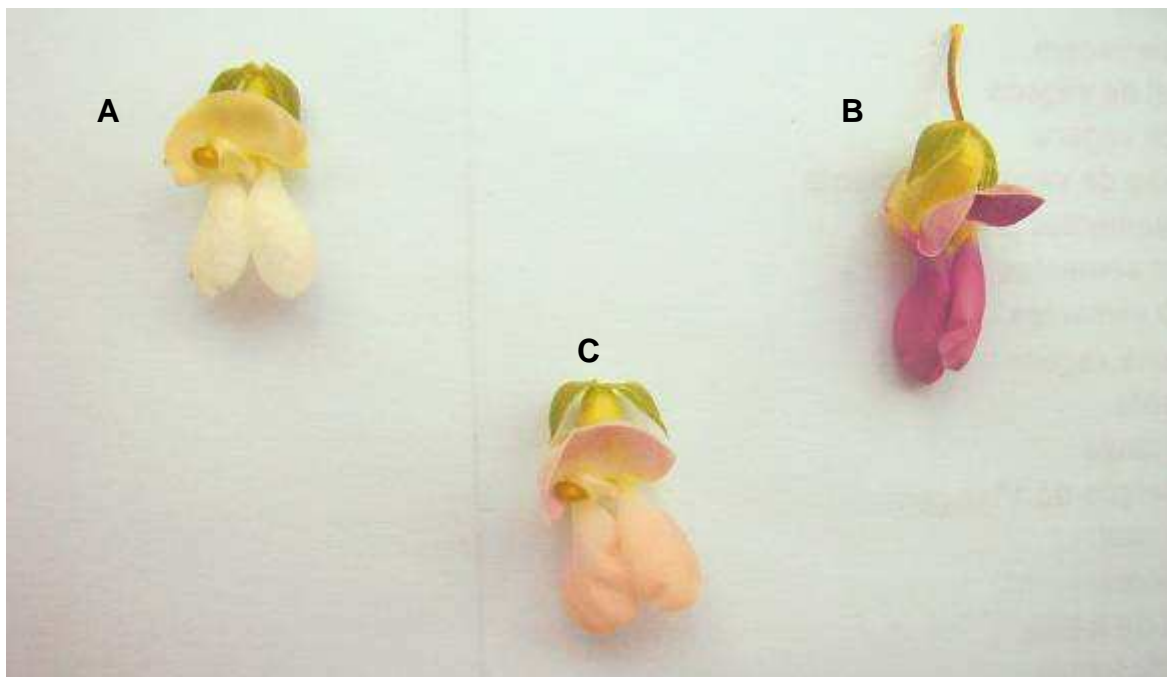


Figura 5 – Efeito de dominância observada para a coloração da flor em híbridos F_1 de feijão-de-vagem. Na parte superior à esquerda: A) Flor do genitor feminino UENF 1487; Na parte superior à direita: B) Flor do genitor masculino UENF 1579. Abaixo, C) A flor resultante do cruzamento entre os dois genótipos (Cruzamento 4x5).

Vieira (1967), revisando diversos autores, confirmou a herança dominante para coloração de flores. O autor referenciou a recessividade da cor branca, sendo que as flores heterozigotas apresentariam leve redução da intensidade da coloração lilás, conforme observado neste experimento (Figura 5).

A coloração de flor é um caráter de controle oligogênico, com pouca variação em função do ambiente. Porém, Gomez et al. (2004), avaliando raças locais de feijoeiro, oriundas de quatro agroecossistemas distintos da Nicarágua, observaram variação para cor de flor desde o branco até a coloração lilás, havendo plantas cujas flores expressaram uma mistura entre as duas colorações. Já Durán et al. (2005), avaliando raças locais do grupo Andino de quatro origens distintas, observaram apenas flores de coloração lilás ou branca, ocorrendo, em alguns locais, flores com uma única coloração.

No caso dos seis cruzamentos restantes entre indivíduos com flores de mesma coloração, para a distinção entre os mesmos, utilizaram-se quatro *primers* ISSR. As imagens da Figura 6 registram o polimorfismo observado para o cruzamento entre os genótipos de feijão comum PI 207262 e BAC 6. Neste cruzamento, observa-se a presença de uma banda mais intensa no genótipo

PI207262 e a sua ausência no genitor BAC 6. Analisando o padrão de banda resultante nos híbridos deste cruzamento à direita, nota-se a presença da banda relativa ao genitor PI 207262, nos genótipos resultantes deste cruzamento, corroborando de forma inequívoca o cruzamento efetuado.

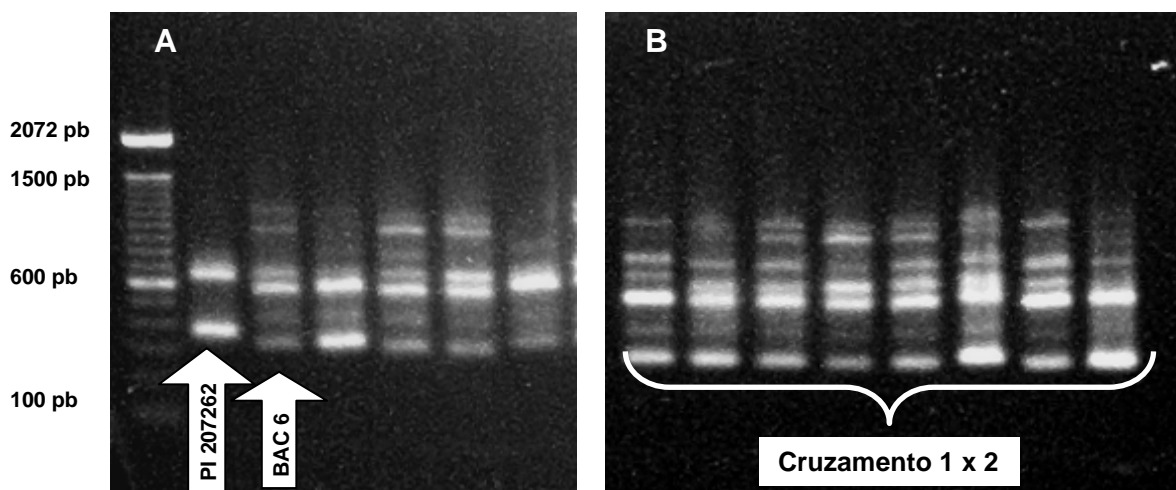


Figura 6 – Confirmação do cruzamento entre seis genitores de *Phaseolus vulgaris* L. em esquema dialélico via marcadores ISSR. A) As setas indicam a presença de banda no genitor masculino PI 207262 e ausência da mesma no genitor feminino BAC 6; B) À direita, a banda do genitor masculino se encontra em todos os seus respectivos híbridos (BAC 6 x PI 207262 = Cruzamento 1x2), corroborando, de forma inequívoca, o cruzamento.

Com relação aos demais caracteres qualitativos, foi observada grande variação entre os híbridos F_1 , refletindo a variabilidade observada nos genitores selecionados para o dialelo (Tabela 4). A média de dias para a floração (DF) esteve entre 37 a 48 dias para os genótipos avaliados, com destaque para a precocidade observada no cruzamento entre os genótipos BAC 6 e UENF 1487 (2x5).

Tabela 4 – Descritores morfoagronômicos relacionados a seis genótipos de *Phaseolus vulgaris* L. e seus 15 híbridos intercruzados em um dialelo completo sem recíprocos.

CARACTERÍSTICAS MORFOAGRONÔMICAS															
GENÓTIPOS	DF	CF	COV	CS	PBT	VAR	P100	PV	FDA	PDV	TDA	STV	TV	PS	HAB
1. PI 207263	44	1	1	4	2	2	23,64	1	1	1	1	1	2	2	2
2. BAC 6	40	1	1	4	2	1	27,57	2	1	1	2	1	2	2	2
3. UENF 1482	46	2	2	1	1	2	18,09	1	2	2	2	1	2	2	1
4. UENF 1579	45	2	1	1	2	1	34,73	1	2	2	1	2	1	1	1
5. UENF 1487	48	1	1	5	2	2	35,16	2	1	1	2	3	1	2	1
6. UENF 1486	39	1	1	5	2	2	37,70	1	1	1	2	1	2	2	1
1x2	41	1	1	2	1	1	27,97	1	1	2	1	1	2	2	2
1x3	42	2	1	1	2	2	38,55	1	2	1	1	1	2	2	2
1x4	42	2	1	1	1	2	31,24	1	2	1	1	1	2	2	2
1x5	40	1	1	4	2	1	36,34	1	2	1	1	1	2	2	2
1x6	38	1	1	2	2	2	32,91	1	1	1	1	1	2	2	2

DF: dias para a floração; CF: cor da flor (1.branca; 2.lilás); COV: cor de vagem (1.verde; 2.amarela); CS: cor da semente(1.preta; 2.roxa; 3.cinza;4.creme; 5.branca); PBT: brilho no tegumento da semente (1.presente; 2. ausente); VAR: presença de variegações no tegumento da semente (1.presença; 2. ausência); P100: peso de 100 sementes; PV: perfil de vagem (1. reta; 2. ligeiramente curva; 3. curva); FDA: forma do dente apical da vagem (1.reto; 2. arqueado); PDV: posição do dente apical da vagem (1.marginal; 2. não-marginal); STV: seção transversal da vagem (1.chata; 2.redonda; 3.elíptica; 4.forma de oito); TDA: transição do dente apical da vagem (1. abrupta; 2.afiliada); TV: tipo de vagem (1.macarrão; 2. manteiga); 12. PS: presença de estrias/variegações na vagem (1.presença; 2. ausência); HAB: hábito de crescimento (1.determinado; 2. indeterminado).

Tabela 4 – Continuação.

CARACTERÍSTICAS MORFOAGRONÔMICAS															
GENÓTIPOS	DF	CF	CV	CS	PBT	VAR	P100(g)	PV	FDA	PDV	TDA	STV	TV	PS	HAB
2x3	48	2	1	1	2	1	36,04	1	2	1	1	1	2	2	2
2x4	45	2	1	3	2	1	32,90	1	2	1	1	1	2	2	2
2x5	37	1	1	3	2	1	37,76	1	2	1	1	1	2	2	2
2x6	47	1	1	2	1	1	30,67	1	2	2	2	1	2	2	2
3x4	45	2	1	1	2	1	43,14	1	1	1	2	4	1	1	1
3x5	45	2	1	1	2	1	32,18	2	2	1	2	3	1	2	1
3x6	47	2	1	1	2	2	34,04	1	1	1	2	2	1	2	1
4x5	46	2	1	2	2	1	43,91	1	2	2	2	2	1	2	1
4x6	46	2	1	1	2	1	36,19	1	1	1	2	2	1	2	1
5x6	43	1	1	5	2	2	33,26	1	1	1	1	1	2	2	1

DF: dias para a floração; CF: cor da flor (1.branca; 2.lilás); COV: cor de vagem (1.verde; 2.amarela); CS: cor da semente(1.preta; 2.roxa; 3.cinza;4.creme; 5.branca); PBT: brilho no tegumento da semente (1.presente; 2. ausente); VAR: presença de variegações no tegumento da semente (1.presença; 2. ausência); P100: peso de 100 sementes; PV: perfil de vagem (1. reta; 2. ligeiramente curva; 3. curva); FDA: forma do dente apical da vagem (1.reto; 2. arqueado); PDV: posição do dente apical da vagem (1.marginal; 2. não-marginal); STV: seção transversal da vagem (1.chata; 2.redonda; 3.elíptica; 4.forma de oito); TDA: transição do dente apical da vagem (1. abrupta; 2.afiliada); TV: tipo de vagem (1.macarrão; 2. manteiga); 12. PS: presença de estrias/variegações na vagem (1.presença; 2. ausência); HAB: hábito de crescimento (1.determinado; 2. indeterminado).

Em uma avaliação da divergência genética entre 20 genótipos de feijão-de-vagem, o número de dias para floração foi a característica com maior variação entre os genótipos estudados, variando entre 42 e 57 dias (Peixoto et al., 2002a). Por sua vez, Teixeira et al. (2004) observaram médias de dias para floração em 14 acessos de feijão-de-vagem de hábito determinado entre 38 e 54 dias, para o período de outono/inverno, e entre 36 e 50 dias para o cultivo de verão.

Estes dados demonstram que o período entre a semeadura e a antese é uma característica morfoagronômica que varia tanto em função do genótipo em questão quanto com o ambiente. Porém, Silva et al. (2004b), avaliando cinco genótipos de feijão-de-vagem em um dialelo completo utilizando a metodologia dialélica de Hayman, observaram a predominância de efeitos aditivos para número de dias para floração, com estimativas de herdabilidade no período restrito de 0,9014.

Todos os cruzamentos efetuados resultaram em vagens de coloração verde (COV – Tabela 4), denotando uma dominância desta cor sobre a coloração amarela da vagem, presente em UENF 1482, o qual participou de cinco cruzamentos. Este efeito de dominância da coloração verde da vagem sobre as demais cores possíveis em *Phaseolus vulgaris* é confirmado por Vieira (1967) e Ramalho et al. (1993), constituindo um caráter com baixa interferência ambiental em sua expressão.

Houve intensa variação no tegumento das sementes no que se refere à coloração (CS), brilho (PBT) e variegação (VAR) (Tabela 4). Foi observada uma predominância da cor preta nas sementes avaliadas e presença de variegação no tegumento (Tabela 4). A maioria dos híbridos avaliados apresentou sementes opacas, sem brilho.

Para a característica peso de 100 sementes (P100), observou-se grande variação no tamanho das sementes, com uma tendência para sementes “tipo” andino, de tamanho grande, com peso de 100 sementes acima de 35 g, as quais são características da cultura do feijão-de-vagem (Silbernargel et al., 1991; Filgueira, 2003) (Tabela 4). Peixoto et al. (2002a; 2002b) ressaltam que sementes de maior tamanho podem causar deformidades nas vagens, prejudicando seu aspecto comercial. Porém, genótipos com sementes grandes, de cor branca e formato cilíndrico, possibilitam a obtenção de cultivares para dupla finalidade: produção de vagens e grãos.

As características morfoagronômicas ligadas à qualidade da vagem expressaram grande variação (Tabela 4), com exceção do perfil da vagem (PV), em que a grande maioria dos genótipos avaliados se enquadraram nas classes reta ou ligeiramente curva, o que se coaduna com o desejável para o mercado (Maluf et al., 2001; Filgueira, 2003). Observou-se grande variabilidade no que tange à forma (FDA), posição (PDV) e transição do dente apical da vagem (TDA), não sendo possível uma relação direta de herança com relação a esta estrutura da vagem e os genitores avaliados no experimento, denotando que esta característica pode estar sob controle oligogênico, ou mesmo poligênico.

Com relação à seção transversal da vagem (STV), observou-se uma correlação entre este caráter e o tipo de vagem (TV). Como era esperado, vagens do tipo manteiga tiveram seção transversal chata, enquanto que a seção transversal de vagens do tipo macarrão variou entre redonda, elíptica e a forma de oito (Tabela 4). Segundo Abreu et al. (2004), observa-se no mercado, uma preferência por vagem do tipo manteiga. Contudo, Peixoto et al. (2002a) apontam as vagens do tipo macarrão como portadoras de menor teor de fibra, quando comparadas com as vagens do tipo manteiga, as quais possuem características mais semelhantes às vagens de feijão comum. Desta forma, existe mercado tanto para a vagem do tipo macarrão quanto para o tipo manteiga, sem uma preferência definida do consumidor em relação ao tipo de vagem.

Ocorreu ausência de estrias para a maioria dos cruzamentos, sendo observadas variegações na vagem apenas no cruzamento entre os genótipos UENF 1482 e UENF 1579 (Híbrido 3x4), refletindo uma dominância do genótipo UENF 1579, o único dentre os genitores selecionados que apresenta este caráter.

O hábito de crescimento (HAB) variou conforme os genitores utilizados no cruzamento em questão (Tabela 4). Quando o cruzamento ocorreu entre genótipos de feijão-de-vagem de hábito determinado, sua descendência seguiu o mesmo padrão de crescimento. Porém, quando do cruzamento entre um dos genótipos de feijão-de-vagem de hábito determinado com os genitores de feijão comum PI 207262 e BAC 6, observou-se uma descendência com plantas de hábito indeterminado. Estes dados concordam com o descrito por Viera (1967), que descreve a herança, para hábito de crescimento indeterminado, como dominante sobre o hábito determinado.

De Ron et al. (2004) avaliaram 121 genótipos de *Phaseolus vulgaris* em três localidades, durante dois anos, para características relacionadas à qualidade das vagens e a outros caracteres morfoagronômicos de interesse. Neste estudo, embora os autores observassem variação quanto ao hábito de crescimento, formato e coloração de vagens, a maioria dos genótipos avaliados foi de hábito indeterminado, e a presença de curvaturas de coloração verde nas vagens foram características que os autores consideraram predominantes para feijão-de-vagem, independentemente das variações relativas aos ambientes de avaliação.

O uso de cultivares de feijão-de-vagem com hábito determinado possibilita uma série de vantagens no manejo da cultura, como a eliminação da necessidade de tutoramento; facilidade nos tratos culturais e na colheita, e ciclo reduzido (Férrandez, et al., 1986; Filgueira, 2003). Desta forma, o controle da herança para este caráter deve ser mais estudado durante o avançar das gerações segregantes, a fim de se recuperar a presença do hábito determinado nas plantas estudadas sem que se perca a herança para resistência ao CBC, visto que, dentre os genitores avaliados, os acessos de feijão comum são os detentores desta característica.

3.2.5.2. Avaliação de características morfoagronômicas em *Phaseolus vulgaris* L.

Pela análise de variância, observa-se a ocorrência de efeito significativo de genótipo para todas as 14 características morfoagronômicas avaliadas, com exceção do teor de fibra na vagem (FIBRA) (Tabela 5). Este caráter teve uma média geral de 0,78, um valor próximo ao observado por Silva et al. (2004a) e Barbé et al. (2010). Os valores do coeficiente de variação experimental ($CV_e\%$) variaram entre 6,79 e 26,66%, indicando bom controle do ambiente.

Tabela 5 – Estimativa dos quadrados médios, obtidos pela análise de variância e componentes de variância, para 14 características morfoagronômicas avaliadas em seis genitores e 15 híbridos de *Phaseolus vulgaris* L. intercruzados em dialelo

FV	GL	ALT	DC	MSPA	CV	DV	AIV	NTV
Rep	2	0,0386	0,3519	42,2034	544,1801	13,8795	0,0018	711,8678
Gen	20	0,4261**	0,2918**	14,9205*	1803,2044**	5,8412**	0,0026**	1377,5055**
Erro	40	0,0887	0,1209	7,9062	95,1357	2,1428	0,0007	433,0812
Média		1,12	5,12	21,53	143,58	7,63	0,24	106,3830
CV _e (%)		26,66	6,79	13,06	6,79	19,17	11,33	19,56
$\hat{\sigma}^2_f$		0,1420	0,0973	4,9735	601,0678	1,9471	0,0009	459,1678
$\hat{\sigma}^2_{amb}$		0,02958	0,0403	2,6354	31,7119	0,7143	0,0003	144,3604
$\hat{\sigma}^2_g$		0,1124	0,0569	2,3381	569,3559	1,2328	0,0006	314,8074
H ²		79,17	58,54	47,01	94,72	63,32	70,58	68,56
CI		55,89	32,00	22,82	85,68	36,52	44,44	42,09
CV _g (%)		30,01	4,6	7,10	16,62	14,54	10,13	16,67
IV		1,13	0,69	0,54	2,45	0,76	0,89	0,85
FV	GL	NVP	NTS	NSP	NSV	PG	FIBRA	IC
Rep	2	20,3064	4120,0232	114,4290	0,142386	1018,0113	0,01835	22,0731
Gen	20	37,4639**	59952,0639**	1665,3197**	1,7334*	5850,916**	0,0261 ^{ns}	181,9370**
Erro	40	12,0016	6550,6606	181,9526	0,9059	787,0968	0,0408	18,7968
Média		17,74	407,2746	67,8790	6,7128	148,95	0,78	52,31
CV _e (%)		19,52	19,87	19,87	14,17	18,83	25,81	8,29
$\hat{\sigma}^2_f$		12,4879	19984,0213	555,1065	0,5778	1950,3052	0,0087	60,6458
$\hat{\sigma}^2_{amb}$		4,0005	2183,5535	60,6508	0,3019	262,3656	0,0136	6,2656
$\hat{\sigma}^2_g$		8,4874	17800,4677	494,4556	0,2758	1687,9396	-	54,3802
H ²		67,96	89,07	89,04	47,73	86,55	-	89,67
CI		41,42	73,09	73,12	23,33	68,19	-	74,31
CV _g (%)		16,41	32,75	32,78	7,82	27,58	-	14,09
IV		0,84	1,65	1,68	0,55	1,46	-	1,70

*** significativo pelo teste F aos níveis de 5 e 1% de probabilidade. ALT: altura da planta; DC: diâmetro do caule; MSPA: massa seca de parte aérea; CV: comprimento de vagem; DV: diâmetro da vagem; AIV: altura de inserção da 1ª vagem; NTV: número total de vagens; NVP: número de vagens por planta; NTS: número total de sementes; NSP: número de sementes por planta; NSV: número de sementes por vagem; PG: peso de grãos; FIBRA: teor de fibra nas vagens; IC: índice de colheita. CV_e(%): coeficiente de variação experimental; $\hat{\sigma}^2_f$: variância fenotípica; $\hat{\sigma}^2_{amb}$: variância ambiental; $\hat{\sigma}^2_g$: variância genotípica; H²: coeficiente de determinação genotípica; CI: correlação intraclasse; CV_g(%): coeficiente de variação genotípico; IV: índice de variação.

As estimativas de variância fenotípica ($\hat{\sigma}^2_f$), genotípica ($\hat{\sigma}^2_g$) e ambiental ($\hat{\sigma}^2_{amb}$) encontradas denotam uma grande variabilidade para todas as características avaliadas. Houve predominância de efeitos de $\hat{\sigma}^2_g$ sobre os efeitos ambientais, com exceção da massa de parte aérea (MSPA) e do número médio de sementes por vagem (NSV) (Tabela 5). Em função de não se observar efeito de genótipos para FIBRA, não foi possível a estimação de componentes de variância para esta característica.

O coeficiente de determinação genotípica (H^2), estimado com base nas médias das famílias, variou entre 47,01 e 94,72, valores observados nas variáveis massa seca de parte aérea (MSPA) e comprimento de vagens (CV), respectivamente (Tabela 5). Os valores do índice de variação (IV) oscilaram entre 0,54 e 2,45. Valores mais elevados para H^2 e IV indicam a possibilidade de que as características morfoagronômicas avaliadas estejam relacionadas a genes aditivos, os quais poderiam ser transmitidos às gerações posteriores por endogamia.

Rodrigues (1997), avaliando seis características morfoagronômicas em um dialelo completo sem recíprocos, composto por três genótipos de feijão-de-vagem e dois genótipos de feijão comum, juntamente com os dez híbridos obtidos nestes cruzamentos, observou variações entre 81,8 e 94,4 e, entre 1,22 e 2,37, para H^2 e IV, respectivamente.

As estimativas de correlação intraclasses (CI) obtidas (Tabela 5) variaram entre 22,82 e 89,67, enquanto que o coeficiente de variação genotípico ($CV_g\%$) variou entre 4,60 e 32,78, denotando grande variação em função da característica avaliada e do genótipo em questão.

Os valores de média apresentados na Tabela 6 expressam a elevada variabilidade observada, resultando na formação dos grupos pelo teste de agrupamento de Scott-Knott. Com efeito, formaram-se quatro grupos para a variável comprimento de vagem (CV), três grupos para o número total de vagens (NTV), número de vagens por planta (NVP), número total de sementes (NTS), número de sementes por planta (NSP), peso de grãos (PG) e índice de colheita (IC), e dois grupos para as variáveis restantes, com exceção das variáveis MSPA e FIBRA, nas quais se observou o agrupamento de todos os genótipos em uma única classe.

Tabela 6 – Valores médios obtidos para 14 características morfoagronômicas avaliadas em seis genitores e 15 híbridos F₁ de *Phaseolus vulgaris* L. inter cruzados em dialelo em Campos dos Goytacazes – RJ, 2009.

GENÓTIPOS	ALT (m)	DC (mm)	MSPA (g)	CV (mm)	DV (mm)	AIV (m)	NTV	NVP	NTS	NSP	NSV	PG (g)	FIBRA	IC
1. PI 207263	1,50a	4,53b	20,64a	95,73d	5,69b	0,20b	129,33a	21,56a	594,00a	99,00a	6,83a	156,02b	0,85a	55,76a
2. BAC 6	1,26a	5,18b	18,42a	122,39c	6,04b	0,24b	122,67a	20,45a	538,67a	89,78a	7,16a	161,86b	0,68a	59,13a
3. UENF 1482	0,73b	4,99b	20,85a	153,95b	6,98b	0,22b	94,00b	13,44c	243,00c	40,50c	5,15b	53,05c	0,70a	29,63c
4. UENF 1579	0,58b	4,88b	22,80a	154,95b	8,66a	0,22b	71,33c	11,89c	264,33c	44,06c	7,42a	105,36c	0,79a	43,77b
5. UENF 1487	0,63b	4,89b	16,96a	165,66a	8,59a	0,23b	76,00c	15,22b	245,00c	40,83c	6,59b	93,27c	0,68a	47,58b
6. UENF 1486	0,50b	5,66a	19,50a	184,36a	6,71b	0,24b	76,00c	12,67c	224,00c	37,33c	5,91b	97,22c	0,70a	45,36b
1x2	1,38a	5,13b	21,31a	102,07d	5,66b	0,24b	112,67a	18,78a	596,67a	99,44a	7,51a	176,76a	0,81a	57,62a
1x3	1,50a	4,82b	23,91a	116,75c	6,35b	0,24b	138,00a	23,00a	516,33a	86,05a	7,48a	193,65a	0,87a	57,40a
1x4	1,42a	4,88b	22,34a	143,25b	6,24b	0,30a	118,67a	19,78a	596,67a	99,45a	8,17a	212,88a	0,75a	61,18a
1x5	1,38a	4,74b	25,14a	122,93c	6,51b	0,29a	127,33a	21,22a	400,67b	66,78b	6,29b	157,00b	0,82a	50,06b
1x6	1,63a	5,78a	24,29a	131,54c	7,88a	0,31a	111,33a	18,56a	560,33a	93,39a	7,12a	207,41a	0,80a	59,14a
2x3	0,87b	5,11b	24,42a	157,41b	8,55a	0,27a	84,00b	14,00b	390,67b	65,11b	7,40a	155,08b	0,91a	51,09b
2x4	1,51a	5,04b	20,52a	124,96c	10,68a	0,22b	114,00a	19,00a	534,67a	89,11a	7,07a	188,97a	0,80a	60,65a
2x5	1,49a	5,45a	21,23a	144,90b	8,95a	0,23b	124,67a	20,78a	449,00b	74,83b	6,38b	192,43a	0,79a	59,96a
2x6	0,70b	5,15b	19,62a	170,51a	9,22a	0,22b	84,67b	14,11b	251,33c	41,89c	6,05b	98,60c	0,79a	45,59b
3x4	0,72b	5,35a	24,45a	170,43a	9,44a	0,24b	108,00a	18,00a	310,00c	51,67c	5,79b	139,22b	0,71a	48,49b
3x5	1,38a	4,99b	21,57a	123,56c	7,86a	0,21b	132,00a	22,00a	496,67a	82,78a	7,56a	180,89a	0,90a	57,98a
3x6	1,27a	5,53a	22,09a	147,27b	6,34b	0,24b	130,67a	21,78a	481,00b	80,17b	6,69b	187,88a	0,89a	58,79a
4x5	1,10a	4,89b	20,58a	141,03b	7,33b	0,23b	103,38a	17,23a	412,10b	68,69b	6,46b	145,56b	0,55a	54,10a
4x6	1,23a	5,29a	23,09a	170,10a	8,61a	0,26a	97,33b	16,22b	236,67c	39,45c	5,71b	122,15c	0,74a	47,02b
5x6	0,68b	5,21b	18,43a	171,34a	8,03a	0,25b	78,00b	13,00c	211,00c	35,17c	6,22b	102,58c	0,92a	48,15b

Médias seguidas de uma mesma letra não diferem entre si pelo teste de agrupamento de Scott-Knott a 5% de probabilidade ALT: altura da planta; DC: diâmetro do caule; MSPA: massa seca de parte aérea; CV: comprimento de vagem; DV: diâmetro da vagem; AIV: altura de inserção da 1ª vagem; NTV: número total de vagens; NVP: número de vagens por planta; NTS: número total de sementes; NSP: número de sementes por planta; NSV: número de sementes por vagem; PG: peso de grãos; FIBRA: teor de fibra nas vagens; IC: índice de colheita.

A ausência de formação de grupos para MSPA explica o valor reduzido de H^2 e $CV_g\%$ (Tabela 5) nesta característica em comparação com outros caracteres avaliados. Porém este fato não significa que não exista variação genotípica para este caráter, o que se comprova com base na significância a 5% de seu quadrado médio de genótipo, revelando que existe baixa magnitude de variação entre os dados, mas não a inexistência de variabilidade genotípica (Tabela 5).

Foi extensa a amplitude entre os valores mínimo e máximo observados para FIBRA (Tabela 6), que variaram entre 0,55 e 0,92, respectivamente, o que explica seu alto $CV_e\%$ (Tabela 5). Embora este resultado seja distinto do esperado, sabe-se que, enquanto o melhoramento do feijão-de-vagem é focado em qualidade de vagem e teor de fibra, o melhoramento do feijão comum é focado em produtividade e qualidade de grãos (Leal e Carrijo, 1992; Zimmerman et al., 1996). Sendo assim, o cruzamento entre genótipos de feijão-de-vagem e genótipos de feijão comum, como efetuado neste experimento, pode ocasionar alterações em características de interesse agrônomo. Um dos maiores desafios, para o melhoramento do feijão-de-vagem, é o desenvolvimento de cultivares adaptadas a fatores ambientais adversos, sem que isto afete o valor comercial do produto (Castellane et al., 1988; Silva et al., 2004b; Traka-Mavrona et al., 2001; De Ron et al., 2004).

Considerando-se as características morfoagronômicas PG, NTV, IC e MSPA, como componentes determinantes da produtividade em *Phaseolus vulgaris* L. (Trindade et al., 2010), observam-se valores elevados para todos estes caracteres nos genitores PI 20726 e BAC 6, além de se destacar o valor de MSPA para o genitor UENF 1579 (Tabela 6). Dentre os híbridos avaliados, não foi possível apontar uma combinação que apresentasse médias elevadas para todos estes caracteres morfoagronômicos, mas podem destacar-se os altos valores de PG para a combinação 1x4 e a elevada estimativa para número de vagens na combinação 1x3 (Tabela 6).

A qualidade das vagens está relacionada ao comprimento, ao diâmetro e ao teor de fibra na vagem (Maluf et al., 2001; Abreu et al., 2004). Considerando-se estas características em conjunto, o acesso UENF 1486 (cultivar Alessa) se distinguiu com um alto valor de CV e baixos valores para o diâmetro de vagens (DV) e FIBRA (Tabela 6), configurando o perfil de vagem preferido no mercado, ou seja, vagens compridas, de formato achatado, do tipo manteiga e com baixo

teor de fibra (Filgueira, 2003; Abreu et al., 2004). Dentre os híbridos avaliados, os cruzamentos 2x6, 3x4 e 4x6 apresentaram altos valores de CV e valores satisfatórios de FIBRA, o que pode estar ligado à presença do genitor UENF 1486 em dois destes cruzamentos.

Merece consideração os elevados valores de NTV, NTS e PG expressos nos cruzamentos 3x5 e 3x6. Caso estes altos valores de produção de vagens e grãos estejam vinculados à expressão de genes herdáveis e com efeito aditivo, pode-se pensar na possibilidade de obtenção de cultivares de feijão-de-vagem de dupla finalidade, ou seja, para produção de vagens e grãos, o que diversifica a oferta de produtos por parte do agricultor, por meio da exploração da cultura conforme o mercado lhe for mais conveniente (Rodrigues et al., 1998a; Peixoto et al., 2002a; 2002b; Abreu et al., 2004).

Destaque também deve ser dado aos caracteres altura de planta (ALT) e altura de inserção da 1ª vagem (AIV). A AIV é uma característica que contribui para a sanidade e qualidade do produto final, devido ao afastamento da vagem da superfície do solo, evitando a contaminação da mesma com patógenos (Pinto et al., 2001). Para AIV, os maiores valores foram encontrados para os híbridos 1x6 e 5x6.

Como um dos alvos do experimento é a obtenção de híbridos de *Phaseolus vulgaris* que possibilitem a obtenção de cultivares de feijão-de-vagem com hábito de crescimento determinado, após sucessivas gerações de autofecundação, devem ser observados os valores de ALT nos acessos UENF 1486, UENF 1487 e UENF 1579, e dos híbridos 2x6, 3x4 e 5x6, para os quais se registraram valores entre 60 e 70 cm para este caráter.

Teixeira et al. (2004), avaliando 14 acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento determinado em duas estações distintas de cultivo, obtiveram valores de ALT e AIV entre 0,26 e 0,70 m e 0,06 e 0,11 m. Neste experimento, observou-se a ausência de interação genótipo ambiente para AIV, e que plantas de porte reduzido apresentaram menores valores de AIV, indicando a existência de correlação entre altura da planta e AIV.

Importante também destacar que, além da altura característica de um genótipo com hábito de crescimento determinado, o cruzamento 5x6 apresentou valor elevado de AIV, o que indica a possibilidade de obtenção de genótipos superiores para ALT e AIV a partir deste cruzamento.

3.2.5.3. Capacidade combinatória para características morfoagronômicas em *Phaseolus vulgaris* L.

Os quadrados médios de CGC foram significativos para todas as características morfoagronômicas avaliadas, com exceção para o teor de fibra, com uma predominância dos valores do quadrado médio de CGC sobre os quadrados médios de CEC, exceto em FIBRA (Tabela 7).

As estimativas de quadrados médios de CEC foram altamente significativas em 5 ou 1% de probabilidade para todas as características, com exceção de DC, MSPA, DV, NSV e FIBRA, indicando que estas características são controladas por genes de efeito aditivo, o que possibilita o melhoramento por uso de métodos mais simples, como o SSD ou o método *bulk* (Cruz et al., 2004; Souza et al., 2008a).

Para as médias dos quadrados dos efeitos de CGC e CEC, houve maior magnitude dos efeitos de CGC sobre CEC para DC, MSPA, CV, DV, NSV e FIBRA, enquanto que, para ALT, AIV, NTV, NVP, NTS, NSP e PG, observou-se maior magnitude dos efeitos de CEC (Tabela 7).

De todo modo, para todas as características avaliadas, houve expressão do efeito de aditividade, demonstrando que a seleção de genitores superiores, dentre os acessos utilizados, resultará em ganhos por seleção.

Embora tenham sido observados valores mais elevados para a média dos quadrados dos efeitos de CEC em ALT e AIV, a magnitude desta distância com relação à média dos quadrados da CGC foi muito pequena, demonstrando tendência à equivalência entre efeitos aditivos e não-aditivos na expressão destes caracteres.

Tabela 7 – Análise de variância para a capacidade geral (CGC) e específica (CEC) de combinação e média dos quadrados dos efeitos de CGC e CEC para 14 características morfoagronômicas, avaliadas em seis genitores e 15 híbridos de *Phaseolus vulgaris* L. intercruzados em dialelo, em Campos dos Goytacazes – RJ, 2009.

FV	GL	ALT	DC	MSPA	CV	DV	AIV	NTV
Genótipo	20	0,4269**	0,2914**	14,9193*	1803,1678**	5,8401**	0,0025**	1377,5514**
CGC	5	1,0320**	0,6686**	35,7813**	6594,0911**	14,7083**	0,0029**	2193,5258**
CEC	15	0,2252**	0,1656 ^{ns}	7,9653 ^{ns}	206,1934*	2,8840 ^{ns}	0,0023**	1105,5600*
Erro	40	0,0888	0,1209	7,9062	95,1357	2,1428	0,0008	433,0812
Média dos quadrados dos efeitos								
CGC		0,0393	0,0228	1,1615	270,7898	0,5236	0,0001	73,3518
CEC		0,0455	0,0149	0,0197	37,0193	0,2471	0,0005	224,1596

FV	GL	NVP	NTS	NSP	NSV	PG	FIBRA	IC
Genótipo	20	37,4948**	59952,6338**	1665,2693**	1,7310*	5850,8717**	0,0259 ^{ns}	181,9271**
CGC	5	56,9057**	141907,9787**	3941,4293**	2,2496*	10816,9548**	0,0189 ^{ns}	398,2859**
CEC	15	31,0244*	32634,1856**	906,5492**	1,5581 ^{ns}	4195,5107**	0,0282 ^{ns}	109,8075**
Erro	40	12,0016	6550,6603	181,9526	0,9059	787,0968	0,0408	18,7968
Média dos quadrados dos efeitos								
CGC		1,8710	5639,8882	156,6448	0,0559	417,9108	-0,0009	15,8120
CEC		6,3409	8694,5083	241,5322	0,2173	1136,1379	-0,0042	30,3369

*,** significativo pelo teste F aos níveis de 5 e 1% de probabilidade. ALT: altura da planta; DC: diâmetro do caule; MSPA: massa seca de parte aérea; CV: comprimento de vagem; DV: diâmetro da vagem; AIV: altura de inserção da 1ª vagem; NTV: número total de vagens; NVP: número de vagens por planta; NTS: número total de sementes; NSP: número de sementes por planta; NSV: número de sementes por vagem; PG: peso de grãos; FIBRA: teor de fibra nas vagens; IC: índice de colheita.

Em um dialelo completo, utilizando-se três genitores de feijão-de-vagem e dois genitores de feijão comum, os efeitos de dominância foram de maior importância para a massa total da planta, enquanto que os efeitos aditivos foram superiores para o comprimento de vagem (Rodrigues et al., 1998a). Kurek et al. (2000), avaliando seis genótipos de feijão comum quanto a quatro características morfoagronômicas relacionadas à produção de grãos, observaram superioridade dos quadrados médios de CGC sobre os quadrados médios de CEC.

Analisando um dialelo para cinco características morfoagronômicas avaliadas em genitores e híbridos de feijão-de-vagem, Silva et al. (2004a) constataram grande magnitude dos valores de quadrado médio de CGC para todos os caracteres avaliados, enquanto que os valores de quadrado médio para CEC foram significativos apenas para número de sementes por vagem e altura de inserção da 1ª vagem. Por sua vez, Gonçalves-Vidigal et al. (2008), avaliando a produtividade de grãos e os componentes de rendimento em híbridos resultantes de dialelo entre seis genitores de feijão comum, observaram superioridade dos quadrados médios de CGC sobre os quadrados médios de CEC, indicando a ocorrência de efeitos aditivos e não-aditivos no controle dos caracteres relacionados à produtividade em *Phaseolus vulgaris*.

Embora estes dados reflitam a presença conjunta de efeitos aditivos e não-aditivos, possibilitando dificuldades na seleção dos genitores de *Phaseolus vulgaris* no que tange à herança de características morfoagronômicas de interesse, Cruz et al. (2004) e Pereira et al. (2007) ressaltam que a pré-seleção de genitores, como a que foi feita para este experimento, pode reduzir o diferencial para efeitos aditivos, elevando conseqüentemente a importância dos efeitos não-aditivos.

3.2.5.4. Efeitos de CGC, CEC e de Heterose para características morfoagronômicas em *Phaseolus vulgaris* L.

As estimativas dos efeitos de \hat{g}_i , para as características morfoagronômicas estudadas, expressaram valores cujo sinal variou entre positivo e negativo em função do genitor em uso (Tabela 8). É interessante que a seleção recaia sobre indivíduos com estimativas elevadas de \hat{g}_i e sinal positivo,

porém, dependendo da característica, valores com sinal negativo de g_i podem ser mais convenientes.

Esta exceção é o caso dos parâmetros ALT, DV e FIBRA, uma vez que a altura reduzida de planta em feijão-de-vagem, facilitando o manejo do agricultor com a planta, e uma vagem com menor espessura e teor de fibra constituem caracteres de grande valor para o mercado.

Tabela 8 – Estimativas dos efeitos de capacidade geral de combinação (\hat{g}_i) e desvios-padrão (CGC) dos efeitos de dois genitores, para 14 características morfoagronômicas avaliadas em seis genitores e 15 híbridos de *Phaseolus vulgaris* L., intercruzados em dialelo, em Campos dos Goytacazes – RJ, 2009.

GENITORES	ALT	DC	MSPA	CV	DV	AIV	NTV
1. PI 207263	0,2913	-0,2563	0,3763	-27,9125	-0,6250	-0,0125	15,2470
2. BAC 6	0,2363	0,1625	-0,3275	-11,4025	-0,7863	0,0125	2,5833
3. UENF 1482	-0,0963	-0,1250	0,2313	3,9775	-0,2238	0,0000	4,4983
4. UENF 1579	-0,1038	0,0250	2,0338	7,1600	0,6088	0,0138	-7,5804
5. UENF 1487	-0,1825	0,0188	-1,5688	13,5538	1,2575	-0,0100	-3,4129
6. UENF 1486	-0,1450	0,1750	-0,7450	14,6238	-0,2313	-0,0038	-11,3354
DP(g_i-g_j)	0,0859	0,1004	0,8117	2,8157	0,0423	0,0079	6,0075

GENITORES	NVP	NTS	NSP	NSV	PG	FIBRA	IC
1. PI 207263	2,5287	125,9679	20,9937	0,4054	20,8371	0,0521	3,6350
2. BAC 6	0,4175	56,0941	9,3475	0,2179	32,3083	-0,0104	6,1000
3. UENF 1482	0,1787	-21,2820	-3,5475	-0,2208	-16,3429	-0,0267	-4,6913
4. UENF 1579	-1,2775	-29,0195	-4,83375	0,1316	-6,3792	0,0096	-2,8513
5. UENF 1487	0,0550	-48,9358	-8,15625	-0,1120	-16,7842	-0,0142	-1,0188
6. UENF 1486	-1,9025	-82,8245	-13,8037	-0,4220	-13,6392	-0,0104	-1,1738
DP(g_i-g_j)	1,0000	23,3642	3,8939	0,2747	8,0989	0,0583	1,2516

ALT: altura da planta; DC: diâmetro do caule; MSPA: massa seca de parte aérea; CV: comprimento de vagem; DV: diâmetro da vagem; AIV: altura de inserção da 1ª vagem; NTV: número total de vagens; NVP: número de vagens por planta; NTS: número total de sementes; NSP: número de sementes por planta; NSV: número de sementes por vagem; PG: peso de grãos; FIBRA: teor de fibra nas vagens; IC: índice de colheita.

Para a MSPA, a maior estimativa de \hat{g}_i foi expressa pelo acesso UENF 1579 (2,0339 - Tabela 8), o qual apresentou uma média de ALT reduzida e elevado valor de MSPA, quando comparado com os demais genótipos (0,58 m e 22,80 g respectivamente) (Tabela 6). É importante ressaltar que uma elevada massa total vinculada a um baixo porte é vantajosa, principalmente se existir uma relação com uma maior espessura do caule (DC), o que evita o tombamento da

planta e confere um porte mais ereto à mesma, o que é uma grande vantagem em cultivares de hábito determinado (Trindade et al., 2010).

Para as características relacionadas à qualidade de vagem, como CV, DV, e FIBRA, observaram-se boas estimativas de \hat{g}_i no genitor UENF 1579 (Tabela 8), com exceção para o teor de fibra na vagem, que apresentou valor positivo de g_i , efeito indesejável para este caráter; e no genitor UENF 1487, que apresentou efeito de sinal indesejável apenas para AIV. Por sua vez, as características ligadas à produção de vagens e grãos, como NTV, NVP, NSP, NSV, PG e IC, apresentaram valores positivos de \hat{g}_i para todas estas características morfoagronômicas no genitor PI 207262.

Considerando-se o exposto com relação aos efeitos de \hat{g}_i , percebe-se que cruzamentos entre os genitores PI 207262, UENF 1579 e UENF 1487 podem proporcionar a obtenção de cultivares que reúnam diferentes características de interesse em uma única planta, sendo que os dados compilados nas Tabelas 7 e 8 indicam a existência de herança aditiva para a maioria dos caracteres avaliados, confirmando que estas características podem ser transmitidas à descendência, via cruzamento entre os genitores, e em gerações avançadas com as autofecundações e fixação dos genes.

As estimativas dos efeitos de CEC na Tabela 9 demonstram efeitos de dominância quase unidirecionais para quase todos os seis genitores avaliados, sendo predominantes os efeitos negativos para quase todos os caracteres avaliados. Observam-se estimativas negativas de \hat{s}_{ii} para todos os genitores avaliados em ALT, MSPA, DV, PG, FIBRA e IC. Para as demais características, ocorreu uma maior concentração de valores negativos de \hat{s}_{ii} , mas com ocorrência de valores positivos para alguns genitores.

Tabela 9 – Estimativas dos efeitos de capacidade específica de combinação (\hat{s}_{ii} e \hat{s}_{ij}) e desvios-padrão (DP) dos efeitos de dois F_1 's com e sem genitor comum e entre dois genitores, obtidos para 14 características morfoagronômicas avaliadas em seis genitores e 15 híbridos de *Phaseolus vulgaris* L. intercruzados em dialelo, em Campos dos Goytacazes – RJ, 2009.

Híbridos	ALT	DC	MSPA	CV	DV	AIV	NTV
1x1	-0,1996	-0,0761	-1,6439	7,9793	-0,6943	-0,0179	-7,5475
1x2	-0,2646	0,1052	-0,2701	-2,1907	-0,5631	-0,0029	-11,5437
1x3	0,1879	0,0827	1,7711	-2,8907	-0,4356	0,0096	11,87125
1x4	0,0754	-0,1474	1,1986	0,1068	-1,1081	0,0458	4,6200
1x5	0,2841	0,1589	0,1811	-4,2570	2,4132	-0,0004	9,1125
1x6	0,1167	-0,0474	0,4073	-6,7270	1,0819	-0,0167	1,0350
2x2	-0,3296	-0,2636	-2,4564	1,6193	-0,0218	-0,0279	11,1200
2x3	0,1629	-0,2761	0,9048	7,0993	-0,3843	0,0446	-29,4650
2x4	0,3804	0,4739	1,0524	-7,7932	0,4232	0,0409	12,6137
2x5	0,3191	0,1502	1,5949	-0,8269	0,8444	-0,0154	19,1162
2x6	0,0616	0,0739	1,6311	0,4731	-0,2768	-0,0117	-12,9612
3x3	-0,1946	0,1214	-1,1439	2,4193	-0,2068	-0,0229	-21,3800
3x4	-0,0471	0,0914	0,6236	2,6968	0,5307	0,0134	4,6987
3x5	-0,1384	0,1376	-0,5739	9,4031	0,5519	-0,0129	24,5312
3x6	0,2241	-0,2786	-0,4376	-21,1469	0,1507	-0,0092	31,1237
4x4	-0,3296	-0,2886	-2,7989	-2,9457	-0,1918	-0,0504	7,9900
4x5	-0,1108	0,1876	2,4536	6,1406	-0,0606	-0,0067	7,9900
4x6	0,3616	-0,0286	0,2698	4,7406	0,5982	0,0071	9,8625
5x5	-0,1221	-0,2661	-1,4339	-5,0232	-1,5593	0,0071	-23,5575
5x6	-0,1096	-0,1023	-0,7877	-0,4132	-0,6306	0,0208	-13,6350
6x6	-0,3271	0,1914	-0,5414	11,5368	-0,4618	0,0046	-7,7125
DP ($S_{ii}-S_{ij}$)	0,1719	0,2008	1,6234	5,6313	0,8451	0,0158	10,6501
DP ($S_{ij}-S_{ik}$)	0,2275	0,2657	2,1476	7,4496	1,1180	0,0209	12,0150
DP ($S_{ij}-S_{kl}$)	0,2107	0,2459	1,9882	6,8969	1,0351	0,0194	15,8943

ALT: altura da planta; DC: diâmetro do caule; MSPA: massa seca de parte aérea; CV: comprimento de vagem; DV: diâmetro da vagem; AIV: altura de inserção da 1ª vagem; NTV: número total de vagens; NVP: número de vagens por planta; NTS: número total de sementes; NSP: número de sementes por planta; NSV: número de sementes por vagem; PG: peso de grãos; FIBRA: teor de fibra nas vagens; IC: índice de colheita.

Tabela 9 – Continuação

Híbridos	NVP	NTS	NSP	NSV	PG	FIBRA	IC
1x1	-1,2446	-65,2110	-10,8675	-0,6932	-34,5989	-0,0375	-3,8171
1x2	-1,9133	7,3326	1,2188	0,1743	-25,3301	-0,0150	-4,4221
1x3	2,5453	4,3689	0,7237	0,583	40,2111	0,0613	6,1491
1x4	0,7816	92,4464	15,4100	0,9206	-6,4027	-0,0250	-3,0309
1x5	0,8892	-83,6373	-13,9375	-0,7157	35,9723	-0,0212	5,7266
1x6	0,1867	109,9114	18,3200	0,4243	24,7474	0,0750	3,2116
2x2	1,8679	19,2064	3,2050	0,0118	-51,7014	-0,0825	-5,3771
2x3	-4,3433	-51,4174	-8,5700	0,6905	47,9699	0,0038	7,4641
2x4	2,1128	100,3202	16,7163	0,0081	32,5361	0,0175	3,5842
2x5	2,5604	34,5664	5,7587	-0,4382	27,9611	0,0313	2,5716
2x6	-2,1521	-129,2149	-21,5337	-0,4582	20,2661	0,1275	1,5566
3x3	-4,6646	-121,7110	-20,2850	-1,1207	-63,2089	-0,0300	-13,2946
3x4	1,3516	-46,9735	-7,8287	-0,8332	28,8573	0,1437	6,3254
3x5	4,0191	159,6127	26,6037	1,1805	-17,2177	0,0475	-1,0071
3x6	5,7567	177,8314	29,6413	0,6206	26,5974	-0,1962	7,6579
4x4	-3,3021	-84,9061	-14,1525	0,4443	-30,8264	-0,0125	-2,8346
4x5	0,7054	82,7801	13,8000	-0,2719	13,4386	-0,0687	0,0529
4x6	1,6529	-58,7611	-9,7925	-0,712	-6,7764	-0,0425	-1,2621
5x5	-2,6371	-64,4035	-10,7375	0,1018	-22,1064	-0,075	-2,6896
5x6	-2,8996	-64,5148	-10,7500	0,0418	-15,9414	0,1613	-1,9646
6x6	-1,2721	-17,6260	-2,9425	0,0418	-24,4464	-0,0625	-4,5996
DP ($S_{ii}-S_{ij}$)	2,0001	46,7285	7,7878	0,5495	16,1977	0,1166	2,5031
DP ($S_{ij}-S_{ik}$)	2,6459	61,8160	10,3023	0,7269	21,4276	0,1542	3,3113
DP ($S_{ij}-S_{kl}$)	2,4496	57,2305	9,5381	0,6730	19,8381	0,1428	3,0657

ALT: altura da planta; DC: diâmetro do caule; MSPA: massa seca de parte aérea; CV: comprimento de vagem; DV: diâmetro da vagem; AIV: altura de inserção da 1ª vagem; NTV: número total de vagens; NVP: número de vagens por planta; NTS: número total de sementes; NSP: número de sementes por planta; NSV: número de sementes por vagem; PG: peso de grãos; FIBRA: teor de fibra nas vagens; IC: índice de colheita.

A magnitude de \hat{s}_{ii} é uma medida da divergência genética entre um genitor e os demais genótipos observados no dialelo, sendo que, quanto maior o seu valor, maior é a divergência genética encontrada para os genitores no dialelo (Vencovsky e Barriga, 1992; Cruz et al., 2004). Com relação ao sinal de \hat{s}_{ii} , valores negativos de \hat{s}_{ii} entre os genitores indicam a existência de dominância unidirecional, em que determinado parental i contribuirá para valores positivos de heterose e, no caso de valor positivo, este parental i contribuirá para valores negativos de heterose. Contudo, valores de \hat{s}_{ii} próximos ou iguais a zero indicam que o parental terá contribuição nula no que tange à divergência genética e à heterose (Ramalho et al., 1993; Amaral Júnior et al., 1996; Cruz et al., 2004).

Diante do exposto, esperam-se contribuições positivas para a heterose dos híbridos em ALT, MSPA, DV, PG, e IC, características em que a maioria dos genótipos parentais apresentou valores negativos e de grande magnitude para \hat{s}_{ii} . Se estes genótipos apresentarem altos valores de estimativas de \hat{g}_i , existe a possibilidade de estes efeitos serem capitalizados em gerações avançadas de melhoramento.

Convém enfatizar também o sistema reprodutivo em *Phaseolus vulgaris*, caracterizada como uma planta autógama e de elevada cleistogamia, o que impossibilita a produção de híbridos em escala comercial devido a fatores relativos às técnicas disponíveis para cruzamento, bem como a velocidade com que o mesmo é efetuado e sua taxa de pagamento (Paternelli e Borém, 1999).

Considerando-se as estimativas de \hat{s}_{ii} na Tabela 9, para as características CV, DV e FIBRA, relacionadas à qualidade das vagens, cabe destacar os valores negativos e de grande magnitude do genitor UENF 1486 para CV e DV (-5,0232 e -1,5593), e do genitor UENF 1487 para CV (-2,9457). Estes genótipos são de interesse para uso *per se*, ou para cruzamentos no sentido de ampliar a base genética da cultura e obter genótipos superiores em gerações avançadas de seleção.

Para as características ALT, DC e MSPA, relacionadas a aspectos morfológicos da planta de feijoeiro, as estimativas de \hat{s}_{ii} foram de -0,3296; -0,2886, e -2,7989, respectivamente, para o genitor UENF 1579 (Tabela 9), o que denota a maior contribuição desse genitor para o uso *per se* ou em cruzamentos para obtenção de linhagens superiores fixadas.

Com relação aos caracteres NTV, NVP, NTS, NSP, NSV, PG e IC, relacionados à produção de vagens e grãos, destacaram-se as estimativas positivas de \hat{s}_{ij} em BAC 6 (Tabela 9), as quais confirmam as estimativas de \hat{g}_i obtidas por este genótipo com relação aos componentes de produção de vagens e grãos (Tabela 8).

Para as características CV, DV e FIBRA, relacionadas à qualidade das vagens, cabe destacar os valores negativos e de grande magnitude do genitor UENF 1486 para CV e DV (-5,0232 e -1,5593), e do genitor UENF 1487 para CV (-2,9457), o que indica a possibilidade de se encontrar cruzamentos de elevado valor para estas características, visando à obtenção de linhagens superiores em gerações avançadas de endogamia.

Com relação às características ALT, DC, AIV e MSPA, vinculadas a aspectos morfológicos da planta de feijão-de-vagem, observam-se valores de \hat{s}_{ij} de -0,3296, -0,2886 e -2,7989, respectivamente, para o genitor UENF 1579, denotando uma possível maior contribuição desse genitor para a heterose e ampliação da base genética, com vistas à obtenção de cultivares elite de feijão-de-vagem. Já para os caracteres NTV, NVP, NTS, NSP, NSV, PG e IC, os quais estão relacionados à produção de vagens e grãos, destacaram-se as estimativas positivas de \hat{s}_{ij} em BAC 6 e as estimativas negativas de UENF 1482.

Para a seleção dos melhores cruzamentos dentre os híbridos obtidos, Ramalho et al. (1993) e Cruz et al. (2004) preconizam que esta escolha deve recair em genitores com altas estimativas de \hat{g}_i e que proporcionem valores positivos de heterose, visando a capitalizar os ganhos por seleção em gerações avançadas. Importa ainda salientar que possíveis estimativas de média de valor reduzido, em alguns dos caracteres avaliados podem estar ligadas a efeitos positivos de \hat{s}_{ij} observados nos genitores (Amaral Júnior et al., 1996).

As estimativas de \hat{s}_{ij} e heterose média percentual indicam uma grande variabilidade no que tange ao sinal e à magnitude dos efeitos de \hat{s}_{ij} nos genótipos avaliados (Tabelas 9 e 10).

Tabela 10 – Estimativas de heterose média percentual em relação à média dos pais (H_{MP}), obtidas para 14 características morfoagronômicas avaliadas em seis genitores e 15 híbridos de *Phaseolus vulgaris* L. intercruzados em dialelo.

Híbridos	Características Morfoagronômicas													
	ALT	DC	MSPA	CV	DV	AIV	NTV	NVP	NTS	NSP	NSV	PG	FIBRA	IC
1x2	0,00	5,66	9,11	-6,41	-3,49	9,09	-10,57	-10,59	5,37	5,35	7,36	11,21	5,88	0,30
1x3	34,53	1,26	15,26	-6,48	0,24	14,29	23,58	31,42	23,63	23,36	24,87	85,24	12,25	34,44
1x4	32,69	0,74	15,75	-1,92	-9,27	38,09	18,27	18,26	39,43	39,03	14,66	20,13	0,00	0,59
1x5	41,78	7,01	9,15	-4,39	49,58	2,33	24,02	15,38	-4,46	-4,48	-6,25	51,60	4,57	17,37
1x6	38,00	-2,06	7,47	-11,77	26,77	-4,55	8,44	8,86	37,00	37,57	11,77	42,86	16,12	14,67
2x3	42,71	-4,03	13,78	3,68	-4,15	30,43	-22,46	-17,37	-0,07	-0,05	20,22	98,11	8,69	37,85
2x4	77,17	14,91	17,86	-5,14	7,21	34,78	17,52	17,50	33,16	33,15	-3,01	55,23	8,84	14,94
2x5	57,67	8,24	20,01	0,61	22,35	-2,13	25,50	16,51	14,58	14,58	-7,20	50,84	16,17	12,37
2x6	44,32	2,03	16,51	-3,98	-0,55	0,00	-14,76	-14,79	-34,09	-34,08	-7,42	45,03	28,98	12,52
3x4	32,82	3,55	11,89	1,92	9,34	22,73	30,64	42,12	22,20	22,20	-7,87	95,79	22,14	39,20
3x5	2,94	4,25	3,78	6,69	18,43	-2,22	55,29	53,52	103,55	103,56	28,79	34,77	14,49	18,09
3x6	78,86	-8,17	2,01	-16,63	7,09	0,00	53,72	66,83	105,99	106,01	20,97	93,73	-21,42	44,28
4x5	19,01	9,52	22,99	6,32	9,45	6,67	40,33	27,11	61,82	61,83	-7,78	40,18	-3,40	6,16
4x6	127,78	0,38	9,17	0,26	12,04	13,04	32,12	32,08	-3,06	-3,05	-14,32	20,59	-0,67	5,50
5x6	20,35	-1,23	1,09	-2,09	4,97	6,38	2,63	-6,77	-10,02	-10,00	-0,48	7,70	33,33	3,61

(1) PI 207262; (2) BAC 6; (3) UENF 1482; (4) UENF 1579; (5) UENF 1487; (6) UENF 1486. ALT: altura da planta; DC: diâmetro do caule; MSPA: massa seca de parte aérea; CV: comprimento de vagem; DV: diâmetro da vagem; AIV: altura de inserção da 1ª vagem; NTV: número total de vagens; NVP: número de vagens por planta; NTS: número total de sementes; NSP: número de sementes por planta; NSV: número de sementes por vagem; PG: peso de grãos; FIBRA: teor de fibra nas vagens; IC: índice de colheita.

Com base nos valores de \hat{g}_i em combinação com as estimativas de s_{ij} para os caracteres ALT, DC, AIV e MSPA, o cruzamento 2x4 apresentou valores elevados tanto de \hat{s}_{ij} quanto de heterose para as quatro características, sendo que os valores de \hat{g}_i dos genitores BAC 6 e UENF 1579, para as características apresentaram valores positivos e de alta magnitude, com exceção da estimativa de g_i para ALT em UENF 1579, o que não torna este cruzamento menos interessante, uma vez que uma planta de porte baixo combinada com alta produção facilita o manejo da planta e a colheita nas linhagens de feijão-de-vagem que poderão ser obtidas em gerações avançadas.

Para os componentes CV, DV e FIBRA, que se relacionam à qualidade das vagens, com base nas Tabelas 9 e 10, observa-se uma variação quanto aos genitores de maior heterose. Os cruzamentos 3x5 e 4x5 apresentaram os maiores valores de heterose para CV, enquanto que, para DV, o cruzamento com maior valor heterótico foi o cruzamento 1x5, com 49,58% (Tabela 10). Quanto à característica FIBRA, o cruzamento 3x6 apresentou valores negativos e elevados de heterose.

Buscando-se cruzamentos que apresentem estimativas elevadas de g_i , e sinais condescendentes com o desejado para o melhoramento, os genitores UENF 1487 e UENF 1486 apresentaram valores elevados e positivos de \hat{g}_i para CV, e valores negativos para DV e FIBRA, com exceção do valor de \hat{g}_i para DV, expresso pelo genitor UENF 1487 (Tabela 8). Assim, o cruzamento 4x5 pode resultar em linhagens com alta qualidade de vagens em gerações avançadas.

Com relação aos caracteres NTV, NVP, NTS, NSP, NSV, PG e FIBRA, relacionados à produção de vagens e grãos, é evidente a ocorrência de valores elevados de heterose, para todas estas características, nos cruzamentos 3x5 e 3x6 (Tabelas 9 e 10), embora se observe uma grande variação no que tange à magnitude e ao sinal dos efeitos de \hat{s}_{ij} . De todo modo, favorece a obtenção de linhagens superiores em gerações avançadas, os valores negativos de \hat{g}_i expressos pelos genitores 3, 5 e 6 para estes sete componentes de produtividade, o que indica uma contribuição de efeitos não-aditivos para estas características (Tabela 8).

Por outro lado, o genitor PI 207262 apresentou valores positivos e elevados de \hat{g}_i para todos os componentes de produtividade, ocorrendo o mesmo comportamento para \hat{s}_{ij} e heterose no cruzamento deste genitor com os acessos UENF 1579 e UENF 1487 (1x3 e 1x4) (Tabelas 8, 9 e 10), o que denota uma capacidade por parte deste genótipo de reunir genes relativos à produção de vagens e grãos nos cruzamentos em que participa, o que favorece a obtenção de linhas puras superiores em gerações avançadas, por meio de seleção.

3.2.5.5. Análise de variância, componentes de variância e médias para a resistência ao CBC em genitores e híbridos F₁ de *Phaseolus vulgaris*

Para os componentes de resistência ao Crestamento Bacteriano Comum nos acessos avaliados, a fonte de variação genótipo revelou efeitos significativos para todos os genótipos avaliados, em ambas as estirpes (Tabela 11), demonstrando ampla variação entre os genitores híbridos avaliados quanto à resistência ao CBC. As magnitudes dos quadrados médios foram maiores em relação aos componentes de resistência para a estirpe 775-9, indicando maior variabilidade quanto à resposta à *Xap* para esta estirpe.

Mkandwire et al. (2004), avaliando a variabilidade genética quanto à infecção por *Xap* em genótipos de feijão-comum, verificaram especificidade quanto à inoculação de *Xap* entre cultivares e isolados de uma mesma região. A avaliação de estirpes de *Xap* por marcadores moleculares associados a genes ribossomais revelou a existência de diversidade dentro da *Xap* (Mahuku et al., 2006).

Márquez et al. (2007), avaliando 31 genótipos de *Phaseolus vulgaris* de diferentes origens evolutivas quanto à resistência à *Xap* utilizando dois isolados bacterianos de origens distintas, observaram interação significativa entre genótipo e estirpe. Assim, a diferença com relação à inoculação com diferentes estirpes de *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* expressa uma variabilidade genotípica tanto para *Xap* quanto para o hospedeiro, a qual se manifesta nas interações planta x patógeno.

Tabela 11 – Estimativas dos quadrados médios obtidos pela análise de variância e componentes de variância para quatro componentes de resistência ao Crestamento Bacteriano Comum em seis genitores e 15 híbridos de *Phaseolus vulgaris* L. inoculados com as estirpes 139 y e 775-9 de *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*.

FV	GL	AACPD		NOTA		PLF		DLV	
		139 y	775-9	139 y	775-9	139 y	775-9	139 y	775-9
Repetição	2	166,6904	377,3842	0,0924	0,4025	4,1709	19,0099	0,0156	0,6981
Genótipo	20	36,1742**	49,2359**	0,0476**	0,1805**	0,9138**	1,4591*	0,4801**	1,6248*
Erro	40	5,4305	6,6370	0,0067	0,0561	0,1794	0,7762	0,0615	0,5303
Média Geral		60,82	57,22	2,28	2,21	10,93	13,3483	2,41	3,42
CV(%)		3,83	4,50	3,58	10,71	3,87	6,6005	10,27	21,32
$\hat{\sigma}^2_f$		12,0581	16,4119	0,0159	0,0602	0,3046	0,4864	0,1600	0,5416
$\hat{\sigma}^2_{amb}$		1,8101	2,2123	0,0022	0,0187	0,0598	0,2588	0,0205	0,1768
$\hat{\sigma}^2_g$		10,2479	14,1996	0,0136	0,0415	0,2448	0,2276	0,1395	0,3648
H ²		84,99	86,52	85,99	68,89	80,36	46,80	87,19	67,36
CI		65,36	68,15	67,19	42,47	57,70	22,68	69,41	40,76
CVg (%)		5,26	6,59	5,12	9,19	4,52	3,57	15,46	17,68
ÍV		1,37	1,46	1,43	0,86	1,17	0,54	1,51	0,83

*, ** significativo pelo teste F aos níveis de 5 e 1% de probabilidade. AACPD: área abaixo da curva de progresso da doença; NOTA: média das notas atribuídas ao progresso do CBC em folhas; PLF: período latente em folhas; DLV: diâmetro da lesão em vagens. CV_e(%): coeficiente de variação experimental; $\hat{\sigma}^2_f$: variância fenotípica; $\hat{\sigma}^2_{amb}$: variância ambiental; $\hat{\sigma}^2_g$: variância genotípica; H²: coeficiente de determinação genotípica; CI: correlação intraclasse; CV_g(%): coeficiente de variação genotípico; IV: índice de variação.

Os valores de média geral das duas estirpes foram mais elevados na estirpe 139 y, para área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD), e a média das notas (NOTA) para o progresso do CBC em folhas, enquanto que o período latente em folhas (PLF) e o diâmetro da lesão em vagens (DLV) apresentaram maiores valores de média para a estirpe 775-9 (Tabela 11). A estirpe 775-9 apresentou maior magnitude do coeficiente de variação experimental ($CV_e\%$), para todos os componentes de resistência avaliados, em comparação com 139 y, denotando um maior efeito ambiental para a inoculação com 775-9.

Ocorreu uma predominância dos valores de variância genotípica sobre os da variância ambiental, para os componentes de resistência em relação à estirpe 775-9, exceto para o período latente em folhas (PLF) (Tabela 11), demonstrando uma prevalência de efeitos genéticos sobre os efeitos do ambiente na expressão dos componentes de resistência avaliados. Porém, os maiores valores de variância fenotípica, genotípica e ambiental estiveram associados à estirpe 775-9, denotando que os valores elevados de $CV_e\%$ estiveram associados a variações entre os genótipos avaliados e não ao erro experimental, o que é corroborado pelo elevado coeficiente de variação genotípico ($CV_g\%$) em comparação com o $CV_e\%$ (Tabela 11).

Rodrigues (1997), avaliando a resistência ao CBC em um dialelo completo entre cinco genótipos de *Phaseolus vulgaris*, obteve valores elevados de variância fenotípica, genotípica e ambiental para resposta à *Xap* em folhas e vagens, com predominância dos efeitos ambientais sobre a variância genotípica, para a resistência em folhas, e prevalência dos efeitos genotípicos sobre os efeitos ambientais na resistência em vagens. Neste mesmo experimento, os valores do coeficiente de determinação genotípico foram de 64,7, para a resistência ao CBC em folhas, e de 82,5, para a resistência ao CBC em vagens.

Os valores do coeficiente de determinação genotípico (H^2) e do índice de variação (IV), para os genótipos avaliados, variaram entre 46,80 e 87,19 e entre 0,54 e 1,51, respectivamente (Tabela 11). Os valores mais baixos de H^2 e IV foram observados para o PLF da estirpe 775-9. Estes dados indicam que os valores de resistência observados nos genótipos avaliados estão relacionados a genes herdáveis. Ferreira et al. (2004), avaliando linhagens F_6 e F_7 derivadas do cruzamento entre os genitores HAB 52 e BAC 6 para resistência ao CBC,

observaram acréscimo nos valores de IV e H^2 , para a reação à *Xap* em folhas, de 1,17 para 1,64, e de 80,0 para 88,3, respectivamente, entre as gerações F_6 e F_7 . Já para a reação à *Xap* em vagens, os autores observaram um decréscimo do IV e H^2 , de 0,92 para 0,41 e de 71,0 para 34,0, respectivamente.

Tar'an et al. (2001) avaliaram a reação ao CBC em linhas $F_{2:4}$ de *Phaseolus vulgaris*, sob condições de campo, e utilizaram estes dados para identificarem fatores genéticos ligados à resistência à *Xap* em um mapa de ligação, construído com o uso de quatro tipos distintos de marcadores moleculares. Neste trabalho, os autores observaram valores de herdabilidade no sentido amplo de 0,74 para a resistência à *Xap* em folhas, sendo identificados três QTLs em grupos distintos de ligação, que juntos explicaram 68,4% da variação fenotípica para a resistência ao CBC. Estes dados indicam que, embora existam grande complexidade e variabilidade envolvendo a herança para resistência ao CBC em *Phaseolus vulgaris*, esta mesma resistência constitui um caráter herdável, e passível de transferência e recuperação em gerações avançadas de melhoramento.

A correlação intraclasse (CI) observada para as variáveis Nota, PLF e DLV na estirpe 775-9 denotam a presença de indivíduos com valores para estes caracteres que destoam da média geral, o que se refletiu nos componentes de variância observados.

As médias observadas, para a área abaixo da curva de progresso da doença (Tabela 12), confirmam a variabilidade genotípica ocorrida para os genótipos avaliados, expressa pelas estimativas de CV_g e CI nos genótipos avaliados (Tabela 11).

O teste de Scott-Knott proporcionou a formação de três grupos para a estirpe 139 y e de dois grupos para o isolado 775-9. Os genótipos PI 207262 e BAC 6, e os híbridos 1x2, 1x4 2x5, 3x6 e 4x5 apresentaram baixos valores de AACPD para os dois isolados de *Xap* utilizados. Os valores de AACPD, para a estirpe 139 y, variaram entre 57,42 e 69,00 entre os genitores e entre 56,25 e 66,42 entre os híbridos. Já para a estirpe 775-9, as médias de AACPD oscilaram entre 51,75 e 65,00 para os genitores e entre 51,17 e 61,33 para os híbridos. (Tabela 12).

Tabela 12 – Valores de médias obtidas para os quatro componentes de resistência ao Crestamento Bacteriano Comum, avaliados em seis genitores e 15 híbridos de *Phaseolus vulgaris* L. inoculados com as estirpes 139 y e 775-9 de *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*.

Genótipos	AACPD		NOTA		PLF		DLV	
	139 y	775-9	139 y	775-9	139 y	775-9	139 y	775-9
1. PI 207263	58,91c	55,22b	2,28b	2,13b	11,89a	13,72a	1,83c	1,77c
2. BAC 6	57,42c	51,75b	2,15c	1,97c	11,33a	14,00a	2,53b	2,62b
3. UENF 1482	69,00a	65,00a	2,58a	2,44b	10,05b	11,56b	2,71b	3,03b
4. UENF 1579	65,33a	63,33a	2,43a	2,41b	10,83b	13,11a	2,53b	3,22b
5. UENF 1487	61,42b	63,42a	2,30b	2,41b	10,89b	12,72b	2,82b	4,08a
6. UENF 1486	61,75b	61,58a	2,30b	2,31b	10,39b	13,22a	3,54a	4,20a
1x2	56,33c	51,17b	2,11c	1,95c	10,33b	14,56a	2,17c	2,21b
1x3	65,17a	60,50a	2,43a	2,29b	10,28b	13,28a	2,02c	3,65a
1x4	58,92c	55,33b	2,20c	2,10b	10,94a	13,61a	2,18c	3,62a
1x5	66,42a	61,33a	2,48a	2,30b	10,00b	12,05b	2,02c	3,16b
1x6	56,67c	57,33b	2,12c	2,17b	11,83a	13,50a	2,45b	3,88a
2x3	61,00b	54,83b	2,28b	2,07b	11,11a	13,28a	2,68b	2,93b
2x4	62,50b	53,58b	2,34b	2,04b	10,72b	14,11a	2,06c	3,21b
2x5	56,25c	54,25b	2,11c	2,06b	11,67a	13,06a	2,47b	4,09a
2x6	59,92b	53,33b	2,24b	2,03b	11,28a	13,94a	2,16c	2,82b
3x4	60,25b	55,42b	2,25b	2,08b	11,11a	13,67a	2,17c	2,86b
3x5	61,08b	59,33a	2,28b	2,24b	10,67b	12,55b	1,99c	3,90a
3x6	57,33c	53,58b	2,14c	2,04b	11,22a	13,83a	2,43b	4,15a
4x5	58,13c	55,63b	2,18c	3,07a	10,46b	13,71a	2,31c	4,22a
4x6	62,08b	56,42b	2,32b	2,13b	11,17a	13,67a	2,66b	3,43a
5x6	61,33b	59,25a	2,30b	2,24b	11,45a	13,17a	2,98b	4,69a

Médias seguidas de uma mesma letra não diferem entre si pelo teste de agrupamento de Scott-Knott a 5% de probabilidade. AACPD: área abaixo da curva de progresso da doença; NOTA: média das notas atribuídas ao progresso do CBC em folhas; PLF: período latente em folhas; DLV: diâmetro da lesão em vagens.

A média das notas (NOTA) para o progresso do CBC em folhas, apresentou uma grande variação, sendo observado o agrupamento de genótipos de feijão-de-vagem juntamente com os genótipos de feijão comum considerados resistentes (Tabela 12). Este mesmo comportamento ocorreu para os híbridos avaliados, nos quais se observaram valores de Nota próximos ou mesmo maiores do que dos genitores resistentes à *Xap* nas duas estirpes. Os valores de Nota variaram entre 2,11 e 2,58 para a estirpe 139 y e entre 1,97 e 3,07 para a estirpe 775-9.

Os elevados valores de PLF observados (> 10 dias – Tabela 12) indicam a possibilidade de algum fator ambiental, como a temperatura, ter interferido no início da expressão dos sintomas do CBC no período pós-inoculação. Porém, os resultados de PLF obtidos apontam maiores valores deste componente de resistência nos genitores considerados resistentes ao CBC, confirmando o que seria esperado para os genótipos avaliados. Desta forma, o ambiente pode ter interferido na expressão dos genes de resistência, mas não anulou o efeito dos mesmos.

As médias para o diâmetro da lesão em vagens variaram entre 1 mm e valores acima de 4 mm, indicando que os genótipos de *Phaseolus vulgaris* avaliados estariam classificados entre moderadamente resistentes e altamente suscetíveis para este caráter (Pastor-Corrales et al., 1981). Cabe destaque ao valor de DLV apresentado pelo genitor PI 207262 para as duas estirpes com que foi avaliado. Os valores de DLV estiveram entre 1,83 e 3,54 mm para a estirpe 139 y e entre 1,77 e 4,69 para a estirpe 775-9.

Em um dialelo entre cinco genitores de *Phaseolus vulgaris* para resistência ao CBC, analisado segundo o modelo de Gardner e Eberhart, Rodrigues et al. (1998b) observaram efeitos significativos de genótipo e de heterose para a reação à *Xap* em vagens, com médias de DLV entre 1,20 e 3,40 mm. Porém, neste mesmo experimento, foram observadas correlações de baixa magnitude entre a reação ao CBC em folhas e vagens ($r=0,312$).

Santos et al. (2003), em um experimento visando à identificação de QTLs relacionados à resistência ao CBC em folhas e vagens de *Phaseolus vulgaris* identificaram cinco QTLs, para a reação à *Xap* em folhas, e um QTL relacionado a resistência à *Xap* em vagens, localizado em um grupo de ligação distinto. Os diferentes QTLs identificados, neste experimento, explicaram de 12,7 a 68,7% da

variação fenotípica observada para a resistência ao CBC em folhas e vagens de *Phaseolus vulgaris*. Tais informações denotam a complexidade da herança para o CBC, em que os genes que controlam a herança para resistência em folhas são distintos dos genes responsáveis pela resistência ao CBC em vagens.

3.2.5.6. Capacidade combinatória para resistência ao Crestamento Bacteriano Comum em genitores e híbridos de *Phaseolus vulgaris* L.

A análise de variância para a capacidade combinatória revelou valores significativos dos quadrados médios de CGC para todos os componentes de resistência avaliados, com exceção para o período latente em folhas (PLF) para a estirpe 775-9, indicando predominância dos efeitos gênicos aditivos na expressão deste caráter (Tabela 13).

Comportamento inverso se observou em relação ao diâmetro da lesão em vagens (DLV), em que houve significância apenas para CEC em relação a 775-9 (Tabela 13), indicando uma predominância de efeitos gênicos de dominância para a resistência a este isolado nas vagens.

A significância tanto da CGC quanto da CEC, para caracteres relacionados à resistência ao CBC, denotam a herança complexa que este caráter apresenta em *Phaseolus vulgaris*, caracterizada pela existência tanto de efeitos de aditividade quanto de dominância no controle da resistência à *Xap* na população avaliada. Este fato demonstra a necessidade de aplicação de métodos de melhoramento mais complexos para a obtenção de ganhos por seleção para este caráter, como o método genealógico.

Estes dados confirmam relatos anteriores a respeito da complexidade da resistência ao CBC, em *Phaseolus vulgaris*, em que genes distintos controlam esta característica em folhas e vagens, os quais são fortemente afetados pelo genótipo utilizado, pela a estirpe em questão e pelas condições do ambiente (Coyne e Schuster, 1974a; Kelly et al., 2003; Mutlu et al., 2005).

Tabela 13 – Análise de variância para a capacidade geral (CGC) e específica (CEC) de combinação e média dos quadrados dos efeitos de CGC e CEC para os quatro componentes de resistência ao Crestamento Bacteriano Comum, avaliados em seis genitores e 15 híbridos F₁ de *Phaseolus vulgaris* L. inoculados com as estirpes 139 y e 775-9 de *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*.

FV	GL	AACPD		NOTA		PLF		DLV	
		139 y	775-9	139 y	775-9	139 y	775-9	139 y	775-9
Genótipo	20	36,1750**	49,2320**	0,0480**	0,1799**	0,9144**	1,4604*	0,4814**	1,6286**
CGC	5	77,6999**	69,4826**	0,1089**	0,2521**	1,0160**	1,3048 ^{ns}	1,1832**	3,5875**
CEC	15	22,3334**	42,4818**	0,0277**	0,1559**	0,8805**	1,5123*	0,2475**	0,9757 ^{ns}
Erro	40	5,4305	6,6370	0,0067	0,0562	0,1794	0,7762	0,0615	0,5303
Média dos quadrados dos efeitos									
CGC		3,0112	2,6186	0,0043	0,0082	0,0349	0,0220	0,0467	0,1274
CEC		5,6343	11,9483	0,0070	0,0332	0,2337	0,2453	0,0619	0,1485

*,** significativo pelo teste F aos níveis de 5 e 1% de probabilidade. AACPD: área abaixo da curva de progresso da doença; NOTA: média das notas atribuídas ao progresso do CBC em folhas; PLF: período latente em folhas; DLV: diâmetro da lesão em vagens.

Rodrigues et al. (1999), avaliando a herança de resistência ao CBC em folhas e vagens de três genótipos de feijão-de-vagem e dois genitores de feijão comum com elevada resistência à *Xap*, utilizando o modelo dialélico proposto por Griffing, verificaram ausência de significância de CEC para a reação ao CBC em folhas e a existência de significância para a CGC e a CEC para a reação ao CBC em vagens, com a predominância dos efeitos de CEC.

Silva et al. (2000), avaliando a resposta de genótipos de feijoeiro comum ao CBC em folhas por meio de um modelo dialélico desbalanceado obtiveram valores de CGC de alta magnitude para a resistência à *Xap*, sendo que na maioria dos cruzamentos avaliados por estes autores, constatou-se por meio dos efeitos de CEC a dominância parcial da susceptibilidade do feijoeiro ao CBC em folhas.

Souza et al. (2008), em uma avaliação dos efeitos genéticos ligados à resistência à mancha-bacteriana em tomate, por meio de dialelo entre seis genitores, utilizando três raças de *Xanthomonas* spp., observaram efeitos diferenciais entre raças do patógeno. Neste experimento, foi recomendado o uso do método *bulk* para melhoramento visando à resistência à raça T1, e a aplicação do método genealógico para incutir resistência às raças T2 e T3, em razão da complexidade dos efeitos observados para a resistência a estas raças nos genótipos avaliados.

As médias dos quadrados dos efeitos para CGC e CEC revelaram a predominância dos efeitos de CEC sobre os efeitos de CGC para todos os componentes de resistência ao CBC avaliados (Tabela 13). As maiores diferenças entre as médias dos quadrados de CGC e CEC foram observadas para os componentes de resistência AACPD, PLF e Nota, sobretudo para a estirpe 775-9, na qual a magnitude das médias dos efeitos de CEC em relação aos de CGC foram seis vezes maiores para AACPD, quatro vezes maiores para Nota e 11 vezes maiores para o PLF.

Já para o componente de resistência DLV, embora se observem maiores valores de média dos quadrados dos efeitos para CEC, estes valores não apresentaram um distanciamento tão intenso dos efeitos de CGC, indicando quase que uma equivalência em relação aos efeitos de CGC e CEC na expressão deste caráter.

Cruz et al. (2004) e Pereira et al. (2007) ressaltam que a superioridade do componente quadrático associado à CEC é observada em dialelos em que ocorre

uma seleção prévia para o caráter em estudo, o que reduz o diferencial para os efeitos aditivos e eleva a importância dos efeitos não-aditivos. No presente experimento, em que os genitores em avaliação foram selecionados para resistência ao CBC em trabalhos prévios desenvolvidos por Trindade et al. (2008; 2009), verifica-se que o estreitamento da variabilidade genotípica quanto à resposta ao CBC pode ter resultado na magnitude observada para os valores do componente quadrático de dominância expressos pelos genótipos avaliados (Tabela 13).

Entretanto, as estimativas dos componentes quadráticos associados aos efeitos de CGC e CEC também são reflexo da herança complexa relativa à resistência ao Crestamento Bacteriano Comum em *Phaseolus vulgaris*. A resistência à *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* em feijoeiro é tida como quantitativa, existindo mais de 20 QTLs de efeitos distintos controlando a resistência em folhas, vagens e sementes, além de esta resistência variar com o patógeno e o ambiente em questão (Arnaud–Santana et al., 1994; Yu et al., 2004; Kelly et al., 2003; Ibarra-Perez e Kelly, 2005).

Pesquisas indicam que a incorporação de poucos QTLs de efeito maior pode conferir resistência de amplo espectro à *Xap* em *Phaseolus vulgaris* (Yu et al., 2000; Miklas et al., 2003; 2006). Vandermark et al. (2008) estudaram a interação entre os QTLs BC420 e SU91 na expressão da resistência ao CBC em *Phaseolus vulgaris* utilizando 120 linhas isogênicas de feijão comum, derivadas do cruzamento entre o genitor resistente XAN 159, portador dos dois QTLs, e o genitor Teebus, suscetível à *Xap*. Neste trabalho, a avaliação das taxas de segregação dos dois QTLs para a resistência ao CBC, por meio do uso de PCR em tempo real e marcadores SCAR, revelou que a resistência ao CBC nas linhagens avaliadas era resultante de efeitos de interação epistática entre estes locos, que se caracterizou como um modelo de herança de epistasia recessiva, na proporção de nove genótipos resistentes: três moderadamente resistentes e quatro suscetíveis à *Xap*.

Porém, em outra pesquisa, a avaliação da interação entre os QTLs SAP6 e SU91, ambos relacionados com a resistência à *Xap*, em duas populações F₂ distintas de *Phaseolus vulgaris*, utilizando marcadores co-dominantes, revelou o predomínio de efeitos de dominância por parte do QTL SU91 na expressão da resistência à *Xap* (Vandermark et al., 2009), dado este que se coaduna com a

prevalência da média dos quadrados dos efeitos de CEC na resposta ao CBC obtida neste experimento (Tabela 13). No trabalho de Vandermark et al. (2009), a ausência de efeito do QTL SAP6 na expressão da resistência ao CBC, identificado anteriormente por Miklas et al. (2003) como responsável pela resistência à *Xap* na cultivar Montana nº 5 de feijão comum, foi justificada como devida a uma possível resistência a isolados específicos de *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* por parte deste QTL ou a efeitos ambientais.

Porém, deve-se ressaltar que, embora as médias dos quadrados dos efeitos expressem maior preponderância dos efeitos de CEC para a resistência à *Xap*, a significância e a magnitude dos quadrados médios de CGC na análise de variância refletiram uma maior influência dos genes aditivos quanto à resistência ao CBC (Tabela 13), reforçando a possibilidade de recuperação de genótipos com elevada resistência ao CBC em gerações avançadas. Ferreira et al. (2003) compararam componentes de variância relacionados à resistência ao CBC em folhas de feijoeiro entre as gerações F₂ e F₇. Neste experimento, foi constatado um aumento da herdabilidade com base na média de famílias de 26,85% em F₂ para 91,77% em F₇, o que comprova a possibilidade de incremento da resistência ao CBC com o avanço das gerações segregantes.

Diante do anteriormente exposto, conclui-se que tanto o isolado utilizado quanto as variações do ambiente em questão podem interferir na resposta ao CBC por parte de genótipos de *Phaseolus vulgaris*, sendo que a interação conjunta entre estes três componentes é que irá definir o mecanismo de herança para a resistência à *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*. Esta conclusão implica a necessidade de a aferição da resistência à *Xap* em *Phaseolus vulgaris* considerar sempre o uso do maior número possível de genótipos contra diferentes estirpes, considerando também o efeito que o ambiente de avaliação exerce sobre o patossistema.

Além disso, para o melhoramento visando à resistência ao CBC em *Phaseolus vulgaris*, deve ser considerada a possibilidade da existência de genes de resistência ligados a caracteres indesejáveis ou deletérios do ponto de vista comercial (Rodrigues et al., 1999; Mutlu et al., 2008; Liu et al., 2008). Mutlu et al. (2005) avaliaram a transferência de genes para a resistência ao CBC, via retrocruzamento assistido por marcadores RAPD, utilizando uma linhagem recombinada de feijão, como doador de resistência, e a cultivar comercial de

feijoeiro “Chase” como doador recorrente. Neste estudo, a despeito da total recuperação das características morfoagronômicas do genitor recorrente, um importante QTL de efeito maior na resistência ao CBC não pode ser transferido para as linhagens obtidas por este retrocruzamento por estar ligado a um gene que conferia coloração indesejável ao tegumento da semente.

3.2.5.7. Efeitos de CGC e CEC para resistência ao Crestamento Bacteriano Comum em genitores e híbridos de *Phaseolus vulgaris* L.

As estimativas dos efeitos de CGC (\hat{g}_i) (Tabela 14) revelaram que, para AACPD, quanto à estirpe 139 y, obteve-se uma menor magnitude de \hat{g}_i para o genitor BAC 6, demonstrando que este é um acesso promissor para transferência de resistência à *Xap*. Porém, também ocorreram estimativas negativas de AACPD nos genótipos UENF 1487 e UENF 1486.

Já para o isolado 775-9, ainda para AACPD, observaram-se efeitos negativos de \hat{g}_i em PI 207262 e BAC 6, com um menor valor deste componente de resistência para este último genótipo. Altos valores de \hat{g}_i , negativos ou positivos, denotam que um dado genótipo é muito superior ou inferior aos demais genótipos presentes no dialelo em relação à média de seus híbridos (Vencovsky e Barriga, 1992; Ramalho et al., 1993).

A presença de efeitos gênicos negativos quanto à estirpe 139 y, para os acessos UENF 1487 e UENF 1486 (Tabela 14), indicam a possível ocorrência de genes de resistência, tornando recomendável o uso de combinações entre estes acessos e os genitores BAC 6 e PI 207262, para obtenção de linhas de feijão-de-vagem resistentes à *Xap* em gerações avançadas de seleção.

Tabela 14 – Estimativas dos efeitos de capacidade geral de combinação (\hat{g}_i) e desvios-padrão (CGC) entre dois genitores, para quatro componentes de resistência avaliados em seis genitores de *Phaseolus vulgaris* L., inter cruzados em dialelo.

GENITORES	AACPD		NOTA		PLF		DLV	
	139 y	775-9	139 y	775-9	139 y	775-9	139 y	775-9
1. PI 207262	0,4479	-0,5221	0,0325	-0,0517	-0,0950	0,0688	-0,3729	-0,5304
2. BAC 6	-3,1746	-3,1708	-0,1200	-0,1542	0,2638	0,3900	-0,0179	-0,0904
3. UENF 1482	1,9254	1,1367	0,0688	0,1183	-0,2963	-0,3125	-0,0167	-0,0767
4. UENF 1579	1,4179	1,4329	0,0463	0,0096	0,0425	-0,1313	0,0171	-0,1517
5. UENF 1487	-0,3308	0,2679	-0,0125	-0,0279	0,1838	-0,0063	0,0721	0,2396
6. UENF 1486	-0,2858	0,8554	-0,0150	0,1058	-0,0988	-0,0088	0,3183	0,6096
DP(g_i-g_j)	0,6727	0,7437	0,0236	0,0684	0,1223	0,2543	0,0716	0,2102

AACPD: área abaixo da curva de progresso da doença; NOTA: média das notas atribuídas ao progresso do CBC em folhas; PLF: período latente em folhas; DLV: diâmetro da lesão em vagens.

A variável Nota apresentou comportamento similar ao do componente de resistência AACPD (Tabela 14), sendo observada apenas uma diferença com relação à estirpe 775-9, em que o acesso UENF 1487 também apresentou estimativas negativas de \hat{g}_i , reforçando a possibilidade de obtenção de acessos de feijão-de-vagem com elevada resistência ao CBC, por emprego deste acesso em cruzamentos com os genótipos de feijão de vagem resistentes.

Para o período latente em folhas (PLF), são preferíveis estimativas de valores positivos, as quais indicam um tempo maior para o início dos sintomas do CBC. Observaram-se valores de PLF positivos e de maior magnitude para os acessos BAC 6 e UENF 1487 para a estirpe 139 y, seguidos do genótipo UENF 1579 (Tabela 14), que apresentou valor de \hat{g}_i reduzido, mas positivo para este caráter. Os valores de \hat{g}_i expressos para PLF, em BAC 6 e UENF 1487, indicam a possibilidade de seleção de linhagens com um maior período latente em folhas em gerações avançadas.

Para a estirpe 775-9, os genótipos PI 207262 e BAC 6 apresentaram estimativas positivas de \hat{g}_i para PLF, confirmando a resistência à *Xap* existente nestes materiais. Observa-se uma relação importante de causa e efeito entre o PLF e os componentes de resistência AACPD e Nota, sendo que altos valores de g_i para PLF se refletem nos valores destes componentes.

O diâmetro da lesão em vagens (DLV) para o isolado 139 y revelou estimativas negativas para os genitores BAC 6, UENF 1482 e PI 207262 (Tabela 14). Já para o isolado 775-9, os acessos PI 207262, BAC 6, UENF 1482 e UENF 1579 apresentaram estimativas de \hat{g}_i negativas.

O fato de os acessos UENF 1482 e UENF 1579 apresentarem estimativas negativas de DLV ressalta que os genes que controlam a resistência ao CBC em folhas diferem dos que controlam esta mesma característica em vagens (Arnaud-Santana et al., 1994; Rodrigues et al., 1998b; Santos et al. 2003). Os resultados obtidos para DLV denotam que o uso dos acessos UENF 1482 e UENF 1579, em combinação com os genótipos de feijão comum resistentes, resultará na obtenção de segregantes que originarão linhagens superiores para esta característica em gerações avançadas.

As estimativas de capacidade específica de combinação (CEC) expressaram efeitos gênicos não-aditivos relativos à ação de genes que conferem

efeitos de dominância ou epistasia (Cruz et al., 2004). Assim sendo, a magnitude de \hat{s}_{ij} é indicativo de heterose varietal, enquanto o sinal de \hat{s}_{ij} indica a existência de dominância unidirecional (Cruz et al., 2004). Quanto maior o valor de \hat{s}_{ij} , mais distante o cruzamento está da frequência média dos demais genitores, e se \hat{s}_{ij} é positivo para todos os cruzamentos, observa-se expressão de dominância unidirecional.

Contudo, se há a ocorrência de sinais positivos e negativos, existe a expressão de dominância bidirecional (Vencovsky e Barriga, 1992; Cruz et al., 2004), indicando alta complexidade e variabilidade genotípica na expressão do caráter. No caso de plantas autógamas, Ramalho et al. (1993) preconizam que a seleção da melhor combinação híbrida deve recair sobre a que apresentar maior magnitude de \hat{s}_{ij} e que seja oriunda de genitores com alta CGC.

As estimativas de \hat{s}_{ij} para a característica AACPD, apresentaram valores positivos e de grande magnitude para todos os genitores em ambas as estirpes, com exceção de PI 207262, indicando que os efeitos de dominância depreciativos estão envolvidos na resistência para esse genitor (Tabela 15).

Para a variável Nota (Tabela 15), foi observado um comportamento distinto em cada estirpe. Para a estirpe 139 y, todos os genitores apresentaram sinais positivos, com exceção de PI 207262, enquanto que, para a estirpe 775-9, os acessos UENF 1482 e UENF 1486 exibiram sinais negativos, indicando a presença de efeitos de dominância na expressão da resistência ao CBC.

Houve estreita correspondência entre os dados de AACPD e PLF (Tabela 15). Com efeito, para esta última variável foram observados valores negativos para quase todos os genitores avaliados nas duas estirpes, com exceção de PI 207262 em ambas as estirpes, e de UENF 1579 na estirpe 775-9, constatando-se valores de \hat{s}_{ij} de baixa magnitude para este último genótipo.

Com relação ao DLV, nota-se a ocorrência de dominância unidirecional com relação a este caráter na estirpe 139 y (Tabela 15). Todos os valores apresentaram sinal positivo e baixa magnitude, indicando que apenas efeitos genéticos aditivos estão envolvidos na resistência ao CBC em vagens para esta estirpe. Já para a estirpe 775-9, houve a predominância de efeitos negativos entre os genitores, com exceção dos genótipos UENF 1579 e UENF 1487.

Tabela 15 – Estimativas dos efeitos de capacidade específica de combinação (\hat{s}_{ii} e \hat{s}_{ij}) e desvios-padrão (DP) dos efeitos de dois $F_{1's}$ com e sem genitor comum, e entre dois genitores, obtidos para os quatro componentes de resistência ao Crestamento Bacteriano Comum, avaliados em seis genitores e 15 híbridos de *Phaseolus vulgaris* L. inoculados com as estirpes 139 y e 775-9 de *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*.

Híbridos	AACPD		NOTA		PLF		DLV	
	139 y	775-9	139 y	775-9	139 y	775-9	139 y	775-9
1x1	-2,8054	-0,9539	-0,0621	0,0200	1,1457	0,2339	0,1611	-0,5854
1x2	-1,7629	-2,3551	-0,0796	-0,0575	-0,7731	0,7526	0,1461	-0,5854
1x3	1,9771	2,6673	0,0517	0,0100	-0,2630	0,1751	-0,0052	0,8409
1x4	3,7346	3,2011	0,1242	0,1288	-0,8817	-1,2361	-0,0389	0,4259
1x5	1,5634	-3,3839	0,0429	-0,0938	-0,3030	0,6989	-0,0539	0,0846
1x6	0,0984	1,7786	-0,0146	-0,0275	-0,0706	-0,8586	-0,3701	0,4046
2x2	2,9496	0,8736	0,1129	0,0650	-0,1318	-0,1285	0,1511	-0,6154
2x3	-0,6504	0,1461	-0,0258	-0,0775	0,0382	0,1839	-0,2002	0,3708
2x4	-2,3929	1,8499	-0,0833	0,1013	0,5894	-0,1073	0,0361	0,7058
2x5	-1,0641	-0,0652	-0,0346	0,0287	0,2882	-0,6723	0,0011	0,5246
2x6	-0,0291	-1,3226	-0,0021	-0,1250	0,1207	0,1001	-0,2852	0,2146
3x3	4,3296	5,5085	0,1654	-0,0100	-0,2918	-1,1636	0,3286	-0,2329
3x4	-3,1628	-4,9577	-0,1121	-0,2712	0,4294	0,3751	0,2648	-0,2579
3x5	-2,4942	-5,2926	-0,0933	-0,2738	0,4582	0,9101	-0,3101	-0,7592
3x6	-4,3292	-3,5802	-0,1509	0,6325	-0,0793	0,6826	-0,4064	0,2708
4x4	1,6746	3,2461	0,0604	0,1775	-0,1893	0,0239	0,0811	0,1071
4x5	-1,6566	-3,4989	-0,0608	-0,1150	-0,0505	0,4589	-0,3339	-0,6442
4x6	0,1284	-3,0864	0,0116	-0,1988	0,2920	0,4614	-0,0902	-0,4442
5x5	1,2621	5,6661	0,0479	0,2525	-0,4118	-0,6161	0,2611	0,1846
5x6	1,1271	0,9086	0,0504	-0,0512	0,4307	-0,1636	0,1749	0,4246
6x6	1,5021	2,6511	0,0529	-0,1150	-0,3468	-0,1111	0,4886	-0,4354
DP ($S_{ii}-S_{ij}$)	1,3454	1,4873	0,0471	0,1368	0,2445	0,5086	0,1432	0,4204
DP ($S_{ij}-S_{ik}$)	1,7798	1,9676	0,0623	0,1809	0,3235	0,6729	0,1893	0,5561
DP ($S_{ij}-S_{kl}$)	1,6477	1,8216	0,0576	0,1675	0,2995	0,6229	0,1753	0,5149

(1) PI 207262; (2) BAC 6; (3) UENF 1482; (4) UENF 1579; (5) UENF 1487; (6) UENF 1486. AACPD: área abaixo da curva de progresso da doença; NOTA: média das notas atribuídas ao progresso do CBC em folhas; PLF: período latente em folhas; DLV: diâmetro da lesão em vagens.

Constatou-se grande variação entre os híbridos avaliados quanto à magnitude e ao sinal dos valores de \hat{s}_{ij} , o que resultou em elevada variabilidade para os valores de heterose (Tabelas 15 e 16).

Tendo em vista a heterose negativa como o fator mais interessante para os componentes de resistência AACPD e Nota, os valores de heterose e \hat{s}_{ij} mais vantajosos do ponto de vista da resistência, foram expressos nos cruzamentos 3x4, 3x5 e 3x6 para ambas as estirpes, e no cruzamento 4x5, para o isolado 775-9. Estes resultados denotam a possibilidade de que estas combinações híbridas possam gerar linhagens recombinadas com maiores níveis de resistência à *Xap*.

Em relação ao cruzamento entre os genitores 4 e 5 (UENF 1579 e UENF 1487), a magnitude dos quadrados médios de CGC apresentados para AACPD e Nota (Tabela 14), associada aos efeitos de \hat{g}_i estimados para o genitor UENF 1487 (Tabela 15), torna esta combinação de grande interesse por reunir genótipos de feijão-de-vagem com hábito de crescimento determinado, com efeitos gênicos aditivos para resistência ao CBC, os quais podem ser fixados ao longo de gerações de endogamia.

Ainda com relação aos dados de AACPD, também se destacaram os cruzamentos 2x5 e 2x6, os quais apresentaram valores negativos para \hat{s}_{ij} e que provêm de três genitores com valores negativos e elevados de \hat{g}_i para AACPD e Nota, indicando a possibilidade da geração de progênie com grau elevado de resistência ao CBC.

Os maiores efeitos de \hat{s}_{ij} e heterose para a variável PLF foram observados nos cruzamentos 3x5 e 5x6 para a estirpe 139 y, e para os cruzamentos 3x4, 3x5 e 3x6, quanto à estirpe 775-9 (Tabelas 15 e 16). Destaca-se neste componente a relação entre PLF e as estimativas de AACPD e Nota dos cruzamentos 3x4, 3x5 e 3x6 para a estirpe 775-9, em que uma variável pode estar contribuindo para o efeito da outra, o que pode ter ligação com o uso de diferentes estratégias para a resistência a este isolado de *Xap*. Estes dados representam uma transgressão destes genótipos com relação ao que era esperado em função de sua CGC (Cruz et al., 2004), justificando os valores elevados da média dos quadrados de CEC observados para PLF.

Tabela 16 – Estimativas de heterose percentual em relação à média dos pais (H_{MP}), obtidas para os quatro componentes de resistência ao Crestamento Bacteriano Comum, avaliados em seis genitores e 15 híbridos de *Phaseolus vulgaris* L. inoculados com as estirpes 139 y e 775-9 de *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*.

Híbridos	AACPD		NOTA		PLF		DLV	
	139 y	775-9	139 y	775-9	139 y	775-9	139 y	775-9
1x2	-3,15	-4,32	-4,74	-4,87	-11,02	5,05	-0,45	0,68
1x3	1,89	0,64	0,00	0,22	-6,28	5,06	-11,01	52,08
1x4	6,92	3,46	5,30	1,32	-11,97	-10,17	-7,33	26,65
1x5	3,88	-9,67	2,18	-10,13	-5,88	6,73	-11,39	9,74
1x6	1,24	1,59	-0,43	0,90	-4,21	-6,82	-25,88	30,65
2x3	-6,78	-5,21	-6,97	-4,76	2,33	6,49	-16,79	28,14
2x4	-7,66	-0,36	-7,42	-0,91	6,76	-0,40	-3,16	32,87
2x5	-5,33	-5,79	-5,16	-5,93	5,04	-2,24	-7,66	22,08
2x6	-3,78	-5,44	-3,82	-4,67	3,31	1,61	-19,93	21,70
3x4	-9,17	-14,54	-8,98	-14,63	6,41	7,66	2,29	-6,24
3x5	-8,11	-16,94	-8,19	-16,28	7,73	14,82	-21,88	-20,67
3x6	-11,08	-12,10	-10,65	29,26	2,34	10,65	-26,08	16,73
4x5	-4,93	-12,55	-4,86	-13,69	2,30	5,84	-18,87	-21,64
4x6	-2,29	-9,66	-1,90	-9,74	5,27	3,83	-12,35	-7,54
5x6	-0,41	-5,20	0,00	-5,08	7,61	1,54	-6,28	13,28

(1) PI 207262; (2) BAC 6; (3) UENF 1482; (4) UENF 1579; (5) UENF 1487; (6) UENF 1486. AACPD: área abaixo da curva de progresso da doença; NOTA: média das notas atribuídas ao progresso do CBC em folhas; PLF: período latente em folhas; DLV: diâmetro da lesão em vagens.

As magnitudes mais elevadas de heterose, tanto positiva quanto negativa, foram observadas para diâmetro da lesão em vagens (Tabela 16). Os cruzamentos com maior efeito de \hat{s}_{ij} e heterose foram 1x6, 2x6, 3x5, 3x6 e 4x5, para a estirpe 139 y, e os cruzamentos 3x5 e 4x5 para a estirpe 775-9. Cabe destacar o efeito do genótipo UENF 1482 (genitor 3) para DLV em relação às duas estirpes, o qual gerou combinações entre os acessos 4 e 5 que reduziram a susceptibilidade ao CBC em vagens (Tabela 16), e apresentou efeitos de \hat{g}_i negativos, ainda que de baixa magnitude para este caráter (Tabela 14).

Ainda com relação ao componente DLV, também se destacaram os cruzamentos 2x5 e 2x6, para a estirpe 139 y, com valores negativos de \hat{s}_{ij} e heterose. Observa-se também que os valores reduzidos de DLV expressos pelo genótipo PI 207262 (Tabela 12) se relacionam principalmente aos efeitos estimados de \hat{g}_i , constituindo este um caráter herdável controlado por genes aditivos, portanto passível de ser utilizado para incutir acréscimo deste componente de resistência em feijão-de-vagem.

Em função dos dados apresentados, conclui-se que, para a resistência ao CBC em folhas, os genótipos de feijão-de-vagem UENF 1486 e UENF 1487 foram os melhores classificados, sendo recomendada a sua combinação com o genótipo de feijão comum BAC 6. Estes genótipos também apresentaram características superiores à média geral com relação à qualidade da vagem. Para a resistência ao CBC em vagens, recomenda-se o uso de linhagens derivadas do cruzamento entre o genótipo de feijão comum PI 207262 e o acesso de feijão-de-vagem UENF 1579, os quais apresentaram os valores mais elevados de \hat{g}_i para DLV, quando inoculados com a estirpe 775-9.

É possível que o cruzamento de híbridos dos genótipos PI 207262 e BAC 6 com outros genótipos de feijão-de-vagem, ou mesmo destes genótipos com alguns cruzamentos obtidos neste experimento, constitua estratégia interessante para a estimação de efeitos ligados à resistência ao CBC, e para a obtenção de genótipos com níveis satisfatórios de resistência ao CBC em folhas e vagens, em gerações avançadas.

Por fim, cabe ressaltar que a complexidade observada para a herança da resistência ao Crestamento Bacteriano Comum em feijão-de-vagem, neste experimento, controlada por efeitos gênicos aditivos e não aditivos, indica a

necessidade de uso de metodologias mais complexas e que enfoquem de forma mais incisiva o controle parental. Para tanto, sugere-se o uso do método genealógico nos genótipos avaliados, ou mesmo da seleção recorrente, que vem sendo utilizada com sucesso na cultura do feijoeiro comum (García et al., 2003; Matos et al., 2007).

3.2.6.CONCLUSÕES

1. O uso conjunto de marcadores morfoagronômicos e ISSR permitiu a confirmação precisa dos cruzamentos efetuados.
2. Houve predominância de efeitos aditivos no controle de características morfoagronômicas nos acessos avaliados de *Phaseolus vulgaris*.
3. Foram observados efeitos aditivos e não-aditivos atuando no controle da resistência ao CBC em *Phaseolus vulgaris* L.
4. Os valores de média geral foram mais elevados na estirpe 139 y para AACPD e Nota, enquanto que para PLF e DLV, foram observados maiores valores de média para a estirpe 775-9.
5. A magnitude do coeficiente de variação experimental e dos componentes genéticos de variância para a estirpe 775-9, em todos os componentes de resistência avaliados, denota uma maior variabilidade genética para a resposta a esta estirpe pelos genótipos avaliados de *Phaseolus vulgaris*.
6. Tanto para a resistência ao CBC em folhas, quanto para características morfoagronômicas ligadas à qualidade das vagens, recomenda-se a combinação dos genótipos de feijão-de-vagem UENF 1486 e UENF 1487 com o genótipo de feijão comum BAC 6.

7. Para a resistência ao CBC em vagens, recomenda-se o uso de linhagens derivadas do cruzamento entre o genótipo de feijão comum PI 207262 e o acesso de feijão-de-vagem UENF 1579, os quais apresentaram valores elevados de \hat{g}_i para DLV quando inoculados com a estirpe 775-9.
8. A complexidade da resistência ao CBC em *Phaseolus vulgaris* L. torna recomendável o uso de métodos de melhoramento mais complexos, como o método genealógico e a seleção recorrente, para a obtenção de cultivares de feijão-de-vagem resistentes ao CBC para a região Norte Fluminense.

3.2.7.REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Abreu, F.B.; Leal, N.R.; Rodrigues, R.; Amaral Júnior, A.T.; Silva, D.J.H. (2004) Divergência genética entre acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento indeterminado. *Horticultura Brasileira*. 22(3): 547-552.

Amaral Júnior, A.T.; Casali, V.V.D.; Scapim, C.A.; Silva, D.J.H.; Cruz, C.D. (1996) Análise dialélica da capacidade combinatória de cultivares de tomateiro. *Bragantia*. 55(1): 67-73.

Arnaud-Santana E.; Coyne D.P.; Eskridge K.M.; Vidaver A.K. (1994) Inheritance, low correlations of leaf, pod, and seed reactions to common blight disease in common beans, and implications for selection. *Journal of American Society Horticulture Science*. 119(1): 116–121.

Barbé, T.C.; Amaral Júnior, A.T.; Gonçalves, L.S.A.; Rodrigues, R.; Scapim, C.A. (2010) Association between advanced generations and genealogy in inbred lines of snap bean by the Ward-Modified Location Model. *Euphytica*. 173: 337-343.

Barelli, M.A.A.; Vidigal, M.C.G.; Amaral Júnior, A.T.; Vidigal Filho, P.S.; Scapim, C.A. (2000) Combining Ability Among Six Common Bean Cultivars Adapted To The North West Region Of Paraná State, Brazil. *Bragantia*. 59(2): 159-164.

Bianchini, A.; Maringoni, A.C.; Carneiro, S.M.T.P.G. (2005). Doenças do feijoeiro. In Kimati, H.; Amorim, L.; Bergamin Filho, A.; Camargo, L.E.A.; Rezende, J.A.M. (Eds.) *Manual de Fitopatologia: doenças das plantas cultivadas*. 4. ed. São Paulo:Editora Ceres, p. 376-399.

Biodiversity International Institute (1982). Descriptors for *Phaseolus vulgaris* L. *Biodiversity International*. Rome. Disponível em http://www.biodiversityinternational.org/publications/web_version/160/ch3.htm#descriptor%20list%20for%20phaseolus%20vulgaris.

Bushland (1956). The crossing of beans (*Phaseolus* spp.). *Euphytica*, 5: 41-50.

Campbell C.L.; Madden L.V. (1990) Temporal analysis of epidemics I: Description and comparison of disease progress curves. In: Campbell, C.L.; Madden, L.V. (eds). *Introduction to plant disease epidemiology*. New York, p. 161-202.

Castellane, P.D.; Vieira, R.D.; Carvalho, N.M. (1988). *Feijão-de-vagem (Phaseolus vulgaris L.): Cultivo e produção de sementes*. Jaboticabal: FUNEP/FCAV-UNESP, 60p.

Chan, J.W.Y.F.; Goodwin, P.H. (1999) Differentiation of *Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli* from *Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli* var. *fuscans* by PFGE and RFLP. *European Journal of Plant Pathology*. 105: 867–878.

Coelho, A.D.F.; Cardoso, A.A.; Cruz, C.D.; Araújo, G.A.A.; Furtado, M.R.; Amaral, C.L.F. (2002) Herdabilidade e Correlações da Produção do Feijão e dos seus componentes primários nas épocas de cultivo da primavera-verão e do verão-outono. *Ciência Rural*. 32(2): 211-216.

Coimbra, J.L.M.; Carvalho, F.I.F.; Hemp, S.; Oliveira, A.C.; Silva, S.A. (1999)

Divergência genética em feijão preto. *Ciência Rural*. 29(3): 427-431.

Coyne, D.P.; Schuster, M.L. (1974a) Breeding and genetic studies of tolerance to several bean (*Phaseolus vulgaris* L.) bacterial pathogens. *Euphytica*. 23: 651-656(a).

Cruz, C.D.; Regazzi, A.J.; Carneiro, P.C.S. (2004). *Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético - Volume I*. 3. ed. Viçosa: Editora UFV, v. 2. 480 p.

Cruz, C.D. (2006) Programa Genes: Biometria. Editora UFV, Viçosa, 382p.

De Ron, A.M.; Casquero, P.A.; Gonzalez, A.M.; Santalla, M. (2004) Environmental and genotypic effects on pod characteristics related to common bean quality. *Journal of Agronomy & Crop Science*. 190: 248-255.

Doyle, J.J., Doyle, J.L. (1997) Isolation of plant DNA from fresh tissues. *Focus*. 12:13-15.

Durán, L.A.; Blair, M.W.; Giraldo, M.C.; Macchiavelli, R.; Prophete, E.; Nin, J.C.; Beaver, J.S. (2005) Morphological and Molecular Characterization of Common Bean Landraces and Cultivars from the Caribbean. *Crop Science*. 45:1320-1328.

Falconer, D.S. (1987). *Introdução a genética quantitativa*. Viçosa: Editora UFV, 279p.

Fernández, F.; Gepts, P.; López, M. (1986) Etapas de desarrollo de la planta de frijol común (*Phaseolus vulgaris* L.). Calí. Centro internacional de agricultura tropical. 34 p.

Ferreira, C.F.; Pereira, M.G.; Santos, A.S.S.; Rodrigues, R.; Bressan-Smith, R.E.; Viana, A.P.; Daher, R.F. (2003) Resistance to common bacterial blight in *Phaseolus vulgaris* L. recombinant inbred lines under natural infection of *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*. *Euphytica*. 134: 43-46.

Ferreira, C.F.; Pereira, M.G.; Santos, A.S.S.; Rodrigues, R.; Bressan-Smith, R.E.; Viana, A.P.; Daher, R.F. (2004) *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* resistance in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) recombinant inbred lines. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*. 4: 100-104.

Ferreira, D.F. (2000) Análises estatísticas por meio do Sisvar para Windows versão 4.0. In: *45ª Reunião Anual da Região Brasileira da Sociedade Internacional de Biometria*. UFSCar, São Carlos, p.255-258.

Ferreira, M.E.; Grattapaglia, D. (2003) *Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética*. 3. ed. Brasília: EMBRAPA-CENARGEN, 220p.

Filgueira, F.A.R. (2003). *Novo manual de olericultura: Agrotecnologia Moderna na produção e comercialização de hortaliças*. Viçosa: Editora UFV, 412p.

García, R.; Robinson, R.A.; Aguilar, J.A.; Sandoval, S.; Guzman, R. (2003) Recurrent selection for quantitative resistance to soil-borne diseases in beans in the Mixteca region, México. *Euphytica*. 130: 241-247.

Gomez, O.J.; Blair, M.W.; Frankow-Lindberg, B.E.; Gulberg, U. (2004) Molecular and Phenotypic Diversity of Common Bean Landraces from Nicaragua. *Crop Science*. 44: 1412-1418.

Gonçalves-Vidigal, M.C.; Cardoso, A.A.; Vieira, C.; Saraiva, L.S. (1997) Inheritance of antracnose resistance in common bean genotypes PI 207262 and AB 136. *Brazilian Journal of genetics*. 20(1): 59-62.

Gonçalves-Vidigal, M.C.; Silvério, L.; Elias, H.T.; Vidigal Filho, P.S.; Kvitschal, M.V.; Retuci, V.S.; Silva, C.R. (2008) Combining ability and heterosis in common bean cultivars. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*. 43(9): 1143-1150.

Griffing, B. (1956) Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. *Australian Journal of Biological Sciences*. 9: 463–493.

Guimarães, C.T.; Moreira, M.A. (1999) Genética molecular aplicada ao melhoramento de plantas. In: Borém, A. (Ed.). *Melhoramento de espécies cultivadas*. Viçosa: Editora UFV, p. 715-740.

Ibarra-Perez, F.J.; Kelly, J.D. (2005) Molecular markers used to validate reaction of elite bean breeding lines to common bacterial blight. *Annual Report of Bean Improvement Cooperative*. 48: 98–99.

Jung, G.; Scrock, P.W.; Nienhuis, J.; Coyne, D.P.; Arnaud-Santana, E.; Ariyaratne, H.M.; Marita, J.M. (1999) Confirmation of QTL Associated with Common Bacterial Blight Resistance in Four Different Genetic Backgrounds in Common Bean. *Crop Science*. 39: 1448-1455.

Kelemu, S.; Cardona, C.; Segura, G. (2004) Antimicrobial and insecticidal protein isolated from seeds of *Clitoria ternatea*, a tropical forage legume. *Plant Physiology and Biochemistry*. 42: 867–873.

Kelly, J.D.; Gepts, P.; Miklas, P.N.; Coyne, D.P. (2003) Tagging and mapping of genes and qtl and molecular marker-assisted selection for traits of economic importance in bean and cowpea. *Field Crops Reserach*. 82: 135-154.

Krause, W.; Rodrigues, R.; Gonçalves, L.S.A.; Bezerra Neto, F.V.; Leal, N.R. (2009) Genetic divergence in snap bean based on agronomic traits and resistance to bacterial wilt. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*. 9: 246-252.

Kurek, A.J.; Carvalho, F.I.F.; Assmann, I.C.; Cruz, P.J. (2001) Capacidade combinatória como critério de eficiência na seleção de genitores de feijoeiro. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*. 36(4): 645-651.

Leal, N.R. (1990). Andra: nova cultivar de feijão-de-vagem. *Horticultura brasileira*, 8(1):29.

Leal, N.R.; Bliss, F. (1990) Alessa: nova cultivar de feijão-de-vagem. *Horticultura brasileira*. 8(1): 29-30.

Leal, N.R.; Carrijo, I.V. (1992). Snap Bean in public and private institutions in Brazil. In: Henry, G.; Jansen, W. *Snap Bean in the development world*. Centro Internacional de Agricultura Tropical, 366p.

Leal, N.R.; Hamad, I.; Bliss, F. (1979) Combining ability estimates for snap bean traits using early and advanced generations. *HortScience*. 14: 405-410.

Lima, P.C.; Ferreira, D.F.; Bueno Filho, J.S.S.; Ramalho, M.A.P. (2003) Somas de quadrados e hipóteses associadas ao modelo dialélico de Gardner e Eberhart. *Ciência e Agrotecnologia*. 27: 1113-1121.

Liu, S., Yu, K., Park, S.J. (2008) Development of STS markers and QTL validation for common bacterial blight resistance in common bean. *Plant Breeding*. 127:62-68.

Lopes, P.; Alves, P.F.R.; Zandoná, C.; Nunes, M.P.; Mehta, Y.R. (2008) Meio semi-seletivo para detectar *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* em sementes de feijoeiro e sua erradicação através do tratamento de sementes com o fungicida tolylfluanid. *Summa Phytopathologica*. 34(3): 287-288.

Mahuku, G.S.; Jará, C.; Henríquez, M.A.; Castellanos, G.; Cuasquer, J. (2006). Genotypic Characterization of the Common Bean Bacterial Blight Pathogens, *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* and *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* var. *fuscans* by rep-PCR and PCR-RFLP of the Ribosomal Genes. Berlin. *Journal of Phytopathology*. 154: 35-44

Maluf, W.R.; Barbosa, M.L.; Resende, M.R.R.; Costa, H.S.C. (2001) A Cultura do feijão-de-vagem. Disponível em: <http://www2.ufla.br/~wrmaluf/bth065/bth065.html>. Acessado em: 02 nov. 2010.

Mariguele, K.H. (2006) *Controle genético da qualidade da vagem em cruzamento de feijão-vagem x feijão-comum*. Dissertação (Mestrado em Agronomia –

Genética e Melhoramento de Plantas) – Lavras – MG, Universidade Federal de Lavras – UFLA, 20p.

Márquez, M.L.; Terán, H.; Singh, S.P. (2007) Selecting Common Bean with Genes of different evolutionary origins for resistance to *Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli*. *Crop Science*. 47: 1367-1374.

Matos, J.V.; Ramalho, M.A.P.; Abreu, A.F.B. (2007) Trinta e dois anos do programa de melhoramento genético do feijoeiro comum em Minas Gerais. *Ciência e agrotecnologia*. 31(6): 1749-1754.

Miklas, P.N.; Coyne, D.P.; Grafton, K.F.; Mutlu, N.; Reiser, J.; Lindgren, D.T.; Singh, S.P. (2003) A Major QTL for common bacterial blight resistance derives from the common bean great northern landrace cultivar Montana nº 5. *Euphytica*. 131: 137-146.

Mkandawire, A.B.C.; Mabagala, R.B.; Guzmán, P.; Gepts, P.; Gilbertson, R.L. (2004) Genetic diversity and pathogenic variation of common blight bacteria (*Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli* and *X. campestris* pv. *phaseoli* var. *fuscans*) suggests pathogen co-evolution with the common bean. *Phytopathology*. 94: 593-603.

Mohan, S.T.; Mohan, S.K. (1983) Novas linhagens de feijoeiro resistentes ao Crestamento Bacteriano Comum. *Pesquisa agropecuária brasileira*. 18(10): 1117-1120.

Mutlu, M.; Miklas, P.; Reiser, J.; Coyne, D. (2005) Backcross Breeding for improved resistance for common bacterial blight in Pinto bean (*Phaseolus Vulgaris* L.). *Plant Breeding*. 124: 282-287.

Mutlu, N.; Vidaver, A.K.; Coyne, D.P.; Steadman, J.R.; Lambrecht, P.A.; Reiser, J. (2008) Differential pathogenicity of *Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli* and *X. fuscans* subsp. *fuscans* strains on bean genotypes with common blight resistance. *Plant Disease*. 92: 546-554.

Oliveira, L.B.; Ramalho, M.A.P.; Abreu, A.F.B.; Ferreira, D.F. (1996) Alternative procedures for parental choice in a breeding program for the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Brazilian Journal of Genetics*. 19(4): 611-615.

Pastor-Corrales, M.A.; Beebe, S.E.; Correa, F.J. (1981) Comparing two inoculation techniques for evaluating resistance in beans to *Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli* In. International Conference on Plant Pathogenic Bacteria. *Centro Internacional de Agricultura Tropical*, Cali, pp. 493-503. 1981.

Peixoto, N.; Braz, L.T.; Banzatto, D.A.; Moraes, E.A.; Moreira, F.M. (2002a) Características agronômicas, produtividade, qualidade de vagens e divergência genética em feijão-vagem de crescimento indeterminado. *Horticultura Brasileira*. 20(3): 447-451(b).

Peixoto, N.; Braz, L.T.; Banzatto, D.A.; Oliveira, A.P. (2002b) Adaptabilidade e estabilidade em feijão-vagem de crescimento indeterminado. *Horticultura Brasileira*. 20(44): 616-618 (a).

Peixoto, N.; Moraes, E.A.; Monteiro, J.D.; Thung, M.D.T. (2001) Seleção de linhagens de feijão-vagem de crescimento indeterminado para cultivo no Estado de Goiás. *Horticultura Brasileira*. 19(1): 85-88.

Pereira, H.S.; Santos, J.B.; Abreu, A.B.F.; Couto, K.R. (2007) Informações fenotípicas e marcadores microssatélites de QTL na escolha de populações segregantes de feijoeiro. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*. 42(5): 707-713.

Pinto, C.M.F.; Vieira, R.F.; Vieira, C.; Caldas, M.T. (2001) Idade de colheita do feijão-vagem anão cultivar Novirex. *Horticultura Brasileira*. 19(1): 163-167.

Poletine, J.P.; Gonçalves-Vidigal, M.C.; Vidigal Filho, P.S.; Scapim, C.A.; Silvério, L. (1999) Inheritance of antracnose resistance to *Colletotricum lindemuthianum* race 69 in common bean genotype PI 207262. *Acta scientiarum*. 21(3): 447-451.

Ramalho, M.A.P.; Santos, J.B.; Zimmermann, M.J.O. (1993) *Genética quantitativa em plantas autógamas: Aplicações ao melhoramento do feijoeiro*. Goiânia: Editora UFG, 271 p.

Rava, C.A.; Sartorato, A. (1994) Crestamento bacteriano comum. In: Sartorato, A.; Rava, C. A. (eds.) *Principais doenças do feijoeiro comum e seu controle*. Brasília: EMBRAPA-SPI, p. 217-242.

Rodrigues Neto, J.; Malavolta, J.R.; Victor, O. (1986) Meio simples para o isolamento e cultivo de *Xanthomonas campestris* pv. *citri* tipo B. *Summa Phytopathologica*. 12: 16.

Rodrigues, R.; Leal, N.R.; Pereira, M.G.; Lam-Sánchez, A. (1999) Combining ability of *Phaseolus vulgaris* L. for resistance to common bacterial blight. *Genetics and Molecular Biology*. 22(4): 571-575

Rodrigues, R. (1997). *Análise genética da resistência ao Crestamento Bacteriano Comum e outras características agronômicas em Phaseolus vulgaris* L. Tese (Doutorado em Produção Vegetal). Campos dos Goytacazes, RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense - UENF, 102p.

Rodrigues, R.; Leal, N.R.; Lam-Sánchez, A. (1998b) Análise dialéctica de cinco cultivares de feijão para resistência ao crestamento bacteriano comum. *Horticultura Brasileira*. 16(1): 61-64.

Rodrigues, R.; Leal, N.R.; Pereira, M.G. (1998a) Análise dialéctica de seis características agronômicas em *Phaseolus vulgaris* L. *Bragantia*. 57(2): 241-250.

Santos, A.S. (2000). *Marcadores de DNA no melhoramento genético do feijoeiro (Phaseolus vulgaris L.) visando resistência a Xanthomonas axonopodis pv. phaseoli*. Tese (Doutorado em Produção Vegetal) - Campos dos Goytacazes - RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense - UENF, 118p.

Santos, A.S.S.; Bressan-Smith, R.E.; Pereira, M.G.; Rodrigues, R.; Ferreira, C.F. (2003) Genetic Linkage Map of *Phaseolus vulgaris* L. and identification of QTLs responsible for resistance to *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*. *Fitopatologia Brasileira*. 28(1): 5-10.

SIDRA – Sistema IBGE de Recuperação Automática (2006)
<http://www.sidra.ibge.gov.br>. (acessado em outubro de 2010)

Silbernagel, M.J.; Janssen, W.; Davis, J.H.C.; Oca, G.M. (1991). Snap bean production in the tropics: Implications for genetic improvement. In VAN Schoonhoven, A.; Voysest, O. (eds.) *Common beans: Research for crop improvement*. Cali, CIAT, p. 835–862.

Silva, M.P. (2002). Identificação de genitores superiores e herança de características morfoagronômicas em feijão-de-vagem (*Phaseolus vulgaris* L.). Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal). Campos dos Goytacazes, RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense - UENF, 113p.

Silva, M.P.; Amaral Júnior, A.T.; Pereira, M.G.; Rodrigues, R.; Daher, R.F.; Posse, S.C.P. (2005) Diversidade genética e identificação de híbridos por marcadores RAPD em feijão-de-vagem. *Acta Scientia Agronômica*. 27(3): 531-539.

Silva, M.P.; Amaral Júnior, A.T.; Rodrigues, R.; Daher, R.F.; Leal, N.R.; Schuelter, A.R. (2004a) Análise dialélica da capacidade combinatória em feijão-de-vagem. *Horticultura Brasileira*. 22(2): 277-280.

Silva, M.P.; Amaral Júnior, A.T.; Rodrigues, R.; Pereira, M.G.; Viana, A.P. (2004b) Genetic control on morphoagronomic traits in snap bean. *Brazilian Archives of Biology and Technology*. 47(6): 855-862.

Silva, S.A.G.; Morais, O.P.; Rava, C.A.; Costa, J.G.C. (2000) Método generalizado de análise de dialelos desbalanceados. *Pesquisa agropecuária brasileira*. 35(10): 1999-2005.

Singh, S.P. (2001) Broadening the Genetic Base of Common Bean Cultivars: A Review. *Crop Science*. 41: 1659-1675.

Singh, S.P.; Muñoz, C.G. (1999) Resistance to common bacterial blight among *Phaseolus* species and common bean improvement. *Crop Science*. 39(1): 80-89.

Singh, S.P.; Schwartz, H.F. (2010) Breeding Common Bean for Resistance to Diseases: A Review. *Crop Science*. 50: 2199-2223.

Souza, M.F.M.; Rodrigues, R.; Amaral Júnior, A.T.; Sudré, C.P. (2008a) Genetic parameters of resistance components to *Xanthomonas* spp. in tomato. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*. 8: 155-162.

Souza, M.F.M.; Rodrigues, R.; Amaral Júnior, A.T.; Sudré, C.P. (2008b) Resistance to *Xanthomonas* spp. in Tomato: Diallel Analysis and Gene Effects Estimative in a Breeding Programme Carried out in Brazil. *Journal of Phytopathology*. 156(11): 660-667.

Sprague, G.F.; Tatum, L.A. (1942) General vs. specific combining ability in single crosses of corn. *Journal of American Society of Agronomy*. 34: 923-932.

Tar'an, B.; Michaels, T.E.; Pauls, K.P. (2001) Mapping genetic factors affecting the reaction to *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* in *Phaseolus vulgaris* L. under field conditions. *Genome*. 44: 1046-1056.

Teixeira, A.B.; Amaral Júnior, A.T.; Rodrigues, R.; Pereira, T.N.S.; Bressan-Smith, R.E. (2004) Genetic divergence in snap-bean (*Phaseolus vulgaris* L.) evaluated for different methodologies. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*. 4(1): 52-62.

Traka-Mavrona, E.; Georgakis, D.; Koutsika-Sotiriou, M.; Pritsa, T. (2001) The efficiency of a breeding programme with progressively advanced targets applied in an elite cultivar of snap bean. *Journal of Agricultural Science*. 136: 301-308.

Trindade, R.S.; Rodrigues, R.; Amaral Junior, A.T.; Daher, R.F.; Sudré, C.P.; Santos, M.H. (2009). Seleção de genótipos de feijão-de-vagem resistentes a *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* pelo estimador B1 do progresso da doença. In: 5º Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas, 2009, Guarapari - ES. *Anais do 5º Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas*, 2009.

Trindade, R.S.; Amaral Júnior, A.T.; Rodrigues, R.; Daher, R.F.; Sudré, C.P.; Monteiro, C.E.S. (2008) Componentes da resistência a *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* na seleção de genótipos de feijão-de-vagem de hábito determinado. Campinas, *IX Congresso Nacional de pesquisa do Feijão*.

Trindade, R.S.; Araújo, A.P.; Teixeira, M.G. (2010) Leaf area of common bean genotypes during early pod filling as related to plant adaptation to limited phosphorus supply. *Revista Brasileira de Ciência do Solo*. 34: 115-124.

Tsai, S.M.; Nodari, R.O.; Camargo, L.E.A.; Vencovsky, R.; Gepts, P. (1998) QTL mapping for nodule number and common bacterial blight in *Phaseolus vulgaris* L. *Plant and Soil*. 204: 135-145.

Vandermark, G.J.; Fourie, D.; Larsen, R.C.; Miklas, P.N. (2009) Interactions between QTL SAP6 and SU91 on resistance to common bacterial blight in red kidney bean and pinto bean populations. *Euphytica*. 170: 371-381.

Vandermark, G.J.; Fourie, D.; Miklas, P.N. (2008) Genotyping with real-time PCR reveals recessive epistasis between independent QTL conferring resistance to common bacterial blight in dry bean. *Theoretical and Applied Genetics*. 117: 513-522.

Vencovsky, R.; Barriga, P. (1992) *Genética biométrica no fitomelhoramento*. Ribeirão Preto, Sociedade Brasileira de Genética, 496p.

Viana, J.M.S. (2000) The parametric restrictions of the Griffing diallel analysis model: combining ability analysis. *Genetics and Molecular Biology*. 23(4): 877-881.

Viana, J.M.S.; Matta, F.P. (2003) Analysis of general and specific combining abilities of popcorn populations, including selfed parents. *Genetics and Molecular Biology*. 26(4): 465-471.

Vieira, C. (1967). Melhoramento. In: Vieira, C. *O feijoeiro-comum, cultura doenças e melhoramento*. Imprensa universitária, UREMG, Viçosa: 124-215.

Vieira, C.; Borém, A.; Ramalho, M.A.P. (1999). Melhoramento do feijão. In: Borém, A. *Melhoramento de espécies cultivadas*. Viçosa. Ed. UFV, p. 273-349.

Vilela, F.O.; Amaral Júnior, A.T.; Freitas Júnior, S.P.; Viana, A.P.; Pereira, M.G.; Silva, M.G.M. (2009). Selection of snap bean recombined inbred lines by using EGT and SSD. *Euphytica*, 165: 21-26.

Yu. K.; Park, S.J.; Poysa, V. (2000) Marker assisted selection of common beans for resistance to common bacterial blight: efficacy and economics. *Plant Breeding*. 119: 411-415.

Yu, K.; Park, S.J.; Zhang, B.; Haffner, M.; Poysa, V. (2004) An SSR marker in the nitrate reductase gene of common bean is tightly linked to a major gene conferring resistance to common bacterial blight. *Euphytica*. 138: 89-95.

Zaunmeyer, W.J. (1972) *Genetic vulnerability of major crops*. National Academy of Science, p. 234-244.

Zimmermann, M.J.O.; Teixeira, M.G. (1996) Origem e evolução. In: Zimmermann, M.J.O.; Rocha, M.; Yamada, T. (eds.). *Cultura do feijoeiro: fatores que afetam a produtividade*. Piracicaba: Associação Brasileira para pesquisa da potassa e do fosfato, p 21-35.

7. RESUMO E CONCLUSÕES

A principal doença bacteriana tanto na cultura do feijão comum quanto em feijão-de-vagem é o Crestamento Bacteriano Comum (CBC), cujo agente causal é a bactéria *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* (*Xap*). Dentre as medidas de controle para esta patogenia, a estratégia mais efetiva, ambientalmente segura e vantajosa do ponto de vista econômico e do aspecto da agricultura sustentável é o desenvolvimento de cultivares resistentes a patógenos. Como passo inicial para a implantação de um programa de melhoramento visando à obtenção de cultivares resistentes e adaptadas ao Norte Fluminense, foram conduzidos dois experimentos. No primeiro, visou-se: avaliar o nível de resistência ao CBC de genótipos de feijão-de-vagem de crescimento determinado com base em quatro componentes de mensuração da resistência; comparar a avaliação de dados de resposta à inoculação de *Xap* em folhas, com a avaliação pelo estimador β_1 da equação de regressão; e selecionar genótipos de feijão-de-vagem com potencial para resistência ao CBC. O delineamento experimental foi blocos ao acaso com seis repetições, em esquema de parcelas subdivididas, com 14 genótipos de feijão-de-vagem e três genótipos de feijão comum na parcela e dois isolados de *Xap* na subparcela. As notas atribuídas ao progresso da doença ao longo do tempo também foram analisados via regressão linear. Observaram-se interações significativas entre genótipo e estirpe para área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD), diâmetro da lesão em vagens (DLV) e média das notas (NOTA). Não foram observadas diferenças significativas entre os genótipos de

feijão comum resistentes ao CBC e os acessos de feijão-de-vagem avaliados, para o diâmetro da lesão em vagens. Houve alta correlação entre AACPD, NOTA e β_1 e correlações negativas entre o período latente e os demais componentes de resistência avaliados. A partir dos dados obtidos com o primeiro experimento, realizou-se uma segunda avaliação objetivando estudar a capacidade combinatória para a resistência ao Crestamento Bacteriano Comum (CBC) e outras características de interesse agrônomo em *Phaseolus vulgaris* L. por meio da aplicação da metodologia de dialelo proposta por Griffing. Seis genitores, sendo dois genótipos de feijão comum resistentes ao CBC e quatro acessos de feijão-de-vagem de hábito determinado foram cruzados em esquema de dialelo completo sem recíprocos, para estimar a capacidade geral e específica de combinação dos genitores e híbridos, respectivamente para a resistência a *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*. A resistência ao CBC foi avaliada por meio da inoculação de duas estirpes de *Xap*, tendo a severidade sido avaliada por meio de quatro componentes de resistência: AACPD, Período Latente em Folhas (PLF), DLV e NOTA. Foram avaliadas 14 características morfoagronômicas qualitativas e 16 características quantitativas. Houve a predominância de efeitos aditivos no controle das características morfoagronômicas, enquanto que, para a herança da resistência ao CBC, foram observados efeitos aditivos e não-aditivos, corroborando a complexidade da herança para esta patogenia. Os resultados obtidos apontam para a necessidade do uso de métodos mais sofisticados e focados no controle parental, como o método genealógico e a seleção recorrente, visando ao melhoramento da resistência ao Crestamento Bacteriano Comum em *Phaseolus vulgaris* L. As conclusões tomadas a partir dos dois experimentos conduzidos foram:

1. Os acessos de feijão-de-vagem UENF 1482, UENF 1486, UENF 1487 e UENF 1579 apresentaram níveis de resistência ao CBC em folhas e vagens próximos aos dos três genótipos de feijão comum resistentes à *Xap*, sendo recomendados em programas de melhoramento para aproveitamento da resistência ao CBC.
2. A interação significativa entre genótipo e estirpe denota a necessidade do uso de diferentes estirpes e genótipos de feijão-de-vagem para correta estimação

dos efeitos genéticos e ambientais para a resistência ao CBC em feijão-de-vagem.

3. Não foram observadas diferenças significativas entre os genótipos resistentes ao CBC e os acessos de feijão-de-vagem avaliados para o diâmetro da lesão em vagens (DLV) quando da inoculação com a estirpe 139 y.

4. Houve elevada correlação entre AACPD, NOTA e o coeficiente β_1 , denotando equivalência entre estes estimadores para quantificação da severidade do CBC em folhas.

5. A baixa correlação entre DLV e os demais componentes de resistência corrobora indicativos de que os genes que controlam a resistência em folhas são distintos dos que controlam a resistência em vagens.

6. O grau de resistência ao CBC, observado nos genótipos de feijão-de-vagem avaliados, torna recomendável o intercruzamento dos mesmos com acessos de *Phaseolus vulgaris* L., para incrementos da resistência.

9. O uso conjunto de marcadores morfoagronômicos e ISSR permitiu a confirmação precisa dos cruzamentos efetuados.

10. Houve predominância de efeitos aditivos no controle de características morfoagronômicas nos acessos de *Phaseolus vulgaris* avaliados.

11. Foram observados efeitos aditivos e não-aditivos atuando no controle da resistência ao CBC em *Phaseolus vulgaris* L.

12. Os valores de média geral foram mais elevados na estirpe 139 y, para AACPD e Nota, enquanto que, para PLF e DLV, foram observados maiores valores de média para a estirpe 775-9.

13. A magnitude do coeficiente de variação experimental e dos componentes genéticos de variância, para a estirpe 775-9, em todos os componentes de

resistência avaliados, denota uma maior variabilidade genética para a resposta a esta estirpe pelos genótipos de *Phaseolus vulgaris* avaliados.

14. Tanto para a resistência ao CBC em folhas, quanto para características morfoagronômicas ligadas à qualidade das vagens, recomenda-se a combinação dos genótipos de feijão-de-vagem UENF 1486 e UENF 1487 com o genótipo de feijão comum BAC 6.

15. Para a resistência ao CBC em vagens, recomenda-se o uso de linhagens derivadas do cruzamento entre o genótipo de feijão comum PI 207262 e o acesso de feijão-de-vagem UENF 1579, os quais apresentaram valores elevados de \hat{g}_i para DLV, quando inoculados com a estirpe 775-9.

16. A complexidade da resistência ao CBC em *Phaseolus vulgaris* L., torna recomendável o uso de métodos de melhoramento mais complexos, como o método genealógico e a seleção recorrente, para a obtenção de cultivares de feijão-de-vagem resistentes ao CBC para a região Norte Fluminense.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Abd-Alla, M.H.; Bashandy, S.R.; Schnell, S. (2010) Occurrence of *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*, the Causal Agent of Common Bacterial Blight Disease, on Seeds of Common Bean (*Phaseolus vulgaris* L.) in Upper Egypt. *Folia Microbiologica*. 55 (1): 47–52.

Abreu, F.B.; Leal, N.R.; Rodrigues, R.; Amaral Júnior, A.T.; Silva, D.J.H. (2004) Divergência genética entre acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento indeterminado. *Horticultura Brasileira*. 22(3): 547-552.

Acosta-Gallegos, J.; Kelly, J.D.; Gepts, P. (2007) Prebreeding in Common Bean and Use of Genetic Diversity from Wild Germplasm. *Crop Science*. 47(S3): 44-59.

AGRIOS, G.N. (2005). *Plant pathology*. Elsevier Academic, 922p.

Allard, R.W. (1971) *Princípios do melhoramento genético de plantas*. São Paulo: Edgard Blücher, 381p.

Arantes L.O.; Ramalho, M.A.P.; Abreu, A.F.B. (2008) Controle genético da incompatibilidade do cruzamento entre cultivares andinas e mesoamericanas de feijoeiro comum. *Ciência e Agrotecnologia*. 32: 978-980.

Arnaud-Santana E.; Coyne D.P.; Eskridge K.M.; Vidaver A.K. (1994) Inheritance, low correlations of leaf, pod, and seed reactions to common blight disease in common beans, and implications for selection. *Journal of American Society Horticulture Science*. 119(1): 116–121.

Barelli, M.A.A.; Vidigal, M.C.G.; Amaral Júnior, A.T.; Vidigal Filho, P.S.; Scapim, C.A. (2000) Combining Ability Among Six Common Bean Cultivars Adapted To The North West Region Of Paraná State, Brazil. *Bragantia*. 59(2): 159-164.

Bianchini, A.; Maringoni, A.C.; Carneiro, S.M.T.P.G. (2005) Doenças do feijoeiro. In: Kimati, H.; Amorin, L.; Bergamin Filho, A.; Camargo, L.E.A.; Rezende, J.A.M. (Eds.). *Manual de Fitopatologia: doenças das plantas cultivadas*. 4^a ed. São Paulo: Editora Ceres, p. 376-399.

Borém, A.; Cavassim, J.E. (1999) Blocos de cruzamento. In, BORÉM, A. (Ed.) *Hibridação artificial de plantas*. Viçosa. Editora UFV, p. 15-63.

Castellane, P.D.; Vieira, R.D.; Carvalho, N.M. (1988) *Feijão-de-vagem (Phaseolus vulgaris L.): Cultivo e produção de sementes*. Jaboticabal: FUNEP/FCAV-UNESP, 60p.

CEASA (2010) - Prohort - Programa Brasileiro de Modernização do Mercado de Hortigranjeiro. Disponível em <http://www.ceasa.gov.br/precos.php>. Acessado em outubro de 2010;

Chan, J.W.Y.F.; Goodwin, P.H. (1999) Differentiation of *Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli* from *Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli* var. *fuscans* by PFGE and RFLP. *European Journal of Plant Pathology*. 105: 867–878.

Checa, O.E.; Blair, M.W. (2008) Mapping QTL for climbing ability and component traits in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Molecular Breeding*. 22: 201 -205.

CIDE – Anuário estatístico do estado do Rio de Janeiro (2009) <http://www.cide.rj.gov.br> (acessado em outubro de 2010).

Contreras, N.; Trijilo, G.; Borges, O.; Centeno, F. (2001) Análisis ultraestructural de la interacción de *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* con genotipos resistentes, moderadamente resistentes y susceptibles de *Phaseolus vulgaris* L. *Interciencia*. 26(11): 1-8.

Costa, R.A.; Rodrigues, R.; Sudré, C.P. (2002) Resistência genética à mancha bacteriana em genótipos de pimentão. *Horticultura Brasileira*. 20(1): 86-89.

Coyne, D.P.; Steadman, J.R.; Godoy-Lutz, G.; Gilbertson, R.; Arnaud-Santana, E.; Beaver, J.S.; Myers, J.R. (2003). Contributions of the Bean/Cowpea CRSP to management of bean diseases. *Field Crops Research*, 82:155–168.

Coyne, D.P.; Schuster, M.L. (1974a) Breeding and genetic studies of tolerance to several bean (*Phaseolus vulgaris* L.) bacterial pathogens. *Euphytica*. 23: 651-656.

Coyne, D.P.; Schuster, M.L. (1974b) Differential reaction of pods and foliage of beans (*Phaseolus vulgaris*) to *Xanthomonas phaseoli*. *Plant Disease Reporter*. 58: 278-282(b).

Coyne, D.P.; Schuster, M.L. (1983) Genetics and breeding for resistance to bacterial pathogens in vegetable crops. *HortScience*. 18: 30-36.

Cruz, C.D.; Regazzi, A.J.; Carneiro, P.C.S. (2004). *Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético - Volume I*. 3. ed. Viçosa: Editora UFV, v. 1. 480p.

Danhorn, T.; Fuqua, C. (2007) Biofilm Formation by Plant-Associated Bacteria. *Annual Review of Microbiology*. 61: 401–22.

Dansorval, A.; Darrasse, A.; Meyer, D.; Demarty, M.; Durand, K.; Bureau, C.; Manceau, C.; Jacques, M.A. (2008). The Type III Secretion System of *Xanthomonas fuscans* subsp. *fuscans* Is Involved in the Phyllosphere Colonization Process and in Transmission to Seeds of Susceptible Beans. *Applied and Environmental Microbiology*, p. 2669–2678.

Darrasse, A.; Bureal, C.; Samsom, R.; Morris, C.E.; Jacques, M.-A. (2007) Contamination of bean seeds by *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* associated with low bacterial densities in the phyllosphere under field and greenhouse conditions. *European Journal of Plant Pathology*. 119: 203–215.

Debouck, D.G. (1991) Systematics and morphology. In: Schoonhoven, A. Van; Voysest, O. (Ed.). *Common beans: research for crop improvement*. Cali: CIAT: 55-118.

Díaz, C.G.; Bassanezi, R.B.; Godoy, C.V.; Lopes, D.B.; Bergamin Filho, A. (2001) Quantificação do efeito do Crestamento Bacteriano Comum na eficiência fotossintética e na produção do feijoeiro. *Fitopatologia Brasileira*. 26: 71-76.

Dursun, A.; Donmez, M.F.; Sahin, F. (2002) Identification of resistance to common bacterial blight disease on bean genotypes grown in Turkey. *European Journal of Plant Pathology*. 108: 811–813.

FAO (2010) FAO/ World Foods: Tabla de producción mundial de alimentos. Disponível em <<http://www.faostat.fao/faostat /collection?subset=agriculture>>. Acesso em 19/10/2010.

Fernández, F.; Gepts, P.; López, M. (1986) *Etapas de desarrollo de la planta de frijol común (Phaseolus vulgaris L.)*. Calí. Centro internacional de agricultura tropical. 34p.

Ferreira, C.F.; Pereira, M.G.; Santos, A.S.S.; Rodrigues, R.; Bressan-Smith, R.E.; Viana, A.P.; Daher, R.F. (2003) Resistance to common bacterial blight in *Phaseolus vulgaris* L. recombinant inbred lines under natural infection of *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*. *Euphytica*. 134: 43-46.

Ferreira, C.F.; Pereira, M.G.; Santos, A.S.S.; Rodrigues, R.; Bressan-Smith, R.E.; Viana, A.P.; Daher, R.F. (2004) *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* resistance

in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) recombinant inbred lines. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*. 4: 100-104.

Ferreira, F.M.; Ribeiro Júnior, J.I.; Pacheco, C.A.P.; Silva, C.H.O.; Martins Filho, S. (2004). Genetic components of combining ability in a complete diallel. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*. 4: 338-343.

Filgueira, F.A.R. (2003) *Novo manual de olericultura: Agrotecnologia Moderna na produção e comercialização de hortaliças*. Viçosa: Editora UFV, 412p.

Gardner, C.O.; Eberhart, S.A. (1966) Analysis and interpretation of the variety cross diallel and related populations. *Biometrics*, v. 22, p. 439–452.

Gepts, P.; Osborn, T.C.; Rasca, K.; Bliss, F.A. (1986) Phaseolin-protein variability in wild forms and landraces of the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.): evidence for multiple centers of domestication. *Economic Botany*. 40(4): 451-468.

Gent, D.H.; Lang, J.M.; Schwartz, H.F. (2005). Epiphytic survival of *Xanthomonas axonopodis* pv. *allii* and *X. axonopodis* pv. *phaseoli* on leguminous hosts and onion. *Plant Disease*, 89: 558-564.

Gitaitis, R.; Walcott, R. (2007) The Epidemiology and Management of Seedborne Bacterial Diseases. *Annual Review of Phytopathology*. 45: 371–397.

Gonçalves, B.M.L. (2006) Produção agrícola e pecuária do estado do Rio de Janeiro 1999 – 2004. *Serviço Nacional de Aprendizagem Rural* (SENAR), 32p. (Disponível em www.senar-rio.com.br).

Gonçalves-Vidigal, M.C.; Bonett, L.P.; Vidigal Filho, P.S.; Gonela, A.; Ribeiro, A.S. (2007) Genetic Control on the Performance of Common Bean Differential Cultivars to *Colletotrichum lindemuthianum* Races. *Brazilian archives of biology and technology*. 50(4): 579-586.

Gravina, G.A.; Sedyama, C.S.; Martins Filho, S.; Moreira, M.A.; Barros, E.G. (2003) Diallel analysis for frog-eye leaf spot resistance in soybean. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*. 38(6): 673-680.

Griffing, B. (1956) Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. *Australian Journal of Biological Sciences*. 9: 463-493.

Habtu, A.; Satche, I.; Zadoks, J.C. (1996). A survey of cropping practices and foliar diseases of common beans in Ethiopia. *Crop protection*, 15(2): 179-186.

Halfeld-Vieira, B.A.; Souza, R.M. (2000) Virulência de isolados de *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* e sua variante *fuscans*. *Ciência e Agrotecnologia*. 24: 94-102.

Halfeld-Vieira, B.A.; Souza, R.M.; Figueira, A.R.; Boari, A.J. (2001) Identificação de *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* e *X. axonopodis* pv. *phaseoli* var. *fuscans* através da técnica de PCR. *Fitopatologia Brasileira*. 26: 737-740.

Hayman, B.I. (1954). The theory and analysis of the diallel crosses. *Genetics*. 39: 798-809.

Henry, G.; Jansen, W. (1992). *Snap Beans in the developing world*. Calí. Centro internacional de agricultura tropical. 366p.

Jacques, M.A.; Josi, K.; Darrasse, A.; Samson, R. (2005) *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* var. *fuscans* Is Aggregated in Stable Biofilm Population Sizes in the Phyllosphere of Field-Grown Beans. *Applied and Environmental Microbiology*. 71(4): 2008–2015.

Jinks, J.L.; Hayman, B.I. (1953) The analysis of diallel crosses. *Maize Genetics Cooperation Newsletter*. 27: 48-54.

Jung, G.; Scrock, P.W.; Nienhuis, J.; Coyne, D.P.; Arnaud-Santana, E.; Ariyaratne, H.M., Marita, J.M. (1999) Confirmation of QTL Associated with

Common Bacterial Blight Resistance in Four Different Genetic Backgrounds in Common Bean. *Crop Science* 39: 1448-1455.

Kelly, J.D.; Gepts P.; Miklas P.N.; Coyne, D.P. (2003) Tagging and mapping of genes and QTL and molecular marker-assisted selection for traits of economic importance in bean and cowpea. *Field Crops Reserach*. 82: 135-154.

Kempthorne, O.; Curnow, R.N. (1961) The partial diallel cross. *Biometrics*. 17: 229-250.

Krause, W.; Rodrigues, R.; Gonçalves, L.S.A.; Bezerra Neto, F.V.; Leal, N.R. (2009) Genetic divergence in snap bean based on agronomic traits and resistance to bacterial wilt. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*. 9: 246-252.

Leal, N.R.; Bliss, F. (1990) Alessa: nova cultivar de feijão-de-vagem. *Horticultura brasileira*. 8(1): 29-30.

López, C.E.; Acosta, I.F.; Jará, C.; Pedraza, F.; Gaitán-Solís, E.; Gallego, G.; Beebe, S.; Tohme, J.(2003). Identifying Resistance Gene Analogs Associated With Resistances to Different Pathogens in Common Bean. *Phytopatology*, p. 88-96.

Lopes, P.; Alves, P.F.R.; Zandoná, C.; Nunes, M.P.; Mehta, Y.R. (2008) Meio semi-seletivo para detectar *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* em sementes de feijoeiro e sua erradicação através do tratamento de sementes com o fungicida tolylfluanid. *Summa Phytopathologyca*. 34(3): 287-288.

Lumbreras, et al. (2003) *Zoneamento agroecológico do Estado do Rio de Janeiro*. Rio de Janeiro: Embrapa Solos - Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento. 113p.

Mabagala, R.B. (1997) The effect of populations of *Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli* in bean reproductive tissues on seed infection of resistant and susceptible bean genotypes. *European Journal of Plant Pathology*. 103: 175–181.

- Mahuku, G.S.; Jará, C.; Henríquez, M.A.; Castellanos, G.; Cuasquer, J. (2006) Genotypic Characterization of the Common Bean Bacterial Blight Pathogens, *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* and *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* var. *fuscans* by rep-PCR and PCR–RFLP of the Ribosomal Genes. Berlin. *Journal of Phytopathology*. 154, p. 35–44
- Manzanera, M.A.S.; Asensio, C.; Singh, S.P. (2005) Gamete Selection for Resistance to Common and Halo Bacterial Blights in Dry Bean Intergene Pool Populations. *Crop Science*. 46: 131-135.
- Maringoni, A.C.; Fregonense, L.H.; Tolofi, J.G.; Kurozawa, C. (1993) Reação foliar da vagem de feijoeiro a *Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli* e transmissão da bactéria pelas sementes. *Fitopatologia Brasileira*. 18(3): 412-415.
- Maringoni, A.C.; Lauretti, R.L.B. (1999). Reação de genótipos de feijoeiro comum a *Fusarium oxysporum* F. SP. *phaseoli*, *Macrophomina phaseolina* e *Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli*. Pesquisa agropecuária brasileira, 34(4): 535-542.
- Maringoni, A.C.; Komori, N. (1989) Levantamento das bacterioses do feijoeiro no estado do Paraná. Brasília. *Fitopatologia Brasileira*. 14(3): 241-244.
- Marques, A.S.A.; Guimarães, P.M.; Santos, J.P.S.; Vieira, T.M. (2005) Sobrevivência e Viabilidade de *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* em Sementes de Feijão Armazenadas sob Condições Controladas. *Fitopatologia brasileira*. 30(5): 527-531.
- Márquez, M.L.; Terán, H.; Singh, S.P. (2007) Selecting Common Bean with Genes of different evolutionary origins for resistance to *Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli*. *Crop Science*. 47: 1367-1374.
- Matos, J.V.; Ramalho, M.A.P.; Abreu, A.F.B. (2007) Trinta e dois anos do programa de melhoramento genético do feijoeiro comum em Minas Gerais. *Ciência e agrotecnologia*. 31(6): 1749-1754.

Miklas, P.N.; Coyne, D.P.; Grafton, K.F.; Mutlu, N.; Reiser, J.; Lindgren, D.T.; Singh, S.P. (2003) A Major QTL for common bacterial blight resistance derives from the common bean great northern landrace cultivar Montana nº 5. *Euphytica*. 131: 137-146.

Miranda, J.E.C.; Costa, C.P.; Cruz, C. D. (1988) Análise dialélica em pimentão - I: Capacidade Combinatória. *Revista Brasileira de Genética*. 7: 431-440.

Mkandawire, A.B.C.; Mabagala, R.B.; Guzmán, P.; Gepts, P.; Gilbertson, R.L. (2004) Genetic diversity and pathogenic variation of common blight bacteria (*Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli* and *X. campestris* pv. *phaseoli* var. *fuscans*) suggests pathogen co-evolution with the common bean. *Phytopathology*. 94: 593-603.

Mohan, S.T.; Mohan, S.K. (1983) Novas linhagens de feijoeiro resistentes ao Crestamento Bacteriano Comum. *Pesquisa agropecuária brasileira*. 18(10): 1117-1120.

Moreira, R.M.P.; Ferreira, J.M.; Takahashi, L.S.A.; Vasconcelos, M.E.C.; Geus, L.C.; Botti, L. (2009) Potencial agrônômico e divergência genética entre genótipos de feijão-vagem de crescimento determinado. *Semina: Ciências Agrárias*. 30(1): 1051-1060.

Mutlu, M.; Miklas, P.; Reiser, J.; Coyne, D. (2005) Backcross Breeding for improved resistance for common bacterial blight in Pinto bean (*Phaseolus Vulgaris* L.). *Plant Breeding*. 124: 282-287.

Mutlu, N.; Vidaver, A.K.; Coyne, D.P.; Steadman, J.R.; Lambrecht, P.A.; Reiser, J. (2008) Differential pathogenicity of *Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli* and *X. fuscans* subsp. *fuscans* strains on bean genotypes with common blight resistance. *Plant Disease*. 92: 546-554.

Nascimento, I R. (2005) *Heterose e capacidade combinatória de linhagens de pimentão resistentes ao mosaico amarelo causado por PepYMV (Pepper yellow mosaic virus)* – Tese (Doutorado em Genética e melhoramento de plantas) - Universidade Federal de Lavras – UFLA, 101 p.

O'Toole, J.C.; Bland, W.L. (1987) Genotypic variation in crop plant root systems. *Advances in Agronomy*. 41: 91-145.

Opio, A.F.; Allen, D.J.; Teril, J.M. (1996) Pathogenic variation in *Xanthomonas campestri* pv. *phaseoli*, the causal agent of common bacterial blight in *Phaseolus beans*. *Plant pathology*. 45: 1126-1133.

Paradela Filho, O.; Carvalho, A.M.B.; Pompeu, A.S. (1967). Ocorrência de *Xanthomonas phaseoli* var. *fuscans* (Burk) Starr & Burk nos feijoeiros do estado de São Paulo. *Bragantia*. 26: 1-4.

Peixoto, N.; Moraes, E.A.; Monteiro, J.D.; Thung, M.D.T. (2001) Seleção de linhagens de feijão-vagem de crescimento indeterminado para cultivo no Estado de Goiás. *Horticultura Brasileira*. 19(1): 85-88.

Peixoto, N.; Silva, L.O.; Thung, M.D.T.; Santos, G. (1993) Produção de sementes de linhagens e cultivares arbustivas de feijão-de-vagem em Anápolis–GO. *Horticultura Brasileira*. 11(2): 151-152.

Peixoto, N.; Thung, M.D.T.; Silva, L.O.; Farias, J.G.; Oliveira, E.B.; Barbedo, A.S.C.; Santos, G. (1997) *Avaliação de cultivares arbustivas de feijão-vagem, em diferentes ambientes do Estado de Goiás*. Goiânia: EMATER-GO 20p. (Boletim de Pesquisa 01).

Pereira, A.V.; Otto, R.F.; Reghin, M.Y. (2003) Respostas do feijão-vagem cultivado sob proteção com agrotêxtil em duas densidades de plantas. *Horticultura Brasileira*. 21(3): 564-569.

Pinto, C.M.F.; Vieira, R.F.; Vieira, C.; Caldas, M.T. (2001) Idade de colheita do feijão-vagem anão cultivar Novirex. *Horticultura Brasileira*. 19(1): 163-167.

Pozza, E.A.; Souza, P.E.; Castro, H.A.; Pozza, A.A.A. (1999). Frequência da ocorrência de doenças da parte aérea de plantas na região de Lavras-MG. *Ciência e agrotecnologia*, 23(4): 1001-1005.

Ramalho, M.A.P.; Santos, J.B.; Zimmermann, M.J.O. (1993) *Genética quantitativa em plantas autógamas: Aplicações ao melhoramento do feijoeiro*. Goiânia: Editora UFG, 271p.

Rava, C.A.; Sartorato, A. (1994) Crestamento bacteriano comum. In: Sartorato, A.; Rava, C. A. (eds.) *Principais doenças do feijoeiro comum e seu controle*. Brasília: EMBRAPA-SPI, p. 217-242.

Rava, C.A.; Sartorato, A.; Romeiro, R.S. (1990) Avaliação de cultivares de feijoeiro quanto à resistência a *Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli* em condições de campo e casa de vegetação. *Summa Phytopathologica*. 16: 83-91.

Rodrigues, R.; Leal, N.R.; Pereira, M.G.; Lam-Sánchez, A. (1999) Combining ability of *Phaseolus vulgaris* L. for resistance to common bacterial blight. *Genetics and Molecular Biology*. 22(4): 571-575.

Rodrigues, R. (1997) *Análise genética da resistência ao Crestamento Bacteriano Comum e outras características agronômicas em Phaseolus vulgaris* L. Tese (Doutorado em Produção Vegetal)-Campos dos Goytacazes-RJ. Universidade Estadual do Norte Fluminense - UENF, 102p.

Rodrigues, R.; Leal, N.R.; Lam-Sánchez, A. (1998) Análise dialélica de cinco cultivares de feijão para resistência ao crestamento bacteriano comum. *Horticultura Brasileira*. 16(1): 61-64.

Santos, A.S. (2000). *Marcadores de DNA no melhoramento genético do feijoeiro (Phaseolus vulgaris L.) visando resistência a Xanthomonas axonopodis pv.*

phaseoli. Tese (Doutorado em Produção Vegetal) - Campos dos Goytacazes - RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense - UENF, 118p.

Santos, A.S.; Bressan-Smith, R.E.; Pereira, M.G.; Rodrigues, R.; Ferreira, C.F. (2003) Genetic Linkage Map of *Phaseolus vulgaris* L. and identification of QTLs responsible for resistance to *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*. *Fitopatologia Brasileira*. 28(1): 5-10.

Sartorato, A.; Rava, C.A.; Rios, G.P. (1996) Doenças fúngicas e bacterianas de parte aérea. In: Araújo, R.S.; Rava, C.A.; Stone, L.F.; Zimmermann, M.J.O. (eds.). *Cultura do feijoeiro: fatores que afetam a produtividade*. Piracicaba. Associação Brasileira para pesquisa da potassa e do fosfato. p. 21-35.

Sbalcheiro, C.C.; Denardin, N.D.; Brammer, S.P. (2009) Alterações de isoenzimas peroxidases em plantas de feijoeiro tratadas com biocontrolador do crestamento bacteriano comum. *Tropical Plant Pathology*. 34(1): 29-37.

SIDRA – Sistema IBGE de Recuperação Automática (2006) <http://www.sidra.ibge.gov.br>. (acessado em outubro de 2010)

Silbernagel, M.J.; Janssen, W.; Davis, J.H.C.; Oca, G.M. (1991). Snap bean production in the tropics: Implications for genetic improvement. In Van Schoonhoven, A., Voysest, O. (eds.) *Common beans: Research for crop improvement*. Cali: CIAT, p. 835–862.

Silva, A.; Santos, I.; Balbinot, A.L.; Matei, G.; Oliveira, P.H. (2009). Reação de genótipos de feijão ao Crestamento Bacteriano Comum, avaliado por dois métodos de inoculação. *Ciência e agrotecnologia*. 33: 2019-2024.

Silva, E.C.; Silva Filho, A.V.; Alvarenga, M.A.R. (2001) Efeito residual da adubação efetuada no cultivo da batata sobre a produção do feijão-de-vagem. *Horticultura Brasileira*. 19(3): 180-183.

Silva, M.P.; Amaral Júnior, A.T.; Rodrigues, R.; Daher, R.F.; Leal, N.R.; Schuelter, A.R. (2004a) Análise dialélica da capacidade combinatória em feijão-de-vagem. *Horticultura Brasileira*. 22(2): 277-280.

Silva, M.P.; Amaral Júnior, A.T.; Rodrigues, R.; Pereira, M.G.; Viana, A.P. (2004b) Genetic control on morphoagronomic traits in snap bean. *Brazilian Archives of Biology and Technology*. 47(6): 855-862.

Silva, S.A.G.; Morais, O.P.; Rava, C.A.; Costa, J.G.C. (2000) Método generalizado de análise de dialelos desbalanceados. *Pesquisa agropecuária brasileira*. 35(10): 1999-2005.

Singh, S.P. (2001). Broadening the Genetic Base of Common Bean Cultivars: A Review. *Crop Science*, 41: 1659-1675.

Singh, S.P.; Gepts, P.; Debouck, D.G. (1991). Races of common bean (*Phaseolus vulgaris*, Fabaceae). *Economic Botany*, 45: 379-396.

Singh, S.P.; Muñoz, C.G. (1999) Resistance to common bacterial blight among *Phaseolus* species and common bean improvement. *Crop Science*. 39(1): 80-89.

Skroch, P.; Nienhuis, J. (1995). Qualitative and quantitative characterization of RAPD variation among snap bean (*Phaseolus vulgaris*) genotypes. *Theoretical Applied Genetics*, 91: 1078–1085.

Souza, M.F.M.; Rodrigues, R.; Amaral Júnior, A.T.; Sudré, C.P. (2008) Resistance to *Xanthomonas* spp. in Tomato: Diallel Analysis and Gene Effects Estimative in a Breeding Programme Carried out in Brazil. *Journal of Phytopathology*. 156(11): 660-667.

Suinaga, F.A.; Casali, V.W.D.; Picanço, M.C.; Silva, D.J.H. (2004b) Capacidade combinatória de sete caracteres de resistência de *Lycopersicon* spp. a traça do tomateiro. *Horticultura Brasileira*. 22(2): 243-248.

Tar'an, B.; Michaels, T.E.; Pauls, K.P. (1998) Stability of association of molecular markers with common bacterial blight resistance in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Plant Breeding*. 117: 553-558.

Tar'an, B.; Michaels, T.E.; Pauls, K.P. (2001) Mapping genetic factors affecting the reaction to *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* in *Phaseolus vulgaris* L. under field conditions. *Genome*. 44: 1046-1056.

Tebaldi, N.D.; Souza, R.M.; Machado, J.C. (2007). Detecção de *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* em Sementes de Feijão em Meio de Cultura Semi Seletivo. *Fitopatologia Brasileira*, 32(1): 56-58.

Teixeira, A. B. *Divergência genética em feijão-de-vagem (Phaseolus vulgaris L.) e Vigna spp. em interação com o ambiente.*(2002) Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal)-Campos dos Goytacazes-RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense – UENF, 85p.

Teixeira, A.B.; Amaral Júnior, A.T.; Rodrigues, R.; Pereira, T.N.S.; Bressan-Smith, R.E. (2004) Genetic divergence in Snap –bean (*Phaseolus vulgaris* L.) evaluated for different methodologies. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*. 4(1): 52-62.

Theodoro, G.F. (2004). Reação de cultivares locais de feijão a *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*, em condições de campo. *Revista brasileira de Agrociência*, 10(3): 373-375.

Torres, J.P.; Maringoni, A.C. (1999) Métodos de inoculação, estádios de desenvolvimento fenológico da planta e reação de cultivares de feijoeiro a *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*. *Ciência. e Agrotecnologia*, Lavras, .23(1): 124-129.

Torres, J.P.; Maringoni, A.C.; Silva Júnior, T.A.F. (2009a) Survival of *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* var. *Fuscans* in common bean leaflets on soil. *Journal of Plant Pathology*. 91(1): 195-198.

Torres, J.P.; Silva Júnior, T.A.F.; Maringoni, A.C. (2009b) Detecção de *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* em sementes de feijoeiro provenientes do Estado do Paraná, Brasil. *Summa Phytopathologica*. 35(2): 136-139.

Valarini, P.J.; Menten, J.O.M. (1992) *Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli* em sementes de feijão: detecção por inoculação em planta indicadora. *Revista Brasileira de Sementes*. 14(2): 171-179.

Vandermark, G.J.; Fourie, D.; Larsen, R.C.; Miklas, P.N. (2009) Interactions between QTL SAP6 and SU91 on resistance to common bacterial blight in red kidney bean and pinto bean populations. *Euphytica*. 170: 371-381.

Vandermark, G.J.; Fourie, D.; Miklas, P.N. (2008) Genotyping with real-time PCR reveals recessive epistasis between independent QTL conferring resistance to common bacterial blight in dry bean. *Theoretical and Applied Genetics*. 117: 513-522.

Vauterin, L.; Rademaker, J.; Swings, J. (2000) Synopsis on the taxonomy of the genus *Xanthomonas*. *Phytopathology*. 90: 677-682.

Veiga, R.D.; Ferreira, D.F.; Ramalho, M.A.P. (2000) Eficiência de dialelos circulantes na escolha de genitores. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*. 35(7): 1395-1406.

Vencovsky, R.; Barriga, P. (1992) *Genética biométrica no fitomelhoramento*. Ribeirão Preto, Sociedade Brasileira de Genética, 496p.

Viana, J.M.S. (2000) The parametric restrictions of the Griffing diallel analysis model: combining ability analysis. *Genetics and Molecular Biology*. 23(4): 877-881.

Viana, J.M.S.; Matta, F.P. (2003) Analysis of general and specific combining abilities of popcorn populations, including selfed parents. *Genetics and Molecular Biology*. 26(4): 465-471.

Vieira, C.; Borém, A.; Ramalho, M. A. P. (1999). Melhoramento do feijão. In: BORÉM, A. *Melhoramento de espécies cultivadas*. Viçosa. Ed. UFV, p. 273-349.

Vieira, R.A.; Souza Neto, I.L.; Bignotto, L.S.; Cruz, C.D.; Amaral Júnior, A.T.; Scapim, C.A. (2009) Heterotic parametrization for economically important traits in popcorn. *Acta Scientiarum. Agronomy*. 31: 411-419.

Vilela, F.O.; Amaral Júnior, A.T.; Freitas Júnior, S.P.; Viana, A.P.; Pereira, M.G.; Silva, M.G.M. (2009) Selection of snap bean recombined inbred lines by using EGT and SSD. *Euphytica*. 165: 21-26.

Vilhordo, B.W.; Mikusinski, O.M.F.; Burin, M.E.; Gandolf, V.H. (1996). Morfologia. IN: Araújo, R.S., Rava, C.A., Stone, L.F., Zimmermann, M.J.O (eds.). *Cultura do feijoeiro: fatores que afetam a produtividade*. Piracicaba. Associação Brasileira para pesquisa da potassa e do fosfato, p. 669 -700.

Wallen, V.R.; Jackson, H.R. (1975) Model for yield loss determination of bacterial blight of field beans utilizing aerial infrared photography combined with field plot studies. *Phytopathology*. 65(9): 942-948.

Yoshii, K. (1980) Los anublos común y fusco. In: Schwartz, H.F., Gálvez, G.E. *Problemas de producción del frijol: enfermedades, insectos, limitaciones edáficas y climáticas de Phaseolus vulgaris*. Cali: CIAT. p. 155-172.

Yu, K.; Park, S.J.; Zhang, B.; Haffner, M.; Poysa, V. (2004) An SSR marker in the nitrate reductase gene of common bean is tightly linked to a major gene conferring resistance to common bacterial blight. *Euphytica*. 38: 89-95.

Yu, K.; Park, S.J.; Poysa, V. (2000) Marker assisted selection of common beans for resistance to common bacterial blight: efficacy and economics. *Plant Breeding*. 119: 411-415.

Zanatta, Z.G.C.N.; Moura, A.B.; Maia, L.C.; Santos, A.S. (2007) Bioassay for selection of biocontroller bacteria against bean common blight (*Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*). *Brazilian Journal of Microbiology*. 38: 511-515.

Zapata, M.; Freytag, G.F.; Wilkinson, R.E. (1985) Evaluation for bacterial blight resistance in beans. *Phytopathology*. 75(9): 1032-1039.

Zaumeyer, W.J. (1972) *Genetic vulnerability of major crops*. National Academy of Science, p. 234-244.

ANEXOS

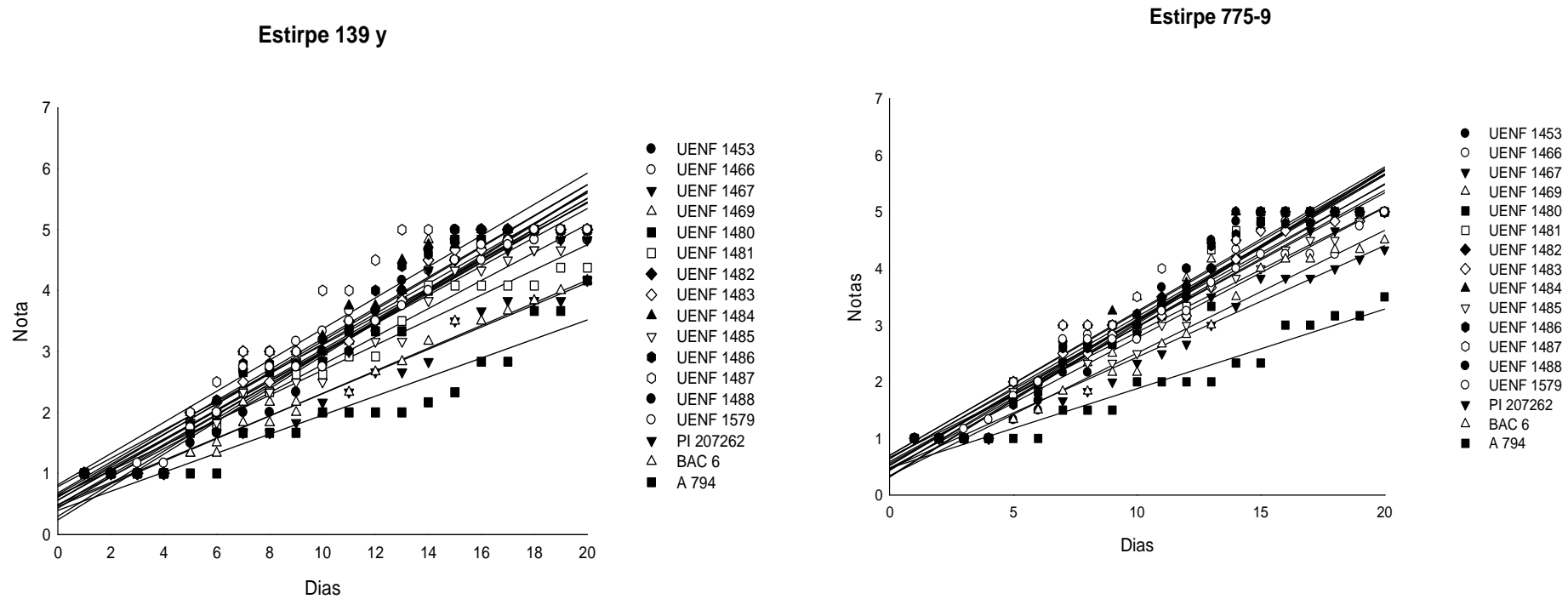


Figura 1 - Progresso da doença para 14 genótipos de feijão-de-vagem e três genótipos de feijão-comum inoculados com as estirpes 139-y e 775-9 de *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* em 20 dias de avaliação.

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](#)