

MELHORAMENTO DO FEIJÃO-DE-VAGEM:
HERANÇA DA RESISTÊNCIA A *Xanthomonas axonopodis* pv.
phaseoli E POTENCIAL AGRONÔMICO DE LINHAS
PARCIALMENTE ENDOGÂMICAS OBTIDAS PELO MÉTODO SSD

MARILENE HILMA DOS SANTOS

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE
DARCY RIBEIRO – UENF

CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ
MARÇO – 2013

MELHORAMENTO DO FEIJÃO-DE-VAGEM:
HERANÇA DA RESISTÊNCIA A *Xanthomonas axonopodis* pv.
phaseoli E POTENCIAL AGRONÔMICO DE LINHAS
PARCIALMENTE ENDOGÂMICAS OBTIDAS PELO MÉTODO SSD

MARILENE HILMA DOS SANTOS

“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 Doutora em Genética e Melhoramento de Plantas.”

Orientador: Prof. Antônio Teixeira do Amaral Júnior

CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ
MARÇO - 2013

MELHORAMENTO DO FEIJÃO-DE-VAGEM:
HERANÇA DA RESISTÊNCIA A *Xanthomonas axonopodis* pv.
phaseoli E POTENCIAL AGRONÔMICO DE LINHAS
PARCIALMENTE ENDOGÂMICAS OBTIDAS PELO MÉTODO SSD

MARILENE HILMA DOS SANTOS

“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 Doutora em Genética e Melhoramento de Plantas.”

Aprovada em 25 de março de 2013.

Comissão Examinadora:

Prof. Leandro Simões Azeredo Gonçalves (D.Sc., Genética e Melhoramento de Plantas) - UEL

Prof. Messias Gonzaga Pereira (Ph.D., Plant Breeding) - UENF

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

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

Aos meus pais, Maria das Graças e Elias.
Aos meus irmãos, Graciette, Gracilene e Eleilson.
Ao meu sobrinho João Guilherme.
Ao meu amado Marcony.

Dedico

"Confiai sempre e muito na Divina Providência; nunca, jamais desanimeis embora venham ventos contrários" (*Santa Paulina*)

AGRADECIMENTOS

A Deus, que se faz sempre presente em minha vida, fortalecendo-me com Sua palavra e tudo providenciando com a Sua Divina Providência.

À minha mãe, Maria das Graças, por sempre me indicar o caminho do bem, por confiar em mim e por ser meu exemplo de mulher e mãe.

Ao meu pai, Elias, a meus irmãos, Graciette, Gracilene e Eleilson, ao meu sobrinho, João Guilherme, e a meus cunhados, pelo incentivo, pelo apoio, mesmo a distância, e pelos momentos felizes que sempre tive ao retornar a casa.

Ao meu amado Marcony, sempre compreensivo com a minha ausência e que, ainda que a distância, se fez presente nesta jornada, com seu amor.

À CAPES, pela concessão da bolsa.

À Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, pela oportunidade que me foi concedida de cursar a pós-graduação.

Ao Professor Antônio Teixeira do Amaral Júnior, pela orientação e pelas sugestões essenciais para a condução e para a conclusão deste trabalho.

À Professora Rosana, pela coorientação, pela atenção que sempre me foi dispensada e pelos inúmeros conselhos e sugestões.

Ao Professor Messias Gonzaga Pereira, pela sua disponibilidade, pelos conselhos, pela paciência e pela atenção em todas as vezes que o procurei.

A todos os professores do Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, com os quais tive a grata oportunidade de adquirir e compartilhar conhecimentos.

À equipe do Jader da Unidade de Apoio a Pesquisa da UENF, pela ajuda durante os experimentos conduzidos em casa-de-vegetação.

A José Manoel, João, Jocimar, Enildo e Marcos (Equipe da Unidade de Convênio PESAGRO/UENF), imprescindíveis para a condução dos experimentos de campo, pelas conversas e pelos sorrisos que tornaram o trabalho mais leve.

Aos secretários e amigos Daniel, Layla e Isa, pela gentileza e pela disponibilidade.

Aos meus queridos amigos do laboratório Sala 110/111, Cláudia Pombo, Cíntia, Monique, Artur, Hérica, Samy, Pakizza, Tatiana, Iago, Tacisio e Gabriel, pela convivência e pela ajuda na condução e avaliação dos experimentos. Em especial, à Cíntia, amiga que sempre esteve disponível a me ajudar em dias de chuva ou em dias de sol, no campo ou no laboratório, pela amizade, pelas conversas, pelos cinemas e pelos sorrisos.

Aos amigos do Laboratório/Sala 222, Maurício, Jardel, Jacinto, Leandro, Liliam, Pablo, Cássio e Guilherme, pela amizade e pelo apoio durante a condução do experimento. Em especial, ao Maurício que se fez presente sempre que possível e foi, também, importante na condução dos experimentos.

A todos os amigos do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas e demais amigos da UENF que me proporcionaram momentos de descontração e partilha de experiências. Em especial meu vizinho Denilson.

Às minhas eternas amigas de república, Graziela, Francinaide, Paula Alessandra, Paula, Roberta, Josy, Andréa e Ellen, que foram sinônimo de família na distância.

À pesquisadora Rita de Cássia que, além de amiga, é incentivadora da minha carreira acadêmica e pelos seus inúmeros conselhos.

Aos amigos de fé da Pastoral dos Leitores da Igreja Sagrado Coração de Jesus, da Canção Nova e do Grupo de Jovens da Igreja São Benedito, que são presença de Deus na minha caminhada. Em especial, à Camila, amiga de todas as horas, sempre amável e dócil.

A todos que contribuíram, direta ou indiretamente, para a conclusão deste trabalho,

AGRADEÇO!

SUMÁRIO

RESUMO	vii
ABSTRACT	x
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	5
2.1. Origem do feijão-de-vagem (<i>Phaseolus vulgaris</i> L.)	5
2.2. Aspectos botânicos e nutricionais	7
2.3. Importância econômica do cultivo do feijão-de-vagem	9
2.4. Perspectivas no melhoramento do feijão-de-vagem	10
2.5. Crestamento Bacteriano Comum	11
2.6. Estudo de herança de caracteres de importância agrônômica no feijoeiro	14
2.7. Método de melhoramento SSD (<i>Single Seed Descent</i>)	16
3. MATERIAL E MÉTODOS	20
3.1. Análise das Gerações	20
3.1.1. Avaliação da resistência a <i>Xanthomonas axonopodis</i> pv. <i>phaseoli</i>	21
3.1.2. Avaliação dos caracteres morfoagronômicos	26
3.1.3. Análise dos dados	27
3.1.3.1. Análise de variância	27
3.1.3.2. Análise de média de gerações e estimativas dos parâmetros genéticos	30

3.2. Avaliação das linhas de feijoeiro (<i>Phaseolus vulgaris</i> L.) parcialmente endogâmicas	31
3.2.1. Obtenção das famílias F ₄ e ensaio de avaliação	31
3.2.2. Avaliação da reação ao Crestamento Bacteriano Comum	32
3.2.3. Avaliação das características morfoagronômicas	32
3.2.4. Análise de variância e teste de agrupamento de médias	33
3.2.5. Estimadores dos parâmetros genéticos	34
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	37
4.1. Análise de médias de gerações	37
4.1.2. Análise de variância	38
4.1.3. Teste de escala conjunto e estimativas dos parâmetros genéticos	52
4.1.4. Discriminação das gerações por meio das variáveis qualitativas	62
4.2. Avaliação das famílias F ₄	66
4.2.1. Análise de variância	67
4.2.2. Estimativas dos parâmetros genéticos	73
4.2.3. Teste de agrupamento de médias	78
4.2.4. Seleção das melhores famílias F ₄	92
5. RESUMO E CONCLUSÕES	98
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	101

RESUMO

Santos, M.H. dos. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; março, 2013. Melhoramento do feijão-de-vagem: Herança da resistência a *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* e potencial agronômico de linhas parcialmente endogâmicas obtidas pelo método SSD. Orientador: Prof. Antônio Teixeira do Amaral Júnior. Conselheiros: Prof.^a Rosana Rodrigues e Prof. Messias Gonzaga Pereira.

O feijão-de-vagem é uma cultura de importância econômica e social para o Estado do Rio de Janeiro, por ser cultivado por pequenos produtores. No melhoramento dessa cultura, a ampliação da base genética é comumente feita por meio do cruzamento entre feijão-comum e feijão-de-vagem, que pertencem à mesma espécie botânica, *Phaseolus vulgaris* L. O presente trabalho teve por objetivo dar prosseguimento ao programa de melhoramento de feijão-de-vagem na UENF, no intento de investigar a herança da resistência ao CBC e de características de importância econômica em gerações do cruzamento entre 'BAC-6' e 'Alessa', bem como conduzir a população segregante pelo método SSD até F₄. O estudo de herança foi conduzido em condições de campo, no período de abril a maio de 2011, na área de convênio da UENF com a PESAGRO-Rio, em Campos dos Goytacazes, RJ. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos ao acaso, com três repetições. Em cada bloco, foram aleatorizadas 100 plantas da geração F₂ e 10 plantas dos genitores (BAC 6 e Alessa) e da geração F₁. Foram avaliados dois caracteres relacionados à doença: AACPD (área abaixo da curva de progresso da doença) e DLV (diâmetro da lesão da vagem), bem

como algumas características quantitativas e qualitativas, a saber: dias para o florescimento, diâmetro e comprimento da vagem, número e peso de vagens por planta, altura da inserção da vagem e teor de fibras. Os dados foram submetidos à análise de variância e ao teste de comparação de médias, utilizando-se o programa estatístico Genes. Posteriormente, às médias das características que os genitores obtiveram, médias contrastantes, foi aplicado o teste de escala de análise conjunta. As 117 famílias F_4 , obtidas pelo método SSD, e quatro testemunhas foram avaliadas quanto à reação ao CBC (Isolados 139y e 775-90) nas folhas e nas vagens e, também, quanto à produtividade. O delineamento experimental utilizado foi látice quadrado (11x11) com três repetições, e o ensaio foi conduzido na PESAGRO-Rio, no período de maio a agosto de 2012, em área de convênio com a UENF, no município de Campos dos Goytacazes. Com a finalidade de avaliar a reação a Xap, foram feitas inoculações nas folhas e nas vagens, utilizando-se dois isolados, Xap139y e Xap 775-90. As variáveis relacionadas com a resistência avaliadas foram: área abaixo da curva de progresso da doença, período de incubação e diâmetro da lesão da vagem. Já os caracteres morfoagronômicos avaliados foram: comprimento e diâmetro da vagem, número de vagens por planta, número de sementes por vagem e número de sementes por planta. As análises estatísticas foram feitas com o auxílio do programa estatístico Genes, sendo realizada a análise de variância, estimados os parâmetros genéticos, realizado o teste de agrupamento de médias de Scott-Knott para as características cujo teste F foi significativo e aplicada a metodologia do índice de seleção de Mulamba e Mock. Para o estudo de herança, com exceção do diâmetro da vagem, as demais variáveis foram significativas pelo teste F a 1% de probabilidade e as gerações diferiram pelo teste Tukey (1%). O método dos quadrados mínimos ponderados indicou que o efeito genético aditivo foi predominante no controle genético do CBC e das demais características morfoagronômicas, sendo o modelo aditivo-dominante suficiente para explicar o modelo genético-estatístico. A variabilidade observada foi, predominantemente, de causa genética, vez que os valores das estimativas de variância genética corresponderam à maior porção da variância fenotípica - cerca de 70% - para todas as características, culminando em valores elevados de herdabilidade. Ao se avaliar as famílias F_4 e as testemunhas, observou-se que o teste F (1%) foi significativo para todas as características avaliadas, com exceção do diâmetro de

vagem. As estimativas dos parâmetros genéticos indicaram possibilidades de ganhos em seleções futuras, uma vez que as herdabilidades variaram de 64,87% (PI Xap 775-90) a 96,86% (COV), além de que os coeficientes de variação genético foram elevados, sendo que a variância genética correspondeu a cerca de 70% da variância fenotípica para a maioria das características avaliadas. O agrupamento de médias pelo procedimento de Scott-Knott permitiu discriminar as famílias suscetíveis e resistentes quanto à reação foliar e no fruto. Cerca de 50% das famílias proporcionaram valores de AACPD (Xap 139y e Xap 775-90) semelhantes às médias das testemunhas resistentes e 25% das famílias valores de DLV (Xap 139y e Xap 775-90), sendo que alguns genótipos foram capazes de retardar o surgimento dos sintomas por, até, 20 dias. Por meio do índice de seleção de Mulamba e Mock, cerca de 40% das famílias avaliadas com níveis de resistência desejáveis ao CBC e com adequada produtividade foram selecionadas para dar prosseguimento ao programa de melhoramento de feijão-de-vagem.

ABSTRACT

Santos, M.H. dos. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; march, 2013. Improvement of snap bean: Inheritance of the *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* resistance and agronomic potential of partially inbred lines obtained by SSD. Adviser: Prof. Antônio Teixeira do Amaral Júnior. Committee members: Prof.^a Rosana Rodrigues e Prof. Messias Gonzaga Pereira.

The snap bean has social and economic importance to Rio de Janeiro state, to be cultivated by small producers. In improvement of this crop, the broadening of the genetic basis is usually done through the crossing between dry bean and snap bean, which belong to the same botanical species (*Phaseolus vulgaris* L). This work's objective was continue the program of snap bean's breeding at UENF, aiming to investigate the CBB resistance inheritance and economically important traits in generations of crossings between 'BAC-6' and 'Alessa' as well as carry out one segregating population by SSD method until to F₄. The inheritance study was led under field conditions from April to May 2011, in PESAGRO-Rio, in Campos, RJ. The completely randomized block design with three replications was used. In each block were randomized 100 plants of the F₂ population and 10 plants of parents (BAC 6 e Alessa) and F₁. Two traits related to disease were evaluated: AUDPC (area under the disease-progress curve) and LDP (lesion diameter pod). Some quantitative and qualitative characteristics were also evaluated, such as: number of days for flowering, pod length and diameter, number and weight of pods per plant, pod insertion height and fiber content. The results were submitted to analysis of variance and mean comparison test using the statistical program

Genes. Subsequently, the means of the characteristics that the parents had been contrasting were applied generation means analysis. Thus 117 families and four cultivars, used as control, were evaluated for reaction to the CBB (139y and 775-90 isolates) in leaves and pods, and also for yield. The experimental design was a square lattice (11x11) with three replications and the experiment was conducted in PESAGRO-Rio, from May to August 2012, in Campos dos Goytacazes, RJ. In order to evaluate the reaction to Xap were made inoculations on leaves and pods using two isolates, Xap 139y e 775-90. The resistance components evaluated were: area under the disease-progress curve (AUDPC), latent period (LP) and lesion diameter pod (LDP). The agronomic characteristics were also evaluated, such as: length (LPO) and pod diameter (PD), number of pods per plant (NPP), number of seeds per pod (NSP) and number of seeds per plant (NSP). The analysis of variance, the genetic parameters estimative, the Scott-Knott test and Mulamba Mock Index was performed using Genes program. Exception of the diameter of the pod, the other variables were significant by F test (1%) and the generations differ by Tukey test (1%). The weighted least square proceeding indicated that the additive genetic effect was predominant in the genetic control of the CBB and in the other agronomic traits and the additive-dominant model was sufficient to explain the genetic-statistical model. The variability observed was caused by genetics effects, since the estimates of genetic variance was about 70% of phenotypic variance for all traits, supporting high heritability estimative. The genetic parameters indicate that it was possible to obtain gains in generations of self-pollinated through leading population by methods Bulk or SSD (Single Seed Descent). The SSD method was chosen and the F₄ generation was obtained. The test F (1%) was significative for all traits except pod diameter (DV). The genetic parameters indicated possibilities of gain in future selections, whereas the heritability ranged from 64.87% (LP 775-90 Xap) to 96.86% (LPO), the coefficients of genetic variation were high and the genetic variance accounted for about 70% of the phenotypic variance for the majority of the evaluated characteristics. The Scot-Knott test allowed discriminating the susceptible and resistant families through the reaction in the leaves and pods. About 50% of families provided AUDPC values around the mean of resistant cultivars and 25% of families LDP values and some genotypes were able to delay the symptoms of CBB for up to 20 days. Through the Mulamba and Mock index, about 40% of families with CBB

resistance levels desirable and appropriate yield, were selected to continue the breeding program of snap bean of the Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro - UENF.

1. INTRODUÇÃO

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 a China o principal produtor, seguida pela Indonésia e Turquia. No Brasil, ocupa a sexta posição em volume produzido, com produção de 56 mil t.ano⁻¹ e consumo de 0,7 kg.pessoa.⁻¹ano⁻¹ (SIDRA, 2006; CEASA, 2010).

O feijão-de-vagem, também conhecido como feijão-vagem, pertence à mesma família e espécie botânica do feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) e é uma hortaliça da qual são consumidas as vagens ainda imaturas (Filgueira, 2003). A maior produtividade dessa hortaliça é favorecida por temperaturas do ar na faixa de 18 a 30°C durante seu ciclo de desenvolvimento, não tolerando temperaturas elevadas, nem geadas. No período entre a diferenciação dos botões florais até o enchimento dos grãos nas vagens, as altas temperaturas reduzem o número de vagens por planta, devido à esterilização do grão de pólen com consequente queda das flores (Prela e Ribeiro, 2002).

Embora algumas pesquisas estejam sendo desenvolvidas no Brasil, refletindo em melhorias no manejo e na produtividade dessa cultura, o melhoramento de características de interesse agrônômicos e de qualidade do grão tem sido praticado, de certo modo, empiricamente (Kurek et al., 2001).

Para as Regiões Norte e Noroeste Fluminense, em que não há uma cultivar de feijão-de-vagem recomendada (Francelino et al., 2011), a importância da

produção de feijão-de-vagem torna-se evidente por ser uma cultura com boa adaptação a climas quentes (Vilela et al., 2009). Embora a iniciativa privada seja a principal produtora de novas cultivares de feijão-de-vagem (Francelino et al., 2011), as instituições públicas têm uma função primordial de renovação de cultivares, sobretudo em regiões com agricultura menos avançada, como ocorre no Norte e Noroeste Fluminense. Não por acaso, a obtenção de cultivares é um evento de relevante importância para essas regiões.

A disponibilidade de genótipos adaptados às condições edafoclimáticas regionais depende da caracterização, identificação e seleção de genótipos com potencial para o cultivo e melhoramento, visando ao aumento do rendimento e da qualidade do feijão-de-vagem (Moreira et al., 2009). Considerando que, em hortaliças, a maior perda da produtividade ocorre devido à ocorrência de doenças e que a obtenção de cultivares resistentes ou tolerantes a doenças, quando possível, é uma das formas mais eficientes de alavancar os ganhos por seleção, (Pereira e Pinheiro, 2012), não resta dúvida da relevante primazia de associar a resistência a doenças em programas de melhoramento com a cultura do feijão-de-vagem.

No Norte e Noroeste Fluminense, o desenvolvimento de genótipos de feijão-de-vagem resistentes ao Crestamento Bacteriano Comum (CBC) é de suma importância para reduzir as constantes perdas de rendimento, vez que se trata de uma das doenças mais agressivas para a cultura. Todavia, estudos preliminares se fazem necessários, para prover o conhecimento da herança da resistência e da variabilidade genética existente que, posteriormente, irão direcionar a seleção (Pegoraro et al., 2002).

Nesse contexto, a averiguação da natureza e magnitude dos efeitos gênicos que controlam um determinado caráter é de reconhecida importância no processo de seleção e predição do comportamento de gerações híbridas e segregantes (Cruz et al., 2004). A partir dos parâmetros genéticos, é possível conhecer o tipo de herança que controla o caráter, podendo-se, assim, identificar o método de seleção mais adequado a ser aplicado no desenvolvimento de novas cultivares (Lobo et al., 2005).

O conhecimento dos efeitos gênicos determinantes na expressão do CBC em feijão-de-vagem tem sido objeto de estudos com *Phaseolus vulgaris* na UENF (Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro) (Rodrigues, 1997;

Rodrigues et al., 1998; Rodrigues et al., 1999; Ferreira et al., 2003; Santos et al., 2003; Ferreira et al., 2004; Trindade et al. 2012), iniciado com cruzamentos dialélicos entre feijão-comum e feijão-de-vagem (Rodrigues, 1997; Rodrigues et al., 1998; Rodrigues et al., 1999), perpassando pelo uso de marcadores moleculares (Santos et al., 2003; Ferreira et al., 2004) e de componentes de mensuração da resistência ao patógeno (Trindade et al. 2012).

Em um programa de melhoramento de feijoeiro, o pesquisador, geralmente, seleciona genótipos superiores em uma população geneticamente heterogênea. Sendo o feijão-de-vagem uma espécie autógama, uma oportunidade de ampliação da base genética para a seleção de segregantes superiores é a realização de cruzamentos entre grupos geneticamente divergentes (Lorencetti et al., 2006; Toledo et al., 2009). Uma vez escolhidos os genitores, obtém-se a população híbrida que será conduzida por meio de métodos de melhoramento a depender da composição genética da população (Ramalho et al., 1993).

O método SSD (*Single Seed Descent*), proposto por Brim (1966), estabelece que uma semente F_3 de cada indivíduo F_2 da população seja colhida aleatoriamente e agrupada para constituir a geração F_3 , sendo esta agrupada e semeada. Em continuação, uma semente F_4 de cada indivíduo F_3 é colhida na época da maturação, repetindo-se o processo até a geração F_5 , selecionando-se após o avanço dessas gerações e, conseqüentemente, obtendo-se indivíduos em que a maioria dos locos esteja em homozigose, até que plantas individuais sejam submetidas ao teste de progênie (Borém e Miranda, 2009).

Esse método permite a expressão da máxima variância genética entre as linhagens na população final, além de poder ser conduzido fora da região de adaptação. É um método bastante interessante para avanço de gerações, principalmente quando se dispõe de casa-de-vegetação ou locais de multiplicação de inverno. Por não sofrer influência do ambiente, é possível avançar de duas a três gerações por ano (Borém e Miranda, 2009).

Posto isso, o objetivo deste trabalho foi: estudar a herança e estimar parâmetros genéticos da resistência ao crestamento bacteriano comum (CBC) e de alguns caracteres morfoagronômicos a partir de quatro gerações (P_1 , P_2 , F_1 e F_2) provenientes entre duas cultivares de feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.) – BAC 6 (feijão comum e resistente ao CBC) e Alessa (feijão-de-vagem e suscetível ao

CBC); indicar o melhor método de melhoramento para obter genótipos resistentes ao CBC e com boa produtividade; conduzir a população segregante via método SSD (*Single Seed Descent*) e avaliar a população F₄ quanto à resistência ao CBC e caracteres agronômicos.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Origem do feijão-de-vagem (*Phaseolus vulgaris* L.)

A origem do gênero *Phaseolus* e sua diversificação primária ocorreram nas Américas (Debouck, 1991). Populações silvestres de feijão crescem, atualmente, desde o Norte do México até o Norte da Argentina, em altitudes entre 500 e 2.000 m (Debouck, 1986).

A ampla área de ocorrência de populações silvestres da espécie *Phaseolus vulgaris* L. é um dos fatores que permitiu o surgimento de diversas raças locais e é uma das causas da dificuldade da localização exata dos locais de domesticação dessa cultura (Freitas et al., 2006). Segundo Gepts e Debouck (1991), foram encontrados vestígios arqueológicos (sementes, fragmentos de vagens e, até mesmo, plantas inteiras) da espécie cultivada que possuem idades próximas de 10.000 anos.

As pesquisas sugerem que as variedades de feijão são o resultado de múltiplos eventos de domesticação, com dois centros primários: um na América Central e o outro ao Sul dos Andes (Sul do Peru, Bolívia e Norte da Argentina). Ainda se sugere um terceiro centro localizado na região da Colômbia (Debouck, 1986; Gepts & Debouck, 1991). Os eventos de múltipla domesticação nos dois centros primários conduziram à formação de dois conjuntos gênicos principais, um Mesoamericano e um Andino, dentro dos quais, a evolução resultou em

mudanças significativas, tais como morfológicas, fisiológicas e genéticas (Gepts e Debouck, 1991; Singh, 1991).

As pesquisas moleculares realizadas com o intento de indicar os centros de origem dessa cultura possuem, como alvo principal, o gene *Phs*, codificador da proteína faseolina, a mais utilizada em estudos evolutivos sobre o feijão. Pelo menos, dez tipos dessa proteína já foram identificados em variedades cultivadas e populações silvestres do feijoeiro (Gepts et al., 1986), com uma alta correlação entre o tipo e o local geográfico de origem dos materiais, principalmente em relação ao material silvestre.

O elevado teor de fibras encontrado na parede dos frutos da maioria das leguminosas silvestres é necessário devido ao modo pelo qual os frutos abrem-se facilmente quando secos (deiscência). Esse mecanismo de dispersão natural é essencial para a sobrevivência da espécie na natureza. No entanto, um elevado teor de fibra na parede das vagens é indesejável para o consumo da mesma imatura. Provavelmente, o baixo teor de fibra é resultado de mutações que civilizações antigas foram capazes de reconhecer, perpetuar e utilizar (Sibernagel, 1996).

O feijão-de-vagem compartilha do mesmo centro de origem que o feijão-comum por fazerem parte da mesma variedade botânica, entretanto, segundo De Oca (1987), o feijão-de-vagem teve sua origem na Europa, resultando de mutações genéticas do feijão comum introduzido da América. Sua evolução e o seu melhoramento ocorreram na França e nos Países Baixos, entre outros. As primeiras cultivares apropriadas para colheita e consumo das vagens ainda imaturas foram obtidas no início do século XIX, por meio de cruzamentos entre feijões cultivados na Europa e genótipos procedentes da América Central. Posteriormente, essas cultivares foram introduzidas na América do Norte, onde novos cruzamentos foram realizados com feijões da região, obtendo-se novas cultivares com maior potencial produtivo.

Os centros de origem da diversidade entre as espécies de *Phaseolus* em relação ao feijão comum estão organizados em *pools* gênicos: primário, secundário, terciário e quaternário (Debouck, 1991). O *pool* primário compreende populações cultivadas e silvestres, sendo as últimas os ancestrais mais próximos do feijão e distribuem-se desde o norte do México até o Noroeste da Argentina (Gepts, 1986). Híbridos entre os feijões cultivados e silvestres desse *pool* são

férteis e não há barreiras de cruzamento entre eles. O *pool* secundário compreende as espécies *P. coccineus* L., *P. costaricensis* e *P. polyanthus*; o terciário é constituído por *P. acutifolius* L. e *P. parvifolius*, já espécies como *P. filiformis* e *P. angustissimus* podem ser consideradas do *pool* quartenário (Singh, 2001).

2.2. Aspectos botânicos e nutricionais

O feijão-vagem (*Phaseolus vulgaris* L.), assim como o feijão comum, é uma espécie predominantemente autógama, domesticada há mais de sete mil anos, em dois centros de origem: a Mesoamérica (México e América Central) e a região Andina. A espécie (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma planta anual diplóide ($2n = 2x = 22$) (Vieira et al., 1999).

O gênero *Phaseolus* pertence à subtribo Phaseolinae, tribo Phaseoleae, subfamília Papilionoideae e família Leguminosae e é composto por, aproximadamente, 55 espécies (Debouck, 1991). Dentre estas, cinco foram domesticadas: *P. vulgaris*, *P. lunatus*, *P. coccineus*, *P. acutifolius*, *P. polyanthus* (Debouck, 1986).

O feijão-de-vagem é uma Fabácea anual, herbácea, com sistema radicular superficial, do tipo pivotante; a haste é angulosa e com pelos simples, de onde são emitidos os ramos laterais. As folhas são compostas e trifoliadas. Devido à sua estrutura floral, o feijão-de-vagem é classificado como planta autógama, uma vez que tanto o estigma quanto as anteras se encontram protegidos pelas pétalas, sendo que a polinização se dá no momento da abertura da flor (Castellane et al., 1988). Os frutos são vagens que apresentam polpa espessa e formato afilado dentro do qual se desenvolvem as sementes (Filgueira, 2003).

No Brasil, o feijão-de-vagem é classificado em dois tipos principais, conforme o formato da vagem: os tipos macarrão e manteiga (Filgueira, 2003). O tipo macarrão, de maior importância econômica, apresenta vagens de secção transversal arredondada ou levemente ovalada, com comprimento variando de 15 a 18 cm e diâmetro médio em torno de 0,8 cm no ponto comercial. O tipo manteiga possui vagens de secção achatada, em geral com comprimento de 21 a 23 cm e largura, variando de 1,5 a 2,0 cm (Maluf, 1994; Filgueira, 2003).

Da mesma forma que o feijoeiro comum, o feijão-vagem é cultura de ampla adaptação a climas quentes e amenos, dentro de uma faixa térmica de 18 a 30°C (Filgueira, 2003); no entanto, é intolerante a fatores extremos do ambiente. Temperaturas elevadas ocasionam significativa redução da produtividade na fase vegetativa inicial, podendo causar morte das plântulas e, conseqüentemente, redução do estande. Na fase de intenso crescimento vegetativo, o calor excessivo aumenta a fotorrespiração, reduzindo a taxa de crescimento das plantas. Além disso, altas temperaturas exercem influência sobre o aborto de flores, vingamento e retenção final das vagens (Suzuki et al., 2001; Tsukagashi et al., 2003). Assim como para temperaturas excessivas, o feijão-vagem é uma das hortaliças intolerante ao frio e a geadas. As baixas temperaturas, quando ocorrem logo após a sementeira, podem impedir, reduzir ou atrasar a germinação das sementes e a emergência das plântulas, resultando em baixa população e baixa produtividade. Durante o crescimento vegetativo, reduzem a altura das plantas e ramos, diminuindo a produção de vagens por planta (Filgueira, 2003).

O consumo de alimentos ricos em fibra alimentar é essencial para manter a saúde e para prevenir diversas doenças crônico-degenerativas não transmissíveis, como câncer, problemas cardiovasculares e de constipação intestinal, diabetes e obesidade (Moore et al., 1998). O feijão-de-vagem constitui importante fonte de fibra, com quantidade desejável de vitaminas do complexo B (B1 e B2), A e C, além de possuir: flúor, potássio, cálcio, ferro e proteínas (Santos et al., 2002). Dados apresentados pela Embrapa (Santos *et al.*, 2002) indicam que o feijão-de-vagem contém razoável quantidade de proteína, sendo, portanto, alimento adequado para satisfazer as necessidades alimentares básicas da população.

Dentre os principais vegetais, o feijão-de-vagem (*Phaseolus vulgaris* L.) foi a terceira melhor opção como fonte de cálcio entre as 39 plantas (frutos e vegetais) analisadas. É sabido que o cálcio presente nas vagens do feijão-vagem é imediatamente absorvido pelo ser humano (Grusak et al., 1996). De acordo com Filgueira (2003), o feijão-vagem apresenta 40 mg de cálcio por 100 g de vagens cozidas. Quando comparado a outras leguminosas, o feijão-de-vagem tem 50% a mais de cálcio que o grão-de-bico e 100% a mais que a lentilha (Sebastiá et al., 2001).

2.3. Importância econômica do cultivo do 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 a China o principal produtor, seguida pela Indonésia e Turquia. No Brasil, o feijão-de-vagem ocupa a sexta posição em volume produzido, com produção de 56 mil t.ano⁻¹ e consumo de 0,7 kg.pessoa.⁻¹ano⁻¹ (SIDRA, 2006; CEASA, 2010).

A região Sudeste do Brasil produz cerca de 37 mil t.ano⁻¹ de feijão-de-vagem, sendo o Estado do Rio de Janeiro responsável por 21% dessa produção. 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). Portanto, a demanda é maior do que a oferta, o que indica que o cultivo do feijão-de-vagem é uma opção rentável para os pequenos produtores do Norte e Noroeste Fluminense (Vilela et al., 2009).

Segundo Broughton et al. (2003), cerca de um terço do total de feijão é cultivado em propriedades com área inferior a 10 ha. Na América Latina, grande parte da produção do grão é atribuída aos pequenos produtores com propriedades variando de 1 a 10 ha. No Brasil, é cultivado, predominantemente, nas pequenas propriedades rurais. Esses agricultores dispõem de poucos recursos, e, conseqüentemente, os frutos produzidos estão mais vulneráveis ao ataque de doenças, pragas e estresses abióticos. Por outro lado, mesmo os produtores que dispõem de recursos e utilizam defensivos químicos no combate a estresses bióticos possuem uma perda considerável da rentabilidade; além disso, prejudicam o meio ambiente e não conseguem controlar o ataque de alguns patógenos (Miklas et al., 2006).

Além disso, o feijão-de-vagem é uma boa alternativa para ser usada no período de entressafra de outras olerícolas, tanto em ambientes protegidos como não protegidos, pois, além de aproveitar as estruturas de tutoramento e a adubação residual, serve para quebrar o ciclo de algumas doenças, constituindo uma boa alternativa para diversificação da produção (Santos et al., 2012).

2.4. Perspectivas no melhoramento do feijão-de-vagem

Embora algumas instituições brasileiras tenham desenvolvido, ao longo dos anos, trabalhos com feijão-de-vagem, essa cultura, ainda, necessita de ações de pesquisa, principalmente para incrementar sua produção, qualidade das vagens e resistência a estresses bióticos e abióticos (Abreu et al., 2004). No Brasil, tradicionalmente, pouca atenção tem sido dedicada ao melhoramento do feijão-de-vagem. Em geral, os agricultores têm sido os principais responsáveis pela seleção e manutenção de cultivares. Essas populações locais são, frequentemente, mantidas por eles mesmos e ou produzidas comercialmente por companhias de sementes (Maluf, 1994). Entretanto, o principal veículo de liberação de novas cultivares de feijão-de-vagem, no país, são as empresas privadas de produção de sementes, porém muitas dessas cultivares são importadas (Rodrigues, 1997), o que encarece o custo das sementes.

A obtenção de cultivares com hábito de crescimento determinado é desejável. Entretanto, no Brasil, as principais cultivares de feijão-de-vagem recomendadas são as de crescimento indeterminado que atingem maiores produções, mas necessitam de cuidados mais intensos em relação à condução da cultura; possuem grande exigência em mão de obra, já que necessitam de tutoramento; e, por terem ciclo maior, são mais sujeitas a ataques de pragas e doenças, aumentando, assim, os custos de produção (Filgueira, 2003; Francelino et al., 2011).

Por outro lado, as cultivares de crescimento determinado apresentam o florescimento em um breve período de tempo, permitindo concentrar a produção. O ciclo menor racionaliza o uso do solo e de mão de obra, contribuindo para facilitar o cultivo e, principalmente, a redução de custos, aumentando a renda do produtor de vagens. Outra vantagem é a possibilidade de se efetuar uma única colheita, arrancando as plantas no campo e, posteriormente, separando as vagens (Filgueira, 2003). O reduzido ciclo da cultura e a possibilidade de mecanização total, da sementeira à colheita, constituem um excelente atrativo para a produção de feijão-de-vagem (Costa e Rava, 2003; Moreira et al., 2009).

Além de elevada produtividade e o tipo de planta ereto, as cultivares de feijão-de-vagem devem possuir outras características agronômicas desejáveis, incluindo inserção alta das vagens inferiores. O acamamento e/ ou a inserção

baixa das vagens inferiores ocasionam o contato das mesmas com o solo, resultando no seu apodrecimento ou favorecendo o surgimento de doenças, que depreciam a qualidade do produto (Costa e Rava, 2003).

Outra vertente do melhoramento dessa cultura trata-se da qualidade nutricional dos frutos. As pesquisas com esse intento visam ao aumento do teor de vitaminas e sais minerais e a redução do teor de fibras (Sebastiá et al., 2001; Londero et al., 2006; Ribeiro et al., 2010). Mesmo para a característica de qualidade mais investigada na cultura – teor de fibra nas vagens – ainda há carência de pesquisas (Londero et al., 2008).

As plantas de feijão-de-vagem são relativamente sensíveis a estresses bióticos e abióticos que podem ocorrer no campo que afetam, negativamente, o seu crescimento, produção e, até mesmo, a qualidade das vagens (El-Tohamy et al., 2007). As doenças podem ser consideradas como fatores limitantes na produtividade do feijão vez que a cultura é vulnerável a vários organismos fitopatogênicos (Silva et al., 2009a).

Entre as doenças da parte aérea, as bacterianas possuem importância relevante na cultura do feijoeiro, sendo que o crestamento bacteriano comum (CBC), causado por *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* (Smith) (= *X. campestris* pv. *phaseoli*) (Xap), é considerado a de maior importância (Broughton et al., 2003).

2.5. Crestamento Bacteriano Comum

O crestamento bacteriano comum (CBC) é considerado a segunda doença mais importante na cultura do feijoeiro e a principal doença bacteriana da cultura no Brasil (Rodrigues, 1997; Diaz et al., 2001; Miklas et al., 2003). Dois tipos de bactérias do gênero *Xanthomonas* são capazes de causar o crestamento bacteriano na cultura do feijoeiro: *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* (Xap), causadora do crestamento bacteriano comum (CBC), e a variante *Xanthomonas axonopodi* pv. *phaseoli* var. *fuscans*, causadora do crestamento bacteriano fosco. 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). Esse 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).

O CBC, causado por *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* (Xap), doença transmitida principalmente pela semente, na qual o inóculo pode permanecer viável por, até, 15 anos, é amplamente distribuído em todo o mundo (Tar'an et al, 2001; Miklas et al., 2003) e pode causar perda de produção de 10 a 40% (Opio et al., 1996). A perda de rendimento depende da intensidade da doença, das condições ambientais que podem favorecer o surgimento e a progressão da doença e do grau de suscetibilidade das cultivares (Asensio et al., 2006). Reduções na colheita de 10 a 70% em condições de ataque natural foram relatadas por Diaz et al. (2001). Isso pode ser explicado em razão da redução da taxa fotossintética das folhas infectadas (Diaz et al., 2001).

O CBC causa prejuízos na produção do feijão-de-vagem em razão da sua ampla distribuição nas regiões produtoras de feijão do Brasil. Os sintomas aparecem em toda a parte aérea da planta, afetando folhas, caules e sementes (Rava e Sartorato, 1994). A bactéria causa, ainda, imperfeições na semente como descoloração no hilo, manchas amarelas no tegumento e enrugamento. Quando as plântulas são provenientes de sementes infectadas, surgem pequenas lesões, manchas aquosas na parte abaxial das folhas, que, mais tarde, evoluem para necroses circundadas por um halo amarelo. As manchas coalescem com lesões adjacentes e, em infecções severas, o CBC pode causar a morte da folha e desfolha da planta. Pequenas lesões, manchas avermelhadas e compridas, podem ser observadas, também, no caule, por vezes, causando estrangulamento. Nas vagens, surgem manchas aquosas que se ampliam com o tempo, tornando-se avermelhadas; exsudatos de bactérias podem ser vistos cobrindo a lesão. Podem-se observar manchas castanhas no hilo ou no tegumento de sementes brancas infectadas, porém algumas sementes contaminadas, também, podem ser assintomáticas (Gilbertson e Maxwell 1992).

A importância do CBC tem sido descrita em razão da dificuldade de controle da doença, principalmente para o cultivo em áreas com alto potencial de inóculo e a ineficiência do controle químico, tanto para tratamento de sementes, quanto por meio de pulverizações foliares (Mutlu et al., 2005; Silva et al., 2009). Além disso, a variabilidade genética observada em *Xanthomonas axonopodis* pv.

Phaseoli em função do ambiente tem limitado a obtenção de cultivares resistentes (Opio et al., 1996; Mkandawire et al., 2004).

Dentre as medidas profiláticas para controlar o CBC, incluem-se o uso de sementes livre de patógenos (Zanatta et al., 2007; Mutlu et al., 2005; Darrasse et al., 2007) e o plantio de cultivares resistentes (Rodrigues et al., 1999, Tar'an et al., 2001; Miklas et al., 2003, Asensio et al., 2006). O cultivo de genótipos resistentes é considerado a melhor alternativa, sendo de fácil adoção pelos agricultores devido a seu baixo custo e por ser ecologicamente seguro, diminuindo, ou, até mesmo, evitando, o uso indiscriminado de defensivos agrícolas (Costa e Rava, 2003).

Uma das limitações dos programas de melhoramento para resistência ao CBC resulta da estreita base genética das fontes de resistência utilizadas, restringindo-se, principalmente, às cultivares *Great Northern Nebraska 1 Sel. 27* e *Tlalnepantla 64* (PI 207.262). A cultivar *Great Northern Nebraska 1 Sel. 27* foi selecionada por Coyne et al. (1963) entre as progênies do cruzamento interespecífico de *Phaseolus vulgaris* com *P. acutifolius* A. Gray realizado por Honma (1956). Além disso, a obtenção de cultivares com resistência a Xap tem sido difícil devido à influência de vários fatores sobre a complexa interação entre feijão e esse agente patogênico (Santos et al., 2003).

Por outro lado, com relação à resistência a doenças, alguns problemas dificultam o sucesso dos trabalhos, como, por exemplo, a variabilidade do patógeno, a metodologia de inoculação e a avaliação, além da reação diferencial entre folhas e vagens, podendo, em uma mesma planta, ocorrer suscetibilidade nas vagens e resistência nas folhas e vice-versa (Rava, 1985). Essa falta de associação entre reação foliar e das vagens mostra a importância de se avaliarem ambas as reações para o desenvolvimento de uma planta resistente.

A resistência ao CBC em *Phaseolus vulgaris* L. é caracterizada por vários autores como oligo ou poligênica, sendo que os genes que controlam a susceptibilidade em folhas não são os mesmos que controlam a susceptibilidade ao CBC em vagens, o que reforça a natureza complexa da resistência e o forte efeito ambiental no desenvolvimento dos sintomas do CBC (Rodrigues et al., 1999; Kelly et al., 2003; Mutlu et al., 2005; O'Boyle et al., 2007).

2.6. Estudo de herança de caracteres de importância agrônômica no feijoeiro

A obtenção de informações a respeito do controle genético dos caracteres auxilia os melhoristas na tomada de decisão sobre o procedimento de melhoramento mais adequado a ser adotado para a obtenção dos mais efetivos ganhos por seleção. Não por acaso, o sucesso na implementação de programas de melhoramento com feijão-de-vagem é dependente do conhecimento dos efeitos gênicos de características da planta e da vagem e, não menos importante, da resistência a doenças e pragas (Peixoto et al., 2002; Cruz et al., 2005).

Para a estimação dos efeitos gênicos, a análise de médias e variâncias a partir de ensaios com gerações – comumente envolvendo os progenitores, as gerações F_1 , F_2 e retrocruzamentos – permite identificar, na fração genética, quais as proporções atribuídas aos efeitos aditivos, dominantes e epistáticos, que são de primordial importância com o procedimento de melhoramento a ser adotado (Cruz et al., 2005)

A análise de gerações baseia-se nas relações genéticas entre médias de famílias relativas aos progenitores, F_1 , F_2 e RC_1 ($P_1 \times F_1$) e RC_2 ($P_2 \times F_1$) e permite avaliar a adequabilidade do modelo aditivo-dominante a um determinado caráter (Ramalho et al., 1993; Bernardo e Bohn, 2007). É comumente utilizada em estudos de herança de características quantitativas. Essa análise fornece informações sobre a importância relativa de efeitos médios dos genes (efeitos aditivos), desvios, dominância e efeitos devido às interações gênicas, na determinação de valores genotípicos dos indivíduos e, conseqüentemente, os valores médios das famílias e genotípicas gerações (Viana, 2000).

Diversos trabalhos são reportados na literatura referentes ao estudo do modo de herança de caracteres agrônômicos do feijão comum; por outro lado, para a cultura do feijão-de-vagem, os registros encontrados são escassos (Mariguele et al., 2008).

Mariguele et al. (2008) avaliaram duas populações segregantes (F_2 e $F_{2:3}$) e as linhagens parentais (cultivar de feijão-de-vagem Conquista Rasteiro e cultivar de feijão comum H126), objetivando conhecer os tipos de ações gênicas responsáveis pela expressão genética de alguns caracteres da qualidade da vagem. Os caracteres avaliados foram: comprimento da vagem, largura entre as

suturas, largura das valvas, formato da vagem e teor de fibra da vagem. Os efeitos não-aditivos destacaram-se como os mais importantes na expressão de todas as características avaliadas.

Corrêa et al. (2001) estudaram a herança da resistência aos patótipos 63.39 e 31.23 de *P. griseola*, agente causal da mancha-angular, em populações do feijoeiro, derivadas de 'Ouro Negro' (ON) e 'US Pinto 111' (PT). Os autores observaram que, quando inoculadas com o patótipo 63.39, as plantas ON, F₁ e 3/4 da população F₂ mostraram-se resistentes enquanto PT e 1/4 da população F₂ foram suscetíveis. Quando inoculadas com o patótipo 31.23, as plantas PT e 1/4 das famílias F_{2:3} foram resistentes e todas as demais, suscetíveis. A partir dos dados obtidos, eles concluíram que a resistência proveniente de ON é conferida por um gene dominante enquanto que a de PT, por um recessivo. Esses dois genes segregaram independentemente.

Valentini et al. (2011) investigaram a herança da resistência à murcha de *Curtobacterium* em feijoeiro. Foram realizados dois experimentos: no primeiro, cinco genótipos de feijoeiro, com diferentes reações de resistência à murcha de *Curtobacterium*, foram cruzados em arranjo dialélico; e no segundo, dois cruzamentos entre genótipos resistentes e suscetíveis – IAC Carioca Aruã x SCS Guará e IAC Carioca Pyatã x Pérola – foram realizados para obter as gerações P₁, P₂, F₁, F₂, RC₁ e RC₂. Em ambos os experimentos, a resistência foi avaliada por meio da inoculação do isolado Cff 2634. A análise dialélica revelou que, embora efeitos aditivos e não aditivos estejam envolvidos, houve maior participação de genes com efeitos aditivos no controle genético da resistência à murcha bacteriana, o que denota ser possível obter sucesso com a seleção dentro de famílias. Entretanto, pela análise de gerações, verificou-se que a herança é complexa, com mais de três genes envolvidos; além disso, houve baixas estimativas de herdabilidade nos cruzamentos 'IAC Carioca Aruã' x 'SCS Guará' e 'IAC Carioca Pyatã' x 'Pérola', com magnitudes de 29 e 44%, respectivamente.

Com o objetivo de determinar a herança dos caracteres que conferem o hábito de crescimento em feijão comum, Checa et al. (2006) realizaram três cruzamentos dentro e entre diferentes *pools* gênicos: Andino x Andino [BRB32(tipo II) x MAC47(tipo IV)], Mesoamericano x Mesoamericano [Canela (tipo II) x G2333(tipo IV)], e Mesoamericano x Andino [G2333 (tipo IV) x G19839 (tipo

III)]. Para tanto, procederam à análise de média de gerações nos dados de altura da planta (AP) e comprimento dos internós (CI). Em cada população, foram avaliadas seis gerações (P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , RC_1 e RC_2) em duas fases de crescimento, 40 e 70 dias após o plantio. Os autores observaram que houve efeitos de dominância quando a população era proveniente de cruzamentos entre pool gênicos diferentes (Mesoamericano x Andino). Concluíram que, de modo geral, o efeito aditivo foi mais relevante quando comparado com a porção de dominância do modelo. As estimativas de herdabilidade, no sentido amplo, variaram de 62,3% a 85,6% para AP e de 66,5% para 83,7% para CI.

Na UENF (Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro), Silva et al. (2004b) avaliaram a herança de caracteres morfoagronômicos pelo dialelo de Hayman em cinco acessos de feijão-de-vagem de porte indeterminado do banco de germoplasma da Instituição e seus dez híbridos. Os autores constataram que os efeitos gênicos aditivos foram mais expressivos para peso de vagem/planta, número de sementes por vagem, altura da inserção da primeira vagem e número de dias para florescimento. Por sua vez, efeitos gênicos não aditivos foram preponderantes na herança para número de vagens por planta.

2.7. Método de melhoramento SSD (*Single Seed Descent*)

Pesquisas, visando ao melhoramento da cultura do feijão-de-vagem, tanto com interesse em produção quanto de qualidade da vagem imatura, resistência a estresses abióticos e bióticos, são de elevada importância. Para tanto, há necessidade de investimentos em recursos humanos e financeiros em instituições de pesquisa que conduzem programas de melhoramento para que possam contribuir com a geração de genótipos superiores, maximizando os retornos econômicos aos agricultores e consumidores.

Por ser o feijão-de-vagem uma espécie autógama, uma estratégia que tem sido utilizada em programas de melhoramento é iniciar o procedimento com o cruzamento entre populações dessemelhantes para ampliação da base genética (Toledo et al., 2009). No melhoramento por hibridação, existem alguns passos fundamentais, tais como a escolha dos genitores, a obtenção da população segregante e o modo como esta será conduzida (Allard, 1971; Ramalho et al., 1993).

O método SSD (*Single Seed Descent*), proposto por Brim (1966), estabelece que uma semente de cada indivíduo da população F_2 seja colhida aleatoriamente e agrupada para constituir a geração F_3 , sendo estas agrupadas e semeadas, e uma semente F_4 de cada indivíduo F_3 é colhida na época da maturação, repetindo-se o processo até a geração F_5 . Após o avanço das gerações, realiza-se a seleção, quando os indivíduos estarão com a maioria dos locos em homozigose (Borém e Miranda, 2009).

Esse método, além de poder ser conduzido fora da região de adaptação do germoplasma, permite a expressão máxima da variância genética entre as linhagens na população final. É, pois, uma excelente alternativa, principalmente quando se dispõe de casa-de-vegetação ou locais de multiplicação de inverno, para avanço de geração. Por não sofrer influência do ambiente, é possível avançar duas a três gerações por ano (Borém e Miranda, 2009). Além disso, permite a obtenção de linhagens rapidamente, sem a perda de alelos por seleção, pois a variabilidade original é mantida até o nível de linhagens (Allard, 1971) e é um método mais eficiente para caracteres de baixa herdabilidade, desde que uma base genética ampla seja mantida no avanço das gerações.

Outras vantagens desse método, segundo os autores, são: menor espaço por geração, menor dispêndio de esforço na colheita, não há necessidade de anotações e a seleção para caracteres de alta herdabilidade (altura de planta, maturação, floração e resistência vertical às doenças) pode ser praticada em plantas individuais (Borém e Miranda, 2009).

Uma crítica feita ao método SSD é a respeito da reduzida exploração da variabilidade contida na população F_2 , pois, mesmo cada planta sendo amostrada, apenas uma semente não representa toda a variabilidade contida em cada indivíduo F_2 . Considerando-se cruzamentos convergentes, o grau de parentesco entre os indivíduos F_2 é consideravelmente alto, e, conseqüentemente, a variabilidade entre plantas F_3 oriundas do mesmo indivíduo F_2 é baixa; desse modo, uma única semente pode ser suficiente para representar a variabilidade em cada indivíduo F_2 . Porém, situação desfavorável se encontra ao se tratar de genitores divergentes (Borém e Miranda, 2009).

A eficiência de cinco métodos de condução de populações segregantes foi testada na cultura do feijoeiro por Raposo et al. (2000). Para tanto, foi utilizada a população segregante do cruzamento entre as cultivares Carioca x Flor de

Mayo. Os métodos comparados foram: genealógico, populacional ou *bulk*, SSD, *bulk* dentro de F_3 e *bulk* dentro de F_2 . Os métodos foram avaliados em dois locais: Lavras e Patos de Minas, em Minas Gerais. Utilizou-se delineamento de látice triplo 18 x 18, em que 320 famílias foram avaliadas, sendo 64 derivadas de cada um dos métodos, os genitores, e mais duas testemunhas. Com os dados de produtividade de grãos (g/parcela), obtiveram-se estimativas de parâmetros genéticos. Os principais critérios utilizados nas comparações foram o desempenho médio das famílias, o ganho esperado com diferentes intensidades de seleção e o número de famílias em cada método com desempenho superior a um determinado padrão. Os resultados obtidos revelaram que não havia diferenças significativas entre os métodos na obtenção de famílias superiores. Contudo, considerando as estimativas dos parâmetros genéticos, juntamente com a facilidade e flexibilidade de condução, os métodos do SSD e *bulk* foram os mais vantajosos.

Em pesquisa realizada na UENF (Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro), Vilela et al. (2009) avaliaram os segregantes obtidos por SSD de quatro populações selecionadas, precocemente em F_2 , para produtividade em feijão-de-vagem. Na geração avançada $F_{6:7}$, 120 linhas foram obtidas e avaliadas para sete características de interesse agrônomo, em experimento em blocos completos com duas repetições dentro de *sets*. Constatou-se que a média de produtividade de vagens na geração $F_{6:7}$ foi 72% maior do que em F_2 , confirmando a eficiência da seleção precoce. Não obstante, a eficiência do método SSD em oportunizar amplitude genética para a seleção em geração avançada pôde ser constatada pela existência de suficiente variabilidade genética verificada dentro de *sets* entre as linhagens $F_{6:7}$.

Francelino et al. (2011) avaliaram acessos do banco de germoplasma da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) e realizaram cruzamentos entre os genótipos mais divergentes. Posteriormente, foram realizadas seleções nas populações F_2 , em campo, avançando até F_5 pelo método SSD, em casa de vegetação, selecionando-se 30 linhas promissoras em F_6 . A geração F_7 foi cultivada e avaliada, em campo, em dois locais (Campos dos Goytacazes e Bom Jesus do Itabapoana). As características avaliadas foram: altura de inserção da primeira vagem; altura da planta; o número médio de vagens por planta; comprimento médio das vagens; peso médio de grãos por

vagem; teor de fibras nas vagens; produtividade de vagens por hectare (ProdVagens) e a produtividade de grãos por hectare. Houve efeito significativo de genótipos para todas as características avaliadas, exceto para o número médio de vagens por planta. Os acessos UENF 7-20-1, UENF 7-5-1, UENF 14-22-3, UENF 15-8-4, UENF 1445, *Top seed blue line*, Feltrin, UENF 14-16-3, UENF 7-10-1, UENF 14-6-3 e UENF 15-23-4 foram, respectivamente, os mais produtivos, com rendimentos de 20.052 a 15.873 Mg ha⁻¹ de vagens e na produção de grãos (2.693 a 2.014 Mg ha⁻¹). A característica mais correlacionada com os rendimentos de vagens e de grãos foi o número médio de vagens por planta seguida por comprimento médio de vagens.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Análise das Gerações

As gerações (F_1 e F_2), avaliadas no ensaio de análise de média de gerações, foram provenientes do cruzamento entre as cultivares BAC 6 e Alessa. A cultivar BAC 6 foi desenvolvida no Instituto Agronômico do Paraná e é proveniente do cruzamento entre uma cultivar de feijão comum com grãos do tipo “carioca” e *Great Northern Nebraska # 1* sel. 27. Possui hábito de crescimento indeterminado, sementes do tipo carioca, flores brancas e alta resistência ao CBC (Rodrigues, 1997; Trindade et al., 2012). Já a cultivar Alessa (UENF 1486) foi desenvolvida por Leal e Bliss (1990). Trata-se de uma cultivar de feijão-de-vagem com hábito de crescimento determinado, flores e sementes de coloração branca, vagens verdes do tipo manteiga e suscetível ao Crestamento Bacteriano Comum.

As quatro gerações (P_1 , P_2 , F_1 e F_2) foram avaliadas em condições de campo na área de convênio da Estação Experimental da Empresa de Pesquisa Agropecuária do Estado do Rio de Janeiro (PESAGRO-RIO) com a Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) no período de abril a julho de 2011. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos ao acaso com três repetições. Foram avaliadas 30 plantas de cada uma das gerações não segregantes (P_1 , P_2 e F_1) e 300 plantas da geração segregante (F_2).

3.1.1. Avaliação da resistência a *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*

A inoculação com *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* (Xap) em folhas foi feita aos 25 dias após a semeadura. Para tanto, os isolados 139-y e 775-90 foram cultivados em placa de Petri, contendo meio DYGS sólido (Rodrigues Neto et al., 1986) com alça de platina a uma temperatura de 28°C. Após 36 horas, as colônias bacterianas foram suspensas em água destilada, e a concentração de células ajustada para 10^7 UFC. mL⁻¹, em espectrofotômetro, a 640 nm de absorvância, para serem inoculadas no mesmo dia.

A inoculação foi precedida da seleção de um trifólio por planta, onde foram selecionados dois folíolos, os quais foram previamente identificados com fios de lã de colorações diferentes de acordo com a estirpe a ser inoculada. Cada folíolo foi inoculado 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 (Figura 1) (Santos, 2000).

A inoculação nas vagens foi feita 45 dias após o plantio, no início do enchimento das vagens. Foram selecionadas duas vagens por planta as quais foram previamente identificadas com fios de lã coloridos conforme a estirpe da inoculação (Figura 2). Cada vagem foi inoculada com um inóculo de Xap distinto (139-y ou 775-9) via inserção de uma agulha hipodérmica previamente inserida em placas de Petri, contendo meio DYGS sólido com colônias riscadas de uma das estirpes em três pontos equidistantes na vagem (Rodrigues et al., 1999).



Fi

Figura 1. Inoculação artificial por meio de tesoura, utilizando suspensão bacteriana de isolado de *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* em feijão-de-vagem. Campos dos Goytacazes, RJ, 2013.



Figura 2. Inoculação de vagens na cultura do feijão-de-vagem, com isolado de *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* por meio de inserção de agulha. Campos dos Gotacazes, RJ, 2013.

Para avaliação da reação a Xap nas folhas, foram feitas avaliações diárias durante 30 dias. Utilizou-se 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 3). Os resultados destas avaliações foram utilizados para o cálculo da AACPD.

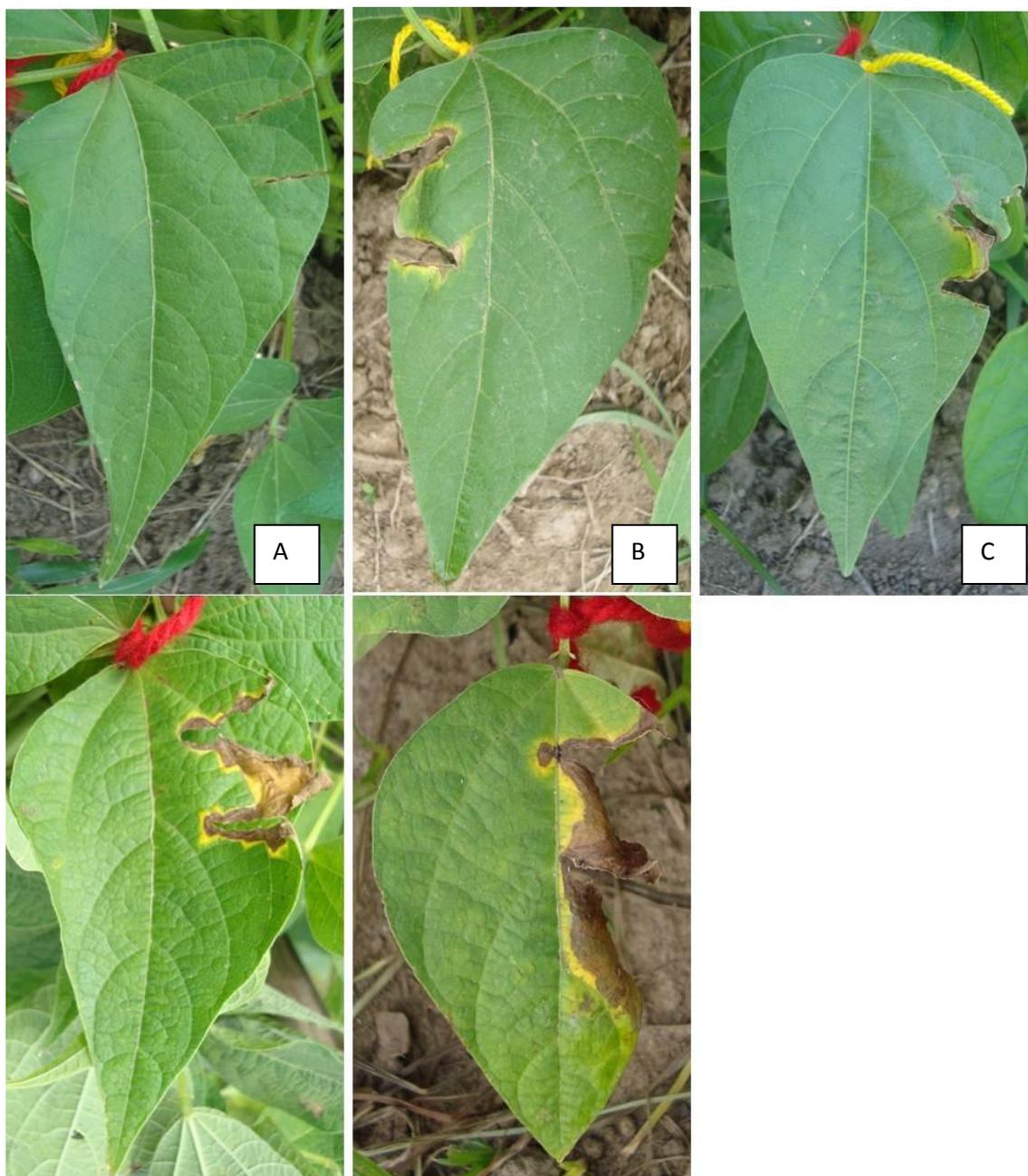


Figura 3. Escala diagramática utilizada para a avaliação da reação a *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* em feijão-de-vagem (*Phaseolus vulgaris* L.): A) Sem sintomas; B) 1 a 5% de necrose; C) 6 a 25% de necrose; D) 26 a 50% de necrose; E) > 50% de necrose. Campos dos Goytacazes, RJ, 2013.

O valor da área abaixo da curva de progresso da doença foi calculado, segundo Shanner e Finley (1977), pela expressão:

$$AACPD = [\sum(Y_i - Y_{i+1})/2 \times (T_{i+1} - T_i)]$$

Em que:

Y_i = proporção da doença na i -ésima observação;

T_i = tempo (dias) na i -ésima observação; e

N = número total de observações.

Nas vagens, a reação a Xap foi avaliada, medindo-se o diâmetro da lesão (DLV) com paquímetro de precisão no ponto de inserção da agulha (Figura 4). Essa avaliação foi feita dez dias após a inoculação. Atribuiu-se a seguinte classificação para discriminar os genótipos entre resistentes e suscetíveis na vagem (Pastor-Corrales et al. 1981): 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.



Figura 4. Reação da vagem a *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* na cultura do feijão-de-vagem em uma população F₂ proveniente da autofecundação do cruzamento entre as cultivares BAC 6 x Alessa e a avaliação do diâmetro da lesão da vagem, nove dias após a inoculação. Campos dos Goytacazes, RJ, 2013.

3.1.2 Avaliação dos caracteres morfoagronômicos

Os caracteres morfoagronômicos utilizados foram avaliados conforme a lista de descritores para *Phaseolus vulgaris* disponível no *Bioversity International (BI)*. Segue a lista dos descritores avaliados:

a) Descritores quantitativos:

- Número de dias até a emergência – número de dias desde a semeadura até a emergência.
- Número de dias até a floração - número de dias desde a emergência até o estágio em que 50% das plantas estão em floração.
- Comprimento da vagem – mensurado em uma amostra de dez vagens com o auxílio de paquímetro de precisão, em milímetros.
- Diâmetro da vagem – medido com paquímetro de precisão na porção central da vagem em uma amostra de 10 frutos.
- Peso de vagens frescas – peso médio do total de vagens frescas colhidas em plantas individualmente.
- Número de vagens por planta – número total de vagens colhidas em cada planta individualmente.
- Teor de fibra – estimado a partir de uma amostra de 10 gramas de vagem *in natura*. As vagens foram trituradas em liquidificador por três minutos, passadas em peneira de 30 “*mesh*” e lavadas em água corrente e posteriormente em acetona a 100%. Esse material foi seco em estufa a 105° C por uma hora e pesado em balança de precisão (Frank et al., 1961, adaptado por Rodrigues, 1997).
- Altura da inserção da primeira vagem - distância entre o colo da planta e a inserção da 1ª vagem, medida em centímetros.

b) Descritores qualitativos:

- Hábito de crescimento – caracterizado durante a floração das plantas. A seguinte classificação foi utilizada:
 - Arbustivo determinado I
 - Arbustivo indeterminado II
 - Prostrado indeterminado III

- Cor da semente – caracterizada em sementes de vagens secas. A seguinte classificação foi atribuída:
- Cor mais escura do tegumento – 1) preto; 2) castanho claro a escuro; 4) cinzento acastanhado a esverdeado; 5) amarelo a amarelo esverdeado; 11) verde azeitona; e 14) roxo.
- Cor mais clara do tegumento - 2) castanho claro a escuro; 4) cinzento acastanhado a esverdeado; 6) creme claro a amarelo baço aveludado; 7) branco puro; e 14) roxo.
- Padrão do tegumento da semente – 0) ausente; 1) marmoreado; 2) listrado; 3) malhado romboide; 4) ponteadado; 5) manchado circular; 6) Padrão de cor marginal; 7) listas largas; 8) bicolor; 9) malhado bicolor; e 10) padrão à volta do hilo (face).
- Brilho da semente – foi dada a seguinte classificação: 3) baço; 5)médio; e 7)Brilhante.
- Curvatura da vagem – observada em vagens imaturas, onde: 3) direita; 5) ligeiramente curva; 7) curva; 9) duplamente curva.
- Posição do ápice da vagem – 1) Marginal e 2) Não marginal.
- Orientação do ápice da vagem – 3) para cima (no sentido dorsal); 5) direito; 7) Para baixo (no sentido ventral).

3.1.3. Análise dos Dados

3.1.3.1 Análise de Variância e Estimativas dos Parâmetros Genéticos

Os dados de resistência e dos caracteres morfoagronômicos obtidos foram submetidos à análise de variância com auxílio do programa SAS (*Statistical Analysis System*), sendo o delineamento experimental de blocos ao acaso utilizado, a análise foi feita conforme o modelo estatístico a seguir:

$$Y_{ij} = \mu + G_i + B_j + \varepsilon_{ij} \quad ,$$

Em que:

Y_{ij} = valor observado, relativo ao i-ésimo genótipo na j-ésima repetição;

μ = média geral;

G_i = efeito do genótipo atribuído ao i -ésimo tratamento considerando como de efeito fixo;

B_j = efeito do bloco atribuído a j -ésima repetição; e

ε_{ij} = erro experimental atribuído à observação Y_{ij} .

A Tabela 1 contém as fontes de variação e as esperanças dos quadrados médios, bem como o teste F para o modelo genético-estatístico preconizado.

Tabela 1. Esquema da ANOVA com as respectivas fontes de variação, esperanças de quadrados médios e teste F. Campos dos Goytacazes, RJ, 2013.

FV	GL	QM	E(QM)	F
Bloco	(b-1)	QMB	-	
Geração	(g-1)	QMG	$\sigma_w^2 + n\sigma^2 + nb\Phi_g$	QMG/QMR
Resíduo	(b-1)(g-1)	QMR	$\sigma_w^2 + n\sigma^2$	
Planta/gerações	bg(p-1)	QMPG	σ_w^2	
Total	(n-1)			
Gerações	GL	Componentes de variância		
Dentro de P_1	nP_1-b		σ_{we}^2	
Dentro de P_2	nP_2-b		σ_{we}^2	
Dentro de F_1	nF_1-b		σ_{we}^2	
Dentro de F_2	nF_2-b		$\sigma_a^2 + \sigma_d^2 + \sigma_{we}^2$	

sendo:

g = números de gerações (tratamentos);

b = número de blocos (repetições);

n = número de plantas;

Φ_g = componente quadrático que expressa a variabilidade entre as gerações;

σ_w^2 = variância entre plantas, dentro de parcelas;

σ_a^2 = variância aditiva;

σ_d^2 = variância devida aos desvios de dominância;

σ_w^2 = variância ambiental entre plantas, dentro de parcelas; e

σ_{we}^2 = variância ambiental entre parcelas.

Os parâmetros genéticos serão estimados pelas seguintes expressões como proposto por Cruz et al. (2004):

- Variância fenotípica (σ_f^2)

$$\sigma_f^2 = \sigma_{F_2}^2$$

- Variância ambiental na população F_2 (σ_{we}^2)

$$\sigma_{we}^2 = \sigma_{P_1}^2 \cdot \sigma_{P_2}^2 \cdot \sigma_{F_1}^2 \cdot \eta^3$$

- Variância genotípica na população F_2 (σ_g^2)

$$\sigma_g^2 = \sigma_{F_2}^2 - \sigma_{we}^2$$

- Herdabilidade no sentido amplo (h_a^2)

$$h_a^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_{F_2}^2}$$

- Grau médio de dominância (GMD) baseado em variâncias

$$GMD = \sqrt{\frac{2\sigma_d^2}{\sigma_a^2}}$$

- Número mínimo de genes envolvidos na determinação de um caráter (η)

$$\eta = \frac{R^2(1 + 0,5k^2)}{8\sigma_g^2}$$

- Coeficiente de determinação genotípica para gerações (H^2)

$$H^2 = \frac{\Phi_g}{\sigma_f^2}$$

sendo:

$$\Phi_g = \frac{QMG - QMR}{nb} \quad \text{e} \quad \sigma_f^2 = \frac{QMG}{nb} \quad \rightarrow \quad H^2 = \frac{QMG - QMR}{QMG}$$

Sendo:

$\sigma_{P_1}^2$ = variância do P_1 ;

$\sigma_{P_2}^2$ = variância do P_2 ;

$\sigma_{F_1}^2$ = variância do F_1 ;

R^2 = amplitude total na F_2 ;

$K = \text{GMD}$;

QMG= quadrado médio de gerações;

QMR= quadrado médio do resíduo;

b = número de blocos; e

m = número de plantas.

3.1.3.2 Análise de Média de Gerações e estimativas dos parâmetros genéticos

As características cujo valor do teste F foi significativo foram submetidas à análise de média de gerações, utilizando-se o programa Genes (Cruz, 2006).

Os parâmetros (m , a , d) foram estimados por meio do teste de análise conjunta, utilizando o modelo aditivo-dominante. Para tanto, o método dos quadrados mínimos ponderados foi aplicado, seguindo a proposta de Rower e Alexander (1980), como segue, iniciando-se pela definição das matrizes N , S , Y , C e M :

$$N = \begin{bmatrix} n(P_1) & 0 & 0 & 0 \\ 0 & n(P_2) & 0 & 0 \\ 0 & 0 & n(F_1) & 0 \\ 0 & 0 & 0 & n(F_2) \end{bmatrix} \quad S = \begin{bmatrix} \sigma(P_1) & & & \\ & \sigma(P_2) & & \\ & & \sigma(F_1) & \\ & & & \sigma(F_2) \end{bmatrix}$$

$$Y = \begin{bmatrix} \bar{P}_1 \\ \bar{P}_2 \\ \bar{F}_1 \\ \bar{F}_2 \end{bmatrix} \quad C = \begin{bmatrix} 1 & 1 & 0 \\ 1 & -1 & 0 \\ 1 & 0 & 1 \\ 1 & 0 & 0,5 \end{bmatrix} \quad M = \begin{bmatrix} m \\ a \\ d \end{bmatrix}$$

Onde:

N = matriz contendo o número de indivíduos para cada geração;

S = matriz de variâncias;

Y = vetor de médias das gerações;

C = matriz de coeficientes; e

M = vetor de parâmetros genéticos a serem estimados.

Obteve-se o vetor dos parâmetros por meio da resolução da expressão:

$$\hat{M} = (C'NS^{-1}C)^{-1}(C'NS^{-1}Y) = \begin{bmatrix} \hat{m} \\ \hat{a} \\ \hat{d} \end{bmatrix}$$

Para testar a adequação do modelo aditivo-dominante para as características estudadas, aplicou-se o teste de Qui-Quadrado (χ^2), sendo que os valores esperados das médias das gerações foram estimados conforme o modelo que segue:

$$P_1 = m + a$$

$$P_2 = m - a$$

$$F_1 = m + d$$

$$F_2 = m + 1/2d$$

Caso o valor do qui-quadrado tabelado fosse significativo, o modelo era dado como insuficiente para explicar a controle genético da característica testada.

3.2. Avaliação das linhas de feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.) parcialmente endogâmicas

3.2.1. Obtenção das famílias F₄ e ensaio de avaliação

Foram avaliadas 117 famílias F₄, provenientes do cruzamento entre duas cultivares de *Phaseolus vulgaris* L.: BAC 6 (cultivar de feijão comum resistente ao Crestamento Bacteriano Comum) e Alessa (cultivar de feijão-de-vagem, suscetível ao Crestamento Bacteriano Comum). Além das famílias, quatro testemunhas adicionais foram inseridas no experimento para avaliação, os genitores (BAC 6 e Alessa) e as cultivares UENF 1453 e PI 207262 .

As famílias F₄ foram obtidas via SSD (*Single Seed Descent*) – Método descendente de uma única semente. Foram colhidas sementes F₃ de 300 plantas da geração F₂ em plantas individuais provenientes do ensaio de análise de média de gerações conduzido em condições de campo na área de convênio da UENF

com a PESAGRO-Rio, Campos dos Goytacazes - RJ (no período de abril a julho de 2011). A geração F_2 , os genitores e a F_1 foram submetidos à avaliação de resistência ao Crestamento Bacteriano Comum (CBC) via inoculação artificial nas folhas e nas vagens, utilizando-se dois isolados de *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* (139y e 775-90) ajustados a uma concentração de 10^7 UFC. Após avaliação da AACPD (Área Abaixo da Curva de Progresso da Doença) e DLV (diâmetro de lesão da vagem), detectou-se que 20% das plantas avaliadas da geração F_2 foram extremamente suscetíveis ao CBC. Essas famílias foram, então, retiradas do ensaio de avanço de gerações por autofecundações por meio do método SSD.

As sementes F_3 foram semeadas em vasos de 5 L em casa-de-vegetação na UAP/UENF (Unidade de Apoio a Pesquisa) para autofecundação e obtenção das sementes F_4 , no período de setembro a janeiro de 2012. Foram semeadas, em cada vaso, duas sementes da geração F_3 de cada planta para assegurar a germinação e a representatividade de todas as plantas F_3 semeadas.

O ensaio de avaliação dos 121 genótipos foi conduzido na área de convênio da UENF com a PESAGRO-Rio, em Campos dos Goytacazes, RJ, no período de maio a agosto de 2012. O delineamento utilizado foi látice quadrado (11 x 11) com três repetições, sendo que cada parcela conteve cinco plantas.

3.2.2. Avaliação da reação ao Crestamento Bacteriano Comum

A inoculação de *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* (Xap) em folhas e vagens nas famílias foram feitas conforme o item 3.1.1.. As avaliações constaram de três procedimentos: i) registro, por meio de escala de notas; ii) quantificação do período de incubação em folhas (dias entre a inoculação em folhas e o surgimento dos sintomas); e iii) determinação da área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD). O valor da área abaixo da curva de progresso da doença foi calculado segundo Shanner e Finley (1977).

3.2.3. Avaliação das características morfoagronômicas

Cinco características morfoagronômicas foram avaliadas nas famílias F_4 e testemunhas, quais sejam:

- a) **Comprimento de vagem:** expresso em milímetros, obtido pela média do comprimento total de dez vagens colhidas aleatoriamente, com o auxílio de paquímetro de precisão.
- b) **Diâmetro da vagem** – expresso em milímetros, obtido pela média do diâmetro total de dez vagens colhidas aleatoriamente, considerando a porção central da vagem, com o auxílio de paquímetro de precisão.
- c) **Número de vagens por planta:** número médio de vagens colhidas em planta individuais.
- d) **Número de sementes por vagem:** número médio de sementes obtidas em dez vagens de cada planta.
- e) **Número de sementes por planta:** número médio de sementes colhidas em cada planta.

3.2.4. Análise de variância e teste de agrupamento de médias

A análise de variância foi realizada, adotando-se o seguinte modelo estatístico:

$$Y_{ijk} = \mu + r_j + b_{k(j)} + g_i + \varepsilon_{ijk},$$

Em que:

Y_{ijk} = é a observação referente a i-ésima família no k-ésimo bloco, dentro da j-ésima repetição;

μ = medida geral;

r_j = efeito da j-ésima repetição;

$b_{k(j)}$ = o efeito do k-ésimo bloco na j-ésima repetição;

g_i = o efeito da i-ésima família; e

ε_{ijk} = erro experimental \sim NID(0, σ^2).

Para esse modelo, o esquema de análise de variância, bem como as esperanças dos quadrados médios estão apresentados na Tabela 2.

Tabela 2. Esquema da análise de variância para a avaliação das progênies das avaliações das famílias F₄ de feijão-de-vagem. Campos dos Goytacazes, RJ, 2013.

FV	GL	QM	E(QM)	F
Repetição	r-1	QMR	$\sigma^2 + g\sigma_r^2$	
Bloco/Repetição	r(b-1)	QMB/R	$\sigma^2 + g\sigma_{b/r}^2$	
Famílias	g-1	QMG	$\sigma^2 + r\sigma_g^2$	QMG/QME
Erro efetivo	diferença	QME	σ^2	
Total	rg-1			

As médias das famílias, para as quais as características estudadas foram significativas pelo Teste F, foram agrupadas pelo método de Scott & Knott (1974) ao nível de 1% de probabilidade, utilizando-se o programa estatístico Genes (Cruz, 2006).

3.2.5. Estimadores dos parâmetros genéticos

A partir dos valores dos quadrados médios, obtidos pelas análises de variância, foram estimados os componentes de variância associados aos efeitos de natureza genética e ambiental do modelo estatístico. As estimativas das variâncias fenotípicas foram obtidas baseando-se nas médias ajustadas. Seguem as expressões utilizadas para o cálculo dos parâmetros genéticos:

- Variância genotípica entre as médias das famílias

$$\sigma_g^2 = \frac{QMG - QME}{r}$$

Em que:

QMG = quadrado médio de famílias;

QME= quadrado médio do erro efetivo; e

r = número de repetições.

- Variância fenotípica entre médias de famílias

$$\sigma_f^2 = \frac{QMG}{r}$$

- Variância ambiental entre parcelas

$$\sigma^2 = QME$$

- Variância ambiental entre médias de parcelas

$$\sigma_g^2 = \frac{QME}{r}$$

- Coeficiente de herdabilidade

$$h^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_f^2} = \frac{QMG - QME}{QMG}$$

- Correlação intraclassa

$$CI = \frac{\sigma_g^2}{\sigma^2 + \sigma_g^2}$$

- Coeficiente de variação genético

$$CV_g = \frac{\sqrt{\sigma_g^2}}{m} \times 100$$

- Coeficiente de variação experimental

$$CV_e = \frac{\sqrt{QME}}{m} \times 100$$

- Índice de variação

$$\hat{i} = \frac{CV_g}{CV_e}$$

Após a obtenção dos parâmetros genéticos, aplicaram-se os índices de seleção de Mulamba e Mock (1978), Smith e Hazel, Pesek e Baker (1969) e índice de distância ao ideótipo com a finalidade de selecionar famílias promissoras para novos ciclos de seleção.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Análise de médias de gerações

Durante o período de condução do experimento no campo, as temperaturas variaram de 15 a 30°C, e a umidade relativa média foi de 71,90%, variando de 30 a 94% (Figura 5). As condições de temperatura da época de semeadura e condução do experimento foram apropriadas para o cultivo do feijão-de-vagem e para o desenvolvimento do Crestamento Bacteriano Comum (CBC) (Filgueira, 2003; Dreo et al., 2003).

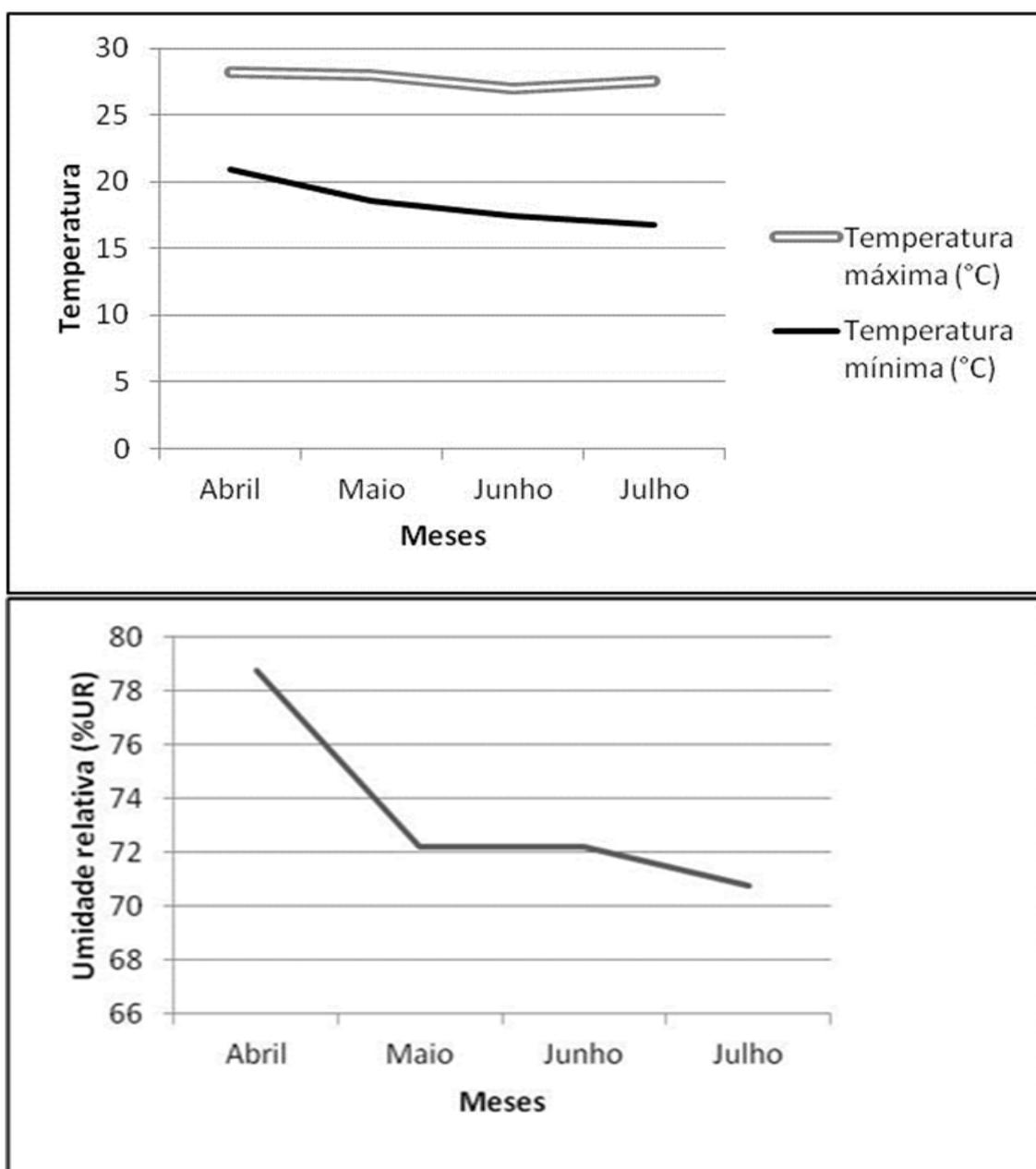


Figura 5. Condições de temperatura e umidade nos meses de abril a junho de 2011, na estação Experimental da Empresa de Pesquisa Agropecuária do Estado do Rio de Janeiro (PESAGRO-RIO) no município de Campos dos Goytacazes, RJ. (Dados INMET). Campos dos Goytacazes, RJ, 2013.

4.1.2. Análise de variância

Houve diferença significativa entre as gerações avaliadas para resistência a *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* (Xap), considerando os dois isolados, 139y e 775-90, e suas reações na folha e na vagem, indicando a ocorrência de variabilidade entre as gerações avaliadas (Tabela 3). Também houve significância no teste F em 1% de variabilidade para as características morfoagronômicas

estudadas: comprimento e diâmetro de vagem, peso das vagens, número de vagens por planta e teor de fibra.

Para o estudo da resistência ao Crestamento Bacteriano Comum (CBC) nas folhas e nas vagens das gerações de feijão-de-vagem, utilizaram-se os valores referentes à Área Abaixo da Curva de Progresso da Doença (AACPD) e o diâmetro da lesão na vagem (DLV), respectivamente. Os valores do Coeficiente de Variação (CV) para a resistência ao CBC variaram de 11,57%, para avaliação do isolado 775-90 na folha, a 33,11%, quando se avaliou a reação na vagem do isolado 775-90 (Tabela 3).

Tabela 3. Análise de variância para resistência na folha e na vagem, a dois isolados de *Xanthomonas axopodis* pv. *phaseoli* (139y e 775-90) em quatro gerações de feijão-de-vagem [P₁ (BAC 6), P₂ (Alessa), F₁ e F₂]. Campos dos Goytacazes, RJ, 2013.

FV	AACPD				Diâmetro da lesão			
	Xap 139y (folha)		Xap 775-90 (folha)		Xap 139y (vagem)		Xap 775-90 (vagem)	
	GL	QM	GL	QM	GL	QM	GL	QM
Bloco	2	98,71	2	249,67	2	1,02	2	12,91
Gerações	3	2711,49**	3	1577,03**	3	45,15**	3	40,16**
Resíduo	6	109,15	6	63,05	6	0,64	6	1,04
Planta/Geração	366	124,60	364	145,82	311	0,92	367	2,60
Total	377	-	375	-	322	-	378	-
CV(%)		14,29		11,57		24,38		33,11

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

Ferreira et al. (2003), avaliando linhas recombinadas (F₇) de feijão-de-vagem, obtiveram o valor de CV de 18,4% para índice de doença na folha para Xap sob ocorrência natural, semelhante ao valor do presente trabalho. Nesse mesmo trabalho, observou-se um decréscimo do valor do coeficiente de variação quando populações com nível de homozigosidade diferentes foram comparadas – F₃ e F₇. Os autores sugeriram que, trabalhando com populações mais avançadas, há um aumento considerável no nível de acurácia das estimativas e, como consequência, a seleção se torna mais precisa.

Um fator que afeta a avaliação da doença no que se refere à eficiência da seleção de genótipos resistentes é a precisão com que as famílias são avaliadas, especialmente nas gerações iniciais. Cândida et al. (2004) estimaram que valores de CV foram de 24,68% no estudo da resistência do feijoeiro comum ao patótipo

FOP 46 de *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli* em um ensaio conduzido em casa de vegetação. As avaliações foram conduzidas em famílias F_{2:3} dos cruzamentos Milionário 1732 x Macanudo e FT-Tarumã x Macanudo e o valor de CV encontrado foi considerado aceitável pelos próprios autores. Nesse aspecto, há que se ressaltar que, no trabalho de Cândida e colaboradores, a unidade experimental foi uma única planta.

Na cultura do milho, valores de CV expressivos, 33,87%, foram encontrados quanto à avaliação de mancha branca (*Phaeosphaeria maydis*). Esse trabalho foi conduzido com objetivo de estudar o nível de resistência de populações primitivas, melhoradas e de híbridos comerciais de milho a *Phaeosphaeria maydis*, cultivados sob dois níveis de adubação. Entretanto, nesse trabalho, o alto valor do CV não permitiu discriminar os genótipos avaliados em resistentes e suscetíveis (Souza e Duarte, 2002), o que não foi observado na avaliação da resistência nas vagens, nesse trabalho.

Com exceção do caráter diâmetro da vagem, houve diferença altamente significativa para as demais características morfoagronômicas estudadas (Tabela 4). Os valores de CV variaram de 3,91%, para DF, a 24,86%, para NVP. Caracteres relacionados com a produção (PMV e NVP) obtiveram os valores de CV mais elevados, acima de 20%.

A avaliação do coeficiente de variação como medida de precisão dos experimentos tem sido utilizada em diversas culturas. Em um estudo feito por Oliveira et al. (2009), foram propostas faixas de CV para orientar os pesquisadores na avaliação de variáveis em experimentos com a cultura do feijão comum. Os autores concluíram que, para avaliar a precisão de experimentos com a cultura do feijão, devem-se utilizar faixas de variação de valores de CV específicas para cada variável resposta (Oliveira et al., 2009).

Krause et al. (2012) avaliaram híbridos de feijão-de-vagem e os valores de CV para as características dias para o florescimento, comprimento da vagem e diâmetro da vagem foram menores que 10%, semelhantes aos encontrados para essas mesmas características na presente pesquisa. Entretanto, para peso de vagem, número de vagem e teor de fibra, os valores de CV foram mais elevados, com magnitude de 38,54, 36,29 e 20,06%, respectivamente. De acordo com os autores, é, geralmente, esperado ocorrerem estimativas de CV mais elevadas para caracteres relacionados com a produção, a exemplo, peso e número de

vagens, controlados por vários genes e, portanto, mais influenciados pelo ambiente.

Valores de CV abaixo de 10% foram registrados por Oliveira et al. (2001) na avaliação de 15 linhagens e oito híbridos comerciais de feijão-vagem de crescimento indeterminado para dias para o florescimento (3,9%), comprimento de vagem (7,7%), diâmetro da vagem (7,2%) e peso médio da vagem (14,4%), vagens por planta (17,8%), produtividade (20,3%) e teor de fibra (16,0%).

Tabela 4. Resumo da análise de variância para características morfoagronômicas da avaliação de quatro gerações de feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.) [P₁ (BAC 6), P₂ (Alessa), F₁ e F₂]. Campos dos Goytacazes, RJ, 2013.

FV	Características ¹													
	DF		COV		DV		PMV		NVP		TF		AIV	
	GL	QM	GL	QM	GL	QM	GL	QM	GL	QM	GL	QM	GL	QM
Bloco	2	1,13	2	32,44	2	6,23	2	0,09	2	3,09	2	0,08	2	19,29
Gerações	3	32,04**	3	1814,05**	3	6,82 ^{ns}	3	56,25**	3	8787,60**	3	0,25**	3	107,67**
Resíduo	6	1,79	6	71,76	6	1,45	6	2,01	6	148,71	6	0,01	6	3,46
Planta/Geração	346	4,99	374	237,15	372	31,16	377	1,82	368	470,95	366	0,11	371	14,41
Total	357	-	385	-	383	-	388	-	379	-	377	-	382	-
CV%		3,91		6,04		11,27		22,54		24,86		20,41		11,75

¹DF - dias para o florescimento, COV - comprimento de vagem, DV - diâmetro da vagem, PMV – peso médio das vagens, NVP- número de vagens por planta, TF – teor de fibras, AIV – Altura da inserção da primeira vagem.

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

Em decorrência da significância do teste F para os isolados de Xap avaliados, foi possível desdobrar os efeitos dentro de cada geração para a reação tanto na folha quanto na vagem (Tabelas 5 e 6).

Tabela 5. Desdobramento dos efeitos da análise de variância para reação a *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* (isolados 139y e 775-90) na folha em quatro gerações de feijoeiro, provenientes do cruzamento entre BAC 6 (P₁) x Alessa (P₂). Campos dos Goytacazes, RJ, 2013.

FV	AACPD XAP 139y		AACPD Xap 775-90	
	GL	QM	GL	QM
Bloco	2	98,71	2	249,67
Gerações	3	2711,49*	3	1577,03*
Resíduo	6	109,15	6	63,05
Planta/Geração	366	124,60	364	145,82
Total	377 -		375 -	
Dentro de P ₁	22	65,61	23	31,34
Dentro de P ₂	24	16,04	23	45,33
Dentro de F ₁	23	36,65	21	30,24
Dentro de F ₂	297	144,61	297	170,64

*Significativo a 1% de probabilidade pelo teste F.

Tabela 6. Desdobramento dos efeitos da análise de variância para reação na vagem nas gerações P₁ (BAC 6), P₂ (Alessa), F₁ e F₂ a dois isolados (139y e 775-90) a *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* em feijoeiro. Campos dos Goytacazes, RJ, 2013.

FV	DLV XAP 139y		DLV XAP 775-90	
	GL	QM	GL	QM
Bloco	2	1,02	2	12,91
Gerações	3	45,15*	3	40,16*
Resíduo	6	0,64	6	1,04
Planta/Geração	311	0,92	367	2,60
Total	322	-	378	-
Dentro de P ₁	24	0,10	27	0,06
Dentro de P ₂	24	0,56	26	1,65
Dentro de F ₁	19	0,47	17	1,04
Dentro de F ₂	244	1,06	297	3,00

*Significativo a 1% de probabilidade pelo teste F.

As variâncias, dentro de cada geração, foram atribuídas às variações fenotípicas de cada geração sem o efeito de bloco. As variâncias para resistência

nas folhas para o isolado 139y foram discrepantes dentro das gerações não segregantes (P_1 , P_2 e F_1). Dados semelhantes foram reportados por Riva (2002) no estudo da herança a mancha-bacteriana *Xanthomonas axonopodis* pv. *vesicatoria*, em *Capsicum annuum* L. e por Juhász et al. (2008) no estudo do controle genético da resistência ao potyvírus *Pepper yellow mosaic virus* em *Lycopersicon hirsutum*. Ambos avaliaram as gerações P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , RC_1 e RC_2 .

No desdobramento dos efeitos da análise de variância para resistência na folha à Xap 775-90 e na vagem (139y e 775-90), os valores das variâncias nas gerações não segregantes foram menos discrepantes quando comparadas com as variâncias para Xap 139y (Tabela 6). É necessário salientar que a variação, em cada uma das cultivares parentais, é exclusivamente ambiental, pois todos os indivíduos de uma mesma cultivar possuem genótipos idênticos. Da mesma maneira, deve ocorrer para a geração F_1 , pois todos os indivíduos F_1 possuem o mesmo genótipo, embora heterozigotos e não homozigotos como os genitores (Ramalho et al., 1993).

As estimativas das variâncias da população segregante (F_2) foram elevadas para todos os caracteres de resistência a Xap (Tabela 6 e 7), indicando a existência de variabilidade genética para esses componentes de resistência ao CBC o que favorece a obtenção de ganhos por seleção nas futuras gerações.

A comparação das médias dos genitores (Figuras 6 e 7) comprova a diferença e a classificação dos mesmos, quanto à reação a Xap (isolados 139y e 775-90) nas folhas e na vagem, em resistente e suscetível. Ressalta-se que essa classificação é condizente com os resultados de Jung et al. (1996), Ferreira et al. (2007) e Trindade et al. (2012), que, também, classificaram a cultivar BAC 6 como genótipo resistente a Xap. De forma análoga, a cultivar Alessa foi dada, também, como suscetível nos trabalhos de Rodrigues et al. (1999) e Trindade et al. (2012).

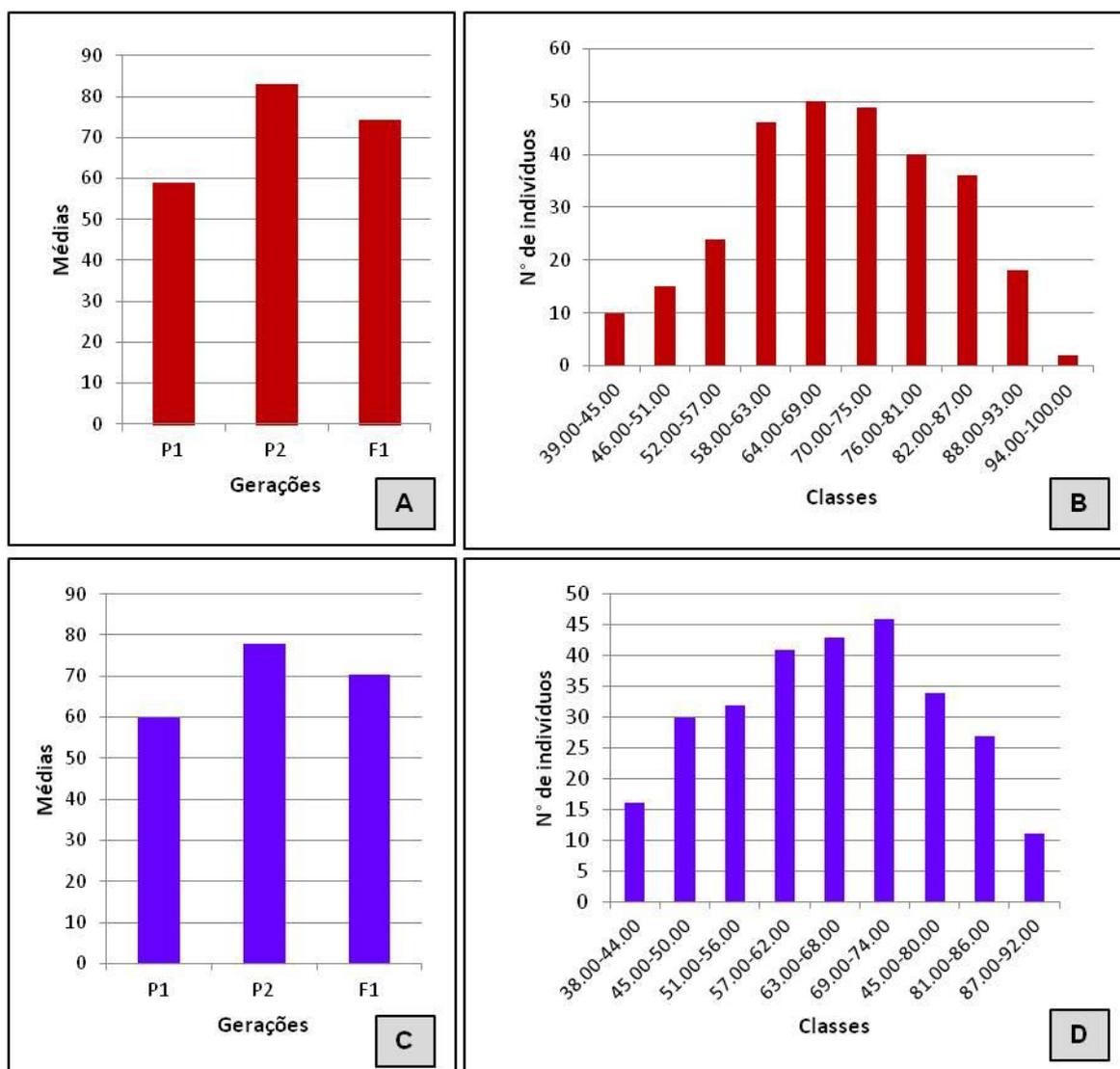


Figura 6. Valores da área abaixo da curva de progresso da doença em feijoeiro estimada a partir da reação a dois isolados de *Xanthomonas axonopodis* pv. *Phaseoli*. Isolado 139y: A) média da AACPD em P₁, P₂ e F₁ e B) distribuição em F₂. Isolado. 775-90: C) média da AACPD em P₁, P₂ e F₁ e D) distribuição em F₂. Campos dos Goytacazes, RJ, 2013.

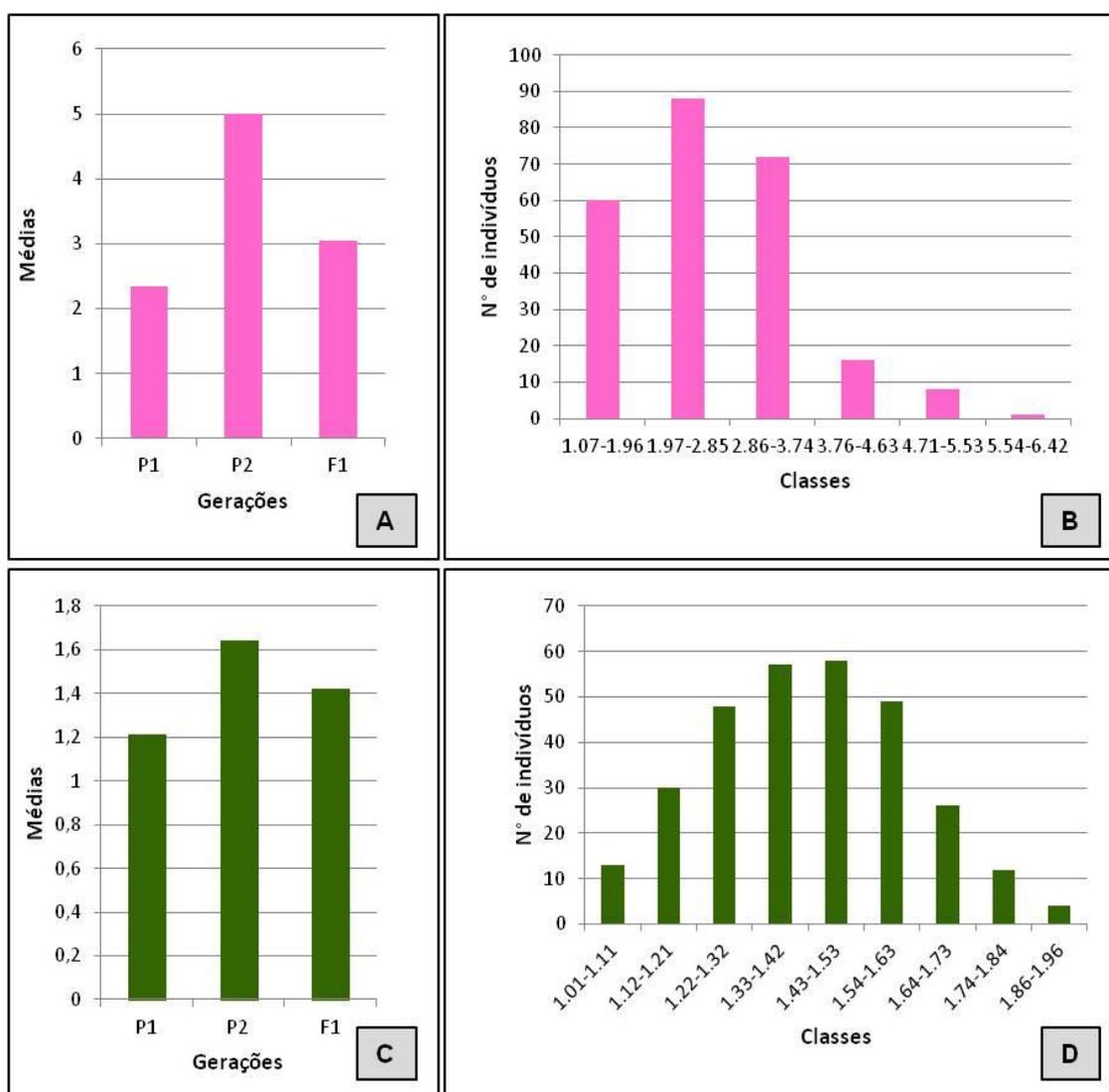


Figura 7. Valores de diâmetro da lesão na vagem (DLV) em feijão-de-vagem mensurados após a inoculação dois isolados (139y e 775-90) de *Xanthomonas axonopodis* pv. *Phaseoli*. Isolado 139-y: A) média do DLV em P₁, P₂ e F₁ e B) distribuição em F₂. Isolado 775-90: C) média do DLV em P₁, P₂ e F₁ e D) distribuição em F₂. Campos dos Goytacazes, RJ, 2013.

O isolado 139y foi ligeiramente mais agressivo e possibilitou os maiores valores de AACPD e diâmetro da lesão na vagem. A variabilidade do patógeno, além da reação diferencial entre folhas e vagens, vez que, em uma mesma planta, pode ocorrer suscetibilidade nas vagens e resistência nas folhas para isolados diferentes e vice-versa, dificultam o sucesso dos programas de melhoramento, visando à resistência a doenças (Opio et al., 1996; Mkandawire et al., 2004).

Opio et al. (1996) avaliaram a variabilidade patogênica de isolados de Xap coletados em diferentes regiões da África, sendo observada intensa variação entre os isolados quanto à severidade de ataque em função do genótipo utilizado para teste. Por sua vez, Mahuku et al. (2006) avaliaram isolados de Xap de diferentes origens por marcadores moleculares que codificavam genes ribossomais e constataram uma grande diversidade dentro dos diferentes isolados do patógeno. Esses resultados demonstram que, embora não ocorram distinções de raça patogênica em *Phaseolus vulgaris* L., existe variabilidade genotípica dentro de *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*.

Os desdobramentos dos efeitos para as características morfoagronômicas revelaram a ocorrência de variações dentro das gerações avaliadas (Tabela 7). As estimativas de F_2 , dentro de cada geração para as características dias para o florescimento (DF), comprimento da vagem (COV), peso médio das vagens (PMV), número de vagens por planta (NVP), teor de fibras (TF) e altura da inserção da primeira vagem (AIV), foram mais pronunciadas do que as gerações parentais e F_1 . Há, pois, indicativo da ocorrência de variabilidade genética dentro da população segregante para as características morfoagronômicas avaliadas, o que favorece a perspectiva de obtenção de ganhos por seleção nas futuras gerações.

Tabela 7. Análise de variância e seus desdobramentos dentro de gerações, para caracteres morfoagronômicos em feijão-de-vagem: DF (dias para o florescimento), COV (comprimento de vagem), PMV (peso médio de vagens), NVP (número de vagens por planta), TF (teor de fibra), AIV (altura de inserção da primeira vagem). Campos dos Goytacazes, RJ, 2013.

FV	DF		COV		PMV		NVP		TF		AIV	
	GL	QM	GL	QM	GL	QM	GL	QM	GL	QM	GL	QM
Bloco	2	1,14	2	32,45	2	0,09	2	3,09	2	0,08	2	19,2958
Gerações	3	32,04**	3	1814,05**	3	56,25*	3	8787,60**	3	0,25**	3	107,6722**
Resíduo	6	1,79	6	71,76	6	2,01	6	148,71	6	0,01	6	3,4622
Planta/Geração	346	4,99	374	237,16	377	1,82	368	470,95	366	0,11	371	14,4125
Total	357	-	385	-	388	-	379	-	377	-	382	-
Dentro de P ₁	27	1,87	27	32,89	27	0,45	27	136,92	25	0,01	28	2,45
Dentro de P ₂	27	2,06	27	81,58	27	0,72	27	74,97	25	0,01	27	3,64
Dentro de F ₁	27	1,66	23	68,42	26	0,82	21	175,35	23	0,02	19	4,92
Dentro de F ₂	265	5,95	297	282,93	297	2,13	293	559,41	293	0,13	297	17,13

** Significativo ao nível de 1% de probabilidade pelo teste F.

Sabe-se que a divergência genética entre os parentais é fator primordial para a obtenção de populações com variabilidade genética (Londero et al., 2008). No presente estudo, foram detectadas diferenças significativas entre os genitores para todas as características morfoagronômicas avaliadas (DF, COV, PMV, NVP, TF e AIV), com exceção do diâmetro de vagem (DV). As estimativas das médias observadas também diferiram entre as gerações para todas as variáveis (Figura 8 e 9).

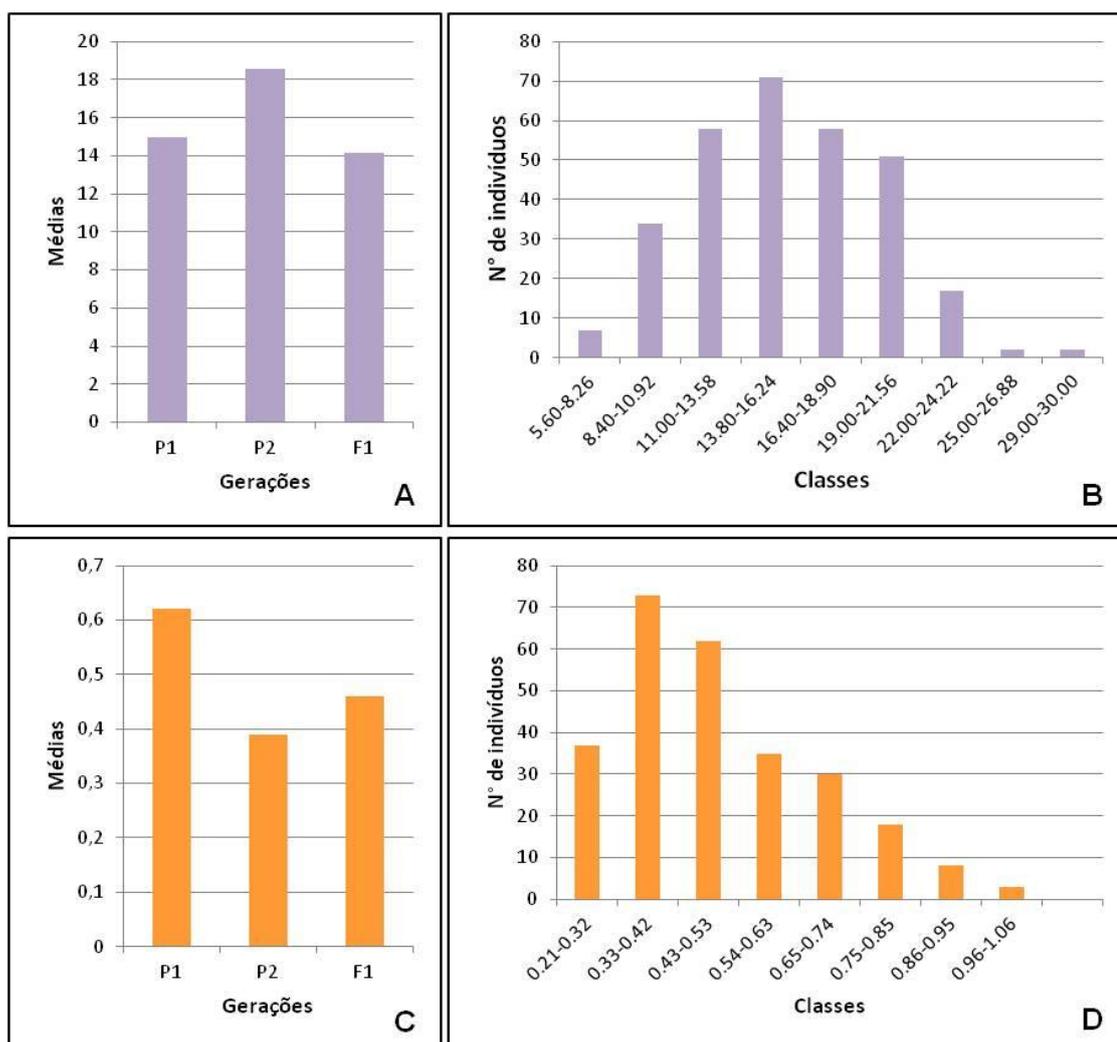


Figura 8. Médias das gerações P₁ (BAC 6), P₂ (Alessa), F₁ (BAC 6 x Alessa) e distribuição em F₂ para duas características morfoagronômicas na cultura do feijão-de-vagem: A e B) teor de fibra; e C e D) altura de inserção da primeira vagem (cm). Campos dos Goytacazes, RJ, 2013.

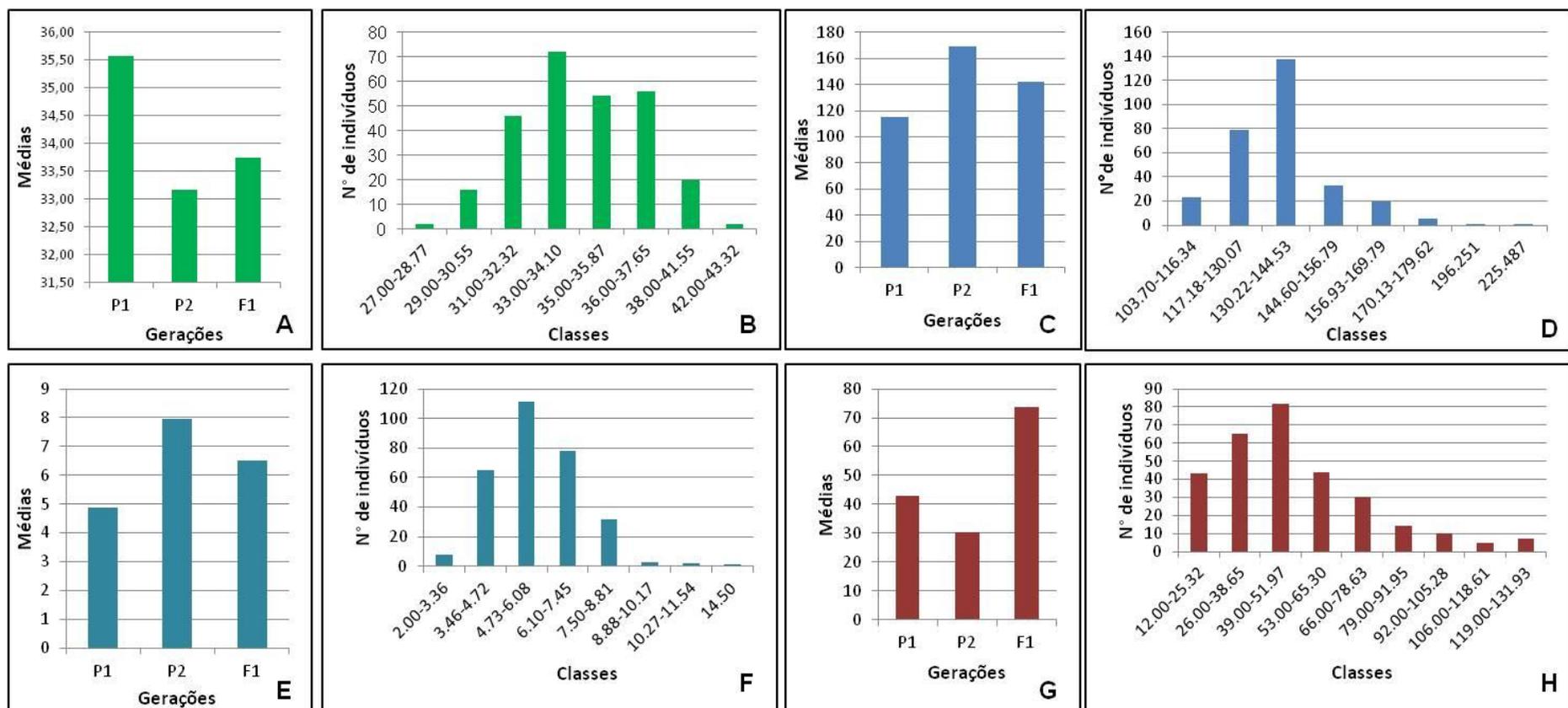


Figura 9. Médias das gerações P₁ (BAC 6), P₂ (Alessa), F₁ (BAC 6 x Alessa) e distribuição em F₂ para quatro características morfoagronômicas na cultura do feijão-de-vagem. A e B) dias para o florescimento; C e D) comprimento de vagem (mm); E e F) peso médio de vagem (g); G e H) número de vagens por planta. Campos dos Goytacazes, RJ, 2013.

As médias das gerações F_1 e F_2 foram intermediárias para DF, COV e TF, às médias dos parentais (Figura 8 e 9). Esses resultados são indicativos de que o tipo de interação alélica predominante entre os genes que condicionam a variabilidade genética para estas características é predominantemente aditiva (Rocha et al., 2009).

A confirmação desse tipo de informação é indispensável para o melhoramento de plantas, pois a variância aditiva é a principal causa de semelhança entre os parentes e, por conseguinte, a principal determinante das propriedades genéticas da população e da resposta à seleção (Falconer, 1987). No melhoramento de autógamias, é sabido que a predominância de variância aditiva, na expressão de um caráter, é de grande importância, pois os ganhos seletivos dependerão apenas dessa variância (Cruz, 2005).

Embora os valores dos indivíduos F_1 indiquem efeitos de heterose para a variável número de vagens por planta, o valor elevado de número de frutos colhidos está, também, correlacionado com o hábito de crescimento das plantas dessa geração, no caso, de hábito indeterminado. Isso explica a superioridade das plantas F_1 quando comparadas com a cultivar Alessa, que, por sua vez, possui hábito de crescimento determinado.

Rodrigues et al. (1998) também atribuíram a variação dos valores de vagens por planta às diferenças no hábito de crescimento dos híbridos de feijoeiro avaliados. Os menores valores foram associados às cultivares de hábito determinado. Segundo os autores, cultivares de feijão-de-vagem de hábito indeterminado podem produzir 16-20 t.ha⁻¹ de vagens, enquanto as de hábito determinado produzem entre 11 e 13 t.ha⁻¹. De fato, existe uma correlação negativa entre produtividade e porte ereto, o que é considerado um empecilho na obtenção de cultivares de hábito determinado (Alves et al., 2001; Dawo et al., 2007).

Silva et al. (2009) realizaram cruzamentos entre uma cultivar de porte prostrado e três de porte ereto de feijoeiro e obtiveram três populações até a geração F_5 , quando foi realizada a seleção de plantas eretas e prostradas de cada população. Nas gerações $F_{5:6}$, $F_{5:7}$ e $F_{5:8}$, foram avaliados o porte da planta – atribuindo-se notas de 1 (ereta) a 9 (prostrada) – e a produtividade de grãos. A correlação entre melhor porte e produtividade de grãos foi pequena e negativa. Isso ocorreu porque a correlação (r) entre a produtividade de grãos e a nota de

porte é, quase sempre, positiva. Entretanto, as estimativas de correlação, embora significativas em alguns casos, não foram de grande magnitude, o que evidencia que é possível identificar progênies produtivas e com menor nota de porte, ao mesmo tempo.

4.1.3 Teste de escala conjunto e estimativas dos parâmetros genéticos

As médias entre os genitores (BAC 6 e Alessa) para as características avaliadas, cujo teste F foi significativo, foram contrastantes pelo teste Tukey a 1%, indicando que os dados obtidos, nesse trabalho, poderiam ser utilizados para análise de médias de gerações (Tabela 8 e 9).

Por conseguinte, os resultados obtidos foram submetidos ao teste de escala conjunto proposto por Mather e Jinks (1984). Observou-se que, para todas as características, o modelo aditivo-dominante foi suficiente para explicar as estimativas das médias. A adequação do modelo foi testada por meio do teste de qui-quadrado e, em todas as características avaliadas, os valores de χ^2 foram não significativos em 1% de probabilidade, denotando que as interações epistáticas pouco interferem na expressão dessas características (Tabela 8 e 9).

A estirpe 139y foi mais agressiva que 775-90, uma vez que proporcionou as maiores estimativas de média para AACPD e para DLV. De modo geral, os efeitos aditivos foram mais expressivos no controle genético das variáveis de resistência avaliados para o CBC. Na reação foliar, embora houvesse maior expressão dos efeitos de aditividade, efeitos de dominância também foram observados para os dois isolados (139y e 775-90) (Tabela 8). Por outro lado, a variação genética da resistência nas vagens diferiu entre os isolados utilizados. A resistência ao isolado Xap 139y é controlada, principalmente, por efeitos aditivos, enquanto para o isolado Xap 775-90, além dos efeitos de aditividade, houve efeito de dominância.

Tabela 8. Teste qui-quadrado e estimativas de parâmetros genéticos via método dos quadrados mínimos ponderados nas gerações parentais de feijão-de-vagem (BAC 6 x Alessa), F₁ e F₂ para o caráter AACPD (área abaixo da curva de progresso da doença) e DLV (diâmetro da lesão da vagem). Campos dos Goytacazes, RJ, 2013.

Gerações	Características							
	AACPD Xap 139y		AACPD Xap 775-90		DLV Xap 139y		DLV Xap 775-95	
	Média		Média		Média		Média	
	Observada	Estimada	Observada	Estimada	Observada	Estimada	Observada	Estimada
P ₁ (BAC 6)	58,96 c	57,26	59,81 c	59,04	2,34 c	2,25	1,65 c	1,65
P ₂ (Alessa)	85,89 a	82,24	77,81 a	76,50	4,99 a	4,70	4,54 a	4,46
F ₁	70,33 ab	71,98	70,33 b	68,62	3,04 b	2,49	3,05 b	3,06
F ₂	69,40 b	70,86	66,56 bc	68,19	2,01 bc	2,98	3,07 b	3,06
	$\chi^2 = 0,3099$		$\chi^2 = 0,1140^{ns}$		$\chi^2 = 0,4646^{ns}$		$\chi^2 = 0,0014^{ns}$	
Parâmetros do modelo	Estimativa		Estimativa		Estimativa		Estimativa	
[m]	69,75 ± 2,45		67,77 ± 2,27		3,47 ± 0,44		3,05 ± 0,01	
[a]	12,49 ± 2,66		8,73 ± 2,48		1,23 ± 0,47		1,41 ± 0,01	
[d]	2,23 ± 4,49		0,85 ± 4,01		-0,97 ± 0,88		0,01 ± 0,02	

A ação gênica envolvida no patossistema *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* x *Phaseolus vulgaris* L. tem sido investigada por um reduzido número de autores. Dentre os poucos resultados de pesquisa, Silva et al. (1999), por exemplo, avaliaram a resistência ao CBC em feijão comum utilizando análise de média de gerações. Os autores realizaram cruzamentos em sistema de dialelo parcial entre cinco genitores, sendo três resistentes (CB 511687-1, CB733753 e 'Diamante Negro') e dois suscetíveis ('Rosinha G-2' e 'Compuesto Chimaltenango 2'). Para cada cruzamento, foram avaliadas as gerações P₁, P₂, F₁, F₂, RC₁ e RC₂. As plantas foram inoculadas com uma suspensão de 5 x 10⁻⁷ ufc/mL do isolado Xap CNF 15 pelo método de incisão de folhas primárias. Concluíram que os efeitos aditivos foram mais proeminentes na expressão da resistência ao patossistema estudado, sendo que os efeitos epistáticos não influenciaram na herança da resistência a Xap.

Investigando a capacidade combinatória para resistência ao Crestamento Bacteriano, por meio de dialelo envolvendo cinco genitores de *Phaseolus vulgaris*, avaliado pelo modelo II de Griffing (1956), 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 confirmado pela avaliação da população oriunda do cruzamento Hab 52 x BAC 6 na geração F₇ (Ferreira et al., 2003; Trindade et al., 2012).

Tar'an et al. (2001) construíram um mapa de ligação para a reação a Xap a partir de 142 linhas F_{2:4} de feijoeiro comum oriundas do cruzamento entre OAC Seaforth e OAC 95-4, utilizando os marcadores RAPD, RFLP, SSR e AFLP, tendo sido identificado três locos. Nesse trabalho, ação gênica de aditividade e dominância foi detectada na reação ao CBC.

Na presente pesquisa, a predominância dos efeitos aditivos na expressão de Xap em folhas e vagens de *Phaseolus vulgaris* ratifica a possibilidade de fixar

a resistência ao Crestamento Bacteriano Comum em indivíduos homocigóticos em gerações avançadas.

Ao atacar os frutos, além da Xap depreciar o produto a ser comercializado, principalmente na cultura do feijão-de-vagem, em que a vagem é consumida *in natura*, a infecção atua, ainda, como fonte de inóculo na semente. Ressalta-se que, dentre os diversos meios de sobrevivência e disseminação da *X. axonopodis* pv. *phaseoli*, a semente representa o mais eficiente, pois a bactéria pode localizar-se no interior, na superfície (Dreo et al., 2003; Darasse et al., 2007), em que permanece viável por, até, 15 anos (Tar'an et al, 2001.; Miklas et al., 2003), podendo ser, assim, ser dispersa por diferentes regiões do mundo.

A resistência ao CBC em *P. vulgaris* L. é uma característica de herança complexa, poligênica, e fortemente influenciada pelo ambiente (Ferreira et al., 2003; Kelly et al., 2003). Na presente pesquisa, quatro genes (quando utilizado o isolado 139y) ou três (quando utilizado o isolado 775-90) estão envolvidos na resistência ao CBC em folhas (Tabela 9) e 11 (para o isolado 139-y) a 19 (para o isolado 775-90) genes controlam a resistência nas vagens (Tabela 9).

A oligogenia ou poligenia, envolvida na expressão da resistência ao CBC em feijão-de-vagem, revela resultados semelhantes ao que ocorre com o patossistema Xap x feijoeiro comum, ao menos em folhas deste hospedeiro. Nesse aspecto, Silva et al. (1999), estudando as gerações P₁, P₂, F₁, F₂, RC₁ e RC₂ dos cruzamentos entre as variedades resistentes (CB 511687-1, CB733753 e 'Diamante Negro') e suscetíveis ('Rosinha G-2' e 'Compuesto Chimaltenango 2'), estimaram que quatro genes são responsáveis pela resistência a Xap em folhas. Ainda em feijoeiro comum, Nodari et al. (1993), utilizando marcadores moleculares, identificaram cinco regiões do genoma que conferem resistência a Xap em folhas. Enquanto Tar'an et al. (2001) constataram a existência de quatro locos, explicando cerca de 70% da resposta ao CBC. Contudo, Zapata et al. (2011) concluíram que a resistência em *Phaseolus vulgaris* L. a Xap decorre da expressão de, apenas, um gene dominante.

De acordo com Kelly et al. (2003), existem cerca de 20 locos diferentes no genoma do feijoeiro que conferem resistência a Xap, identificados em diversas pesquisas de mapeamento e identificação de QTLs.

Há que se ressaltar, ainda, que os genes que controlam a resistência nas folhas não são os mesmos que atuam na expressão da resistência em vagens (Rodrigues et al., 1999; Kelly et al, 2003; Mutlu et al., 2005; O'Boyle et al., 2007), o que permite inferir que cerca de 23 genes atuam na resistência ao CBC para as gerações avaliadas na presente pesquisa do cruzamento BAC 6 x Alessa, considerando-se as estimativas dos limites superiores dos números de genes (Tabela 9).

Tabela 9. Estimativas de parâmetros genéticos obtidos a partir da avaliação de características de resistência ao cretamento bacteriano comum (Xap 139y e Xap 775-90) em feijão-de-vagem das gerações P₁ (BAC 6), P₂ (Alessa), F₁ e F₂. Campos dos Goytacazes, RJ, 2013.

Parâmetros genéticos	Características ¹			
	AACPD		DLV	
	Xap 139y	Xap 775-90	Xap 139y	Xap 775-90
Variância fenotípica (σ_f^2)	151,55	181,77	1,09	3,09
Variância ambiental (σ_{we}^2)	41,66	36,77	0,40	1,14
Variância genotípica (σ_g^2)	109,89	145,00	0,69	1,95
Herdabilidade no sentido amplo (h_a^2)	72,51	79,76	63,47	63,05
Grau médio de dominância (baseado em médias) (<i>GMD</i>)	-0,27	-0,16	0,47	0,03
Número mínimo de genes (η)	4,00	3,00	11,00	19,00

¹ AACPD – Área abaixo da Curva de Progresso da Doença, DLV –Diâmetro da lesão da vagem

No que se refere ao grau médio de dominância (*GMD*), as estimativas para AACPD e DLV, em ambos isolados (Tabela 9), permitem concluir sobre a existência de dominância parcial no controle genético da resistência ao CBC em feijão-de-vagem. Resultado semelhante foi obtido por Rodrigues (1997), ao avaliar gerações do cruzamento entre Alessa (cultivar de feijão-de-vagem também utilizada nesta pesquisa) e A-794 (cultivar de feijão comum). Isso corrobora a

complexidade da herança da resistência a Xap em feijoeiro e ratifica a maior dificuldade na fidedigna identificação de indivíduos resistentes em gerações segregantes.

Cerca de 80% da variação fenotípica observada na variável AACPD 139y e 775-90 é de causa genética, enquanto que a proporção da variação genética contida na variação fenotípica, considerando-se o DLV, foi de, aproximadamente, 63%.

As estimativas de herdabilidade, no sentido amplo (h_a^2), foram elevadas, variando de 63,05 a 79,76%, indicando a possibilidade de sucesso com a seleção de genótipos resistentes (Tabela 9). Valores de herdabilidade inferiores aos encontrados neste trabalho foram registrados por Arnould-Santana et al. (1994), que avaliaram a resistência ao CBC em famílias F_6 provenientes de cruzamentos entre genótipos de *Phaseolus vulgaris* L. ('PC-SO' × XAN-159, 'PC-50' × BAC-6 e 'Venezuela 44' × BAC-6). As estimativas de herdabilidade, no sentido amplo, para a resistência na folha, foram de moderadas a baixas (variando entre 0,80 e 53,00 %) e, na vagem, baixas (variando de 10,00 a 27,00 %).

Ferreira et al. (2003) avaliaram a resistência ao CBC em linhas de feijoeiro F_3 e F_7 , derivadas do cruzamento entre HAB-52 (feijão-de-vagem suscetível) × BAC 6 (feijão comum resistente) em condições de ocorrência natural da doença. A herdabilidade para o índice de doença foi de 26,85% e 91,77%, para as famílias F_3 e F_7 , respectivamente.

Ao estimar os parâmetros [m], [a] e [d] pelo método dos quadrados mínimos ponderados para DF, COV, NVP, AIV, PMV e TF, constatou-se que os efeitos de aditividade foram mais relevantes para todas as características, com exceção de número de vagens por planta (NVP) em que os efeitos de dominância também estiveram presentes (Tabela 10).

Silva et al (2004b) também estudaram a herança para cinco características morfoagronômicas em feijão-de-vagem, utilizando a metodologia de Hayman (1954). Os autores concluíram que os efeitos gênicos aditivos foram predominantes 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 mais importantes na expressão de número de vagens por planta. As conclusões dessa pesquisa são parcialmente concordantes com os resultados obtidos no presente estudo.

Para a característica comprimento da vagem (COV), a estimativa do efeito de aditividade, no valor de 27,30, foi superior à não-aditiva, com magnitude de -8,23 (Tabela 10). Portanto, os efeitos aditivos são mais importantes que os de dominância na expressão dessa característica. Todavia, há que se ter cuidado com essa afirmação, posto que houve elevado valor do desvio-padrão de COV, denotando que as estimativas podem estar inflacionadas.

Mariguele et al. (2008), estudando o modo de herança de características no feijoeiro, verificaram que o componente de dominância foi inferior ao aditivo para comprimento da vagem e teor de fibra. No entanto, quando os autores analisaram os componentes de variância para comprimento da vagem, notaram um alto valor para o componente da variância de dominância (σ_d^e), o que pode ser explicado pelo fato de que o componente de dominância [d] é obtido pelo somatório dos desvios, de modo que valores com sinais contrários podem se anular. Os autores concluíram que o valor elevado de σ_d^e , associado ao baixo valor de [d], permite concluir que esse caráter é controlado, principalmente, por alelos dominantes. Entretanto, esses alelos não atuam no mesmo sentido, ou seja, alguns alelos dominantes tendem a aumentar o comprimento da vagem, enquanto outros atuam para diminuir o comprimento da vagem.

A predominância dos efeitos gênicos aditivos para as características avaliadas permite supor a possibilidade de se obter cultivares derivadas da população segregante a partir do cruzamento com os genitores testados (Tabela 10). Esse fato possui importância no melhoramento genético de plantas, uma vez que, apenas, os efeitos de aditividade são transmitidos aos descendentes, sendo fixados ao longo de sucessivas gerações, importantes, principalmente, para espécies autógamas, como o feijão-de-vagem, nas quais o uso de híbridos não é uma estratégia economicamente viável (Carvalho et al., 1999).

Tabela 10. Teste qui-quadrado e estimativas de parâmetros genéticos via método dos quadrados mínimos ponderados nas gerações parentais (BAC 6 x Alessa), F₁ e F₂ para seis características morfoagronômicas em feijão-de-vagem. Campos dos Goytacazes, RJ, 2013.

Gerações	Características ¹											
	DF		COV		NVP		AIV		PMV		TF	
	Média		Média		Média		Média		Média		Média	
	Observada	Estimada	Observada	Estimada	Observada	Estimada	Observada	Estimada	Observada	Estimada	Observada	Estimada
P ₁ (BAC 6)	33,16 a	33,27	115,95 c	114,61	43,03 b	41,06	18,59 a	18,61	4,88 c	4,74	0,62 a	0,62
P ₂ (Alessa)	35,56 c	35,65	172,34 a	169,22	30,26 c	29,25	14,97 b	14,98	7,95 a	7,66	0,38 c	0,38
F ₁	33,73 bc	33,89	139,88 b	133,68	73,83 a	68,75	14,16 b	14,24	6,51 b	5,98	0,46 b	0,47
F ₂	34,32 b	34,18	133,16 b	137,79	49,06 b	51,95	15,56 b	15,52	5,81 bc	6,09	0,50 b	0,48
	$\chi^2 = 0,0019^{ns}$		$\chi^2 = 0,5168^{ns}$		$\chi^2 = 0,6663^{ns}$		$\chi^2 = 1,5858^{ns}$		$\chi^2 = 0,0751^{ns}$		$\chi^2 = 0,0008^{ns}$	
Parâmetros do modelo	Estimativa		Estimativa		Estimativa		Estimativa		Estimativa		Estimativa	
[m]	34,4682 ± 0,2113		141,9163 ± 5,8715		35,1575 ± 4,0263		16,7984 ± 0,0537		6,1993 ± 0,4869		0,5041 ± 0,0107	
[a]	1,1903 ± 0,2343		27,3014 ± 6,2162		5,9047 ± 4,2673		1,8165 ± 0,0565		1,4614 ± 0,5282		0,1152 ± 0,0111	
[d]	-0,5708 ± 0,3740		-8,2337 ± 11,5518		33,5918 ± 8,2675		-2,5543 ± 0,1167		-0,2155 ± 0,9379		-0,0293 ± 0,0249	

¹DF - dias para o florescimento, COV - comprimento de vagem), NVP – Número de vagens por planta, AIV – Altura da inserção da primeira vagem e TF – teor de fibras.

A variância fenotípica total da geração F_2 pode ser decomposta em subcomponentes que correspondem a variância genética, devida à segregação e à recombinação dos genes, e a variância ambiental, que é atribuída aos fatores ambientais bióticos e/ou abióticos (Baldissera et al., 2012). As variações provocadas pelas condições ambientais podem subestimar as de natureza genética, sendo assim, quanto maior for a proporção da variabilidade decorrente do ambiente em relação à variabilidade total, mais difícil será selecionar genótipos de forma efetiva (Cândida et al., 2009).

Na decomposição da variância total, constatou-se que a variação genética correspondeu a cerca de 70% do valor predito da variação ambiental para a maioria das características (Tabela 11). A proporção da variação genética, inserida na ambiental, foi de 70% para dias para o florescimento e peso médio de vagens; cerca de 80% para comprimento de vagem, número de vagens por planta e altura da inserção da primeira vagem; e 92% para teor de fibra. A ocorrência de variância genética com valores médios a altos e de herdabilidade reforçam a possibilidade de obtenção de futuros ganhos genéticos mediante a seleção fenotípica de indivíduos com caracteres desejáveis.

Tabela 11. Estimativas de componentes genéticos de características morfoagronômicas em feijão-de-vagem obtidos da avaliação das gerações P_1 (BAC 6), P_2 (Alessa), F_1 e F_2 . Campos dos Goytacazes, RJ, 2013.

Parâmetros genéticos	DF	COV	NVP	AIV	PMV	TF
Variância fenotípica (σ_f^2)	5,94	285,29	558,44	17,32	2,16	0,13
Variância ambiental (σ_E^2)	1,83	58,97	126,00	3,87	0,70	0,01
Variância genotípica (σ_G^2)	4,11	226,32	432,44	13,45	1,46	0,12
Herdabilidade ampla (h_A^2), em %	69,16	79,33	77,43	77,64	67,62	90,35
Grau médio de Dominância (GMD)	-0,53	0,15	5,82	1,44	-0,06	-0,35
Número mínimo de genes (η)	8,00	12,00	4,00	5,00	13,00	18,00

As estimativas de número de genes determinantes na expressão das características revelam uma herança oligo e poligênica, com um mínimo de quatro genes envolvidos na expressão de número de vagens por planta e de 18 genes para o teor de fibra. A herança poligênica de características relacionadas com a

produção de vagem em feijão-de-vagem tem sido reportada por Ramalho et al. (1993), Silva et al. (1999), Coelho et al. (2002).

No melhoramento genético de plantas, as estimativas dos componentes de variância e, conseqüentemente, da herdabilidade associados aos componentes de produção ou qualquer outro caráter de importância econômica são de fundamental importância, uma vez que auxiliam na escolha do método de melhoramento e processo de seleção a serem adotados (Falconer, 1987).

Embora poligênicas, todas as variáveis de feijoeiro avaliadas, nesta pesquisa, revelaram valores de herdabilidade no sentido amplo elevados. A característica dias para o florescimento teve o menor valor de herdabilidade, 69,16%, e o teor de fibra o maior valor, 90,35%. Valores semelhantes para herdabilidade foram publicados por outros autores. Mariguele et al. (2008) estimaram valores de herdabilidade de 84% para comprimento da vagem e 44% para teor de fibra na avaliação de uma população F_2 de feijoeiro. Já Coelho et al. (2002) obtiveram baixas estimativas de herdabilidade para número de vagens por planta, 0,34 e 0,25, durante a avaliação de quatro gerações [P_1 (Ouro1919), P_2 (Milionário 1732), F_1 e F_2] em duas épocas de cultivo, primavera-verão e outono-inverno, respectivamente.

Embora haja diferenças marcantes entre os trabalhos citados, Ramalho et al. (1993) explicitam que a herdabilidade não é uma propriedade inerente ao caráter, mas também da população e das condições ambientais a que foram submetidos os indivíduos da população. O uso de ambientes desuniformes e populações segregantes oriundas de cultivares semelhantes contribuem para reduzir a grandeza dessa estimativa.

As magnitudes do grau médio de dominância (GMD) revelaram a ocorrência de diferentes interações alélicas para as características avaliadas (Tabela 11). Os valores estimados para GMD foram de 5,82 e 1,44 para NVP e AIV, respectivamente, indicando sobredominância. Para DF, COV, PMV e TF, os valores de GMD variaram de -0,06 a 0,14, indicando existência de dominância parcial. Contudo, para DF, PMV e TF, as estimativas possuíam valores negativos, portanto a dominância parcial para essas três características ocorre na direção à manifestação fenotípica de menor grandeza. Silva et al. (2004a), após a avaliação de 10 híbridos de feijão-de-vagem provenientes de cruzamentos entre acessos do banco de germoplasma da UENF, concluíram que os alelos dominantes são

responsáveis pelo aumento no número de vagens por planta e no peso de vagem por planta. Observaram, também, que a interação alélica de sobredominância destacou-se para número de vagens por planta, enquanto, para altura da inserção da primeira vagem e dias para o florescimento, a dominância parcial prevaleceu (Silva et al., 2004a).

O conhecimento das estimativas de parâmetros genéticos de caracteres de importância econômica no feijão-de-vagem é de suma importância, pois permite inferir sobre a variabilidade genética, a eficiência e os ganhos da seleção, bem como os programas de melhoramento mais adequados a serem utilizados (Rocha et al., 2009). Essas estimativas têm contribuído para aumentar a eficiência na seleção de caracteres quantitativos nos programas de melhoramento com o feijoeiro (Singh, 2007). Nesta pesquisa, as estimativas moderadas a elevadas de herdabilidade evidenciam a perspectiva de que o método SSD (*single seed descent*) pode fornecer resultados satisfatórios.

4.1.4. Discriminação das gerações por meio das variáveis qualitativas

As variáveis qualitativas expressaram reduzida variabilidade nas gerações não segregantes [P_1 (BAC-6, P_2 (Alessa), F_1)] e possuíam alta variabilidade esperada na população segregante (F_2). As plantas da cultivar BAC- 6 possuíam hábito indeterminado (87%), enquanto o hábito determinado foi predominante na cultivar Alessa (100%). Os indivíduos F_1 tinham hábito indeterminado (90%) e 53% e 47% das plantas da população F_2 possuíam hábito determinado e indeterminado, respectivamente.

Em geral, são utilizadas cultivares de hábito de crescimento indeterminado que podem prover rendimentos de até 28 t.ha⁻¹, porém essas cultivares exigem investimento em tutores, amarração e muita mão-de-obra para a colheita. As cultivares de hábito de crescimento determinado, embora menos produtivas que as de hábito indeterminado, têm a vantagem de não necessitar de tutoramento, apresentam o florescimento em um breve período de tempo e ocupam a área por menos tempo, com a possibilidade de mecanização total da lavoura (Pinto et al., 2001; Costa e Rava, 2003; Moreira et al.,2009). Outra vantagem é a possibilidade de se efetuar uma única colheita, arrancando as plantas no campo e, posteriormente, separando as vagens (Filgueira, 2003).

Com relação às características relacionadas às sementes, BAC 6 (P_1) possuía sementes brilhantes, 91% dos grãos, Alessa (P_2) tinha a semente com brilho médio (92%). Quando se observou a população F_1 , 69% das sementes eram brilhantes e, na geração F_2 , 36% das plantas possuíam sementes brilhantes, 37% brilho mediano e 27% sementes opacas.

Quanto à cor dos grãos, foram avaliadas a cor mais escura do tegumento e a cor mais clara, conforme proposta do BI (*Bioversity International*). As cores mais claras do tegumento da semente e mais escuras ocorreram, respectivamente, na geração P_1 - creme claro (100%) e castanho claro a escuro (93%); P_2 - branco (100%) e cinzento acastanhado (96%); F_1 - branco (100%) e cinzento acastanhado (96%); F_2 - castanho claro (13%), cinzento acastanhado (8%), creme claro (58%), branco (21%) e castanho claro a escuro (58%), cinzento acastanhado (22%), roxo (20%). O padrão do tegumento da semente da BAC 6 foi classificado em listas largas e Alessa em marmoreado. Na geração F_1 , o padrão marmoreado foi predominante. Na população F_2 , 40% das plantas tinham sementes com padrão marmoreado, 58% possuíam o padrão listas largas e as demais plantas, padrão do tegumento listrado e de cor marginal.

Esses descritores da semente estão incluídos em um grupo restrito, composto por alguns descritores, tais como: a cor do tegumento e o brilho e forma da semente, cor da flor, o dente apical da vagem, utilizados para comparação entre uma cultivar a ser protegida, com outra já descrita. Esses descritores são denominados descritores fixos, por dependerem de um ou poucos genes e por serem de fácil diferenciação fenotípica (Rodrigues et al., 2002). Segundo Ramalho et al. (1993), caracteres pouco influenciados pelo ambiente e possivelmente controlados por poucos genes, com herança qualitativa, são bons marcadores genéticos.

Utilizaram-se três caracteres para classificar as vagens colhidas nesse trabalho: curvatura da vagem (Figura 10), posição e orientação do ápice da vagem (Figura 11). As vagens da cultivar BAC 6 eram ligeiramente curvas (72%) ou retas (28%), possuíam posição marginal (84%) e orientação do ápice, direito (38%) ou para baixo (26%). Os frutos da cultivar Alessa eram ligeiramente curvos (52%) a duplamente curvos (27%), tinham posição marginal (73%) e orientação para cima (56%) ou reta (31%). Os indivíduos F_1 possuíam vagens ligeiramente curvas (33%) a duplamente curvas (27%), com posição marginal (82%) e

orientação para cima do ápice (73%). A população F_2 revelou todas as classes de curvatura da vagem, sendo que as mais expressivas foram ligeiramente curva, duplamente curva, reta ou curva, respectivamente, 55%, 18%, 16% e 7%. A posição do ápice das vagens foi marginal (79%) e direcionado para cima (45%), retos (37%) ou, ainda, para baixo (17%). Para as características forma e posição do dente apical, Abreu (2001) destaca a preferência de forma reta e posição marginal para a indústria, devidos à redução de perdas no processamento do material.

Os genótipos de feijão-de-vagem são classificados conforme a secção da vagem e coloração. Cita-se o tipo “manteiga”, que possui vagens de formato achatado em toda sua extensão; e o tipo “macarrão”, em que as vagens apresentam 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 (Filgueira, 2003).

É importante ressaltar que esses caracteres, formato da secção da vagem e coloração da vagem, embora tenham sido observados, não diferiram entre as gerações caracterizadas nesse estudo. Os genótipos avaliados possuíam secção transversal tipo manteiga e coloração da vagem verde. Apesar de todos os indivíduos apresentarem coloração verde de suas vagens, indicando a ausência de variabilidade para essa característica, esse fato é bastante importante, devido à aceitação do mercado para essa coloração.



Figura 10. Classificação da curvatura de vagens de feijão-de-vagem (*Phaseolus vulgaris* L.): A) ligeiramente curva; B) direita ou reta; C) curva e D) duplamente curva. Campos dos Goytacazes, RJ, 2013.



Figura 11. Classificação da orientação do ápice da vagem na cultura do feijão-de-vagem: para cima (no sentido dorsal), direito ou para baixo (no sentido ventral). Campos dos Goytacazes, RJ, 2013.

Vagens curtas e achatadas não possuem padrão comercial aceitável. A maioria dos consumidores brasileiros prefere cultivares que produzem vagens cilíndricas (Macarrão), utilizando, com menor frequência, cultivares de vagens achatadas (Manteiga). Estas são associadas a alto teor de fibras, provavelmente pela semelhança com as vagens do feijão comum (Peixoto et al., 2002; Abreu et al., 2004).

4. 2. Avaliação das famílias F₄

As condições ambientais observadas durante a condução do experimento de avaliação das famílias F₄ de feijão-de-vagem foram propícias para o desenvolvimento da cultura (Filgueira, 2003), bem como favoreceu o desenvolvimento da bactéria *X. axonopodis* pv. *phaseoli*, agente causal do Crestamento Bacteriano Comum (CBC) (Figura 12).

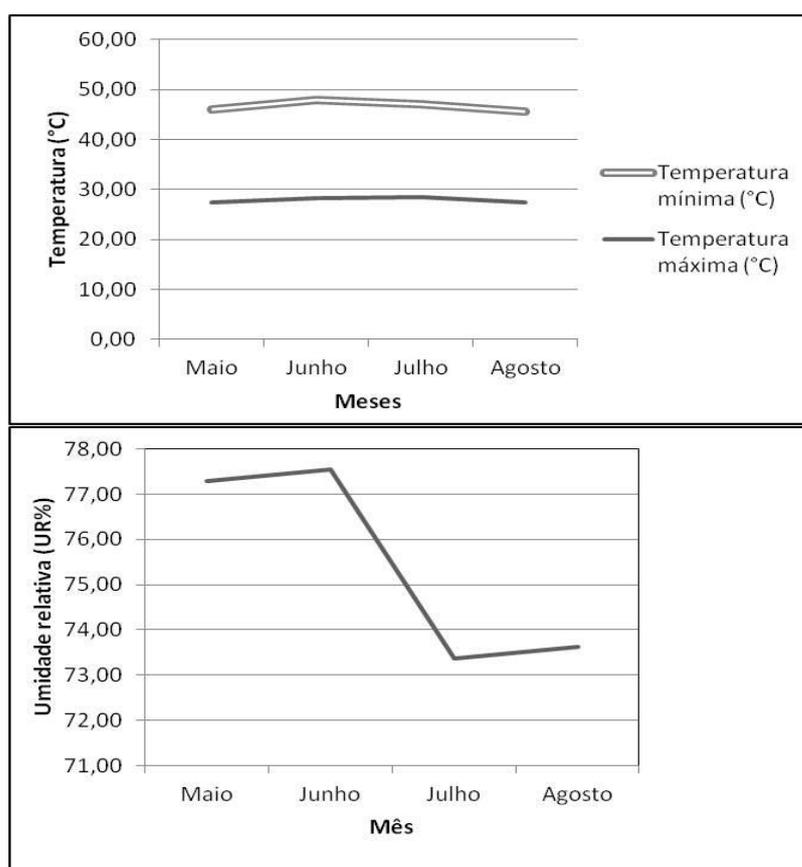


Figura 12. Condições de temperatura e umidade durante a condução do experimento da avaliação de 117 famílias F₄ de feijão-de-vagem e quatro testemunhas de feijoeiro em Campos dos Goytacazes, RJ, 2013 (Fonte: INMET).

A importância da temperatura no desenvolvimento e severidade do CBC foi testada por Arnauld-Santana et al. (1994). Esses autores realizaram experimentos em câmaras de crescimento e no campo para investigar a influência do fotoperíodo e da interação fotoperíodo *versus* temperatura, na reação de cultivares de feijão (GN Nebraska # 1, 'PC-50' (DR), BAC-6 e 'Pinto' UI 114') a *X. axonopodis* pv. *phaseoli*. Constataram que o CBC foi mais severo sob fotoperíodo curto e temperatura mais elevada do que sob fotoperíodo prolongado com baixas temperaturas. A doença foi mais agressiva quando as temperaturas estavam acima de 29°C; além disso, os sintomas do CBC surgiram mais rápido sob condições de altas temperaturas do que de baixas temperaturas. Não foram detectadas interações entre esses fatores.

Na avaliação de 35 linhagens e cultivares de feijoeiro, Kobayashi et al. (1999) inocularam vagens de feijoeiro com *X. axonopodis* pv. *phaseoli* var. *fuscans*. Entretanto, as vagens não desenvolveram sintomas característicos da doença, provavelmente em função das condições ambientais, já que as médias de temperatura e umidade, durante o período de condução do experimento, variaram entre 16 e 28°C, e de 45 a 77%, respectivamente, não se mostrando favoráveis ao desenvolvimento dos sintomas e impedindo, assim, a avaliação dos mesmos.

4.2.1. Análise de variância

A análise de variância revelou a existência de diferenças significativas na reação foliar das famílias F₄ de feijão-de-vagem à *X. axonopodis* pv. *phaseoli* (Xap) para os dois isolados testados, Xap 139y e 775-90, tanto para a área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD) quanto para o período de incubação (PI). Indicativo de variabilidade genética para a reação ao CBC também foi detectado na vagem, para o diâmetro da lesão da vagem (DLV), após a avaliação dos sintomas causados pelos dois isolados de Xap testados (Tabela 12), possibilitando distinguir os genótipos resistentes dos suscetíveis ao CBC nos dois órgãos da planta, folha e vagem.

É extremamente importante avaliar ambas as reações, foliar e na vagem, no desenvolvimento de uma cultivar resistente de feijão-de-vagem ao CBC. É consabido que as vagens infectadas contribuem para a redução da produção e

qualidade das vagens, depreciando o produto a ser comercializado, além de possibilitar a infecção e posterior transmissão do patógeno por meio das sementes. Ao atacar a parte aérea da planta, o CBC pode causar morte das folhas seguida de desfolha da planta, reduzindo, drasticamente, a produção em razão da redução da taxa fotossintética das folhas infectadas, conforme relataram Diaz et al. (2001). Dessa maneira, torna-se importante o desenvolvimento de cultivares que possuam resistência nos dois órgãos, folhas e vagens, principalmente.

As estimativas do coeficiente de variação (CV) para as variáveis da avaliação da reação ao CBC podem ser classificadas como baixas a moderadas, indicando boa precisão experimental (Tabela 12). Os valores de CV(%) variaram de 10,35% para PI Xap 139y a 23,92% para o DLV 139y.

A precisão experimental, avaliada por meio do coeficiente de variação, encontrada nesse trabalho, foi semelhante à encontrada em experimentos com a cultura do feijão. Couto et al. (2008) avaliaram 143 linhagens provenientes de três famílias $F_{1:4} RC_2 \{[(G2333 \times ESAL 696) \times ESAL 696] \times CI 140\}$ e uma testemunha em látice quadrado simples 12 x 12, objetivando selecionar linhagens de feijão comum com resistência à mancha-angular e outros caracteres morfoagronômicos. A precisão experimental expressa pelo CV foi de 20,36% para a reação à mancha angular, valor semelhante ao encontrado, nesse trabalho, para o patossistema feijão-de-vagem x *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*.

Theodoro (2004) avaliou a reação a Xap em 12 cultivares locais de feijoeiro, coletadas em Santa Catarina, sob condições de infecção natural, em duas épocas de cultivo. Os ensaios foram em blocos ao acaso com três repetições, e a avaliação da severidade da doença foi feita apenas nas folhas. Os valores de CV foram de 26,81% e 17,91%, para a primeira e segunda época de plantio, respectivamente.

A eficiência relativa do látice é uma medida que está associada à capacidade do delineamento em propiciar condições para a discriminação das médias dos tratamentos em teste. Quando esse valor é menor que a unidade, recomenda-se que a análise de variância do látice seja desprezada e que o conjunto de dados seja analisado como blocos ao acaso (Ramalho et al., 2012). Nesse trabalho, adotou-se a utilização da análise em látice, uma vez que os valores observados de eficiência relativa foram de 62,36%, 55,22%, 35,58%,

26,15%, 42,85% e 57,03% para AACPD e PI Xap 139y, AACPD e PI 775-90, DLV 139y e DLV 775-90, respectivamente (Tabela 12).

Tabela 12. Resumo da análise de variância para três componentes de resistência ao Crestamento Bacteriano Comum avaliadas em famílias F₄ provenientes do cruzamento entre as cultivares Alessa x BAC 6, utilizando-se dois isolados (139y e 775-90) de *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*. Campos dos Goytacazes, RJ, 2013.

Fontes de Variação	GL	Quadrados Médios ⁽¹⁾					
		AACPD		PI		DLV	
		139y	139y	775-90	775-90	139y	775-90
Repetições	2	256,31	21,90	1006,74	83,70	8,01	1,50
Bloco/Repetição (Ajust.)	30	86,42	17,37	66,52	12,30	1,83	1,49
Famílias (Ajust.)	120	84,25**	19,54**	52,28**	9,48**	1,50**	1,73**
Erro efetivo	210	12,95	2,85	14,84	3,33	0,36	0,24
Eficiência do látice		162,36	155,22	135,58	126,15	142,85	157,03
CV (%)		17,00	10,35	16,03	12,73	23,92	20,04

⁽¹⁾ AACPD – área abaixo da curva de progresso da doença; PI – Período de incubação; DLV – Diâmetro da Lesão da Vagem.

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

A existência da variabilidade entre as 117 famílias F_4 de feijão-de-vagem avaliadas para as características COV, NVP, NSP e NSV foi comprovada pela significância do teste, a 1% de probabilidade (Tabela 13), confirmando que as famílias avaliadas são contrastantes entre si. Entretanto, para a variável diâmetro da vagem (DV), as famílias avaliadas não diferiram significativamente, visto que o teste F foi não significativo.

A precisão experimental testada pelo coeficiente de variação (CV) variou de 4,86 a 26,98% para comprimento da vagem e diâmetro da vagem, respectivamente. Os valores de coeficiente de variação para os caracteres morfoagronômicos são concordantes com os encontrados na literatura. Sabe-se que os caracteres relacionados com a produtividade são poligênicos e, conseqüentemente, sofrem maior interferência ambiental (Ramalho et al., 1993). No entanto, é desejável que se obtenham menores estimativas de erro experimental, isso porque os baixos valores de CV tornam os parâmetros estimados mais precisos e, por conseguinte, mais confiáveis serão as decisões tomadas pelos melhoristas quanto às seleções das famílias que poderão dar continuidade ao programa de melhoramento (Krause et al., 2012).

Os coeficientes de variação estimados por Baldissera et al. (2012) foram maiores do que os encontrados nessa pesquisa. Esses autores avaliaram 36 híbridos e seis genitores em DIC com duas repetições, sendo que cada planta foi considerada uma unidade de observação. Os valores de CV para número de legumes por planta e número de grãos por legumes foram 60,57% e 21,69%, respectivamente. Similarmente, Torga et al. (2010) avaliaram 100 famílias de feijoeiro $F_{3:7}$, em três safras, com dois experimentos/safra, totalizando seis experimentos. Em todos eles, foi utilizado o delineamento látice triplo 10 x 10, com parcelas de duas linhas de dois metros. As famílias foram avaliadas para produtividade de grãos, havendo boa precisão experimental com CV's variando de 15,84%, a 33,73%.

Tabela 13. Análise de variância com os valores de graus de liberdade e quadrados médios para cinco caracteres morfoagronômicos avaliados em 117 famílias F_4 , provenientes do cruzamento entre as cultivares Alessa (feijão-de-vagem) x BAC 6 (feijão comum) e quatro testemunhas. Campos dos Goytacazes, RJ, 2013.

Fontes de Variação	GL	Quadrados Médios ¹				
		COV	DV	NVP	NSP	NSV
Repetições	2	145,64	0,55	1212,92	18151,15	0,02
Bloco/Repetição (Ajust.)	30	864,76	15,92	428,20	9849,74	1,73
Famílias (Ajust.)	120	987,75**	12,39 ^{ns}	233,03**	6975,01**	1,96**
Erro efetivo	210	30,94	5,26	28,04	580,47	0,45
Eficiência do látice		427,47	118,33	269,16	290,34	127,71
CV (%)		4,86	26,982	18,17	18,88	15,51

* Significativo a % de probabilidade pelo teste F.

¹ COV – comprimento de vagem; DV – diâmetro da vagem; NVP – Número de vagens por planta; NSP – número de sementes por planta; e NSV – número de sementes por vagem.

As estimativas de CV de Vilela et al. (2009) também foram semelhantes aos encontrados neste trabalho. Foram avaliadas 120 famílias $F_{6:7}$ em um delineamento de blocos ao acaso com duas repetições dentro de *set*. As variáveis número médio de sementes por vagem, comprimento da vagem e número médio de vagens proporcionaram valores de CV de 5,77%, 6,19% e 24,39%. Do mesmo modo, em um programa de melhoramento do feijão-de-vagem da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), Francelino et al. (2011) avançaram populações F_2 até F_5 pelo método SSD e selecionaram 30 linhas promissoras em F_6 . A geração F_7 foi cultivada e avaliada em dois locais. O delineamento utilizado foi o de blocos ao acaso. Para as características número médio de vagens por planta e comprimento médio das vagens, os valores de CV foram similares aos encontrados nessa pesquisa, 17,73% e 7,67%, respectivamente.

Verificaram-se, também, eficiências do delineamento em látice sobre o de blocos ao acaso, nesse trabalho, para todas as variáveis observadas: COV, DV, NVP, NSP e NSV, indicando não ser adequado ignorar a variação devida a bloco dentro de repetições (Tabela 13).

Para que o látice tenha eficiência elevada é necessário que seja grande o efeito dos blocos. No caso de áreas experimentais uniformes ou de blocos mal

localizados, o látice pode ter eficiência da ordem de 100% e seria equivalente a um ensaio em blocos completos casualizados (Ramalho, 2012). Ribeiro et al. (2008) conduziram um ensaio com feijão comum e avaliaram precocidade, rendimento de grãos, coloração do tegumento, teor de fibra alimentar. Os autores avaliaram 32 cultivares crioulas de feijão e quatro cultivares, utilizando o delineamento experimental de látice triplo 6 x 6. Porém, ao contrário do que foi observado nessa pesquisa, ao obterem as estimativas de eficiência relativa, optaram por analisar os dados, seguindo o modelo de blocos ao acaso, isso porque os valores da eficiência relativa foram menores que a unidade.

4.2.2. Estimativas dos parâmetros genéticos

Na variação fenotípica observada, além do componente genético, sempre está incluída a variação ambiental; portanto, é importante separar a magnitude da variação genotípica contida na variação ambiental (Ramalho et al., 2012) e é desejável que a variabilidade observada entre as famílias avaliadas seja predominantemente de causa genética. Na presente pesquisa, observou-se que o componente de variação genotípica inclusa na variância fenotípica foi superior a 80% para a AACPD Xap 139y, PI Xap 139y e DLV 775-90, enquanto, para AACPD Xap 775-90, PI Xap 775-90 e DLV Xap 775-90, os valores da variância genética corresponderam a cerca de 70% da variância fenotípica (Tabela 14). Há, pois, condições favoráveis à seleção e obtenção de ganhos para as características relacionadas com a resistência ao Crestamento Bacteriano Comum.

A presença de variabilidade genética pode ser confirmada e quantificada pelo coeficiente de variação genético. Esse coeficiente expressa a magnitude da variação genética em relação à média do caráter. Verificou-se que os valores do CV_g foram de 9,99 para período de incubação Xap 775-90 a 28,87 diâmetro da lesão da vagem Xap 139y (Tabela 14). Os valores elevados de CV_g permitem inferir que as famílias avaliadas possuem alta variabilidade genética em relação às características relacionadas à resistência ao Crestamento Bacteriano Bacteriano Comum e que, portanto, há possibilidade de se obter ganhos futuros com a seleção.

De acordo com Yu et al. (2000), a resistência ao Crestamento Bacteriano Comum, no feijoeiro, é uma característica quantitativa que possui estimativas de herdabilidade de baixa a moderada. Entretanto, os valores, aqui encontrados, variaram de moderadas a elevados (Tabela 14). As estimativas de herdabilidade (h^2), com base na média para as variáveis AACDP, PI e DLV, tanto para Xap 139y quanto para Xap 775-90, foram elevadas, variando de 64,87% (PI Xap 775-90) a 86,21% (DLV Xap 775-90).

Tabela 14. Estimativas de parâmetros genéticos obtidas da avaliação de características de resistência ao Crestamento Bacteriano Comum por meio da inoculação de dois isolados (139y e 775-90) de *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* em 117 famílias F₄ de feijão-de-vagem e quatro testemunhas. Campos dos Goytacazes, RJ, 2013.

Parâmetros Genéticos ⁽¹⁾	Características ⁽²⁾					
	AACPD		PI		DLV	
	AACPD 139y	PI 139y	AACPD 775-90	PI 775-90	DLV 139y	DLV 775-90
σ_g^2	23,77	5,56	12,48	2,05	0,38	0,50
σ_f^2	28,08	6,51	17,43	3,16	0,50	0,58
h^2 (%)	84,65	85,41	71,60	64,87	76,00	86,21
CI	0,65	0,66	0,46	0,38	0,51	0,67
CV_e	17,00	10,35	16,03	12,73	23,92	20,04
CV_g	23,03	14,45	14,70	9,99	24,56	28,87
\hat{I}_v	1,35	1,40	0,92	0,78	1,03	1,44

⁽¹⁾ σ_g^2 = variância genotípica, σ_f^2 = variância fenotípica, h^2 = herdabilidade média, CI = correlação intraclasse, CV_e = coeficiente de variação experimental, CV_g = Coeficiente de variação genético, \hat{I}_v = índice de variação.

⁽²⁾ AACPD = área abaixo da curva de progresso da doença, PI = período de incubação, DLV = diâmetro da lesão da vagem.

Ferreira et al. (2003), após a avaliação de 109 linhas F₇ de feijão em condições de campo sob ocorrência natural do CBC, estimaram parâmetros genéticos. A herdabilidade, no sentido amplo, foi alta (91%), concordante com os valores aqui registrados. Porém, Kobayashi et al. (1999) obtiveram herdabilidade, no sentido amplo, de 61,68% para reação em folhas, após a inoculação artificial de *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* var. *fuscans* por incisão de tesouras em 35 cultivares e linhagens de feijoeiro.

O índice de variação (I_v) quantifica a proporção da variabilidade genética em relação à variabilidade ambiental; quando o valor do I_v é maior ou igual a 1,00, indica que existe variabilidade genética dentro da população em estudo, que pode ser explorada. Posto isto, conclui-se que os valores de I_v encontrados nessa pesquisa são favoráveis à continuação do programa de melhoramento de feijão-de-vagem da UENF- com vistas à obtenção de genótipos resistentes ao Crestamento Bacteriano Comum (CBC). Os valores de I_v foram superiores à unidade para maioria das características relacionadas com a resistência ao CBC, com exceção de AACPD e PI 775-90, para as quais os valores foram de 0,92 e 0,78, respectivamente (Tabela 14).

Estimativas elevadas da herdabilidade e superior à unidade da razão CV_G/CV_E determinaram a perspectiva de êxito com a seleção para as características AACPD, PI e DLV tanto para Xap 139y quanto para Xap 775-90. Ferreira et al. (2003) avaliaram famílias F₇ de feijoeiro quanto à resistência ao CBC sob condições de infecção natural ao CBC e também obtiveram valores de I_v , CV_g e h^2 favoráveis ao melhoramento, visando à obtenção de cultivares resistentes. Os autores estimaram valores de 91,77%, 25,11% e 1,36% para herdabilidade, coeficiente de variação genético e índice de variação, respectivamente.

Observou-se que houve predominância da variância genotípica em relação à variância ambiental também para as características morfoagronômicas avaliadas (Tabela 15), sendo que o comprimento de vagem teve a maior porcentagem da variação total observada devido à causa genética (96%) e o número de sementes por vagem a menor porcentagem (76%). Valores elevados de estimativas de variabilidade genética associados a menores valores de variâncias residuais são indicativos de boa precisão experimental.

Tabela 15. Estimativas de parâmetros genéticos de caracteres morfoagronômicos do feijão-de-vagem calculado a partir da avaliação de 117 famílias F₄ e quatro testemunhas. Campos dos Goytacazes, RJ, 2013.

Parâmetros Genéticos ⁽¹⁾	Características ⁽²⁾			
	COV	NVP	NSP	NSV
σ_g^2	318,94	68,33	2131,50	0,50
σ_f^2	329,25	77,68	2325,00	0,65
h^2 (%)	96,86	87,96	91,67	76,92
CI	0,91	0,71	0,79	0,53
CV_e	4,86	18,17	18,88	15,51
CV_g	5,60	28,37	36,18	16,34
\hat{I}_v	3,21	1,56	1,92	1,05

(1) σ_g^2 = variância genotípica, σ_f^2 = variância fenotípica, h^2 = herdabilidade média, CI = correlação interclasse, CV_e = coeficiente de variação experimental, CV_g = Coeficiente de variação genético, \hat{I}_v = índice de variação.

(2) COV = comprimento de vagem, NVP= número de vagens por planta, NSP= número de sementes por planta, NSV = número de semente por vagem.

O coeficiente de variação genético (CV_G) oscilou de 5,60 (comprimento da vagem, COV) a 36,18 (número de sementes por planta, NSP) (Tabela 15). As maiores estimativas para o CV_G foram expressas pelos caracteres número de vagem por planta e número de sementes por planta, indicando que, entre as características estudadas, estas possuíam maior variabilidade, possibilitando maiores êxitos com a seleção.

Nota-se que, tal como acontece com o coeficiente de variação experimental (CV_E), a precisão do ensaio decresce quando diminui o índice de variação. Esse parâmetro representa a razão entre o CV_G e o CV_E . Conforme Vencovsky (1987), quando o índice de variação atinge valores próximos ou superiores a 1,0 indica uma situação favorável à seleção. Observa-se que todos os caracteres avaliados (COV, NVP, NSP, NSV) revelaram valores superiores à unidade, sugerindo que, realmente, existe uma alta proporção de variação genética em relação à variação ambiental, principalmente para a variável comprimento da vagem (COV), cujo valor do I_v foi de 3,21. Como esperado, situações favoráveis à seleção são observadas, uma vez que as características possuem altas estimativas de herdabilidade.

A existência de variabilidade genética entre as famílias de feijão-de-vagem avaliadas, detectada na análise de variância, foi confirmada pelas altas estimativas de variância genética e de herdabilidade (Tabela 15). Essas estimativas representam a proporção da variância total que é devida a fatores genéticos. Em relação à herdabilidade, o comprimento da vagem teve o maior valor de h^2 (91,00%), enquanto o número de semente por vagem teve o menor valor (76,92%). De modo geral, a magnitude da herdabilidade, para todas as características estudadas, foi alta.

Moreto et al. (2007) obtiveram estimativas de herdabilidade no sentido amplo menores do que as encontradas nesse trabalho. Os autores avaliaram 256 famílias $F_{4:5}$ de feijoeiro e, posteriormente, 256 famílias $F_{4:6}$, obtidas pelo método genealógico, em látice simples 16 X 16. Obtiveram valores de herdabilidade de 28,98 ($F_{4:5}$) e 47,96% ($F_{4:6}$) para produção de grãos. Também, Faleiro et al. (2003) avaliaram 154 linhagens F_7 obtidas pelo método SSD em blocos ao acaso e observaram estimativas moderadas de herdabilidade para número médio de vagens por planta (51%) e número médio de sementes por plantas (49,45%). Por sua vez, Vilela et al. (2009) avaliaram 120 linhas $F_{6:7}$ de feijão-de-vagem, obtidas pelo método SSD, em delineamento aleatorizado em blocos com repetições dentro de sets e encontraram valores de herdabilidade semelhantes aos reportados nesse trabalho. Para as variáveis número de sementes por vagem, comprimento de vagem, número médio de vagem, os valores encontrados foram de 78,57%, 88,55% e 73,59%.

Além de ser indicativo de variabilidade genética, altos valores de herdabilidade indicam que o caráter é pouco influenciado pelo ambiente, ocorrendo, assim, uma situação favorável para a seleção.

4.2.3. Teste de agrupamento de médias

As características avaliadas, para as quais o teste F foi significativo, tiveram suas médias agrupadas pelo teste Scott-Knott (1%). Esse teste tem por objetivo separar as médias dos tratamentos em grupos homogêneos, pela minimização da variação dentro e maximização da variação entre grupos. A grande vantagem desse método é a ausência de ambiguidade na interpretação dos resultados, o que, geralmente, ocorre em procedimentos de comparações

múltiplas. Além disso, esse procedimento é bastante vantajoso para distinção dos tratamentos avaliados, principalmente quando se dispõe de um número de tratamentos elevados (Ramalho, 2012).

As médias das famílias F₄ e das testemunhas foram separadas pelo teste Scott-Knott para as características avaliadas para resistência aos dois isolados de *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* (Xap 139y e Xap 775-90): área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD), período de incubação (PI) e diâmetro da lesão da vagem (DLV), as quais foram suficientes para discriminar os tratamentos resistentes e suscetíveis.

A AACPD tem sido utilizada com sucesso por diversos autores em pesquisas com o melhoramento, visando à resistência a doenças para esse patossistema, *Phaseolus vulgaris* x *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* (Díaz et al., 2001; Fininsa, 2003; Trindade et al., 2012; Shi et al., 2012). Outra estratégia para obtenção de cultivares resistentes é aumentar o PI, pois contribui para retardar o início dos sintomas da doença. Nesse aspecto, um maior PI é um indicativo de maior resistência do hospedeiro à colonização, pois um menor número de ciclos do patógeno será produzido e menor será a quantidade de doença no final do ciclo da planta. O genótipo que possui um maior PI tem, assim, maior probabilidade de reduzir a taxa de progresso da doença, evitando a epidemia ou reduzindo o potencial de inóculo, quando as condições favoráveis à ocorrência da doença persistirem por períodos prolongados (Lobo et al., 2005; Márquez et al., 2007).

Considerou-se, na classificação pela reação foliar e da vagem, como suscetíveis a moderadamente suscetíveis os tratamentos que expressaram estimativas de AACPD, PI e DLV similares à média das testemunhas suscetíveis ao CBC, as cultivares Alessa (feijão-de-vagem) e UENF 1453 (feijão comum). De forma análoga, os indivíduos com valores de médias próximas às das testemunhas resistentes BAC 6 (feijão comum) e PI 20762 (feijão comum) foram considerados moderadamente resistentes a resistentes ao CBC. Como esperado, as testemunhas resistentes expressaram menores valores de AACPD e DLV e maiores valores de PI, bem como as suscetíveis detiveram maiores valores de AACPD e DLV e menores de PI. Diversos trabalhos reportados na literatura são concordantes com as magnitudes das estimativas dos componentes de resistência ao CBC encontradas neste trabalho, em que fazem parte a

testemunha resistente, BAC 6 (Jung et al., 1996; Rodrigues et al., 1999; Ferreira et al., 2003; Trindade et al., 2012) e PI 207262 (Coyne e Shuster, 1974; Singh, 2010; Trindade et al., 2012), e as suscetíveis, Alessa (Rodrigues et al., 1999; Trindade et al., 2012) e UENF 1453 (Trindade et al., 2012).

Para resistência ao isolado de Xap 139y, as médias da AACPD das famílias constituíram dois grupos, sendo que 53% das famílias tiveram médias em torno ou abaixo da média das testemunhas resistentes, com estimativas variando de 7,68 a 23,67 (Tabela 16). Maior variação foi detectada para período de incubação (PI), em que foram formados cinco grupos, sendo que a cultivar resistente BAC 6 revelou estimativa média de 17 dias para o surgimento do sintoma. Para esta característica PI, 41 famílias expressaram estimativas de médias similares a BAC 6 enquanto 15 tratamentos expressaram valores superiores, denotando que há segregantes capazes de retardar o surgimento dos sintomas do CBC.

Para diâmetro da lesão da vagem avaliada com Xap 139y, três grupos foram formados. De acordo com a classificação proposta por Pastor-Corrales et al. (1981), as estimativas de DLV discriminaram 25% das famílias como resistentes a moderadamente resistentes (valores de DLV entre 1,00 a 2,00 mm), 51% como moderadamente suscetíveis (magnitudes de DLV entre 2,01 a 3,00 mm) e 24% como suscetíveis a altamente suscetíveis (valores acima de 3,01 mm).

Tabela 16. Agrupamento das médias de 117 famílias F₄ de feijão-de-vagem e quatro testemunhas de feijoeiro para características de resistência ao crestamento bacteriano comum quanto à reação a dois isolados de *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* (Xap 139y e 775-90). Campos dos Goytacazes, RJ, 2013.

Famílias	Características											
	AACPD 139y		PI 139y		AACPD 775-90		PI 775-90		DLV 139y		DLV 775-90	
1	24,77	a	14,67	d	22,66	b	15,04	a	1,30	c	1,52	d
2	25,29	a	15,77	d	24,55	a	13,23	b	2,48	c	2,09	c
3	27,76	a	13,79	e	26,20	a	13,00	b	3,39	b	4,37	b
4	20,53	b	19,45	b	19,83	b	16,64	a	1,62	c	1,31	d
5	28,75	a	14,20	e	28,09	a	13,02	b	2,36	c	2,37	c
6	17,26	b	23,31	a	16,02	b	19,23	a	2,00	c	2,24	c
7	26,30	a	16,52	c	24,10	b	14,77	a	2,12	c	2,29	c
8	27,15	a	17,33	c	26,41	a	15,35	a	1,89	c	2,18	c
9	22,02	b	19,85	b	21,45	b	14,99	a	1,72	c	1,93	d
10	30,15	a	17,36	c	30,11	a	11,37	b	2,73	b	2,67	c
11	23,94	a	14,31	e	22,53	b	14,87	a	2,68	c	2,34	c
12	22,63	b	15,22	d	21,42	b	14,20	b	2,37	c	2,43	c
13	21,04	b	16,73	c	21,60	b	15,15	a	2,38	c	2,47	c
14	20,57	b	19,10	c	21,87	b	14,61	a	1,38	c	0,98	d
15	21,57	b	16,96	c	21,30	b	15,40	a	2,04	c	1,90	d
16	19,92	b	20,45	b	20,67	b	15,20	a	2,19	c	2,10	c
17	24,87	a	10,94	e	25,46	a	14,23	b	4,06	a	3,54	b
18	25,96	a	17,11	c	26,08	a	13,00	b	2,01	c	1,95	d
19	28,82	a	14,01	e	28,08	a	13,80	b	2,41	c	2,58	c
20	23,22	b	15,41	d	23,98	b	13,93	b	3,36	b	3,30	b
21	17,91	b	15,85	d	33,20	a	11,57	b	2,31	c	2,05	c

Tabela 16; Cont...

Famílias	AACPD 139y		PI 139y		AACPD 775-90		PI 775-90		DLV 139y		DLV 775-90	
22	22,88	b	13,93	e	23,64	b	13,69	b	1,87	c	1,65	d
23	26,34	a	14,87	d	26,12	a	12,06	b	1,95	c	1,98	d
24	19,67	b	15,85	d	20,37	b	15,02	a	2,57	c	2,68	c
25	9,08	b	13,43	e	20,75	b	13,80	b	2,35	c	2,36	c
26	17,14	b	14,38	e	32,71	a	12,79	b	2,02	c	1,71	d
27	24,05	a	14,09	e	23,62	b	13,37	b	1,92	c	2,11	c
28	22,79	b	14,04	e	24,06	b	13,36	b	1,59	c	1,90	d
29	21,99	b	18,59	c	23,43	b	15,79	a	3,02	b	2,55	c
30	27,57	a	13,36	e	28,50	a	13,36	b	1,79	c	1,36	d
31	32,98	a	12,03	e	33,04	a	11,50	b	3,14	b	3,08	b
32	30,53	a	16,62	c	32,68	a	10,73	b	2,94	b	2,28	c
33	21,06	b	19,31	b	22,45	b	13,56	b	1,66	c	2,06	c
34	20,30	b	18,19	c	18,95	b	15,88	a	2,53	c	3,01	b
35	20,82	b	16,01	d	20,60	b	13,91	b	2,95	b	3,01	b
36	20,82	b	18,41	c	20,51	b	13,75	b	4,03	a	3,75	b
37	22,43	b	14,01	e	22,75	b	13,83	b	1,44	c	1,91	d
38	21,07	b	20,03	b	20,79	b	15,99	a	2,62	c	2,34	c
39	28,04	a	13,28	e	26,37	a	12,50	b	3,82	a	6,70	a
40	22,70	b	17,90	c	22,80	b	13,63	b	2,00	c	2,02	c
41	30,72	a	12,47	e	30,65	a	14,01	b	2,95	b	2,49	c
42	20,85	b	17,40	c	20,43	b	14,94	a	2,14	c	2,12	c
43	24,74	a	13,36	e	24,62	a	12,52	b	1,76	c	1,91	d
44	26,14	a	16,32	d	25,89	a	13,71	b	1,93	c	1,71	d

Tabela 16; Cont...

Famílias	AACPD 139y		PI 139y		AACPD 775-90		PI 775-90		DLV 139y		DLV 775-90	
45	28,60	a	14,32	e	27,29	a	14,03	b	3,26	b	3,66	b
46	22,68	b	16,90	c	22,78	b	14,97	a	2,44	c	2,30	c
47	28,20	a	19,49	b	28,26	a	14,55	b	2,58	c	2,25	c
48	23,07	b	15,56	d	22,88	b	14,03	b	2,51	c	2,46	c
49	13,92	b	22,39	a	13,50	b	19,91	a	1,14	c	1,22	d
50	21,62	b	13,69	e	21,36	b	15,25	a	1,69	c	1,53	d
51	20,84	b	20,28	b	19,85	b	16,59	a	3,01	b	2,76	b
52	21,33	b	15,84	d	20,97	b	16,48	a	1,34	c	1,40	d
53	18,22	b	22,30	a	18,75	b	17,28	a	2,15	c	1,84	d
54	27,50	a	13,58	e	27,88	a	13,30	b	1,66	c	1,41	d
55	26,91	a	13,90	e	25,90	a	12,73	b	1,91	c	2,24	c
56	29,34	a	16,06	d	26,90	a	13,71	b	2,31	c	2,34	c
57	21,28	b	15,72	d	21,27	b	15,99	a	3,50	b	3,35	b
58	22,69	b	18,53	c	23,79	b	13,49	b	3,35	b	3,51	b
59	24,42	a	13,88	e	25,30	a	13,60	b	2,54	c	2,89	b
60	29,19	a	13,47	e	28,67	a	13,02	b	2,35	c	2,41	c
61	24,77	a	14,87	d	24,81	a	13,53	b	2,48	c	2,72	c
62	26,39	a	16,96	c	26,75	a	13,34	b	2,81	b	2,30	c
63	28,10	a	13,30	e	27,21	a	13,92	b	3,04	b	3,09	b
64	20,13	b	18,39	c	20,63	b	15,95	a	2,22	c	2,06	c
65	27,84	a	13,77	e	29,43	a	13,17	b	2,11	c	2,18	c
66	27,97	a	16,55	c	27,91	a	12,93	b	2,45	c	2,28	c
67	26,70	a	14,50	d	26,03	a	15,28	a	2,88	b	3,67	b

Tabela 16; Cont...

Famílias	AACPD 139y		PI 139y		AACPD 775-90		PI 775-90		DLV 139y		DLV 775-90	
68	27,64	a	13,02	e	27,35	a	13,09	b	3,00	b	3,14	b
69	23,92	a	17,22	c	25,14	a	14,25	b	3,70	a	3,28	b
70	21,20	b	17,75	c	22,21	b	13,48	b	3,48	b	3,20	b
71	26,83	a	18,44	c	27,42	a	12,15	b	2,26	c	2,15	c
72	23,67	b	13,61	e	23,91	b	13,45	b	2,56	c	3,04	b
73	33,83	a	11,95	e	34,11	a	10,69	b	2,70	c	2,39	c
74	22,27	b	20,33	b	22,99	b	15,37	a	2,35	c	1,91	d
75	20,20	b	17,42	c	19,95	b	15,69	a	2,50	c	2,59	c
76	17,71	b	15,82	d	29,33	a	11,77	b	2,37	c	2,49	c
77	26,60	a	16,11	d	27,63	a	12,11	b	2,64	c	2,34	c
78	24,62	a	18,36	c	23,58	b	15,78	a	2,47	c	2,02	c
79	24,96	a	16,49	c	25,20	a	13,65	b	3,09	b	3,02	b
80	22,57	b	18,56	c	22,57	b	13,40	b	1,86	c	1,98	d
81	24,39	a	15,71	d	24,85	a	14,24	b	3,75	a	3,02	b
82	19,24	b	18,50	c	19,03	b	15,37	a	2,13	c	2,28	c
83	18,94	b	17,83	c	19,06	b	16,26	a	1,95	c	1,86	d
84	23,35	b	16,49	c	23,14	b	14,89	a	3,21	b	3,57	b
85	18,68	b	17,78	c	19,05	b	17,39	a	1,99	c	2,42	c
86	17,66	b	17,32	c	18,19	b	15,17	a	2,05	c	1,89	d
87	28,07	a	12,96	e	28,23	a	12,09	b	2,86	b	2,70	c
88	26,76	a	11,62	e	27,24	a	11,07	b	3,80	a	2,42	c
89	31,90	a	13,41	e	29,51	a	12,50	b	3,10	b	3,16	b
90	22,34	b	17,35	c	20,77	b	15,03	a	2,31	c	2,10	c

Tabela 16; Cont...

Famílias	AACPD 139y		PI 139y		AACPD 775-90		PI 775-90		DLV 139y		DLV 775-90	
91	17,01	b	20,51	b	16,01	b	18,58	a	2,20	c	2,45	c
92	25,83	a	16,55	c	23,74	b	15,09	a	3,28	b	3,11	b
93	19,22	b	21,73	a	17,37	b	17,58	a	2,12	c	1,90	d
94	25,14	a	17,43	c	23,96	b	13,93	b	2,25	c	2,27	c
95	29,41	a	15,73	d	28,17	a	12,33	b	2,75	b	2,97	b
96	18,32	b	23,26	a	16,46	b	16,55	a	3,21	b	2,27	c
97	26,86	a	14,62	d	25,90	a	12,32	b	3,38	b	3,12	b
98	28,65	a	15,48	d	28,41	a	13,65	b	3,07	b	3,11	b
99	30,58	a	15,49	d	28,28	a	13,92	b	3,92	a	4,00	b
100	23,34	b	15,38	d	21,50	b	16,40	a	4,88	a	3,18	b
101	23,24	b	15,75	d	23,75	b	14,07	b	2,03	c	2,15	c
102	7,68	b	17,49	c	18,44	b	15,89	a	2,52	c	2,05	c
103	16,89	b	18,82	c	17,00	b	18,01	a	2,22	c	2,12	c
104	19,61	b	18,08	c	18,45	b	16,33	a	1,90	c	2,17	c
105	22,06	b	18,04	c	22,06	b	17,05	a	2,48	c	2,86	b
106	23,56	b	17,16	c	24,12	b	12,88	b	2,07	c	2,22	c
107	24,33	a	14,21	e	24,81	a	13,72	b	2,56	c	2,42	c
108	24,12	a	17,85	c	24,64	a	14,42	b	2,93	b	3,48	b
109	24,47	a	14,52	d	26,18	a	12,78	b	1,78	c	1,99	d
110	17,78	b	17,53	c	18,24	b	16,91	a	4,60	a	1,70	d
111	23,37	b	15,47	d	22,23	b	14,71	a	2,26	c	2,20	c
112	22,84	b	15,76	d	21,54	b	15,80	a	3,40	b	3,86	b
113	21,74	b	15,82	d	22,58	b	14,28	b	1,85	c	1,44	d

Tabela 16; Cont...

Famílias	AACPD 139y		PI 139y		AACPD 775-90		PI 775-90		DLV 139y		DLV 775-90	
114	21,39	b	17,74	c	22,24	b	14,91	a	1,94	c	1,44	d
115	18,84	b	20,85	b	18,40	b	18,32	a	2,10	c	1,91	d
116	26,29	a	16,19	d	25,59	a	13,36	b	2,85	b	3,35	b
116	22,99	b	14,41	e	23,28	b	15,24	a	1,90	c	1,71	d
118	34,31	a	13,74	e	34,82	a	12,31	b	3,24	b	2,45	c
119	24,96	a	16,17	d	27,89	a	13,32	b	2,03	c	1,72	d
120	34,89	a	10,41	e	33,10	a	11,02	b	3,14	b	2,50	c
121	19,09	b	17,57	c	19,39	b	16,93	a	0,94	c	1,19	d

A reação dos tratamentos à inoculação do isolado de Xap 775-90 possibilitou a formação de dois grupos para AACPD. As médias das testemunhas resistentes para AACPD foram 19,31 (BAC 6) e 27,89 (PI 207262), sendo que o grupo onde estiveram alocadas reuniu 58% dos tratamentos com médias variando de 13,50 a 24,12. Cerca de 40% dos tratamentos foram capazes de retardar o surgimento dos sintomas do CBC nas folhas por, aproximadamente, 20 dias. Porém, observou-se que a média do genótipo PI 207262 para PI não diferiu estatisticamente da média das famílias suscetíveis, cujo valor foi semelhante à média da cultivar Alessa (11 dias), sugerindo que, para essa variável, Alessa pode ser classificada como moderadamente suscetível. Considerando a escala de Pastor-Corrales et al. (1981), o diâmetro da lesão da vagem discriminou 26% da famílias como resistentes a moderadamente resistentes, 50% como moderadamente suscetíveis e 24% como suscetíveis a altamente suscetíveis.

O genótipo PI 207262 expressou notas de DLV para Xap 139y e 775-90 de 2,03 e 1,72, respectivamente. Conforme registros de Coyne e Schuster (1974), esse genótipo possui reação diferencial a Xap nos diferentes órgãos da planta, tendo resistência ao CBC nas folhas, mas suscetibilidade moderada nas vagens. Isso reforça as hipóteses anteriores de que a reação ao CBC pode ser devido a uma combinação de diferentes genes que controlam distintos mecanismos de defesa em diferentes partes da planta, enfatizando a importância de se obter cultivares de feijão-de-vagem resistentes ao CBC em ambos os órgãos: folhas e vagens. É sabido que, nas folhas, o CBC reduz, principalmente, a área fotossintética, culminando no decréscimo da produção e que, em ataques severos, pode causar a morte da planta. Na vagem, a Xap deprecia a vagem a ser comercializada e contamina a semente. Não por acaso, uma das medidas profiláticas para o controle do Crestamento Bacteriano Comum inclui a utilização de sementes livres da bactéria (Darasse et al., 2007).

Para prover maior resistência, é desejável que os genótipos possuam, conjuntamente, resistência ao CBC, baixos valores de AACPD e DLV e maior PI, além de boa produtividade com baixo teor de fibra. A variabilidade encontrada para os componentes de resistência avaliados nas famílias F_4 de feijoeiro, confirmada pelos parâmetros genéticos já discutidos, possibilita a seleção de genótipos promissores para dar continuidade ao programa de melhoramento de feijão-de-vagem, visando à resistência a *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*.

Observou-se variabilidade, também, para as características morfoagronômicas avaliadas (Tabela 17) ao se aplicar o teste de agrupamento de médias de Scott-Knott. O comprimento da vagem (COV) possuiu maior variabilidade, formando o maior número de grupos. Para a característica COV, houve variação de 48,43 a 156,30 mm, sendo que a cultivar Alessa foi agrupada juntamente com oito famílias que possuíam os maiores comprimentos de vagem (141,65 a 156,30 mm), ao passo que, apenas, quatro famílias formaram dois outros grupos com os menores valores de COV (48,43 a 74,44 mm), alocando dois tratamentos em cada grupo, as famílias 75 e 25 e as famílias 116 e 119. Observou-se que 84,29% dos tratamentos detiveram valores médios de comprimento de vagem acima de 100,00 mm. Há que se ressaltar que, na presente pesquisa, as medições foram feitas em vagens secas, o que pode ter contribuído para a redução das estimativas de COV. De todo modo, vagens com menos de 10 cm podem ser consideradas comerciais, como ocorreu na avaliação de Pinto et al. (2001), em que vagens com comprimento inferior a 10 cm foram comerciais enquanto as que tiveram 10-15 cm de comprimento, mas com valor inferior a 7 mm de diâmetro foram não-comerciais.

Um dos objetivos dos programas de melhoramento de feijão-de-vagem da UENF, além da resistência ao CBC, é obter cultivares com boa produtividade. Na presente pesquisa, as famílias mais produtivas foram as que expressaram o maior número médio de vagens por planta. Para essa variável, quatro grupos foram formados, em que as famílias expressaram médias que variaram de 8,00 a 58,00 vagens, aproximadamente, sendo que, 35,55% tiveram valores de NVP de 20 a 30 e foram reunidas pelo teste Scott-Knott no mesmo grupo. Para número de sementes por planta (NSP), houve a formação de cinco grupos, em que a maioria (76,87%) das famílias constituiu três grupos, com número de sementes variando de 78,00 a 194,50. Por sua vez, para número de sementes por vagem, houve a formação de três grupos, nos quais 54,55% das famílias tiveram vagem com 5,00 a 7,00 sementes (Tabela 17).

Tabela 17. Agrupamento das médias de 117 famílias F₄ de feijão-de-vagem e quatro testemunhas de feijoeiro para quatro características morfoagronômicas. Campos dos Goytacazes, RJ, 2013.

Famílias	Características							
	COV		NVP		NSP		NSV	
1	136,37	b	25,55	c	141,50	c	5,78	a
2	98,18	e	47,83	a	201,59	a	4,22	b
3	120,75	c	33,13	b	137,61	c	4,17	b
4	101,45	e	20,77	d	85,59	d	4,56	a
5	124,21	c	27,04	c	110,15	d	4,16	b
6	125,57	c	26,33	c	127,53	c	4,85	a
7	109,02	e	27,89	c	146,75	c	4,85	a
8	96,06	f	36,81	b	137,48	c	3,78	b
9	116,37	d	40,89	a	157,26	c	4,49	a
10	136,48	b	32,65	b	144,53	c	4,90	a
11	108,37	e	37,11	b	168,36	b	4,89	a
12	117,68	d	40,23	a	189,42	b	4,57	a
13	91,74	f	37,51	b	168,08	b	4,90	a
14	108,80	e	32,10	b	131,12	c	3,87	b
15	112,63	d	32,39	b	168,59	b	5,12	a
16	141,65	a	31,39	b	152,77	c	4,51	a
17	125,66	c	27,06	c	101,75	d	3,71	b
18	123,98	c	30,89	b	145,33	c	4,01	b
19	120,97	c	24,78	c	140,28	c	3,48	b
20	117,07	d	25,62	c	85,79	d	3,95	b
21	104,39	e	33,81	b	124,46	c	3,71	b
22	92,08	f	23,26	c	84,38	d	3,93	b
23	100,82	e	38,80	a	194,49	b	4,90	a
24	108,19	e	38,03	a	170,07	b	4,72	a
25	49,34	h	57,82	a	83,66	d	2,96	c
26	85,12	f	25,74	c	101,86	d	4,17	b
27	107,48	e	33,90	b	139,23	c	3,99	b
28	93,55	f	28,41	c	106,70	d	3,55	b
29	122,43	c	27,05	c	136,33	c	4,51	a
30	103,90	e	44,80	a	222,40	a	3,80	b
31	87,24	f	42,55	a	99,88	d	4,03	b
32	121,29	c	31,46	b	187,23	b	6,55	a
33	115,28	d	30,03	c	130,50	c	4,75	a
34	137,63	b	28,60	c	154,47	c	4,76	a
35	147,05	a	34,94	b	172,36	b	5,25	a
36	148,04	a	40,04	a	165,32	b	4,28	a
37	113,60	d	34,10	b	142,45	c	4,99	a
38	114,48	d	39,25	a	201,43	a	5,16	a

Tabela 17; Cont...

Famílias	COV		NVP		NSP		NSV	
39	156,30	a	32,04	b	170,94	b	5,25	a
40	139,89	b	28,95	c	169,72	b	5,24	a
41	112,90	d	28,58	c	86,87	d	3,28	c
42	93,86	f	32,32	b	125,61	c	4,41	a
43	124,79	c	22,90	c	114,07	d	5,26	a
44	124,49	c	25,72	c	120,02	d	4,99	a
45	124,31	c	28,38	c	134,19	c	4,05	b
46	117,98	d	29,52	c	166,30	b	5,71	a
47	113,27	d	27,15	c	78,89	d	2,72	c
48	132,96	b	22,63	c	76,47	e	3,45	b
49	103,33	e	41,23	a	170,26	b	4,42	a
50	102,72	e	24,59	c	108,27	d	4,13	b
51	130,58	b	18,55	d	133,97	c	5,89	a
52	130,31	b	35,64	b	182,54	b	5,08	a
53	99,56	e	34,23	b	178,64	b	5,65	a
54	105,10	e	24,12	c	67,79	e	2,78	c
55	100,33	e	17,52	d	56,57	e	3,47	b
56	114,59	d	27,90	c	179,04	b	5,70	a
57	110,16	e	32,92	b	144,25	c	4,35	a
58	126,02	c	40,32	a	172,63	b	4,32	a
59	86,60	f	26,25	c	57,96	e	2,49	c
60	98,93	e	29,13	c	112,41	d	3,80	b
61	113,47	d	28,22	c	130,55	c	5,27	a
62	113,05	d	17,90	d	77,59	d	3,33	c
63	130,51	b	19,56	d	74,06	e	3,84	b
64	103,55	e	18,79	d	70,48	e	4,43	a
65	105,08	e	19,05	d	123,33	c	6,15	a
66	101,02	e	34,02	b	175,51	b	5,14	a
67	124,23	c	19,89	d	83,47	d	3,51	b
68	114,23	d	26,15	c	138,42	c	4,99	a
69	129,29	b	44,94	a	132,94	c	3,52	b
70	114,14	d	35,44	b	174,58	b	5,05	a
71	120,41	c	26,70	c	109,86	d	4,09	b
72	125,33	c	22,52	c	82,12	d	3,63	b
73	125,44	c	38,02	a	186,78	b	4,90	a
74	118,50	d	32,53	b	134,45	c	4,18	b
75	48,43	h	15,39	d	37,76	e	3,24	c
76	144,71	a	17,74	d	64,75	e	3,81	b
77	98,04	e	18,38	d	52,86	e	3,80	b
78	113,47	d	19,72	d	108,22	d	4,41	a
79	119,17	c	32,05	b	112,28	d	3,20	c

Tabela 17; Cont...

Famílias	COV		NVP		NSP		NSV	
80	102,95	e	39,05	a	176,31	b	4,47	a
81	132,51	b	20,43	d	60,10	e	3,08	c
82	113,46	d	28,20	c	132,87	c	4,40	a
83	109,17	e	39,13	a	189,74	b	4,78	a
84	150,14	a	22,50	c	139,52	c	5,25	a
85	145,08	a	38,48	a	85,25	d	2,57	c
86	116,34	d	34,45	b	171,39	b	5,14	a
87	136,67	b	34,42	b	172,44	b	4,87	a
88	126,27	c	19,66	d	67,85	e	3,53	b
89	120,59	c	14,88	d	256,56	a	5,21	a
90	114,63	d	40,28	a	231,10	a	5,34	a
91	120,46	c	41,40	a	219,70	a	4,82	a
92	132,50	b	43,41	a	179,15	b	3,82	b
93	101,69	e	43,01	a	190,09	b	3,49	b
94	118,55	d	28,95	c	157,28	c	4,84	a
95	132,40	b	30,95	b	173,36	b	4,65	a
96	112,74	d	42,42	a	208,33	a	4,52	a
97	119,71	c	32,81	b	122,63	c	4,31	a
98	101,70	e	23,93	c	96,75	d	3,97	b
99	105,68	e	22,99	c	130,41	c	4,95	a
100	124,01	c	20,11	d	124,24	c	4,99	a
101	102,46	e	14,81	d	43,77	e	3,84	b
102	99,51	e	32,93	b	162,79	b	4,79	a
103	100,82	e	26,49	c	111,41	d	4,60	a
104	96,24	f	23,40	c	114,87	d	4,69	a
105	113,78	d	23,13	c	140,48	c	4,66	a
106	115,47	d	20,01	d	98,56	d	4,05	b
107	127,72	c	20,37	d	54,81	e	3,27	c
108	101,40	e	43,16	a	71,02	e	2,36	c
109	147,58	a	40,33	a	144,59	c	4,24	b
110	101,51	e	26,52	c	125,87	c	4,84	a
111	100,10	e	7,70	d	40,12	e	4,17	b
112	134,51	b	28,02	c	96,60	d	3,96	b
113	121,59	c	18,72	d	80,59	d	4,41	a
114	111,58	d	16,35	d	49,00	e	4,02	b
115	121,67	c	17,88	d	41,98	e	2,95	c
116	65,53	g	14,78	d	38,15	e	2,82	c
116	120,62	c	12,26	d	67,84	e	4,55	a
118	115,32	d	28,68	c	150,95	c	5,45	a
119	74,44	g	22,59	c	65,00	e	4,05	b
120	144,83	a	12,03	d	17,96	e	3,15	c
121	98,84	e	25,97	c	102,17	d	4,86	a

4.2.4. Seleção das melhores famílias F₄

Os programas de melhoramento do feijão-de-vagem, no Brasil, visam a obter cultivares que possuam alta produtividade e resistência a estresses bióticos e abióticos, mas também que possuam outras características desejáveis ao mercado consumidor, como menor teor de fibras, maior teor de proteínas, dentre outras (Mendes et al., 2009). No intento de selecionar famílias F_{4:5} com resistência ao CBC em folhas e frutos, mas também produtivas para a adequada continuidade do programa de melhoramento de feijão-de-vagem da UENF, aplicou-se o índice de seleção de Mulamba e Mock (1978). Esse índice se baseia na soma de postos (ou “*ranks*”). Consiste, primeiramente, em classificar os genótipos em relação a cada uma das características avaliadas, em ordem favorável ao melhoramento; após a classificação, são somadas as ordens de cada material genético referente a cada característica, resultando em uma medida adicional, tomada como índice de seleção.

A seleção simultânea de vários caracteres desejáveis é uma alternativa que aumenta a probabilidade de sucesso em um programa de melhoramento. Mendes et al. (2009) constataram que é possível selecionar populações segregantes superiores de feijoeiro comum, considerando-se, simultaneamente, a produtividade de grãos e as notas de porte e de acamamento.

Arnaud-Santana et al. (1994), em estudos de herança e correlações fenotípicas para folhas, vagens e sementes ao CBC, afirmaram que a independência relativa das reações a *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* nos diferentes órgãos da planta possibilita o desenvolvimento de genótipos com combinação de resistência nas folhas, vagens e sementes.

Utilizaram-se diferentes pesos econômicos (herdabilidade, desvio padrão genético, coeficiente de variação genético e peso por tentativas) com a premissa de se obter maiores valores de ganhos genéticos na seleção das famílias de feijão-de-vagem, visando a selecionar as mais resistentes ao CBC e mais produtivas. Observou-se que o índice de Mulamba e Mock permitiu a obtenção de ganhos desejáveis para as características estudadas, usando pesos econômicos por tentativas (PTO) (Tabela 18). Do mesmo modo do uso de pesos econômicos por tentativas, a herdabilidade e o coeficiente de variação genético também favoreceu ganhos positivos para NVP, COV e PI e ganhos negativos para

AACPD, situação desejável, porém o ganho para COV foi mais elevado por meio da utilização do PTO.

Utilizando-se a herdabilidade como peso econômico, também foi possível selecionar famílias produtivas com resistência ao CBC, mas os ganhos obtidos por meio do índice de Mulamba e Mock foram superiores aos obtidos por este. A utilização desse parâmetro genético como peso, quando se aplicaram os demais índices de seleção, favoreceu o aumento dos valores de AACPD e/ou de DLV e a redução do NVP.

O uso do desvio padrão genotípico como peso econômico não constituiu uma boa alternativa para a seleção de famílias superiores (Tabela 18). Embora os ganhos para COV, com exceção do índice de seleção ideótipo, tenham sido mais expressivos quando se aplicou o desvio padrão genotípico, sua aplicação também favoreceu ganhos não desejáveis para DLV para Xap 139y e 775-90 e redução do NVP.

Conclui-se que o índice de Mulamba e Mock revelou ganhos mais adequados para as características avaliadas, empregando-se pesos econômicos atribuídos por tentativas. Dessa maneira, foram selecionadas 48 famílias que possuem, simultaneamente, níveis de resistência desejáveis ao Crestamento Bacteriano Comum nas folhas e nas vagens e com boa produtividade (Tabela 19).

Tabela 18. Estimativas de ganhos (%), utilizando-se diferentes pesos econômicos em quatro índices para a seleção de famílias de feijão-de-vagem. Campos dos Goytacazes, RJ, 2013.

Características ¹	Mulamba e Mock				Pesek e Baker				Smith e Hazel				Ideótipo			
	Pesos econômicos ²															
	h ²	DP _g	CV _g	PTO	h ²	DP _g	CV _g	PTO	h ²	DP _g	CV _g	PTO	h ²	DP _g	CV _g	PTO
AACPD 139y	-14,84	-6,66	-13,62	-11,54	-8,68	-4,4	-9,07	0,98	7,59	5,83	9,49	-3,98	-13,29	-12,49	-12,49	-5,19
PI 139y	11,08	4,13	10,13	8,45	9,23	5,79	9,15	-0,09	-5,71	-5,05	-6,42	2,31	11,55	10,9	10,9	4,86
AACPD 775-90	-10,49	-2,67	-10,54	-10,12	-10,99	-5,23	-9,51	-1,61	5,27	4,64	6,23	-1,6	-10,18	-10,4	-10,4	-2,88
PI 775-90	6,25	1,02	5,93	5,45	6,03	3,12	5,3	3,35	-3,05	-2,82	-3,33	0,45	7,1	7,07	7,07	2,26
DLV 139y	-4,1	2,19	-6,01	-4,88	-0,46	5,93	1,22	-7,96	8,04	6,3	9,6	5,3	4,61	0,54	0,54	-0,04
DLV 775-90	-5	1,62	-6,77	-5,03	-4,33	1,49	-3,81	-8,87	9,18	8,17	10,41	4,54	4,97	-1,73	-1,73	1,43
COV	2,51	12,04	1,12	4,68	2,91	8,23	3,51	2,73	15,16	15,45	14,08	14,64	2,01	-3,86	-3,86	6,48
NVP	2,75	3,43	3,67	5,07	2,44	8,87	6,82	5,08	-1,74	-3,42	0,83	2,61	0,67	10,22	10,22	11,79

¹ AACPD – área abaixo da curva de progresso da doença, PI- período de incubação, DLV- diâmetro da lesão da vagem, COV- comprimento da vagem, NVP- número de vagens por planta.

² h² – herdabilidade, DP_g – desvio padrão genotípico, CV_g – coeficiente de variação genético e PTO – pesos econômicos por tentativas (100, 50, 100, 50, 100, 100, 200, 200).

Tabela 19. Seleção de famílias de feijão-de-vagem (*Phaseolus vulgaris* L.) para seis componentes de resistência ao Crestamento Bacteriano Comum e duas características relacionadas com a produtividade. Campos dos Goytacazes, RJ, 2013.

Famílias	Características ¹							
	AACPD 139y	PI 139y	AACPD 775-90	PI 775-90	DLV 139y	DLV 775-90	COV	NVP
91	14,93	20,51	15,92	18,58	2,18	2,40	120,46	36,93
115	16,57	20,85	18,36	18,32	2,16	1,97	121,67	30,96
33	16,14	19,31	22,48	13,56	1,65	2,07	115,28	40,83
85	19,56	17,78	19,04	17,39	2,45	3,12	145,08	36,12
93	12,45	21,73	17,32	17,58	2,10	1,83	101,69	35,47
109	21,56	14,52	26,41	12,78	1,84	2,10	147,58	44,00
121	19,07	17,57	19,39	16,93	0,97	1,27	98,84	38,63
113	21,76	15,82	22,65	14,28	1,96	1,63	121,59	38,21
6	12,47	23,31	15,65	19,23	1,96	2,15	125,57	22,56
83	18,38	17,83	19,00	16,26	2,20	2,14	109,18	38,97
9	15,13	19,85	20,69	14,99	1,78	1,95	116,38	28,34
96	13,59	23,26	16,54	16,55	3,16	2,18	112,74	40,22
51	15,34	20,28	19,81	16,59	2,30	2,17	130,59	25,65
103	16,85	18,82	16,93	18,01	2,18	2,14	100,81	38,77
117	21,40	14,41	23,33	15,24	1,81	1,72	120,62	34,18
49	11,84	22,39	13,38	19,91	1,62	1,72	103,33	26,42
94	19,36	17,43	23,88	13,93	2,27	2,13	118,55	37,24
90	19,28	17,35	20,73	15,03	2,21	2,02	114,63	30,98
104	17,45	18,08	18,47	16,33	1,97	2,22	96,24	35,23
16	14,84	20,45	20,73	15,20	2,35	2,29	141,65	19,77

Tabela 19; Cont...

Famílias	AACPD 139y	PI 139y	AACPD 775-90	PI 775-90	DLV 139y	DLV 775-90	COV	NVP
44	19,27	16,32	26,17	13,71	1,90	2,00	124,49	30,73
84	20,81	16,49	23,25	14,89	2,78	2,88	150,14	33,05
114	18,55	17,74	22,23	14,91	1,91	1,50	111,57	28,94
86	18,06	17,32	17,77	15,17	2,92	2,88	116,34	37,29
110	19,86	17,53	18,20	16,91	4,62	1,80	101,51	53,66
53	13,58	22,30	18,31	17,28	2,10	1,91	99,56	27,88
82	17,53	18,50	18,96	15,37	2,99	2,34	113,46	33,05
52	23,32	15,84	21,03	16,48	2,12	2,01	130,32	26,02
74	16,48	20,33	23,11	15,37	2,90	2,21	118,50	29,58
38	14,24	20,03	20,96	15,99	2,52	2,46	114,48	28,72
1	21,32	14,67	22,31	15,04	1,33	1,55	136,37	14,99
42	17,01	17,40	20,28	14,94	2,39	1,85	93,86	32,09
106	21,83	17,16	24,08	12,88	2,05	2,27	115,46	35,30
43	26,27	13,36	25,25	12,52	1,65	1,77	124,79	30,06
92	20,78	16,55	23,78	15,09	3,27	3,05	132,50	33,08
34	17,80	18,19	19,19	15,88	2,54	2,94	137,63	20,45
40	19,21	17,90	23,17	13,63	2,30	3,89	139,89	27,82
105	23,41	18,04	22,02	17,05	2,42	2,75	113,78	33,55
4	16,32	19,45	19,57	16,64	1,67	1,46	101,45	17,54
107	26,76	14,21	24,75	13,72	2,61	2,57	127,72	39,13
81	20,36	15,71	24,84	14,24	2,80	2,57	132,51	30,50
36	17,22	18,41	20,80	13,75	2,99	2,92	148,04	23,45

Tabela 19; Cont...

Famílias	AACPD 139y	PI 139y	AACPD 775-90	PI 775-90	DLV 139y	DLV 775-90	COV	NVP
50	22,71	13,69	21,26	15,25	1,71	1,55	102,72	29,33
102	17,66	17,49	17,74	15,89	2,50	2,10	99,51	28,84
71	16,73	18,44	27,48	12,15	2,43	2,21	120,41	29,21
112	22,39	15,76	21,53	15,80	3,29	3,68	134,50	31,51
11	25,74	14,31	22,30	14,87	1,81	1,48	108,37	29,45
35	18,69	16,01	20,79	13,91	2,89	2,95	147,05	25,27

¹ AACPD – Área abaixo da curva de progresso da doença, PI – período de incubação, DLV-diâmetro da lesão, COV – comprimento da vagem e NVP – Número de vagens por planta,

5. RESUMO E CONCLUSÕES

A Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, UENF, possui um programa de melhoramento que visa à obtenção de cultivares de feijão-de-vagem resistentes a *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* (Xap), agente causal do Crestamento Bacteriano Comum (CBC). Inserido nessa linha de pesquisa, este trabalho objetivou estudar o modo de herança e estimar parâmetros genéticos da resistência ao CBC, quanto à reação em dois órgãos da planta (folhas e vagens), utilizando-se dois isolados (Xap 139y e Xap 775-90), avaliando-se os componentes de resistência: área abaixo da curva de progresso da doença, período de incubação e diâmetro da lesão. Também foram avaliados os caracteres morfoagronômicos: dias para o florescimento, comprimento e diâmetro da vagem, teor de fibras, altura da inserção da primeira vagem, peso das vagens e número de vagens por planta. Utilizou-se, para essa finalidade, uma população F_2 e indivíduos F_1 oriundos do cruzamento entre duas cultivares de feijoeiro contrastantes para resistência ao CBC: Alessa (feijão-de-vagem, suscetível) e BAC 6 (feijão comum, resistente). Posteriormente, a população F_2 foi conduzida pelo método SSD (*single seed descent*) até a geração F_4 , que foi utilizada em ensaio de campo para avaliar a resistência ao CBC e de características relacionadas à produtividade, donde foi possível estimar parâmetros genéticos e indicar famílias promissoras para novos ciclos de seleção.

O ensaio para o estudo de análise de médias gerações foi conduzido na PESAGRO-Rio, na área de convênio com a UENF, no município de Campos dos

Goytacazes. O delineamento experimental foi o de blocos ao acaso com três repetições, em que, em cada bloco, foram aleatorizadas 10 plantas de cada geração não segregante e 100 plantas da geração segregante. As folhas foram inoculadas artificialmente 25 dias após a emergência das plântulas com uma suspensão bacteriana de 10^{-7} UFC pelo método da tesoura, enquanto que as vagens foram inoculadas 45 dias após a emergência, na fase de enchimento das mesmas pelo método de agulhas, utilizando-se dois isolados (Xap 139y e Xap 775-90).

O ensaio da avaliação dos 121 genótipos de feijoeiro foi realizado na área de convênio da UENF com a PESAGRO-Rio, em Campos dos Goytacazes, RJ, de maio a agosto de 2012. Dos 121 genótipos avaliados, 117 eram famílias F₄ provenientes do cruzamento entre as cultivares BAC 6 e Alessa e quatro testemunhas, incluindo os genitores (BAC 6 e Alessa). O delineamento utilizado foi látice quadrado (11 x 11) com três repetições, sendo que cada parcela conteve cinco plantas. Procedeu-se à avaliação da reação *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* e de características relacionadas com a produção (número de vagens por planta, número de semente por planta e por vagem, comprimento e diâmetro de vagem). A inoculação das folhas e das vagens foi feita utilizando-se dois isolados de Xap (Xap 139y e 775-90), os métodos de inoculação utilizados foram os mesmos descritos para a análise de médias de gerações. O programa estatístico Genes foi utilizado para análise estatística dos dados obtidos.

A análise de variância comprovou que havia variabilidade entre as gerações estudadas, com exceção de diâmetro de fruto, o que possibilitou realizar a análise conjunta e estimar os parâmetros genéticos. A ausência de significância para o teste de qui-quadrado revelou que o modelo aditivo-dominante foi suficiente para explicar o modo de herança das características agrônomicas e das variáveis de resistência a Xap em *P. vulgaris*. Os efeitos aditivos foram preponderantes na expressão da resistência a Xap. A dominância parcial prevaleceu na expressão da resistência a Xap, do mesmo modo que a sobredominância foi preponderante na expressão do número de vagens por plantas e da altura média de inserção da primeira vagem. As estimativas de herdabilidade obtidas para as características agrônomicas e de resistência a Xap indicam a perspectiva de ganhos genéticos.

As 117 famílias F₄ de feijoeiro proporcionaram alta variabilidade genética, detectada pelo teste F a 1% de probabilidade, para as variáveis de resistência ao CBC e para os demais caracteres, com exceção do diâmetro da vagem. As estimativas dos parâmetros genéticos indicaram a possibilidade de futuros ganhos genéticos pela seleção das famílias para a resistência a CBC, quanto aos dois isolados avaliados (Xap 139y e Xap 775-90) e para as características relacionadas com a produção, visto que os valores de herdabilidade e CV_g foram elevados, indicando que a variabilidade observada foi, preponderantemente, de causa genética. Com base no índice de seleção de Mulamba e Mock, foram selecionadas 40% das famílias avaliadas com níveis de resistência desejáveis ao CBC e com boa produtividade, para dar prosseguimento ao programa de melhoramento de feijão-de-vagem da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Alves, G.F., Ramalho, M.A.P., Abreu, Â. de F.B. (2001) Desempenho de cultivares antigas e modernas de feijão avaliadas em diferentes condições ambientais. *Ciência e Agrotecnologia*. 25: 863-870.
- Abreu, F.B., Leal, N.R., Rodrigues, R., Amaral Júnior, A.T. do, Silva, D.J.H. da (2004) Divergência genética entre acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento indeterminado. *Horticultura Brasileira*. 22(3).
- Aguiar, A.M., Ramalho, M.A.P., Marques Júnior, O.G. (2000) Controle genético do “stay green” no feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.). *Revista Ceres*. 47(270): 155-167.
- Allard, R. W. (1971) Princípios do melhoramento genético das plantas. São Paulo: Edgard Blucher. 381p.
- Arnauld-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. *J. Amer. Soc. Hort. Sci.* 119(1):116-121.

- Baldissera, J.N. da C., Valentini, G., Coan, M.M.D., Guidolin, A.F., Coimbra, J.L.M. (2012) Herança da capacidade de regeneração *in vitro* do feijão. *Rev. Cienc. Agrar.* 55(4): 306-310.
- Barelli, M.A.A, Gonçalves-Vidigal, M.C., Amaral Júnior, A.A. do; Vidigal Filho, P.S., Silvério, L. (1999) Genetic control on number of days to flowering and yield components in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Acta Scientiarum.* 21(3):423-427.
- Bernardo, R., Bohn, M. O. (2007) Plant Breeding in Times of Change. *Crop Science.* 47(3): 2-3.
- Borém, A., Miranda, G.V. (2009) Melhoramento de plantas. 5a. Edição. Viçosa: Editora UFV. 529 p
- Brim, C.A. (1966) A modified pedigree method of selection in soybeans. *Crop Science.* 6:220
- Broughton, W. J., Hernandez, G., Blair, M., Beebe, S., Gepts, P., Vanderleyden, J. (2003) Beans (*Phaseolus* spp.) - model food legumes. *Plant and Soil.* 252: 55-128.
- Cândida, D.V., Costa, J.G.C., Rava, C.A., Carneiro, M.S. (2009) Controle genético da murcha do fusário (*Fusarium oxysporum*) em feijoeiro comum *Tropical Plant Pathology.* 34(6): 379-384.
- Carvalho, A.C.P.P. de, Leal, N.R., Rodrigues, R.; Costa, F.A. (1999) Capacidade de combinação para oito caracteres agronômicos em cultivares de feijão-de-vagem de crescimento determinado. *Hortic. Bras.* 17:(2).
- 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, 60 p.

- CEASA (2010) - Prohort - Programa Brasileiro de Modernização do Mercado de Hortigranjeiro. <http://www.ceasa.gov.br/precos.php>. Página mantida pelo CEASA.
- 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., Ceballos, H., Blair, M.W. (2006) Generation Means Analysis of Climbing Ability in Common Bean (*Phaseolus vulgaris* L.) *Journal of Heredity*. 97(5):456–465.
- Coelho, A.D.F., Cardoso, A.A., Cruz, C.D., Araújo, G.A. de A., Furtado, M.R., Amaral, C.L.F. (2002) herdabilidades 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.
- Costa, J. G. C. da, Rava, C. A. (2003) Linhagens de feijoeiro comum com fenótipos agronômicos favoráveis e resistência ao crestamento bacteriano comum e antracnose. *Ciênc. agrotec*. 27(5): 1176-1182.
- Couto, M.A., Santos, J.B. dos, Ferreira, J.L. (2008) Melhoramento do feijoeiro comum com grão tipo carioca visando resistência à antracnose e à mancha angular. *Ciênc. agrotec*. 32:(5): 1643-1648.
- Corrêa, R. X., Good-God, P.I.V., Oliveira, M.L.P., Nietzsche, S., Moreira, M.A., Barros, E.G. de (2001) Herança da resistência à mancha-angular do feijoeiro e identificação de marcadores moleculares flanqueando o loco de resistência. *Fitopatologia brasileira*. 26(1).
- Cruz, C.D., Regazzi, A.J., Carneiro, P.C.S. (2004) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. 3.ed. Viçosa: UFV, v.1. 480p.
- Cruz, C. D. *Princípios de genética quantitativa*. Viçosa: UFV, 2005. 394 p.

- Darrasse, A., Bureau, C., Samson, R., Morris, C.E., Jacques, M. (2007) Contamination of bean seeds by *Xanthomonas axonopodis* pv. phaseoli associated with low bacterial densities in the phyllosphere under field and greenhouse conditions. *Eur. J. Plant. Pathol.* 119: 203–215.
- Darsonval, A., Darrasse, A., Meyer, D., Demarty, M., Durand, K., Bureau, C., Manceau, C., and 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. *Appl. Environ. Microbiol.* 74:2669-2678.
- Dawo, M.I., Sanders, F.E., Pilbeam, D.J. (2007) Yield components and plant architecture in the F₃ generation of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) derived from a cross between the determinate cultivar 'Prelude' and an indeterminate landrace. *Euphytica*.156 (77-87).
- Debouck, D.G. (1986) *Phaseolus* germplasm exploration. In: gepts, P. (Ed.). Genetic resources of *Phaseolus* beans. Dordrecht: Kluwer, p. 3-29.
- Debouck, D.G. (1986) Primary diversification of *Phaseolus* in the Americas: three centers? *Plant Genetic Resources Newsletter*. 67: 2-8.
- Debouck, D.G. (1991) Systematics and morphology. In: SCHOONHOVEN, A. van; VOYSEST, O. (Ed.). Common beans: research for crop improvement. Cali: CIAT. p.55-118.
- Diaz, C.G., Bassanezi, R.B., Godoy, C.V., Lopes, D.B., Bergamin Filho, A. (2001) Quantificação do efeito do cretamento bacteriano comum na eficiência fotossintética e na produção do feijoeiro. *Fitopatologia Brasileira*. 26(1): 71-76.
- Dreo T., Gruden K., Manceau C., Janse J.D., Ravnkar M., (2007) Development of a real-time PCR method for detection of *Xylophilus ampelinus*. *Plant Pathology*. 56: 9-16.

- El-Tohamy, W.A., El-Greadly, N.H.M. (2007) Physiological Responses, Growth, Yield and Quality of Snap Beans in Response to Foliar Application of Yeast, Vitamin E and Zinc under Sandy Soil Conditions. *Australian Journal of Basic and Applied Sciences*. 1(3): 294-299.
- Embrapa Hortaliças: tabela de composição nutricional das hortaliças (2006) http://www.cnpq.embrapa.br/paginas/serie_documentos/outros/tabela_nutricional.pdf em 18/12/2012 página mantida pela Embrapa.
- Falconer, D. S. *Introdução a genética quantitativa*. Viçosa: UFV, 1981. 279 p.
- FAO (2010) http://www.fao.org/index_en.htm. Página mantida pela FAO.
- Ferreira, C.F., Pereira, M.G., Santos, A.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. da S. dos, 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.
- Filgueira, F.A.R. (2003). *Novo manual de olericultura: Agrotecnologia Moderna na produção e comercialização de hortaliças*. Viçosa. Editora UFV, 412p.
- Fininsa, C. (2003) Relationship between common bacterial blight severity and bean yield loss in pure stand and bean - maize intercropping systems. *International Journal of Pest Management*. 49(3) 177–185.
- Francelino, F.M.A., Gravina, G. de A., Manhães, C.M.C., Cardoso, P.M.R., Araújo, L.C. de (2011) Avaliação de linhagens de feijão-de-vagem para as regiões Norte e Noroeste Fluminense. *Revista Ciência Agronômica*. 42(2).

- Freitas, F de O. (2006) Evidências genético-arqueológicas sobre a origem do feijão comum no Brasil. *Pesquisa agropecuária brasileira*. 41(7): 1199-1203.
- 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.
- Gepts, P., Debouck, D.G. (1991) Origin, domestication, and evolution of the common bean (*Phaseolus vulgaris*). In: SCHOONHOVEN, A. van; VOYSEST, O. (Ed.). *Common beans: research for crop improvement*. Cali: CIAT, p.7-53.
- Gilbertson, R. L., Maxwell, D. P. (1992) Common bacterial blight of bean. *Plant diseases of international importance. Volume II. Diseases of vegetables and oil seed crops*. p. 18-39.
- Gravina, G. de A., Martins Filho, S., Sedyama, C.S., Damião Cruz, C.D. (2004) Parâmetros genéticos da resistência da soja a *Cercospora sojina*. *Pesquisa agropecuária brasileira*. 39(7):653-659
- Grusak, M. A., Pezeshgi, S., O'brien, K. O., Abrams, S. A. (1996) Intrinsic ⁴²Ca- Labelling of green bean pods for use in human bioavailability studies. *Journal of the Science of Food and Agriculture*. 70(1): 11-15.
- Honma, S. A. (1956) A bean interespecific hybrid. *Journal of Heredity*. 47(5): 217-220.
- Jost, E., Ribeiro, N.D., Maziero, S.M., Cerutti, T., Rosa, D.P. (2009) Efeitos gênicos do teor de cálcio em grãos de feijão. *Ciência Rural*. 39(1): 31-37.
- Juhász, A.C.P., Silva, D.J.H. de, Zerbini Júnior, F.M., Carneiro, P.C.S., Soares, B.O., Cruz, C.D. (2008) Base genética da resistência de um acesso de tomate silvestre ao mosaico-amarelo do pimentão. *Pesq. agropec. Bras.* 43(6): 713-720.

- Jung, G., Coyne, D.P., Skroch, P.W., Nienhuis, J., Arnaud-Santana, E., Bokosi, J., Ariyaratne, H.M., Steadman, J.R., Beaver, J.S., Kaeppler, S.M. (1996) Molecular Markers Associated with Plant Architecture and Resistance to Common Blight, Web Blight, and Rust in Common Beans. *J. Amer. Soc. Hort. Sci.* 121(5):794–803.
- 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 Research.* 82 (2003) 135–154.
- Kobayasti, L.M., Souza, R. M. de, Santos, J. B. dos (1999) Avaliação de cultivares e linhagens de feijoeiro quanto à reação foliar e de vagens à *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* var. *fuscans*. *Ciênc. e Agrotec.* 23(1): 40-47.
- Krause, W., Rodrigues, R., Leal, N.R. (2012) Capacidade combinatória para características agronômicas em feijão-de-vagem. *Revista Ciência Agronômica.* 43(3): 522-531.
- Kurek, A.J., Carvalho, F.I.F. de, Assmann, I.C., Cruz, P.J. (2001) Capacidade combinatória como critério de eficiência na seleção de genitores em feijoeiro. *Pesquisa Agropecuária Brasileira.* 36: 645-651.
- Leal, N.R., Bliss, F. (1990) Alessa: nova cultivar de feijão-de-vagem. *Horticultura brasileira.* 8(1):29-30.
- Lobo, V. L. S., Giordano, L. B., Lopes, C. A. (2005) Herança da resistência à mancha-bacteriana em tomateiro. *Fitopatologia Brasileira.* 30: 343-349.
- Londero, P.M.G., Ribeiro, N.D., Cargnelutti Filho, A., Rodrigues, J. de A., Antunes, I.F. (2006) Herdabilidade dos teores de fibra alimentar e rendimento de grãos em populações de feijoeiro. *Pesq. agropec. bras.* 41:(1) 51-58.
- Londero, P.M.G., Ribeiro, N.D., Cargnelutti, A. (2008) Teores de fibra e rendimento de grãos em populações de feijão. *Ciênc. Agrot.* 32(01):167-173.

- Lorencetti, C., Carvalho, F.I.F. de, Oliveira, A.C. de, Valério, I.P., Hartwig, I., Marchioro, V.S., Vieira, E.A. (2006) Retrocruzamento como uma estratégia de identificar genótipos e desenvolver populações segregantes promissoras em aveia. *Ciência Rural*. 36(4): 1118-1125.
- 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. *Journal of Phytopathology*. 154: 35 - 44.
- Maluf, W.R. (1994) Melhoramento do Feijão-vagem: melhoramento de hortaliças. Lavras: UFLA (Apostila).
- Mariguele, K.H., Maluf, W.R., Gomes, L.A.A., Lopes, M.J.C., Melo, O.D. de (2008) Controle genético da qualidade da vagem em cruzamento de feijão-vagem e feijão-comum. *Pesq. agropec. Bras.* 43(1): 47-52.
- Marin, A.L.A., Costa, M.R., Menarim, H., Moreira, M.A., Barros, E.G. (2003) Herança da Resistência à Antracnose na Cultivar de Feijoeiro Comum Cornell 49-242. *Fitopatologia brasileira*. 28(3): 302-306.
- Marquez, M.L., Teran, H., Singh, S.P. (2007) Selecting Common Bean with Genes of Different Evolutionary Origins for Resistance to *Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli*. *Crop Science*. 47.
- Mendes, F.F., Ramalho, M.A.P., Abreu, A. de F.B. (2009) Índice de seleção para escolha de populações segregantes de feijoeiro-comum. *Pesq. agropec. bras.* 44(10): 1312-1318.
- Mildred Zapata, M., Beaver, J.S., Porch, T.G. (2011) Dominant gene for common bean resistance to common bacterial blight caused by *Xanthomonas axonopodis* pv. *Phaseoli*. *Euphytica*. 179:373–382.

- Miglioranza, E., Araujo R., Endo R.M., Souza J.R.P., Montanari, M.A. (2003) Teor de cálcio em frutos de diferentes cultivares de feijão-vagem. *Horticultura Brasileira*, 21(2): 158-161.
- 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.
- Miklas, P.N., Kelly, J.D., Beebe, S.E., Blair, M.W. (2006) Common bean breeding for resistance against biotic and abiotic stresses: From classical to MAS breeding *Euphytica*. 147: 105–131.
- 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., Vanconcelos, M.E.C., Geus, L.C., Botti, L. (2009) Potencial agrônômico e divergência genética entre genótipos de feijão-vagem de crescimento determinado. *Semina*. 30 (1): 1051-1060.
- Moore, M. A., Park, C. B., Tsuda, H. (1998) Soluble and insoluble fiber influences on cancer development. *Critical Reviews in Oncology/Hematology*. 27(3): 229-242.
- Mutlu, N.; Miklas, P.; Reiser, J.; Coyne, D. (2005) Backcross breeding for improved resistance to common bacterial blight in pinto bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Plant Breeding*. 124: 282 – 287.
- Nodari, R.O., Tasi, S.M., Guzman, P., Gilbertson, R.L., Gepts. P. (1993) Toward an integrated linkage map of common bean. III. Mapping genetic factors controlling host–bacteria interactions. *Genetics*. 134:341–350.

- O'Boyle, P.D.; Kelly, J.D.; Kirk, W.W. (2007) Use of Marker-assisted Selection to Breed for Resistance to Common Bacterial Blight in Common Bean. *J. Amer. Soc. Hort. Sci.* 132(3):381–386.
- Oliveira, A.P., Andrade, A.C., Tavares Sobrinho, J., Peixoto, N. (2001) Avaliação de linhagens e cultivares de feijão-vagem, de crescimento indeterminado, no município de Areia-PB. *Horticultura Brasileira.* 19(2): 159-162.
- Oliveira, R.L. de, Muniz, J.A., Andrade, M.J.B. de, Reis, R. L. dos (2009) Precisão experimental em ensaios com a cultura do feijão. *Ciênc. agrotec.* 33(1): 113-119.
- 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.
- Passos, A.R., Silva, S.A., Souza, C. da S., Souza, C.M.M. de, Fernandes, L. dos S. (2010) Parâmetros genéticos de caracteres agronômicos em genótipos de mamoneira. *Pesquisa agropecuária brasileira.* 45:7.
- 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, p. 493-503.
- Pegoraro, D.G., Neto, J.F.B., Dal Soglio, F.K., Vacaro, E., Nuss, C.N., Conceição, L.D.H. (2002) Herança da resistência à mancha-foliar de feoféria em milho. *Pesq. agropec. Bras.* 37(3): 329-336.
- Pereira, R.B., Pinheiro, J.B. (2012) Manejo integrado de doenças em hortaliças em cultivo orgânico. Circular Técnica, Brasília- DF. 12p

- Peixoto, N., Braz, L.T., Banzatto, D.A., Moraes, E.A., Moreira, F. da M. (2002) Resposta de feijão-vagem a diferentes níveis de fertilidade. *Horticultura Brasileira*. 20 (4).
- Pérez-Vega, E., Pañeda, A., Rodríguez-Suárez, C., Campa, A., Giraldez, R., Ferreira, J.J. (2010) Mapping of QTLs for morpho-agronomic and seed quality traits in a RIL population of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Theor Appl Genet*. 120:1367–1380.
- Pimentel-Gomes, F. (1990) Curso de estatística experimental. 13.ed. Piracicaba: Nobel. 468p.
- 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.
- Prela, A., Ribeiro, A.M.A. (2002) Determinação de graus-dia acumulados e sua aplicação no planejamento do cultivo de feijão-vagem (*Phaseolus vulgaris* L.) para Londrina-PR. *Revista Brasileira de Agrometeorologia*. 10(1): 83-86.
- Queiroga; J.L., Romano, E.D.U., Souza, J.R.P., Miglioranza, E. (2003) Estimativa da área foliar do feijão-vagem (*Phaseolus vulgaris* L.) por meio da largura máxima do folíolo central. *Horticultura Brasileira*. 21(1).
- Rainey, K.M., Griffiths, P.D. (2005) Inheritance of Heat Tolerance during Reproductive Development in Snap Bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *JASHS*. 130(5): 700-706.
- Ramalho, M. A. P., Santos, J. B., Zimmermann, M. J. O. (1993) *Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicações ao melhoramento do feijoeiro*. Goiânia: UFG, 271p.
- Raposo, F.V., Ramalho, M.A.P., Abreu, A de F.B. (2000) Comparação de métodos de condução de populações segregantes do feijoeiro. *Pesq. agropec. bras.* 35: (10): 1991-1997.

- 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.
- Ribeiro, N.D., Antunes, I.F., Poersch, N.L., Rosal, S.S., Teixeira, M.G., Gomes, A.L. da S. (2008) Potencial de uso agrícola e nutricional de cultivares crioulas de feijão. *Ciência Rural*. 38(3): 628-634.
- Ribeiro, N.D. (2010) Potencial de aumento da qualidade nutricional do feijão por melhoramento genético. *Semina: Ciências Agrárias*. 31: 1367-1376.
- Riva, E.M. (2002) *Análise de gerações para reação à mancha bacteriana e outros caracteres agronômicos em Capsicum annum L.* Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal). Campos dos Goytacazes, RJ. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF. p. 91.
- Rocha, M.R., Carvalho, K.J.M. de, Freire Filho, F.R., Lopes, A.C. de A., Gomes, R.L.F., Sousa, I. da S. (2009) Controle genético do comprimento do pedúnculo em feijão-caupi. *Pesq. agropec. bras.* 44(3): 270-275.
- Rodrigues, R. *Análise genética da resistência ao crestamento bacteriano comum e outras características agronômicas em Phaseolus vulgaris L.* Campos dos Goytacazes, RJ: UENF, 1997 103p. (Tese doutorado).
- Rodrigues, R., Leal, N.R., Pereira, M.G., Lam-Sánchez, A. (1999) Combining ability of *Phaseolus vulgaris* L. for resistance to common bacterial blight. *Genet. Mol. Biol.* 22(4).
- Rodrigues, R., Leal, N.R., Pereira, M.G. (1998) Análise dialélica de seis características agronômicas em *Phaseolus vulgaris* L. *Bragantia*. 57(2).

- Rodrigues, L.S., Antunes, I.F., Teixeira, M.G., Silva, J.B. da (2002) Divergência genética entre cultivares locais e cultivares melhoradas de feijão. *Pesq. agropec. bras.* 37(9): 1275-1284.
- 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.
- Rosal, C.J. De S., Ramalho, M.A.P., Gonçalves, F.M.A., Abreu, A. De F.B. (2000) Seleção precoce para a produtividade de grãos no feijoeiro. *Bragantia.* 59(2):189-195.
- Santos, A.S., Bressan-Smith, R.E., Pereira, M.G., Rodrigues, R., Ferreira, C.F. (2003) Genetic linkage map of *Phaseolus vulgaris* and identification of QTLs responsible for resistance to *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*. *Fitopatol. bras.* 28(1).
- Santos, F.F., Matos, M.J.L.F., Melo, M.F., Lana, M.M., Luengo, R.F.A., Tavares, S.A. (2002) Feijão-de-vagem: <<http://www.emater.df.gov.br/ecndicasind.html#>>. em 06/08/ 2012 página mantida pela Emater.
- Santos, D., Haesbaert, F.M., Lúcio, A.D., Storck, L., Cargnelutti Filho, A. (2012) Tamanho ótimo de parcela para a cultura do feijão-vagem. *Revista Ciência Agronômica.* 43(1).
- Sebastiá, V., Barberá, R., Farré, R., Lagarda, M. J. (2001) Effects of legume processing on calcium, iron and zinc contents and dialysabilities. *Journal of the Science of Food and Agriculture.* 81(12): 1180-1185.
- Shaner, G.; Finney, R. F. (1977) The effects of nitrogen fertilization on the expression of slow-mildewing in knox wheat. *Phytopathology.* 70: 1183-1186.

- Shi, C., Yu, K., Xie, W., Perry, G., Navabi, A., Pauls, K.P., Miklas, P.N., Fourie, D. (2012) Development of candidate gene markers associated to common bacterial blight resistance in common bean. *Theor Appl Genet.* 125 (7): 525-1537.
- Silbernagel, M.J. (1996) Snap bean breeding. In: BASSETT, M.J. (Ed.). Breeding vegetable crops. Westport: The AVI, p.243-282.
- Sistema IBGE de Recuperação automática (SIDRA) (2006): <http://www.sidra.ibge.gov.br/bda/tabela/listabl.asp?z=t&o=19&i=P&c=818> em 12/10/2012 página mantida pelo IBGE.
- Silva, S.A.G., Rava, C.A., Costa, J.G.C., Morais, O.P. (1999) Herança da resistência ao cretamento bacteriano comum. *Fitopatologia Brasileira.* 24:38-44.
- Silva, A. da, Santos, I. dos, Balbinot, A.L., Matei, G., Oliveira, P.H. de. (2009a) Reação de genótipos de feijão ao cretamento bacteriano comum, avaliado por dois métodos de inoculação. *Ciênc. agrotec.* 33: 2019-2024.
- Silva, C.A., Abreu, A. de F.B., Ramalho, M.A.P. (2009C) Associação entre arquitetura de planta e produtividade de grãos em progênies de feijoeiro de porte ereto e prostrado. *Pesq. agropec. bras.* 44(12):1647-1652.
- Silva, M.P. da, Amaral Júnior, A. T. do, Rodrigues, R., Pereira, M. G., Viana, A. P. (2004a) Genetic control on morphoagronomic traits in snap bean. *Braz. arch. biol. technol.* 47(6).
- Silva, M.P., Amaral Júnior, A.T., Rodrigues, R., Daher, R.F., Leal, N.R., Schuelter, A.R. (2004b) Análise dialélica da capacidade combinatória em feijão-de-vagem. *Horticultura Brasileira.* 22(2): 277-280.
- 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., Gutierrez, J.A., Molina, A., Urrea, C., Gepts, P. (1991) Genetic diversity in cultivated common bean. II. Marker-based analysis of morphological and agronomic traits. *Crop Science*. 31: 23-29.
- Singh, B.B., Ishiyaku, M.F. (2000) Genetics of rough seed coat texture in cowpea. *Journal of Heredity*. 91:170-174.
- Singh, S. P. (2001) Broadening the genetic base of common bean cultivars: a review. *Crop Science*. 41(6): 1659-1675.
- Souza, J. C. de, Duarte, J.M. (2002) Reação de cultivares de milho a *Phaeosphaeria maydi*. *Ciênc. agrotec.* 26(2): 325-331
- Suzuki, K., Takeda, H., Tsukaguchi, T., Egawa, Y. (2001) Ultrastructural study on degeneration of tapetum in anther of snap bean (*Phaseolus vulgaris* L.) under heat stress. *Sex Plant Reprod.* 13:293–299.
- 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.
- Theodoro, G. de F. (2004) Reação de cultivares locais de feijão a *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*, em condições de campo. *Revista brasileira Agrociência*, 10(3): 373-375.
- Toledo, M.R., Tancredi, F.D., Sedyama, T., Ribeiro Júnior, J.I., Reis, M.S. (2009) Remoção do meristema apical e adensamento em plantas de soja visando sua utilização no método descendente de uma única semente. *Acta Scientiarum. Agronomy*. 31(1): 113-119.
- Torga, P.P., Santos, J.B. dos, Pereira, H.S., Ferreira, D.F., Leite, M.E. (2010) Seleção de famílias de feijoeiro baseada na produtividade no tipo de grãos e informações de QTLs. *Ciênc. agrotec.* 34(1): 95-100.

- Trindade, R. Dos S., Rodrigues, R., Amaral Júnior, A. T. do, Gonçalves, L. S. A., Daher, R.F., Sudré, C. P. (2012) Critical disease components of common bacterial blight to effectively evaluate resistant genotypes of snap bean. *J Gen Plant Pathol.* 78:201–206.
- Tsukaguchi, T., Kawaamitsu, Y., Takeda, H., Suzuki, K., Egawa, Y. (2003) Water status of flower buds and leaves as affected by high temperature in heat-tolerant and heat-sensitive of snap bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Plant Prod. Sci.* 6(1): 24-27.
- Valentini, G., Baldissera, J.N. da, Morais, P.P.P., Stähelin, D., Heidemann, J.C., Stenger, F., Elias, H.T., Guidolin, A.F., Coimbra, J.L.M. (2011) Herança da resistência em feijoeiro à murcha causada por *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens*. *Pesq. agropec. bras.* 46(9): 1045-1052.
- Viana, J.M.S. (2000) Generation mean analysis in relation to polygenic systems with epistasis and fixed genes. *Pesq. agropec. Bras.* 35(6): 1159-1167.
- 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. do, Freitas Júnior, S. de P., Viana, A.P., Pereira, M.G., Silva, M.G. de M. (2009) Selection of snap bean recombined inbred lines by using EGT and SSD. *Euphytica.* 165:21-26.
- Zapata, M., Beaver, J.S., Porch, T.G. (2011) Dominant gene for common bean resistance to common bacterial blight caused by *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*. *Euphytica.* 179:373–382.
- Zimmermann, M.J.O., Carneiro, J.E.S., Peloso, M.J., Costa, J.G.C., Rava, C.A., Sartorato, A., Pereira, P.A.A. (1996) Melhoramento genético e cultivares. In: ARAÚJO, R.S.; RAVA, C.A.; STONE, L.F.; ZIMMERMANN, M.J.O. eds. *Cultura do feijoeiro comum no Brasil*. Piracicaba: Associação Brasileira para Pesquisa da Potassa e do Fosfato, p.223-273.

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