

FONTES DE RESISTÊNCIA, MÉTODOS DE INOCULAÇÃO E  
CAPACIDADE DE COMBINAÇÃO PARA A RESISTÊNCIA À  
MURCHA-DE-CURTOBACTERIUM EM FEIJÃO-DE-VAGEM

**WILLIAN KRAUSE**

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE  
DARCY RIBEIRO - UENF

CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ  
SETEMBRO – 2008

FONTES DE RESISTÊNCIA, MÉTODOS DE INOCULAÇÃO E  
CAPACIDADE DE COMBINAÇÃO PARA A RESISTÊNCIA À  
MURCHA-DE-CURTOBACTERIUM EM FEIJÃO-DE-VAGEM

WILLIAN KRAUSE

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

Orientador: Prof. Nilton Rocha Leal

CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ  
SETEMBRO – 2008

FONTES DE RESISTÊNCIA, MÉTODOS DE INOCULAÇÃO E  
CAPACIDADE DE COMBINAÇÃO PARA A RESISTÊNCIA À  
MURCHA-DE-CURTOBACTERIUM EM FEIJÃO-DE-VAGEM

WILLIAN KRAUSE

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

Aprovada em 26 de setembro de 2008.

Comissão Examinadora:

---

Prof. Ney Sussumu Sakiyama (D.Sc., Melhoramento de Plantas) - UFV

---

Prof<sup>a</sup> Rosana Rodrigues (D.Sc., Produção Vegetal) – UENF

---

Prof. Antônio Teixeira do Amaral Júnior (D.Sc., Melhoramento de Plantas) –  
UENF

---

Prof. Nilton Rocha Leal (Ph.D., Melhoramento de Plantas) - UENF  
Orientador

## AGRADECIMENTOS

À Deus, pelo sustento e força nos momentos difíceis;

À UENF e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, pela oportunidade de fazer este curso;

À Universidade do Estado de Mato Grosso/Departamento de Agronomia, pela liberação para que eu pudesse realizar os trabalhos;

Ao professor Nilton Rocha Leal, pela orientação e os conhecimentos transmitidos;

À professora Rosana Rodrigues, pela paciência e o seu empenho para a realização deste trabalho;

Aos professores Ney Sussumu Sakiyama e Antônio Teixeira do Amaral Júnior, pelas excelentes sugestões para o enriquecimento do trabalho;

Aos professores Messias, Telma, Alexandre, Amaral, pela compreensão e pela contribuição na minha formação;

Aos técnicos Cláudia, Jader, Zé Manuel, pelo grande auxílio na realização dos experimentos;

Ao colega Francisco Valdevino Bezerra Neto, que esteve sempre disposto em me ajudar;

Ao professor José Airton Rodrigues Nunes e ao colega Leandro, pelo grande auxílio nas análises estatísticas;

Aos colegas pelo excelente convívio;

À minha esposa, pelo companheirismo durante todo o tempo;

Aos meus pais, pelo apoio durante toda esta jornada para que eu pudesse chegar a este momento;

À todos os membros da Igreja Cristã Maranata de Campos, que se tornaram também minha família.

## SUMÁRIO

RESUMO.....	vi
ABSTRACT.....	viii
1. INTRODUÇÃO.....	1
2. REVISÃO DE LITERATURA.....	4
2.1. Feijão-de-vagem ( <i>Phaseolus vulgaris</i> L.): origem e aspectos botânicos.....	4
2.2. Doenças como fatores limitantes à produção em <i>Phaseolus vulgaris</i> L.....	7
2.3. <i>Curtobacterium flaccumfaciens</i> pv. <i>flaccumfaciens</i> e a murcha-de-curtobacterium.....	11
2.4. Resistência genética a <i>Curtobacterium flaccumfaciens</i> pv. <i>flaccumfaciens</i> em <i>P. vulgaris</i> .....	16
2.4.1. Métodos de inoculação e avaliação de murcha-de-curtobacterium.....	18
2.5. Os cruzamentos dialélicos: sua importância para o melhoramento e os principais métodos de análise.....	20
3. IDENTIFICAÇÃO DE FONTES DE RESISTÊNCIA E AVALIAÇÃO DE MÉTODOS DE INOCULAÇÃO DE <i>Curtobacterium flaccumfaciens</i> pv. <i>flaccumfaciens</i> EM FEIJÃO-DE-VAGEM.....	23
RESUMO.....	23

ABSTRACT.....	24
INTRODUÇÃO.....	24
MATERIAL E MÉTODOS.....	26
RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	28
CONCLUSÕES.....	33
AGRADECIMENTOS.....	33
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	33
4. CARACTERIZAÇÃO AGRONÔMICA, AVALIAÇÃO DA RESISTÊNCIA À MURCHA-DE CURTOBACTERIUM E ESTIMATIVA DA DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM FEIJÃO-DE-VAGEM.....	36
RESUMO.....	36
ABSTRACT.....	37
INTRODUÇÃO.....	38
MATERIAL E MÉTODOS.....	39
RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	42
CONCLUSÕES.....	50
AGRADECIMENTOS.....	50
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	50
5. CAPACIDADE COMBINATÓRIA EM FEIJÃO-DE-VAGEM PARA CARACTERES AGRONÔMICOS E RESISTÊNCIA À MURCHA-DE-CURTOBACTERIUM.....	53
RESUMO.....	53
ABSTRACT.....	54
INTRODUÇÃO.....	55
MATERIAL E MÉTODOS.....	57
RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	63
CONCLUSÕES.....	78
AGRADECIMENTOS.....	78
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	79
6. RESUMO E CONCLUSÕES.....	83
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	86

## RESUMO

KRAUSE, Willian; Eng. Agrônomo, D.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; setembro de 2008; Fontes de resistência, métodos de inoculação e capacidade de combinação para a resistência à murcha-de-curtobacterium em feijão-de-vagem; Professor orientador: Nilton Rocha Leal; Co-orientação: Rosana Rodrigues; Antônio Teixeira do Amaral Júnior.

A murcha-de-curtobacterium, causada pela bactéria *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* (Cff), tem se apresentado como uma importante ameaça às lavouras de feijoeiro. Na busca de novos genótipos de feijão-de-vagem de crescimento determinado resistentes à murcha-de-curtobacterium e adaptados a diferentes condições ambientais, torna-se necessário a implementação de um programa de melhoramento genético. A caracterização dos materiais existentes e a estimativa da divergência genética permitem a escolha de genitores de modo que se obtenha o máximo efeito heterótico e maior probabilidade de que genótipos superiores sejam encontrados nas gerações segregantes. Estudos genéticos da resistência são básicos para a definição dos métodos de melhoramento a serem adotados. O dialelo possibilita a obtenção de informações com base no comportamento “*per se*” de um grupo de genitores, além de considerar a capacidade de combinação ao formar híbridos. Na primeira parte deste trabalho, foi avaliada a resistência de genótipos de feijão-de-vagem em relação à murcha-de-curtobacterium e definido o método de inoculação mais adequado. Observou-se que os genótipos ‘Novirex’ (N), ‘IAC Carioca Tybatã’ (I) e ‘Amarelo Baixo’ (AB) foram identificados como resistentes e



o método de 'palito de dente' teve boa discriminação entre os genótipos resistentes e suscetíveis e apresentou rapidez e facilidade na execução. Na segunda etapa, os genótipos foram caracterizados para oito descritores agronômicos e avaliados quanto à reação à murcha-de-curtobacterium. Também foi estimada a divergência genética, determinada a importância relativa das características estudadas na distinção dos genótipos e indicado potenciais genitores para estabelecer um programa de melhoramento do feijão-de-vagem para resistência à murcha-de-curtobacterium. Houve a formação de seis grupos dos genótipos tanto pelo método UPGMA como pelas variáveis canônicas; a divergência genética entre os genótipos de feijão-de-vagem foi quantificada pelas duas primeiras variáveis canônicas; as características que mais contribuíram para a divergência genética entre os genótipos foi altura de plantas, dias para colheita, número de vagens total e número de vagens por planta; os genótipos 'Cota' (C), 'UEL 1' (U), 'Manteiga Baixo' (M) e 'Novirex' (N) apresentaram bom desempenho para as características desejáveis e divergência genética, sendo indicados para o uso no programa de melhoramento genético. Avaliou-se a capacidade combinatória entre genitores e híbridos de feijão-de-vagem, por meio de análise dialélica, quanto à resistência à murcha-de-curtobacterium e caracteres agronômicos. Considerando-se as características agronômicas, os genitores 'UEL 1' e 'Novirex' foram os mais indicados para compor programas de melhoramento que visem obter populações promissoras para o desenvolvimento de linhagens superiores. Para a característica reação de resistência a *Cff*, os genitores foram 'Novirex', 'Manteiga Baixo' e o 'IAC Carioca Tybatã'. As combinações MxN e MxU foram as que mais se destacaram para a maioria das características agronômicas avaliadas com relação aos valores da CEC, além de terem como genitores 'UEL 1' e 'Novirex', que tiveram as melhores médias e os melhores valores da CGC. Para a característica reação à *Cff*, as combinações MxN e MxC se destacaram, apresentando estimativas negativas de  $\hat{s}_{ij}$  e por terem como genitores 'Novirex' e 'Manteiga Baixo,' que obtiveram as melhores médias e as estimativas negativas de  $\hat{g}_i$ .

## ABSTRACT

KRAUSE, Willian; D.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; September, 2008; Resistance sources, inoculation methods and combining ability for bacterial wilt resistance in snap bean. Adviser: Nilton Rocha Leal; Committee Members: Rosana Rodrigues and Antônio Teixeira do Amaral Júnior.

The bacterial wilt, a disease caused by *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* (*Cff*), is becoming a serious problem in bean cultivation areas. In order to select snap bean genotypes resistant to bacterial wilt, with determined growth habit and adapted to different environment conditions, it is necessary the implementation of a genetic breeding program to this crop. The genotypes characterization and the estimation of genetic divergence allow the selection of genitors with maximum heterotic effect and a better probability to find superior genotypes in the segregant populations. Genetic studies about resistance are necessary to select the genetic breeding methods that will be implemented. The diallel analysis generates information about the genitors' individual performance and their combining ability during the hybrid formation. During the first part of this work, it was evaluated the resistance of snap bean genotypes to bacterial wilt and the most accurate inoculation method was defined. The genotypes Novirex (N), IAC Carioca Tybatã (I) and Amarelo Baixo (AB) were considered resistant. The toothpick inoculation method allowed an efficient discrimination among resistant and susceptible genotypes and it was also fast and easy to be performed. In the second stage, the snap bean genotypes were characterized, using eight

agronomic descriptors and they were evaluated regarding to their reaction to the bacterial wilt. In addition, the genetic divergence among snap bean genotypes was estimated, the relative importance of the studied traits was determined and the potential parents to establish a snap bean breeding program for bacterial wilt resistance were indicated. The genotypes were clustered in six groups, using both UPGMA and canonical variables. The genetic divergence among the snap bean genotypes was explained by the first two canonical variables. The traits with the largest contribution to this genetic divergence were plant height, days for harvesting, total pod number and pod number per plant. The genotypes Cota (C), UEL1 (U), Manteiga Baixo (M) and Novirex (N) had a good performance for desirable agronomic traits and genetic divergence. They were recommended to be used in the snap bean breeding program. The combining ability among snap bean genitors and hybrids was also evaluated, using the diallel cross, considering the agronomic traits and the bacterial wilt resistance. Considering the agronomic aspects, UEL1 and Novirex were the most promising genotypes to be used in a breeding program to develop superior inbred lines. For bacterial wilt resistance, the best parents were Novirex (N), Manteiga Baixo (M) and IAC Carioca Tybatã (I). The hybrid combinations MxN and MxU had the best results for almost all agronomic traits, considering the specific combining ability, while the genitors UEL 1 and Novirex had the best means and values of general combining ability. For bacterial wilt resistance, the combinations MxN and MxC had the best performances, due to their negative estimates of  $\hat{s}_{ij}$  and the fact that the genitors Novirex and Manteiga Baixo had the best means and negative estimates of  $\hat{g}_i$ .

## 1. INTRODUÇÃO

As cultivares arbustivas são adaptadas à mecanização intensiva, da semeadura até a colheita (em outros países), com custo de produção reduzido (Pinto et al., 2001). O cultivo dessas cultivares pode ser uma alternativa para a indústria, desde que haja disponibilidade de genótipos de boa qualidade para o consumo da vagem fresca, congelada ou industrializada, o que é comum em vários países do mundo (Silbernagel et al., 1991; Traka-Mavrona et al., 2000; Zdravković et al., 2005; Ferreira et al., 2006). No caso de outros países, onde o cultivo é mecanizado e ocorre processamento industrial do produto final, tem-se direcionado esforços no melhoramento para obter cultivares de hábito de crescimento determinado, com concentração da maturação das vagens e uniformidade no tamanho e na forma da vagem (Traka-Mavrona et al., 2000).

A espécie *Phaseolus vulgaris* L. é extremamente diversificada em termos de métodos de cultivo, utilização e ambientes, sendo cultivada desde o nível do mar a altitudes acima de 3000 metros, tanto em monocultura, consorciada ou em rotação com outras espécies. Nesta espécie fazem parte tanto o feijão comum quanto o feijão-de-vagem. Contudo, no feijão comum colhe-se as vagens secas e no feijão-de-vagem colhe-se as vagens verdes (Broughton et al., 2003; Koutsika-Sotiriou & Traka-Mavrona, 2008).

Entre as várias doenças que causam problemas ao cultivo do feijão está a murcha-de-curtobacterium, cujo agente causal é a bactéria *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens*, que coloniza o sistema vascular e ocasiona a

murcha da planta (Souza et al., 2006; Deuner, 2007). Essa doença foi constatada em várias localidades produtoras de feijão nos Estados de São Paulo (Maringoni & Rosa, 1997), Paraná e Santa Catarina (Leite Jr. et al., 2001), Goiás e no Distrito Federal (Uesugi et al., 2003), apresentando-se, assim, como uma ameaça as lavouras de feijão.

O uso de genótipos resistentes tem sido uma das medidas mais eficientes e econômicas para o controle de muitas doenças de plantas e é também o método mais prático e econômico para controle da murcha-de-curtobacterium na cultura do feijoeiro (Souza et al., 2006). Num programa de melhoramento para a obtenção de cultivares resistentes há pontos importantes como a identificação de fontes de resistência, metodologia de inoculação e avaliação. Estudos genéticos da resistência são básicos para a definição dos métodos de melhoramento a serem adotados. Na escolha dos progenitores para hibridações e formação de populações segregantes, devem-se considerar, além da resistência, outras características como as qualidades para o consumo e/ou industrialização e adaptação das linhagens para a forma de cultivo e para a região a qual o programa de melhoramento visa atender (Traka-Mavrona et al., 2000; Zdravković et al., 2005).

Entretanto, para que um programa de melhoramento genético tenha êxito, com economia de recursos e tempo, é necessário que os cruzamentos sejam efetuados entre genitores com elevada capacidade de combinação (Allard, 1999). Entre os métodos de escolha de genitores, um dos mais eficientes e comumente utilizados em programas de melhoramento genético é a análise dialélica, que determina o potencial dos genitores em combinações híbridas, a ação gênica que controla os caracteres, a herança dos caracteres e a existência de heterose, e proporciona avanços para a seleção (Jaramillo et al., 2005). Existem vários métodos usados na análise de cruzamentos dialélicos, sendo que o método proposto por Griffing (1956) é um dos mais empregados. Esse método gera informações a respeito da capacidade geral de combinação dos genitores (CGC), função da concentração de genes predominantemente aditivos, e da capacidade específica de combinação (CEC), decorrente da concentração de genes, basicamente de efeito não aditivo (Ledo et al., 2003; Jung et al., 2007).

Considerando os aspectos acima, foi desenvolvido o presente trabalho, com os objetivos de:

a) estabelecer um método de inoculação da bactéria *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* para a identificação de genótipos resistentes e suscetíveis;

b) avaliar a reação à murcha-de-curtobacterium em cultivares e linhagens de feijão-de-vagem;

c) estimar a divergência genética entre os genótipos com base nos descritores agronômicos e na avaliação da resistência à murcha-de-curtobacterium;

d) determinar a importância relativa das características estudadas na distinção dos genótipos;

e) estimar parâmetros genéticos relacionados à resistência à murcha-de-curtobacterium; e,

f) avaliar a capacidade combinatória entre genitores e híbridos de feijão-de-vagem, por meio de análise dialélica, quanto à resistência à murcha-de-curtobacterium e caracteres agronômicos.

## 2. REVISÃO DE LITERATURA

### 2.1. Feijão-de-vagem (*Phaseolus vulgaris* L.): origem e aspectos botânicos

A origem evolutiva do gênero *Phaseolus* e sua diversificação primária ocorreram nas Américas. Dados sugerem que as cultivares atuais 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, Norte da Argentina). Um terceiro centro é ainda sugerido na região da Colômbia (Gepts, 1998; Santalla et al., 2004). Pesquisas moleculares, que têm como alvo principal o gene *Phs*, codificador da proteína faseolina, têm sido a ferramenta mais utilizada em estudos evolutivos sobre o feijão. Pelo menos dez tipos dessa proteína já foram encontrados em cultivares e populações silvestres de feijão, com uma alta correlação entre o tipo e o local geográfico de origem dos materiais, principalmente em relação ao material silvestre (Gepts et al., 1986, citado por Freitas, 2006).

O gênero *Phaseolus* está amplamente distribuído pelo mundo, sendo cultivado em regiões tropicais, subtropicais e temperadas, e em muitos locais é considerado alimento indispensável. Apesar de haver mais de 70 espécies silvestres do gênero *Phaseolus* descritas (Freytag & Debouck, 2002), apenas cinco são domesticadas: *Phaseolus vulgaris*, *Phaseolus coccineus*, *Phaseolus acutifolius*, *Phaseolus lunatus* e *Phaseolus dumosus*. Entre elas, o *Phaseolus vulgaris* é o mais importante, por ser a espécie cultivada mais antiga e também a

mais utilizada nos cinco continentes (Singh, 2001; Broughton et al., 2003; Acosta-Gallegos et al., 2007).

Assume-se que o feijão-de-vagem teve origem na América do Norte e na Europa, através de seleções de mutantes do feijão comum para qualidade da vagem, principalmente para a característica baixo teor de fibra na vagem (Silbernagel et al., 1991). De acordo com Atkin (1972), as primeiras cultivares de feijão-de-vagem foram comercializadas nos Estados Unidos em 1887. Estas cultivares serviram como genitores para as cultivares modernas.

Cerca de 76% do total das sementes de feijão-de-vagem rasteiras produzidas possuem germoplasma de somente três fontes: 'Tendercrop', 'Blue Lake' e 'Harvester', ou seja, a principal diversidade em feijão-de-vagem está em três grupos, ficando evidente que a cultura é potencialmente muito vulnerável a uma epidemia de doenças e pragas devido à estreita base genética das cultivares (Zaumeier, 1972, citado por Mayers & Baggett, 1999).

O conhecimento genético sugere que o feijão-de-vagem foi originado do feijão comum porque maiores mudanças genéticas seriam requeridas do feijão-de-vagem se fosse originado de espécies silvestres de feijão. Contudo, Singh et al. (1991) sugeriram que grupos de nativos americanos recolhiam originalmente das espécies silvestres de feijão comum suas vagens novas. Essas vagens novas poderiam requerer menor tempo para o cozimento, consideração importante para culturas pré-cerâmicas.

Grupos contemporâneos nas Américas e na África se alimentavam de folhas e vagens extremamente novas de feijão comum, sugerindo uma outra via para a origem do feijão-de-vagem. Estes grupos que permaneceram se alimentando dessas vagens novas de feijão comum tiveram mais tarde maturidade para selecionar plantas, causando a redução no teor de fibras das vagens. Genes que contribuía para vagens carnudas e suculentas poderiam ter sido selecionados também. Nativos americanos poderiam ter selecionado genótipos para duplo propósito (feijão-de-vagem e comum) ou para cultivares que acumulavam características apenas de feijão-de-vagem que os europeus refinaram mais tarde. Grande parte da exploração da diversidade no feijão-de-vagem parece ter acontecido na Europa após o período colombiano. Da Europa, o feijão-de-vagem foi disperso para o mundo (Gepts et al., 1988; Mayers & Baggett, 1999).



Num levantamento do banco de germoplasma do CIAT (Centro Internacional de Agricultura Tropical), realizado por Singh et al. (1991), foram encontrados poucos acessos de possíveis cultivares locais de feijão-de-vagem da América Central e do Sul. Assim, se o feijão-de-vagem esteve presente em todo o tempo pré-colombiano, foram provavelmente raros. Já com base no tipo da faseolina, o feijão-de-vagem foi derivado do centro de origem andino (Brown et al., 1982; Gepts et al., 1986). Contudo, em algumas cultivares contemporâneas de feijão-de-vagem, essa divisão de centro de origem andino do mesoamericano não está bem clara. Isto porque as análises com marcadores moleculares têm revelado o cruzamento entre os dois grupos (Skroch & Nienhuis, 1995). Esses cruzamentos podem ter ocorridos em programas de melhoramento primeiramente na Europa, nos Estados Unidos ou em ambos (Mayers & Baggett, 1999).

A classificação botânica do feijão-de-vagem é a mesma para o feijoeiro, tanto para o consumo de grãos secos quanto de vagens verdes. Classifica-se da seguinte maneira: Reino Vegetal; Ramo Embryophytae Syphonogamae; Subramo Angiospermae; Classe Dicotyledoneae; Subclasse Archichlamydeae; Ordem Rosales; Família Fabaceae; Subfamília Papilionoideae; Tribo Phaseoleae; Subtribo Phaseolineae; Gênero *Phaseolus* L.; Espécie *Phaseolus vulgaris* L. (Vieira et al., 2006).

Qualquer cultivar de feijão pode ser usada para colheita de vagens, porém, nem todas fornecerão produtos de boa qualidade. A cultura é denominada feijão-de-vagem quando se destina ao consumo do fruto ainda verde. Existem alguns grupos de feijão que produzem vagens verdes, lisas e tenras, com baixo teor de fibras, polpa espessa e formato alongado. As vagens de cor verde incluem a grande maioria das cultivares comerciais, sendo as mais populares para o consumo *in natura* e industrialização; as demais cores apresentam mercado restrito (Castellane et al., 1988; Carvalho et al., 1999; Abreu et al., 2004).

O feijão-de-vagem é uma planta autógama, diplóide ( $2n = 22$ ) e a espécie se multiplica por autofecundação, em geral com incidência muito baixa de polinização cruzada (Filgueira, 2008). A autogamia é devida à estrutura da flor, na qual os órgãos masculinos e femininos são bem protegidos pelas pétalas, e porque também os grãos de pólen começam a cair sobre o estigma, por ocasião da abertura da flor. A polinização ocorre quase na ocasião da abertura da flor e a fertilização se dá após 8-9 horas (Vieira et al., 2006).

As sementes do feijão-de-vagem são um pouco mais compridas que as do feijão para grãos; a planta apresenta caule volúvel, folhas trifoliadas e raízes superficiais.

## 2.2. Doenças como fatores limitantes à produção em *Phaseolus vulgaris* L.

Existem vários tipos de patógenos que causam doenças e acarretam perdas significativas na produção em *P. vulgaris*. Muitas doenças podem causar, dependendo das condições de ambiente, perdas totais na produção ou, então, dependendo do nível de contaminação, inviabilizar determinadas áreas para o cultivo (Paula Júnior & Zambolim, 2006).

Dentre as principais doenças que ocorrem em *P. vulgaris*, está a ferrugem, causada pelo fungo *Uromyces appendiculatus*, sendo a doença mais comum e destrutiva. Formam-se pequenas pústulas ferruginosas, salientes, na face inferior das folhas. Temperatura e umidade baixas favorecem a doença, que é mais severa durante o inverno. Dentre as medidas de controle da ferrugem, a utilização de cultivares resistentes tem recebido atenção dos pesquisadores por ser um método eficiente, seguro, barato e acessível a produtores de qualquer nível econômico (Faleiro et al., 2004; Melo, 2006; Costa, 2007). No entanto, a variabilidade patogênica deste fungo é ampla, onde mais de 250 raças já foram identificadas no mundo (Park et al., 2004). Mora et al. (1992) identificaram 53 raças fisiológicas em 80 isolados, oriundos de diferentes Estados do Brasil (SC, PR, SP, RJ, ES, GO e PE), sendo que apenas quatro raças foram identificadas em mais de um Estado.

Os alelos de resistência em *P. vulgaris* à *U. appendiculatus* e as cultivares onde foram descritos segundo Basset (2004) são: *Ur-1* (B 1627); *Ur-2* (B 2090); *Ur-22* (B 2055); *Ur-3* (Aurora, Equador 299, México 235, NEP2 e 51051); *Ur-4* (Early Gallatin NEP-2); *Ur-32* (PI 181996); *Ur-5* (México 309); *Ur-6* (Olate e Golden Gate Wax); *Ur-7* (GN 1140); *Ur-8* (U.S.#3); *Ur-9* (Pompadour Checa); *Ur-10* (Cape e Resisto) e *Ur-11* (PI 181996). No Brasil existem algumas cultivares de feijão comum como a Ouro Negro, IAPAR-80, IAPAR-81, IAC-Maravilha, IAC-Una, Novo Jalo, Corrente, Aporé e Vermelho-2157 (Bianchini et al., 2005). Estudos de herança têm mostrado o envolvimento de genes de efeito principal e genes de efeito secundário no controle genético da reação a *U. appendiculatus* (Faleiro et

al., 2001). Entretanto, diferentes padrões de resistência específica a raças individuais têm sido identificados: um único alelo dominante (Stavely & Pastor-Corrales, 1994), um único alelo recessivo (Zaiter et al., 1989), dois alelos dominantes complementares (Grafton et al., 1985) e dois alelos dominantes independentes (Grafton et al., 1985).

Especificamente para a cultura do feijão-de-vagem, algumas cultivares têm sido recomendadas como resistentes a *U. appendiculatus*. Dentre elas a cultivar Novirex apresenta resistência moderada à ferrugem (raças *Ua-3* e *Ua-4*) (Pinto et al., 2001), Cota, Alessa, Andra, Macarrão preferido (Carrijo, 1993), Belglade RR-1, Belglade RR-2 e Belglade RR-3 (genes de resistência *Ur-4*, *Ur-11*) (Scully et al., 2000).

A antracnose, causada pelo fungo *Colletotrichum lindemuthianum*, ocasiona pequenas manchas circulares pardas, que evoluem para cancrs deprimidos sobre as vagens, inutilizando-as para comercialização. Temperatura amena e alta pluviosidade favorece essa doença. A perda causada pela antracnose pode chegar a 100%, sendo uma das doenças mais importantes em *P. vulgaris* (Faleiro et al., 2004; Gonçalves-Vidigal & Kelly, 2006). O controle da antracnose pode ser conseguido através de práticas culturais, produtos químicos e cultivares resistentes (Bianchini et al., 2005).

Esse patógeno também apresenta raças fisiológicas, mas em número inferior ao apresentado pela ferrugem (Costa, 2007). Dez genes para a resistência ao *C. lindemuthianum* (*Co-1* a *Co-10*) já foram identificados e mapeados em diferentes grupos de ligação no genoma do feijoeiro e séries alélicas são conhecidas para os genes *Co-1*, *Co-3* e *Co-4* (Kelly & Vallejo, 2004; Miklas et al., 2006).

O gene *Co-2*, presente no cultivar Cornell 49-242, foi intensivamente utilizado como fonte de resistência à antracnose. Outros genes de resistência estão presentes nos cultivares Michigan Dark Red Kidney (gene *Co-1*), México 222 (gene *Co-3*), TO (gene *Co-4*), TU (gene *Co-5*), AB 136 (genes *Co-6* e *Co-8*), G 2333 (genes *Co-42*, *Co-5* e *Co-7*) e Ouro Negro (gene *Co-10*). Vários outros alelos foram identificados e estão presentes nas cultivares Kaboon (*Co-12*), Perry Marrow (*Co-13*), AND 277 (*Co-14*), México 227 (*Co-32*), Sel 1308 (*Co-42*) e PI 207.262 (*Co-43*) (Alzate-Marin et al., 2003; Bassett, 2004). A cultivar Ouro Negro

(Co-10) confere resistência a 14 dos 15 principais patótipos de *C. lindemuthianum* encontrados no Brasil (Alzate-Marin et al., 2003).

A cultivar de feijão-de-vagem chamada Widusa (Co-15) foi resistente para 30 raças de *C. lindemuthianum* (Alzate-Marin et al., 2002). Outra cultivar de feijão-de-vagem resistente à antracnose (raças 64, 65, 69, 73 e 87 de *C. lindemuthianum*), tanto em campo como em laboratório, foi a Novirex (Pinto et al., 2001);

O crestamento bacteriano comum, causado por *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* manifesta-se por pequenas manchas úmidas, circundados por halo amarelo, na face inferior das folhas. As manchas evoluem para lesões pardas, que coalescem, originando o crestamento. Temperatura e umidade elevadas favorecem essa bacteriose. Medidas de controle tomadas simultaneamente como a utilização de cultivares resistentes e de sementes isentas do patógeno, é o meio de controle mais eficiente (Bianchini et al., 2005; Mahuku et al., 2006).

Muitas cultivares apresentam grau moderado de resistência durante o seu desenvolvimento vegetativo, mas mostram-se suscetíveis durante a sua fase reprodutiva. Outro fator é que as reações se devem a recombinações de genes que controlam as respostas de partes distintas da planta à infecção bacteriana (Coyne & Schuster, 1974; Rodrigues et al., 1999; Ferreira et al., 2003). Num trabalho realizado por Rodrigues et al. (1999), verificou-se que os efeitos de aditividade foram superiores aos de dominância para a resistência em folhas. Para a resistência em vagens, os efeitos de dominância se sobrepuseram aos efeitos de aditividade.

A resistência genética ao crestamento bacteriano comum tem sido relatada como quantitativa, mas com poucos genes envolvidos (Yu et al., 2004). Já Kelly et al. (2003) relataram que a resistência genética é complexa e já foram identificados 22 QTLs associados à resistência distribuídos nos 11 grupos de ligação do feijoeiro. Kobayashi et al. (1999) avaliaram 35 cultivares de feijão quanto à resistência a crestamento bacteriano comum, nas condições de casa-de-vegetação e campo. As cultivares H 4-22, H 4-9, CI 164-2, CI 257-1, IAPAR 14, CI 107-4, CI 140, CI 164-4, RELAV 37.19 e CI 107-6 foram classificadas pela reação foliar como resistentes em campo, e LP 91-22, CI 257-1 e CI 107-4, como resistentes em casa-de-vegetação. Os cultivares Carioca, ANPAT 8.12, ANLAV 8.28 e Ouro Negro foram classificados como suscetíveis em campo, e CI 257,

ANPAT 8.12, Milionário, Carioca MG, CI 128, CI 164-3, H 4-22 e CI 257-2, como suscetíveis em casa-de-vegetação. Silva et al. (1999) classificaram as linhas CB 511687-1, CB 733753 e o cultivar Diamante Negro como resistentes e os cultivares Rosinha G-2 e Compuesto Chimaltenango 2, como suscetíveis. Theodoro (2004) avaliou a reação de 12 cultivares diante da infecção natural de *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*, em duas épocas de cultivo. Verificou-se que as cultivares Vermelho Manteiga Estriado e FC 2060 apresentaram reação de resistência a *X. axonopodis* pv. *phaseoli*.

O mosaico comum do feijoeiro (BCMV, Bean Common Mosaic Virus) encontra-se amplamente disseminado nas regiões produtoras de feijão do Brasil. No campo, essa doença é transmitida por meio de afídeos (pulgões). Os sintomas caracterizam-se pelo mosaico foliar acompanhando as nervuras, podendo ocorrer a formação de bolhas nas áreas verdes escuras, enrolamento, retorcimento e diminuição do tamanho dos folíolos (Bianchini et al., 2005). Essa doença pode causar grandes perdas em cultivares suscetíveis. Num trabalho realizado por Castillo-Urquiza et al. (2006), verificou-se uma redução no peso de vagem na cultivar de feijão-de-vagem Novirex de até 70,1% com a infecção mista dos vírus BCMV e BRMV (Bean Rugose Mosaic Virus).

A resistência do BCMV é condicionada pelos genes recessivos presentes em quatro loci (*bc-u*, *bc-1*, *bc-1<sup>2</sup>*, *bc-2*, *bc-2<sup>2</sup>*, e *bc-3*), além do gene dominante *I* (Drijfhout et al., 1978). A presença do gene não-específico *bc-u* é necessário para a expressão da resistência de outros genes recessivos, exceto para as combinações com o gene *I*, como *I + bc-1*, *I + bc-1<sup>2</sup>* e *I + bc-3* (Kelly, 1997). Marcadores moleculares ligados a genes de resistência como o *bc-1*, *bc-1<sup>2</sup>*, *bc-3* têm sido desenvolvidos para facilitar a sua detecção, especialmente no caso de efeitos epistáticos de alguns genes em ensaios de patogenicidade (Miklas et al., 2000; Mukeshimana et al., 2005). A resistência dominante ao BCMV condicionada pela presença do gene *I* tem sido uma estratégia para o controle destas doenças por longo tempo (Kelly, 1997). O gene dominante *I* tem sido caracterizado por vários trabalhos e marcadores moleculares têm sido desenvolvidos para a sua detecção em genótipos de feijão (Kelly 1997; Cadle-Davidson & Jahn, 2006). Desta forma, a piramidação do gene dominante *I* e dos genes específicos é uma estratégia eficiente, estável e durável para o controle da BCMV (Kelly et al., 1995;

Miklas et al., 2006). Hang et al. (1999) desenvolveram três cultivares de feijão-de-vagem resistentes ao BCMV, sendo elas USWA-64, USWA-67 e USWA-68.

A murcha-de-curtobacterium, causada por *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens*, é uma doença que tem-se apresentado como ameaça às lavouras de feijão (Theodoro & Maringoni, 2006). Leite Jr. & Behlau (2001) avaliaram 19 leguminosas de espécies diferentes e constataram que, além do feijão comum, há outras leguminosas que são hospedeiras potenciais de *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens*, entre essas o feijão-de-vagem. Assim, há necessidade de se implantar programas de melhoramento que visem o controle dessa doença por meio da resistência genética. A murcha-de-curtobacterium será descrita com mais detalhes a seguir.

### 2.3. *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* e a murcha-de-curtobacterium

A murcha-de-curtobacterium do feijoeiro foi descrita na década de 1920 nos Estados Unidos (Hedges, 1922). Foi considerada uma das doenças mais importantes da cultura, ocasionando, em alguns anos, a perda total da produção (Hedges, 1926). No Brasil, não há muitos dados sobre as perdas de produtividade na cultura do feijoeiro causada pela *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* (*Cff*).

Miranda Filho (2006) avaliou a influência dos níveis de inóculo inicial de *Cff* na produção de feijão da cultivar Pérola. Os níveis de inóculo utilizados foram de 0%; 5%; 10%; 15%; 20%; 25% e 30% de plantas infectadas com *Cff*. A partir da suspensão  $2 \times 10^7$  unidades formadoras de colônia por mililitro ( $\text{UFC.mL}^{-1}$ ), foram feitas inoculações, proporcionais para atingir a percentagem desejada. Os resultados foram analisados ao final do ciclo da cultura, comparando a produtividade apresentada em cada nível de inóculo com a produtividade do controle (0% *Cff*). De acordo com os resultados obtidos no experimento "A", foram constatadas as produções médias para cada tratamento de 1170,0 g; 1118,9 g; 1054,0 g; 1053,3 g; 1032,2 g; 976,7 g e 892,2 g para 0%; 5%; 10%; 15%; 20%; 25% e 30% de plantas infectadas, correspondendo uma redução de 0%; 4,4%; 5%; 9,9%; 11,8%; 16,6% e 23,8%, respectivamente. No experimento "B" foram constatadas as produções médias para cada tratamento de 658,9 g; 581,1 g;

515,5 g; 492,2 g; 462,2 g; 417,8 g; 351,1 g para as mesmas taxas de infecção anteriores e com redução de produção da ordem de 11,8%; 21,8%; 25,30%; 29,98%; 36,6% e 46,7%, respectivamente. Esses resultados demonstram que a *Cff* pode causar perdas significativas de produtividade na cultura de feijão comum.

A distribuição geográfica da bactéria causadora da murcha-de-curtobacterium do feijoeiro é bastante ampla no mundo. Existem registros da ocorrência da doença nos seguintes países: Canadá, Estados Unidos, México, Venezuela, Colômbia, Tunísia, Turquia, Alemanha, Bélgica, Bulgária, Grécia, Hungria, Iugoslávia, Romênia, Rússia, Suíça e Austrália (Bradbury, 1986; CMI, 1992).

Dos patógenos listados por Saettler (1991), somente *Pseudomonas savastanoi* pv. *phaseolicola* e *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* ainda não tinham sido relatados no Brasil. A constatação de *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens*, agente causal da murcha-de-curtobacterium do feijoeiro, somente foi relatada no Brasil em 1995 por Maringoni & Rosa (1997), em uma lavoura de feijoeiro, localizada no município de Itaporanga, Estado de São Paulo. Posteriormente, esse patógeno foi constatado em várias localidades produtoras de feijão nos Estados de São Paulo (Maringoni & Rosa, 1997), Paraná e Santa Catarina (Leite Jr. et al., 2001), Goiás e no Distrito Federal (Uesugi et al., 2003).

A bactéria causadora da murcha-de-curtobacterium do feijoeiro, *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* (Hedges, 1922) Collins e Jones, 1983, ocupa a seguinte posição taxonômica :

Divisão: Firmicutes

Classe: Firmibacteria

Grupo: Corineforme

Gênero: *Curtobacterium*

Na ocasião da descrição por Hedges em 1921, em Dakota do Sul, nos Estados Unidos, a bactéria foi denominada *Bacterium flaccumfaciens* (Hedges, 1922), tendo, posteriormente, recebido as seguintes denominações: *Phytomonas flaccumfaciens*; *Pseudomonas flaccumfaciens*; *Corynebacterium flaccumfacien*; *Corynebacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens*; *Corynebacterium flaccumfaciens* subsp. *flaccumfaciens*; e, finalmente, baseando-se em estudos dos perfis de proteínas celulares através de eletroforese em gel de poliacrilamida,

a bactéria foi reclassificada dentro do novo gênero *Curtobacterium*, denominando-se *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* (Collins & Jones, 1983).

A especialização da *Cff* apresenta-se em nível de espécie hospedeira, sendo classificada em patovares. Isolados patogênicos às culturas de feijão-de-vagem (*Phaseolus vulgaris* L.) (Leite Júnior & Behlau, 2001), caupi (*Vigna unguiculata* L.), feijão aziático adzuki (*V. angularis* Willd.), feijão da Espanha (*P. coccineus* L.), feijão de lima (*P. lunatus* L.), feijão mungo (*V. radiata* L.), lab-lab (*Lablab purpureus*), ervilha (*Pisum sativum*) (Zaumeier & Thomas, 1957) e soja (*Glycine max*) (Dunleavy, 1983) são representantes de *C. flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens*. *C. flaccumfaciens* tem sido isolada como endófito de diferentes espécies vegetais como citros, trevo, arroz, milho, sorgo, batata, pastagens e inhame (Belmonte et al., 2002).

*Cff* é uma bactéria gram positiva, em forma de bastonetes ligeiramente curvados ou pontiagudos. Ocorrem, em geral, na forma de células únicas, mas também podem ocorrer em arranjos na forma de V e Y. A superfície das colônias em meio nutriente-glicose-ágar é brilhante, circular, de bordo liso, sem viscosidade, semi-fluída e amarela, laranja ou rosa, medindo de 1 a 4 mm de diâmetro em 3 a 4 dias de cultivo (Bradbury, 1986; Saettler, 1991).

É uma bactéria aeróbica obrigatória, com temperatura ideal de crescimento entre 24 a 27°C e temperaturas máximas entre 35 a 37°C. Não produz esporos e não é oxidativa. *Cff* possui alta tolerância a sal (NaCl, 7 a 9%) e requer tiamina, biotina e pantotenato para crescimento. Produz ácido a partir de arabinose, celobiose, frutose, galactose, glucose, glicerol, inositol, maltose, manose, melobiose, rafinose, sacarose, xilose e, usualmente, a partir de inositol e melozitol. É catalase positiva, mas oxidase, tirosinase, urease e indol negativa. Não reduz nitrato a nitrito ou produz amônia a partir de peptona, mas produz H<sub>2</sub>S a partir de cisteína. Não produz aminoácido-descarboxilases ou fenilalaminas deaminases (Bradbury, 1986).

Em feijão, os sintomas da doença são descritos como murcha gradual das folhas, aparecendo áreas amareladas e irregulares, iniciando da margem da folha e se estendendo para o interior, seguido de necrose do tecido parenquimal. Os sintomas são mais agudos nas plantas em períodos de estresse hídrico e temperaturas elevadas e em plantas jovens, até 5 – 8 cm de altura (Tegli et al., 2002). Em geral, a planta inteira morre antes de apresentar o primeiro grupo de



folhas trifoliadas totalmente desenvolvidas. Plantas mais velhas apresentam um desenvolvimento da doença menos drástico e apenas alguns ramos e folhas podem apresentar murchas (Agrios, 2005), principalmente, sob condições de campo, em épocas de temperaturas amenas. Assim, a murcha ocorre lentamente, podendo completar seu ciclo até a maturação dos grãos e dificultar sua diagnose (Rickard & Walker, 1965). Thomas & Graham (1952) isolaram *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* e *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* de caules de plantas de feijoeiro sem sintomas externos. Este fato provavelmente está relacionado a um período de baixas temperaturas, concordando com Rickard & Walker (1965), que constataram que a melhor temperatura para a expressão de sintomas da murcha-de-curtobacterium em plantas de feijoeiro foi de 28°C. Os sintomas de murcha na parte aérea são devido à falha no transporte de seiva provocada pela colonização e degradação das paredes dos vasos de xilema (Dinensem, 1978).

A bactéria é também capaz de colonizar as sementes via tecido vascular. Sementes contaminadas internamente podem apresentar coloração amarelada, laranja ou púrpura, como conseqüência do crescimento bacteriano e se tornarem enrugadas, mas na maioria das vezes nenhum sintoma é visível (Tegli et al., 2002).

A principal forma de transmissão da bactéria é através de sementes contaminadas, as quais podem apresentar contaminação sistemática ou interna e/ou apenas superficial (Hedges, 1926). Ferimentos radiculares provocados por nematóides (*Meloidogyne incognita*) favorecem a penetração de *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* sob condições de campo (Schuster, 1959). Infecções com *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* podem acontecer na ausência de chuva; não tem sido observada entrada da bactéria na planta via estômato. Uma vez dentro da planta, a bactéria coloniza o tecido vascular.

A bactéria é muito resistente à seca e pode sobreviver em sementes sobre o solo, por até dois anos e, por até 24 anos ou mais em sementes armazenadas (Tegli et al., 2002). *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* também pode sobreviver no solo, servindo de inóculo por períodos de até dez meses. Além disso, a bactéria virulenta sobrevive em plantas não hospedeiras como *Amaranthus retroflexus* e *Chenopodium album*, por até dez

meses, enquanto estirpes não virulentas sobrevivem por até 22 meses (Schuster & Sayre, 1967).

Para avaliar a diversidade genética de *Cff*, Souza et al. (2006) utilizaram 24 isolados bacterianos, dos quais 20 foram provenientes de feijoeiro coletados no Brasil, dos Estados de São Paulo, Paraná, Santa Catarina e Distrito Federal e quatro provenientes de coleções dos Estados Unidos e da França. Utilizou-se da técnica rep-PCR. A partir do padrão eletroforético gerado pela amplificação dessas seqüências repetidas no DNA genômico dos 24 isolados bacterianos, foram realizadas análises pertinentes (UPGMA), que gerou um dendrograma. Considerando-se um índice de similaridade de 75%, os isolados foram distribuídos em quatro grupos distintos, mostrando alta diversidade genética entre eles. Os isolados de *Cff* provenientes do Paraná e Distrito Federal foram separados em grupos distintos, quando comparados com os demais agrupamentos. Os isolados procedentes do Estado de São Paulo mostraram-se geneticamente heterogêneos, alguns se agruparam com o isolado dos Estados Unidos e Santa Catarina, enquanto outros se agruparam com isolados provenientes da França e Paraná.

McDonald & Wong (2000), também utilizando a técnica rep-PCR em diferentes isolados de *Cff* coletados, verificaram a formação de dois grupos distintos entre os isolados avaliados. A existência de variabilidade genética em isolados de *Cff* poderá ser um fator que dificulte o melhoramento visando a obtenção de cultivares de feijoeiro resistentes, especialmente na estabilidade e durabilidade da resistência, se houver também variabilidade na virulência da bactéria sobre a planta de feijoeiro. Contudo, não há dados na literatura sobre esta questão.

Em feijoeiro, algumas medidas de controle são preconizadas para murcha-de-curtobacterium. O emprego de sementes sadias, visto que este patógeno sobrevive e é transmitido por sementes (Saettler & Perry, 1972), tem sido adotado na maioria dos países, através da sua certificação sanitária. Essa medida foi tão eficaz que durante vinte anos a murcha-de-curtobacterium não tinha sido constatada em áreas de produção em Dakota do Norte e Minnesota, nos Estados Unidos. Apenas em 1994, *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* (*Cff*) foi isolada de sementes (Venette et al., 1995). A rotação de culturas, com plantas não hospedeiras de *Curtobacterium flaccumfaciens* pv.

*flaccumfaciens*, é uma prática indicada no manejo de controle dessa doença (Saettler, 1991).

#### 2.4. Resistência genética a *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* em *P. vulgaris*

O emprego de plantas resistentes, por ser um método eficiente de controle de muitas doenças, é um dos principais componentes de programas de manejo de doenças. Nos Estados Unidos, por exemplo, mais de 85% das cultivares plantada possuem resistência a um ou mais patógenos (Agrios, 2005). Estima-se que 25% dos recursos destinados ao melhoramento convencional sejam utilizados no desenvolvimento de cultivares resistentes a doenças (Borém & Miranda, 2007). O impacto ecológico do uso de agrotóxicos tem direcionado o melhoramento para a resistência e o cultivo de cultivares resistentes, por ser um método mais seguro ao ambiente do que os pesticidas largamente utilizados (Camargo & Benjamim Filho, 1995).

A partir de 1962, Coyne e sua equipe iniciaram em Nebraska, nos Estados Unidos, um programa de melhoramento na cultura do feijoeiro para desenvolver cultivares tolerantes a doenças bacterianas, dentre elas, a murcha-de-curtobacterium. Os objetivos deste programa foram identificar fontes de germoplasma resistentes e estudar o controle genético da reação a doença para a sua utilização efetiva em métodos de melhoramento (Coyne & Schuster, 1974). Avaliou-se também a reação de 1067 introduções de feijoeiro a murcha-de-curtobacterium. Dentre elas, evidenciou-se que apenas os genótipos PI 165078 e a GN Nebraska # 1 registraram níveis satisfatórios de resistência a essa doença (Coyne et al., 1963). Coyne & Schuster (1976) lançaram a cultivar 'Great Northern Star', que foi a primeira variedade a apresentar resistência conjunta ao crestamento e à murcha-de-curtobacterium.

Na literatura internacional, há indicação de resistência em algumas cultivares de feijoeiro à murcha-de-curtobacterium. Entre elas destacam-se: 'GN Emerson' (Coyne & Schuster, 1974), 'G-12/965', 'G-16/965' e 'G-10/968' (Phang et al., 1974), 'GN 123', 'Pearlgreen', 'Snocorop', 'Maxidor', 'Romulus' (Nikitina et al., 1980) e 'Rositsa' (Karkmkova & Boyadzhiev, 1984). Hsieh et al. (2005) avaliaram 124 cultivares e linhagens de feijão em relação à reação a bactéria

causadora da murcha-de-curtobacterium. Destas, as linhagens L02E317, L02B662, 999S-2A e a cultivar Rolute foram altamente resistentes à bactéria. No Brasil, cuja ocorrência da doença só foi descrita em 1997, Maringoni (2002), analisando o comportamento varietal de 40 genótipos de feijoeiro, sob condições de inoculação artificial em casa de vegetação, constatou resistência nas cultivares IAC Carioca Akytã, IAC Carioca Aruã e IAC Carioca Pyatã. Plantas dessas cultivares apresentaram menores reduções da matéria seca da parte aérea e de teores de macronutrientes quando comparadas com as cultivares suscetíveis Pérola e IAC Carioca.

Leite & Behlau (2002) avaliaram a reação de cultivares de feijoeiro a *Cff*. As 27 cultivares de feijoeiro avaliadas, de importância regional e nacional, tiveram sintomas de murcha-de-curtobacterium. Cultivares de grande importância como 'Carioca', 'FT Tarumã', 'FT-120', 'IAC-Una' e a linhagem LP-97-23 foram as mais suscetíveis, enquanto que as cultivares IAPAR-31, IAC-Carioca Tybatã e IAPAR-MD 841 foram as mais resistentes.

Rava et al. (2002), na busca de fontes de resistência à murcha-de-curtobacterium, avaliaram 74 amostras de feijoeiros coletados na região do Triângulo Mineiro/Alto Paranaíba. Nenhuma amostra apresentou todas suas plantas resistentes ao patógeno; entretanto, em algumas delas, foram encontradas plantas com reação de resistência. Segundo os autores, o fato era esperado porque os genótipos eram compostos, na maioria das vezes, de mistura de genótipos. Dentre as amostras de feijoeiro comum que apresentaram plantas com reação de resistência a *Cff* podem ser citadas: 'Santa Fé', 'Roxinho', 'Roxinho Antigo', 'Roxão de Cacho', 'Roxão', 'Trilha de Ferro'.

Rava & Costa (2003) estudaram a reação de várias cultivares de feijoeiro comum à murcha-de-curtobacterium e verificaram que a maioria das cultivares tiveram alta intensidade de sintomas de murcha. Apenas as cultivares Ouro Branco, IPA-9, IAPAR-31, IAC Carioca Pyatã e IAC Carioca Aruã tiveram reação de resistência ou moderada resistência. As cultivares IAC Carioca Pyatã e 'IAC Carioca Aruã' foram as mais resistentes dentre as testadas por Maringoni (2002) e segundo Rava & Costa (2003), o fato dessas cultivares comportarem-se como moderadamente resistentes, pode ser devido à maior agressividade do isolado de *C. flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* utilizado.

As cultivares IPA-9 e Ouro Branco estão sendo utilizadas como genitores no programa de melhoramento genético para resistência a doenças realizado na Embrapa Arroz e Feijão, com objetivo de introduzir resistência à murcha-de-curtobacterium em linhagens elites e cultivares recomendadas (Rava & Costa, 2003). Souza et al. (2004) avaliaram 333 genótipos pertencentes ao banco de germoplasma do Instituto Agrônomo de Campinas (SP). Destes, foi possível classificar os materiais em altamente resistentes (29 genótipos), resistentes (13), moderadamente resistentes (18) e suscetíveis (273).

Em Santa Catarina, foram coletadas 73 cultivares locais de feijão comum para serem testadas quanto a reação a *Cff*. Foi possível identificar as cultivares locais Mouro Piratuba (grupo de coloração variada) e Vagem Amarela (grupo preto) como fontes de resistência à murcha-de-curtobacterium (Theodoro et al., 2007).

Com relação ao controle genético da resistência do feijoeiro à murcha-de-curtobacterium, vários cruzamentos têm demonstrado que a herança é de natureza poligênica, que há efeito aditivo dos genes para resistência. A herdabilidade no sentido restrito foi de 0,46 com desvio padrão de 0,19 (Coyne et al., 1965; Coyne et al., 1966). Maia et al. (2004) verificaram que a herança da resistência do feijoeiro à murcha-de-curtobacterium é predominantemente aditiva, controlada por quatro genes.

Não existem relatos sobre a resistência de genótipos de feijão-de-vagem à murcha-de-curtobacterium. Somente a cultivar UEL-1 foi testada e se observou a ocorrência de sintomas da doença (Leite Jr. & Behlau, 2001). Assim, avaliação de genótipos quanto à reação a doença, bem como a natureza desta reação, torna-se importante, já que a resistência é o mais efetivo e eficiente método para controlar essa doença (Hsieh et al., 2005).

#### 2.4.1. Métodos de inoculação e avaliação de murcha-de-curtobacterium

Dentro de um programa de melhoramento de plantas visando à resistência às doenças, na avaliação da resistência, o método de inoculação é muito importante. Deve-se entender por inocular, o ato de colocar propágulos do patógeno em contato com os órgãos de uma planta, de forma que propicie a penetração e a colonização dos tecidos desta, sob condições ideais de meio

ambiente, para que a interação planta-patógeno, a que chamamos doença, tenha curso e culmine na reprodução dos sintomas típicos de enfermidade (Romeiro, 2001). A reação das plantas à inoculação pode ser influenciada por uma série de fatores: a) ambientais, tais como temperatura, umidade e luminosidade; b) da planta, tais como cultivar, idade, aberturas estomatais, nutrição, tratamentos subseqüentes à inoculação e condições fisiológicas; c) relacionados ao parasitismo, tais como concentração e idade do inóculo, condições para obtenção e preparação do inóculo e virulência da bactéria (Coyne & Schuster, 1983).

Um bom método de inoculação deve-se levar em consideração alguns critérios, como a boa discriminação entre genótipos resistentes e suscetíveis, rapidez e uniformidade nas reações das plantas inoculadas, repetibilidade, ser de fácil execução, inexistência de escape e a possibilidade de que a infecção possa ser avaliada quantitativamente (Torres & Maringoni, 1999; Santos, 2000). Para *Cff*, o cultivo das bactérias é feito em diferentes meios como BDA – batata, dextrose, ágar (Hsieh et al., 2005) e o nutriente-sacarose-ágar (Maringoni, 2002). As bactérias são cultivadas por um período que varia entre 72 a 96 horas para a obtenção do inóculo (Hsieh et al., 2005; Maringoni, 2002) e a suspensão bacteriana tem sido ajustada para diferentes concentrações. O mais freqüente tem sido o uso de  $10^8$  unidades formadoras de colônia por mililitro (UFC.mL<sup>-1</sup>) (Hsieh et al., 2005; Maia et al., 2004; Miranda Filho & Uesugi, 2004). Entretanto, Miranda Filho et al. (2004), avaliando os níveis de inóculo de *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* para produção de sintomas, observaram que a concentração de inóculo que induziu sintomas de murcha mais evidentes na maioria dos genótipos testados foi a de  $10^5$  UFC.mL<sup>-1</sup>.

Existem diversos métodos para inoculação artificial de bactérias fitopatogênicas (Santos, 2000; Romeiro, 2001). Na cultura do feijoeiro há relatos de alguns métodos de inoculação utilizados para *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens*. Dentre esses métodos, destacam-se: inoculação no hilo da semente por meio de agulha (Hsieh et al., 2005); inoculação de raízes *in situ* (Miranda Filho & Uesugi, 2004); inoculação por picada de agulha no caule (Maringoni, 2002; Miranda Filho & Uesugi, 2004); inoculação com palito no caule (Leite Jr. & Behlau, 2001).

Rickard e Walker (1965) testaram vários métodos de inoculação para *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens*. A inoculação no nó cotiledonar

por punção de agulha infestada foi o método mais eficiente nas duas épocas avaliadas, aos 12 e 26 dias após o transplante. A inoculação da folha primária com injúrias por imersão em inóculo, por 20 segundos, foi quase tão eficiente quanto a punção aos 12 dias, mas bem inferior aos 26 dias. As inoculações de folhas sob pressão e por rega do inóculo, após ferimentos nas raízes, não foram eficientes em nenhuma das épocas.

Inoculações por picada no caule e infiltração na folha foram testadas por Diatloff e Imrie (2000), para induzir sintomas de murcha vascular e queima da folha do feijoeiro, respectivamente. Esses autores verificaram pequena correlação entre os dois testes para reação à doença e que a queima da folha também foi devido a falta d'água ao invés de invasão do patógeno. Assim, concluíram que o método de inoculação de *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* por picada no caule foi o mais apropriado.

A avaliação de sintomas é feita baseada em escala de notas associadas à porcentagem de área foliar afetada, com os valores mais baixos da escala representando os genótipos resistentes. Ela pode variar de 0 a 5 (Hsieh et al., 2005); de 0 a 3 (Maia et al., 2004; Leite Jr. & Behlau, 2001) e de 0 a 9 (Maringoni, 2002).

## 2.5. Os cruzamentos dialélicos: sua importância para o melhoramento e os principais métodos de análise

O melhoramento genético possibilita a geração de cultivares de feijão-de-vagem com características superiores. Neste caso, o desafio do melhorista é reunir em uma só constituição genética, o maior número possível de caracteres favoráveis. Entretanto, para que um programa de melhoramento genético tenha êxito, com economia de recursos e tempo, é necessário que os cruzamentos sejam efetuados entre genitores com elevada capacidade de combinação (Allard, 1999). Dessa forma, o melhorista concentrará seus esforços em populações segregantes com elevada frequência de indivíduos transgressivos, especialmente nos caracteres relacionados à produtividade, qualidade e resistência a pragas e doenças.

Entre os métodos de escolha de genitores, um dos mais eficientes e comumente utilizados em programas de melhoramento genético é a análise

dialélica, que determina o potencial dos genitores em combinações híbridas, a ação gênica que controla os caracteres, a herança dos caracteres e a existência de heterose, e proporciona avanços para a seleção (Jaramillo et al., 2005).

Existem várias metodologias propostas para a análise dialélica. Entre elas, destacam-se a metodologia proposta por Gardner e Eberhart (1966), na qual são avaliados os efeitos de cultivares e heterose varietal; a proposta por Hayman (1954), que dá informações sobre o mecanismo básico de herança do caráter em estudo, dos valores genéticos dos progenitores utilizados e do limite de seleção; e a proposta de Griffing (1956), pela qual são estimados os efeitos e as somas de quadrados de efeitos de capacidade geral e específica de combinação (Cruz et al., 2004).

A metodologia de Griffing (1956) é a mais amplamente utilizada. No emprego dessa metodologia utiliza-se a média dos híbridos e, quando presentes, a dos genitores. Para tanto, há quatro alternativas possíveis de análise, sendo as seguintes para  $p$  progenitores: método 1, onde são avaliadas as  $p^2$  combinações e inclui os parentais, os cruzamentos entre esses parentais e seus recíprocos; método 2, onde são avaliadas as  $p(p + 1)/2$  combinações correspondentes aos parentais e seus cruzamentos, excluindo-se os recíprocos; método 3, onde são avaliadas as  $p(p - 1)$  combinações que correspondem aos cruzamentos e aos recíprocos, excluindo-se os parentais; método 4, onde são avaliadas as  $p(p - 1)/2$  combinações que correspondem aos cruzamentos dos  $p$  parentais (Lemma, 2003; Cruz et al., 2004).

Cada um destes métodos possui um modelo matemático específico para a análise. Tal modelo pode ser analisado como fixo, aleatório ou misto, dependendo da natureza amostral dos genitores e dos objetivos do trabalho. Para o modelo fixo os tratamentos experimentais fornecem conclusões que lhe são particulares e para o modelo aleatório as conclusões podem ser extrapoladas para uma população em que os tratamentos representam uma amostra. Nas espécies autógamas, a maioria dos parentais usados em dialelos é escolhida com base em suas características de interesse agrônômico. Assim, eles não podem ser considerados uma amostra da espécie, porque formam uma população com propriedades genéticas particulares (Ramalho et al., 1993). Desse modo, nos dialelos em que participam genótipos de feijão-de-vagem deve-se considerar os efeitos genéticos como fixos. Atualmente, em função da disponibilidade de



recursos computacionais, é possível o emprego de metodologias mais sofisticadas, que permitem ainda incorporar informações de marcadores moleculares (Iemma, 2003).

Na metodologia proposta por Griffing (1956), o desempenho médio de cada genótipo é decomposto em capacidade geral de combinação (efeitos principais) e capacidade específica de combinação (interações). A capacidade geral de combinação dos genitores (CGC) é função da concentração de genes predominantemente aditivos e a capacidade específica de combinação (CEC), decorrente da concentração de genes basicamente de efeito não aditivo (Castiglioni et al., 1999; Jung et al., 2007). Quando o quadrado médio da CEC não é significativo, pode-se aceitar a hipótese de que o comportamento das progênes derivadas dos cruzamentos pode ser adequadamente previsto com base na CGC. Nesse caso, a progênie com melhor desempenho poderá ser produzida pelo cruzamento dos dois progenitores que apresentem as maiores CGC (Cruz et al., 2004).

Em feijão-de-vagem, a análise genética por meio do dialelo tem sido utilizada, tanto para características agronômicas (Carvalho et al., 1999; Silva et al., 2004; Zdravković et al., 2005; Rainey & Griffiths, 2005) como para doenças (Rodrigues et al., 1999).

### 3. IDENTIFICAÇÃO DE FONTES DE RESISTÊNCIA E AVALIAÇÃO DE MÉTODOS DE INOCULAÇÃO DE *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* EM FEIJÃO-DE-VAGEM

RESUMO: A murcha-de-curtobacterium foi detectada no Brasil pela primeira vez em 1995 no Estado de São Paulo e, desde então, também tem sido identificada em outros Estados. Essa doença, cujo agente causal é a bactéria *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* (*Cff*) tem-se apresentado como ameaça às lavouras de feijoeiro. Os objetivos desse trabalho foram avaliar a resistência de genótipos de feijão-de-vagem em relação à murcha-de-curtobacterium e definir o método de inoculação mais adequado para discriminar os genótipos resistentes e suscetíveis a *Cff*. Dois experimentos foram realizados, sendo o experimento 1 no período de dezembro de 2005 a fevereiro de 2006, no delineamento de blocos casualizados, seis repetições e 39 tratamentos. O experimento 2 foi conduzido no período de maio a julho de 2006, no delineamento de blocos ao acaso, com cinco repetições, oriundos de um arranjo em fatorial (três métodos de inoculação x 11 genótipos), visando comparar os métodos de inoculação utilizados para *Cff* palito de dente, hilo da semente e raízes *in situ*. Os genótipos utilizados neste experimento foram os mais resistentes e o mais suscetível, identificados no experimento 1. Em ambos os experimentos, foi utilizado o isolado Feij – 2634. As notas das avaliações foram utilizadas para calcular a área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD). Os genótipos ‘Novirex’, ‘IAC Carioca Tybatã’ e ‘Amarelo Baixo’ foram identificados como resistentes. O método de ‘palito de dente’, além da boa discriminação entre os genótipos resistentes e suscetíveis,

apresenta rapidez e facilidade na execução, sendo o método de inoculação mais indicado.

## IDENTIFICATION OF RESISTANCE SOURCES AND EVALUATION OF *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* INOCULATION METHODS IN SNAP BEAN

**ABSTRACT:** The bacterial wilt disease was first reported in Brazil in 1995, in São Paulo state, and since then, it has also been identified in other Brazilian states. This disease is caused by *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* (*Cff*) and has become a serious problem in bean cultivation areas. The aims of this study were to evaluate the resistance of snap bean genotypes with respect to the bacterial wilt and also to define the most accurate method to distinguish resistant and susceptible genotypes to *Cff*. Two experiments were carried out, one of them from December 2005 to February 2006, in randomized complete block design, with six replications and 39 treatments. The second experiment was carried out from May to July, 2006, also in randomized complete block design, with five replications, from a factorial arrangement (three inoculation methods x 11 genotypes), in order to compare three inoculation methods for *Cff*: toothpick, hilum of the seed and *in situ* roots. The genotypes used in this experiment were the most resistant and the most susceptible, identified in the Experiment 1. The Feij – 2634 isolate was used on both experiments. The grades from the evaluations were used to determine the area under disease progress curve (AUDPC). The Novirex, IAC Carioca Tybatã and Amarelo Baixo were identified as resistant genotypes. The toothpick inoculation method was indicated as the best method because it allowed an efficient discrimination among resistant and susceptible genotypes and it was also fast and easy to be performed.

## INTRODUÇÃO

A ocorrência de *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* (*Cff*), agente causal da murcha-de-curtobacterium do feijoeiro, somente foi relatada no Brasil em 1995 por Maringoni & Rosa (1997), em uma lavoura de feijoeiro no Estado de São Paulo. Posteriormente, esse patógeno foi constatado em várias localidades produtoras de feijão nos Estados de São Paulo (Maringoni, 2002),

Paraná e Santa Catarina (Leite Jr. et al., 2001), Goiás e no Distrito Federal (Uesugi et al., 2003).

Em feijão, os sintomas da doença são descritos como murcha gradual das folhas, aparecendo áreas amareladas e irregulares, iniciando da margem da folha e se estendendo para o interior, seguido de necrose do tecido parenquimático. Os sintomas são mais agudos nas plantas em períodos de estresse hídrico e temperaturas elevadas e em plantas jovens, até 5–8 cm de altura (Tegli et al., 2002). Em geral, a planta inteira morre antes de apresentar o primeiro par de folhas trifoliadas totalmente desenvolvidas. Plantas mais velhas apresentam um desenvolvimento da doença menos drástico e, apenas alguns ramos e folhas apresentam murchas (Agrios, 2005). Os sintomas de murcha na parte aérea são devido à falha no transporte de seiva provocada pela colonização e degradação das paredes dos vasos de xilema (Dinensem, 1978).

Essa doença tem-se apresentado como ameaça às lavouras de feijão comum e o feijão-de-vagem, que pertence à mesma espécie botânica do feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L). Leite Jr. & Behlau (2001) avaliaram 19 leguminosas de espécies diferentes e constataram que, além do feijão comum, há outras leguminosas que são hospedeiras potenciais de *Cff*, como por exemplo, o feijão-de-vagem. Em feijoeiro, algumas medidas de controle são preconizadas para murcha-de-curtobacterium. O emprego de sementes saudáveis, visto que este patógeno sobrevive e é transmitido por sementes (Saettler & Perry, 1972), tem sido adotado na maioria dos países, através da sua certificação sanitária. A rotação de culturas, com plantas não hospedeiras de *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens*, é uma prática indicada no manejo de controle dessa doença (Saettler, 1991).

O uso de resistência genética é o método mais eficiente para controlar a ocorrência de doenças em plantas, por apresentar menor custo, ser de fácil utilização, além de não apresentar riscos para o homem e o meio ambiente (Fry, 1982). Entretanto, inexistem relatos sobre o comportamento de cultivares de feijão-de-vagem a essa doença.

Os objetivos no presente trabalho foram avaliar nível de resistência de genótipos de feijão-de-vagem em relação à murcha-de-curtobacterium e definir o método de inoculação mais adequado para discriminar os genótipos resistentes e suscetíveis a *Cff*.

## MATERIAL E MÉTODOS

Dois experimentos foram conduzidos em casa de vegetação na Unidade de Apoio à Pesquisa da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, no município de Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro, sendo um deles para identificar possíveis genótipos resistentes à murcha-de-curtobacterium e o outro para determinar um método de inoculação mais eficiente na discriminação de plantas resistentes e suscetíveis.

O experimento 1 foi realizado no período de dezembro de 2005 a fevereiro de 2006. Os tratamentos foram constituídos de 39 genótipos, sendo 33 de feijão-de-vagem e seis de feijão comum (Tabela 1), incluindo a cultivar IAC Carioca Tybatã, identificada previamente como resistente (Souza et al., 2006). As plantas de feijoeiro foram plantadas em potes, contendo o volume de aproximadamente 0,5 litro de terra, previamente autoclavada. O experimento foi conduzido no delineamento de blocos ao acaso, com seis repetições, cada parcela representada por uma planta por pote.

A bactéria (isolado Feij – 2634, gentilmente cedido pelo professor Antonio Carlos Maringoni da Faculdade de Ciências Agrônomicas, Universidade Estadual Paulista) cresceu em placas de petri contendo meio Kado sólido (Kado & Heskett, 1970), durante 96 horas, a 26°C, antes da inoculação. Todas as plantas foram inoculadas aos oito dias após a emergência por meio da inserção de palito de dente, previamente autoclavados e umedecidos em colônias de *Cff*, na haste da planta logo abaixo do par de folhas cotiledonares (Leite Jr. & Behlau, 2001).

As avaliações foram feitas por meio de uma escala de notas descrita a seguir: 1,0 = até 10% da planta murcha; 2,0 = 10% até 25%; 3,0 = 25% até 50%; 4,0 = 50% até 75% e 5,0  $\geq$  75%. Foram feitas nove avaliações da reação dos genótipos a doença, em intervalos de dois dias, sendo que a primeira avaliação foi realizada quatro dias após a inoculação.

O experimento 2 foi conduzido visando comparar três métodos de inoculação utilizados para *Cff*. Os genótipos utilizados neste experimento foram as mais resistentes e a mais suscetível, identificadas no experimento anterior, e foram cultivadas no período de maio a julho de 2006. As plantas de feijoeiro foram plantadas em vasos, contendo o volume de aproximadamente 2 litros de terra, previamente autoclavada.

Tabela 1 - Nome, tipo e origem dos 39 genótipos de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) testados quanto à reação a *Cff*

Identificação		Tipo	Origem
Nº	Genótipos		
1	Gen 96A98-15-3-52-1	Comum	IAC <sup>1/</sup>
2	Gen 96A98-13-1-52-1	Comum	IAC <sup>1/</sup>
3	IAC Carioca Akytã	Comum	IAC <sup>1/</sup>
4	IAC Carioca Pyatã	Comum	IAC <sup>1/</sup>
5	IAC Carioca Tybatã	Comum	IAC <sup>1/</sup>
6	IAC Carioca Aruã	Comum	IAC <sup>1/</sup>
7	Novirex	Vagem	EPAMIG <sup>2/</sup>
8	UEL-1	Vagem	FCA/UNESP <sup>3/</sup>
9	UEL-2	Vagem	FCA/UNESP <sup>3/</sup>
10	Purple King	Vagem	UEG <sup>4/</sup>
11	UEG 46	Vagem	UEG <sup>4/</sup>
12	Turmalina	Vagem	UEG <sup>4/</sup>
13	UEG 13	Vagem	UEG <sup>4/</sup>
14	UEG 19	Vagem	UEG <sup>4/</sup>
15	EEA 0554	Vagem	UEG <sup>4/</sup>
16	Beawhild	Vagem	UEG <sup>4/</sup>
17	Macarrão Bragança	Vagem	UEG <sup>4/</sup>
18	UEG 26	Vagem	UEG <sup>4/</sup>
19	Coralina	Vagem	UEG <sup>4/</sup>
20	UEG 43	Vagem	UEG <sup>4/</sup>
21	UEG 638	Vagem	UEG <sup>4/</sup>
22	UEG 27	Vagem	UEG <sup>4/</sup>
23	Neckgold 01	Vagem	UEG <sup>4/</sup>
24	UEG 01	Vagem	UEG <sup>4/</sup>
25	HAB 39	Vagem	UEG <sup>4/</sup>
26	UENF 1453	Vagem	UFV <sup>5/</sup>
27	UENF 1466	Vagem	UFV <sup>5/</sup>
28	UENF 1467	Vagem	UFV <sup>5/</sup>
29	UENF 1469	Vagem	UFV <sup>5/</sup>
30	UENF 1480	Vagem	UFV <sup>5/</sup>
31	Alessa	Vagem	PESAGRO <sup>6/</sup>
32	Amarelo Baixo	Vagem	ISLA <sup>7/</sup>
33	Andra	Vagem	PESAGRO <sup>6/</sup>
34	Cota	Vagem	PESAGRO <sup>6/</sup>
35	Macarrão Baixo	Vagem	ISLA <sup>7/</sup>
36	Macarrão Rasteiro	Vagem	FELTRIN <sup>7/</sup>
37	Manteiga Baixo	Vagem	ISLA <sup>7/</sup>
38	Zigane	Vagem	TOP SEED <sup>7/</sup>
39	UENF 1579	Vagem	CIAT <sup>8/</sup>

<sup>1/</sup>Instituto Agronômico de Campinas

<sup>2/</sup>Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais

<sup>3/</sup>Faculdade de Ciências Agrônomicas da Universidade Estadual de São Paulo

<sup>4/</sup>Universidade Estadual de Goiás

<sup>5/</sup>Universidade Federal de Viçosa

<sup>6/</sup>Empresa de Pesquisa Agropecuária do Estado do Rio de Janeiro

<sup>7/</sup>Empresas de Sementes

<sup>8/</sup>Centro Internacional de Agricultura Tropical

O experimento foi conduzido no delineamento de blocos ao acaso, com cinco repetições, oriundos de um arranjo em fatorial (três métodos de inoculação x 11 genótipos), cada parcela representada por uma planta por vaso. O preparo do inóculo utilizado foi o mesmo do experimento 1. Todas as plantas foram inoculadas aos oito dias após a emergência. Foram comparados os seguintes métodos de inoculação:

a) palito de dente: as plantas foram inoculadas por meio da inserção do palito de dente na haste da planta logo abaixo do par de folhas cotiledonares (Leite Jr. & Behlau, 2001). Antes da inoculação das plantas, os palitos foram autoclavados e umedecidos em colônias de *Cff*. Todas as plantas foram inoculadas aos oito dias após a emergência;

b) hilo da semente: cada semente de cada genótipo recebeu uma picada de agulha estéril e previamente umedecida em colônias de *Cff* (Hsieh et al., 2005);

c) raízes *in situ*: foram realizados ferimentos nas raízes seguidos da inoculação com 100 mL da suspensão de *Cff* contendo aproximadamente  $10^8$  UFC/mL em cada vaso (Miranda Filho & Uesugi, 2004). Todas as plantas foram inoculadas aos oito dias após a emergência;

A severidade da doença foi avaliada da mesma forma utilizada no experimento 1. Foram realizadas 11 avaliações da severidade da doença, em intervalos de dois dias, sendo a primeira quatro dias após a inoculação.

Para os dois experimentos, os dados das avaliações da severidade da doença foram utilizados para calcular a área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD), conforme Campbell & Madden (1990). As variáveis AACPD e nota foram transformadas por  $\sqrt{x + 0,5}$ . As análises estatísticas empregadas neste trabalho foram realizadas com o auxílio do programa GENES (Cruz, 2006).

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

Todos os genótipos testados no experimento 1 apresentaram sintomas da murcha-de-curtobacterium. Na primeira avaliação, que foi realizada quatro dias após a inoculação, 19% das plantas apresentavam sintomas. Na quarta avaliação, que se deu aos dez dias após a inoculação, os sintomas estavam

presentes em 71% das plantas, demonstrando a alta capacidade da *Cff* em causar sintomas nas plantas inoculadas.

A temperatura máxima variou entre 27 e 33°C e a mínima entre 19 e 23°C no local durante o experimento 1, podendo ter influenciado no aumento da severidade da murcha-de-curtobacterium. Coyne et al. (1966) verificaram que, em condições de temperatura média ao redor de 21°C, as linhagens PI 165078 e PI 136725 se mostraram resistentes à murcha-de-curtobacterium, enquanto que em condições de campo, com temperaturas em torno de 33 a 38°C na fase de formação de vagens, o genótipo PI 136725 foi suscetível.

Pela análise de variância da nota aos 19 dias após a inoculação (DAI) e AACPD, constataram-se diferenças significativas ( $P \leq 0,01$ ) entre os genótipos, demonstrando que ocorreu variabilidade genética para a característica estudada.

Pelo teste de agrupamento de Scott-Knott a 5% de probabilidade, os genótipos de feijão-de-vagem mais resistentes a *Cff*, ou seja, com menores notas, foram 'Hab 39', 'Cota', 'Manteiga Baixo', 'Ueg 01', 'Alessa', 'Novirex', 'Beawhild', 'IAC Carioca Pyatã', 'IAC Carioca Aruã', 'Uenf 1467', 'Macarrão Rasteiro', 'IAC Carioca Tybatã', 'UEL 1', 'Amarelo Baixo' e 'Zigane'. Esses genótipos também obtiveram valores baixos para AACPD, exceto 'IAC Carioca Aruã', 'Uenf 1467' e 'UEL 1' (Tabela 2).

Maringoni (2002), analisando o comportamento varietal de quarenta genótipos de feijoeiro, sob condições de inoculação artificial em casa de vegetação, constatou resistência nas cultivares IAC Carioca Akytã, 'AC Carioca Aruã' e IAC Carioca Pyatã. Plantas desses genótipos apresentaram menores reduções da matéria seca da parte aérea e de teores de macronutrientes quando comparadas com os genótipos suscetíveis 'Pérola' e 'IAC Carioca'.

Leite Jr. & Behlau (2001) avaliaram, também em casa de vegetação, 22 genótipos de feijoeiro de importância comercial e linhagens promissoras. Todos os genótipos testados apresentaram sintomas de murcha-de-curtobacterium. Os genótipos 'IAPAR 31', 'IAPAR 14' e 'IAC Tybatã' apresentaram bom nível de resistência.

O experimento 2 foi conduzido visando comparar três métodos de inoculação utilizados para *Cff*. Não houve interação significativa entre métodos e genótipos.



Tabela 2 - Nota aos 19 dias após a inoculação (DAI) e a área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD) obtida em relação à severidade da murcha-de-curtobacterium causada por *Cff* em 39 genótipos de *Phaseolus vulgaris* L para o método palito de dente. Campos dos Goytacazes, 2006

Genótipos	Tipo	19 DAI	AACPD
HAB 39	Vagem	2,83 a <sup>1/</sup>	20,83 a
Cota	Vagem	3,17 a	21,08 a
Manteiga Baixo	Vagem	3,17 a	22,08 a
UEG 01	Vagem	3,33 a	24,08 a
Alessa	Vagem	3,33 a	27,33 a
Novirex	Vagem	3,50 a	25,17 a
Beawhild	Vagem	3,60 a	20,62 a
IAC Carioca Pyatã	Comum	3,67 a	27,08 a
IAC Carioca Aruã	Comum	3,67 a	31,58 b
UENF 1467	Vagem	3,67 a	30,00 b
Macarrão Rasteiro	Vagem	3,67 a	22,08 a
IAC Carioca Tybatã	Comum	3,80 a	24,92 a
UEL-1	Vagem	3,83 a	30,25 b
Amarelo Baixo	Vagem	3,83 a	25,67 a
Zigane	Vagem	3,83 a	22,92 a
Purple King	Vagem	4,17 b	27,00 a
UENF 1466	Vagem	4,17 b	29,67 b
UENF 1480	Vagem	4,17 b	34,08 b
UEL-2	Vagem	4,33 b	27,67 a
UEG 13	Vagem	4,33 b	21,17 a
Macarrão Baixo	Vagem	4,33 b	27,67 a
UENF 1579	Vagem	4,35 b	30,22 b
UEG 46	Vagem	4,50 b	36,25 b
EEA 0554	Vagem	4,50 b	33,75 b
UENF 1469	Vagem	4,50 b	28,25 a
Andra	Vagem	4,50 b	32,67 b
Gen 96A98-15-3-52-1	Comum	4,67 b	30,83 b
IAC Carioca Akytã	Comum	4,67 b	33,33 b
UEG 19	Vagem	4,67 b	31,92 b
UEG 638	Vagem	4,67 b	30,25 b
UENF 1453	Vagem	4,67 b	30,08 b
Coralina	Vagem	4,68 b	46,32 c
Turmalina	Vagem	4,80 b	32,84 b
Gen 96A98-13-1-52-1	Comum	4,83 b	32,50 b
Macarrão Bragança	Vagem	4,83 b	35,33 b
UEG 43	Vagem	4,83 b	33,42 b
Neckgold 01	Vagem	5,00 b	38,08 b
UEG 26	Vagem	5,00 b	45,42 c
UEG 27	Vagem	5,00 b	45,67 c
Média		4,18	30,0

<sup>1/</sup>Médias seguidas pela mesma letra pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Scott-Knott, a 5% de probabilidade.

Esse resultado indica que a reação dos genótipos à *Cff* não foi influenciada pelo método de inoculação utilizado. Um bom método de inoculação deve levar em consideração alguns critérios, como a boa discriminação entre genótipos resistentes e suscetíveis, a rapidez e a uniformidade nas reações das plantas inoculadas, a repetibilidade, além de ser de fácil execução, a inexistência de escape e a possibilidade de que a infecção possa ser avaliada quantitativamente (Torres & Maringoni, 1999; Santos, 2000).

Na análise de variância individual para cada método, apenas o método 'palito de dente' conseguiu discriminar genótipos resistentes e suscetíveis. O método 'hilo da semente,' além de não conseguir discriminar genótipos resistentes e suscetíveis, foi muito drástico, não permitindo a germinação de muitas sementes. Os métodos de inoculação 'hilo da semente' e 'raízes *in situ*' proporcionaram notas de reação dos genótipos à murcha-de-curtobacterium mais baixas.

Considerando o método de inoculação 'palito de dente' (Tabela 3), somente aos 16 DAI houve discriminação entre os genótipos resistentes e suscetíveis, sendo observado que 'Novirex', 'IAC Carioca Tybatã', 'Ueg 01' e 'Amarelo Baixo' apresentaram baixa severidade. Porém, na última avaliação, aos 24 DAI, o genótipo 'Ueg 01' mostrou suscetibilidade à murcha-de-curtobacterium. Os demais genótipos permaneceram com nota baixa de severidade, sendo esses identificados como resistentes. Esse comportamento indica a presença de algum mecanismo de resistência que dificultou a colonização da *Cff*, não promovendo a doença.

Um dos fatores que provavelmente pode ter influenciado nesta redução foi a temperatura, visto que a temperatura máxima variou entre 21 e 30°C e a mínima entre 12 e 18°C, sendo menor no local durante o experimento 2.

Os valores da AACPD variaram de 16,4 a 32,4 e os genótipos 'Novirex', 'IAC Carioca Tybatã' e 'Ueg 01' apresentaram as menores áreas, indicando maior resistência à doença (Tabela 3). O genótipo 'Ueg 01,' apesar de ter sido suscetível a *Cff*, teve o valor da AACPD baixo, proporcionado pela baixa severidade da doença até os 16 DAI.

Rickard e Walker (1965) testaram vários métodos de inoculação para *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens*. A inoculação na região cotiledonar por punção de agulha infestada foi o método mais eficiente nas duas

épocas avaliadas, aos 12 e 26 dias após o transplante. A inoculação da folha primária com injúrias por imersão em inóculo por 20 segundos foi quase tão eficiente quanto à punção aos 12 dias, mas bem inferior aos 26 dias. As inoculações de folhas sob pressão e por rega do inóculo, após fermentos nas raízes, não foram eficientes em nenhuma das épocas.

Tabela 3 - Nota aos 16 e 24 dias após a inoculação (DAI) e área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD) obtida em relação à severidade da murcha-de-curtobacterium causada por *Cff* em 11 genótipos de feijão para o método palito de dente no Experimento 2. Campos dos Goytacazes, 2006

Genótipos	Dias após a inoculação		AACPD
	16 DAI	24 DAI	
Novirex	1,40 a	1,40 a	16,40 a
IAC Carioca Tybatã	1,60 a	1,60 a	18,20 a
UEG 01	2,00 a	2,36 b	22,89 a
Amarelo Baixo	1,80 a	1,80 a	25,00 a
ZIGANE	2,53 b	2,81 b	28,99 b
UENF 1480	2,80 b	3,40 b	30,70 b
Manteiga Baixo	2,80 b	3,40 b	30,30 b
Macarrão Baixo	2,80 b	3,20 b	31,40 b
HAB 39	2,53 b	3,31 b	31,24 b
Macarrão Rasteiro	2,80 b	3,60 b	32,40 b
Cota	2,80 b	3,20 b	32,40 b
Média	2,35	2,71	27,14

<sup>1/</sup>Médias seguidas pela mesma letra pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Scott-Knott, a 5% de probabilidade.

Inoculações por punção no caule e infiltração na folha foram testadas por Diatloff e Imrie (2000), para induzir sintomas de murcha vascular e queima da folha, respectivamente. Esses autores verificaram pequena correlação entre os dois testes para reação à doença e que a queima da folha também foi devido à falta d'água ao invés de invasão do patógeno. Assim, concluíram que o método de inoculação de *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* por punção no caule foi o mais apropriado.

No presente estudo, o método de 'palito de dente', além da boa discriminação entre os genótipos resistentes e suscetíveis, mostrou-se preferível também devido a sua rapidez e à facilidade na execução, sendo o método de inoculação mais indicado para futuros trabalhos.

Até o momento não foi verificado na literatura trabalhos sobre o comportamento de genótipos nacionais de feijão-de-vagem em relação à murcha-

de-curtobacterium. Os genótipos identificados como resistentes podem ser recomendadas aos produtores e/ou incorporadas em programas de melhoramento que visem à obtenção de cultivares resistentes.

## CONCLUSÕES

- Os genótipos 'Novirex', 'IAC Carioca Tybatã' e 'Amarelo Baixo' foram identificados com os maiores níveis de resistência; e,
- O método de 'palito de dente', além da boa discriminação entre os genótipos resistentes e suscetíveis, apresenta rapidez e facilidade na execução, sendo o método de inoculação mais indicado.

## AGRADECIMENTOS

Os autores agradecem aos Professores Antonio Carlos Maringoni (UNESP/Botucatu) e Carlos Uesugi (UnB), pelo envio de isolados bacterianos, ao Professor Nei Peixoto (UEG) e ao pesquisador Alisson Fernando Chiorato (IAC), pelo envio de sementes de feijão-de-vagem e comum.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Agrios, G. N. (2005) *Plant pathology*. 5. ed. San Diego: Academic Press, 922p.
- Bergamin Filho, A.; Menten, J. O. M.; Mendes, B. M. J. (1984) Avaliação de resistência a fitopatógenos. *Summa Phytopathologica*, Piracicaba, 10:137-154.
- Campbell, C. L.; Madden, L. V. (1990) Monitoring epidemics diseases. *In*: \_\_\_\_\_. *Introduction to plant disease epidemiology*. New York: John Wiley, p. 107-128.
- Coyne, D. P.; Schuster, M. L.; Estes, L. W. (1966) Effect of maturity and environment on the genetic control or reaction to wilt bacterium in *Phaseolus vulgaris* L. *American Society for Horticultural Science*, Mount Vernon, 88 (6):393-399.
- Cruz, C. D. (2006) *Programa GENES: Estatística experimental e matrizes*. Viçosa: UFV, 285p.
- Diatloff, A.; Imrie, B. C. (2000) Inoculation techniques for evaluating resistance to *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* in mungbean cultivars. *Australasian Plant Pathology*, 29 (1):24-28.

- Dinesen, I. G. (1978) The movement of *Corynebacterium flaccumfaciens* in bean plant. *Proceedings international conference on plant pathogenic bacteria*, 4, Washington: INRA, p. 929-933.
- Fry, W. E. (1982) *Principles of plant disease management*. New York: Academic Press, 378 p.
- Hsieh, T. F.; Huang, H. C.; Mundel, H. H.; Conner, R. L.; Erickson, R. S.; Balaubramanian, P. M. (2005) Resistance of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) to bacterial wilt caused by *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens*. *Journal Phytopathology*, Berlin, 153:245-249.
- Kado, C. I.; Heskett, M. G. (1970) Selective media for isolation of Agrobacterium, Corynebacterium, Erwinia, Pseudomonas and Xanthomonas. *Phytopathology*, Saint Paul, 60 (6):969-976.
- Leite Júnior, R. P.; Behlau, F. (2001) Caracterização da murcha do feijoeiro no Paraná. *Reunião sul-brasileira de feijão*, 5, Londrina: IAPAR, p. 50-54.
- Leite Júnior, R. P.; Meneghim, L.; Behlau, F.; Rodrigues, S. R.; Bianchini, A. (2001) Ocorrência de *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* em feijoeiro no Paraná e Santa Catarina. *Fitopatologia Brasileira*, Brasília, 26:303-304.
- Maringoni, A. C. (2006) Alterações nos teores de macronutrientes em plantas de feijoeiro infectadas por *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens*. *Ciência e Agrotecnologia*, Lavras, 27 (1):217-222.
- Maringoni, A. C. (2002) Comportamento de cultivares de feijoeiro comum à murcha-de-curtobacterium. *Fitopatologia Brasileira*, Brasília, 27 (2):157-162.
- Maringoni, A. C.; ROSA, E. F. (1997) Ocorrência de *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* em feijoeiro no Estado de São Paulo. *Summa Phytopathologica*, Botucatu, 23 (2):160-162.
- Miranda Filho, R. J.; Uesugi, C. H. (2004) Comportamento de diferentes espécies vegetais em relação à *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* isolada de feijoeiro. *Fitopatologia Brasileira*, Brasília, 29:92. (Suplemento).
- Rickard, S. F.; Walker, J. C. (1965) Mode of inoculation and host nutrition in relation to bacterial wilt of bean. *Phytopathology*, Saint Paul, 55 (5):174-178.
- Saettler, A. W. (1991) Diseases caused by bacteria. In: Hall. R. *Compendium of bean diseases*. Sant Paul: APS, p. 29-32.
- Saettler, A. W.; Perry, S. K. (1972) Seed-transmitted bacterial diseases in Michigan navy (pea) beans. *Plant Disease Reporter*, Washington, 56:378-381.
- Santos, A. S. (2000) *Marcadores de DNA no melhoramento genético do feijoeiro (Phaseolus vulgaris) visando resistência à Xanthomonas axonopodis pv. phaseoli*.

Tese (Doutorado em produção vegetal) – Campos dos Goytacazes – RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF, 140p.

Scott, A. J.; Knott, M. (1974) A cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. *Biometrics*, 30:507-512.

Souza, U. L.; Maringoni, A. C.; Carbonell, S. A. M.; Ito, M. F. (2006) Resistência genética em genótipos de feijoeiro a *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens*. *Summa Phytopathologica*, Botucatu, 32 (4):339-344.

Tegli, S.; Seren, I. A.; Surico, G. (2002) PCR-based assay for the detection of *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* in bean seeds. *The Society for Applied Microbiology*, 35 (9):331-337.

Theodoro, G. F.; Maringoni, A. C. (2006) Murcha-de-curtobacterium do feijoeiro no Estado de Santa Catarina e reação de genótipos a *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens*. *Summa Phytopathologica*, Botucatu, 32 (1):34-41.

Torres, J. P.; Maringoni, A. C. (1999) Métodos de inoculação, estádios de desenvolvimento fenológico da planta e reação de cultivares de feijoeiro a *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*. *Ciência e Agrotecnologia*, Lavras, 23 (1):124-129.

Uesugi, C. H.; Freitas, M. A.; Menezes, J. R. (2003) Ocorrência de *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* em feijoeiro, em Goiás e no Distrito Federal. *Fitopatologia Brasileira*, Brasília, 28 (3):303-304.

#### 4. CARACTERIZAÇÃO AGRONÔMICA, AVALIAÇÃO DA RESISTÊNCIA À MURCHA-DE CURTOBACTERIUM E ESTIMATIVA DA DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM FEIJÃO-DE-VAGEM

RESUMO: Na busca de novos genótipos de feijão-de-vagem de crescimento determinado adaptados a diferentes condições ambientais e resistentes a doenças limitantes para a cultura, a caracterização e avaliação dos genótipos existentes e a estimativa da divergência genética permitem a escolha de genitores de modo que se obtenha o máximo efeito heterótico e maior probabilidade de que genótipos superiores sejam encontrados nas gerações segregantes. Os objetivos no presente trabalho foram: a) caracterizar genótipos de feijão-de-vagem quanto a oito descritores morfoagronômicos; b) avaliar a reação desses genótipos à murcha-de-curtobacterium; c) estimar a divergência genética entre os genótipos com base nos descritores agronômicos e na avaliação da resistência à murcha-de-curtobacterium; d) determinar a importância relativa das características estudadas na distinção dos genótipos; e, por fim, e) indicar potenciais genitores para estabelecer um programa de melhoramento do feijão-de-vagem para resistência à murcha-de-curtobacterium. Dois experimentos foram realizados, sendo o experimento 1 cultivado nas condições de campo no período de novembro de 2006 a janeiro de 2007 e o experimento 2 conduzido em casa de vegetação no período do janeiro a março de 2007. Ambos os experimentos foram conduzidos no delineamento de blocos casualizados, com três repetições e 15 tratamentos. A bactéria utilizada no experimento 2 para inoculação foi o isolado Feij – 2634. Houve a formação de seis grupos dos genótipos, tanto pelo método UPGMA como pelas variáveis canônicas; as duas primeiras variáveis canônicas

explicaram aproximadamente 80% da divergência genética entre os genótipos de feijão-de-vagem; as características que mais contribuíram para a divergência genética entre os genótipos foram altura de plantas, dias para colheita, número de vagens total e número de vagens por planta; os genótipos Cota, UEL 1, Manteiga Baixo e Novirex apresentaram divergência genética e bom desempenho para as características desejáveis, sendo indicados para o uso no programa de melhoramento genético de feijão-de-vagem visando a resistência à *murcha-de-curtobacterium* e características agronômicas, além de características qualitativas de interesse do mercado consumidor.

#### AGRONOMIC CHARACTERIZATION, BACTERIAL WILT RESISTANCE EVALUATION AND GENETIC DIVERGENCE ESTIMATION IN SNAP BEAN

**ABSTRACT:** In order to select snap bean genotypes with determined growth habit, adapted to different environment conditions and resistant to many diseases, the characterization and evaluation of these genotypes and also the estimation of genetic divergence can allow the selection of genitors with maximum heterotic effect and a better probability to find superior genotypes in the segregant populations. The purposes of this research were: a) to characterize snap bean genotypes regarding eight agronomic descriptors; b) to evaluate the reaction of snap bean genotypes to bacterial wilt; c) to estimate the genetic divergence among the genotypes, based on both agronomic traits and bacterial wilt reaction; d) to determine the relative contribution of each trait to distinguish the genotypes and; e) to indicate potential parents to establish a snap bean breeding program for bacterial wilt resistance. Two experiments were carried out, the first one under field conditions, from November 2006 to January 2007. The second experiment was carried out under greenhouse conditions, from January to March 2007. Both experiments were conducted in randomized complete block design, with three replications and 15 treatments. The Feij – 2634 isolate was used in the Experiment 2. The genotypes were clustered in six groups, using both UPGMA and canonical variables. The first two canonical variables were able to explain approximately 80% of genetic divergence among snap beans genotypes. The traits with the largest contribution to this genetic divergence were plant height, days for harvesting, total pod number and pod number per plant. The genotypes Cota, UEL1, Manteiga Baixo and Novirex were genetically divergent and had a



good performance for the desirable agronomic traits. They were recommended to be used in the snap bean breeding program focuses on bacterial wilt resistance and agronomic traits, and also on qualitative traits that are desired for the consumer market.

## INTRODUÇÃO

O feijão-de-vagem é derivado possivelmente a partir de mutação do feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.), que possui como características diferenciais a produção de vagens sem fibras de textura carnosa, aliadas à coloração verde-clara, ao formato plano com comprimento variando entre 15-18 cm em média. O feijão-de-vagem é considerado uma hortaliça rica em fibras, com apreciável quantidade de vitaminas B1 e B2, além de ter em quantidades menores fósforo, flúor, potássio, cálcio, ferro, vitaminas A e C (Castellane et al., 1988).

A produção de feijão-de-vagem para o consumo humano é proveniente, em grande parte, de cultivares com hábito de crescimento indeterminado. Entretanto, o custo de produção quando não se pratica o cultivo do feijão-de-vagem indeterminado em rotação com o tomate estaqueado é elevado. Além disso, a possibilidade de uso do feijão-de-vagem determinado com culturas como a cana-de-açúcar, por exemplo, tem despertado o interesse na obtenção de novos genótipos de feijão-de-vagem de crescimento determinado adaptados a diferentes condições ambientais e resistentes a doenças e pragas importantes para a cultura.

Por ser da mesma espécie botânica que o feijoeiro comum, o feijão-de-vagem está sujeito às mesmas doenças e pragas e também seu melhoramento pode ser feito utilizando-se o feijoeiro comum como fontes de resistência ou para transferência de outras características de interesse. Entre as doenças, a murcha-de-curtobacterium, causada por *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* (Cff), é potencialmente mais um risco para as lavouras de feijão-de-vagem, pois em feijoeiro comum é uma das mais relevantes. No Brasil, o primeiro relato foi feito em 1997 (Maringoni & Rosa, 1997) em feijão comum e ainda não se dispõe de estudos sobre a identificação de fontes de resistência em feijão-de-vagem.

A estimativa da divergência genética permite a estimação e a escolha de genitores, de modo que se obtenha o máximo efeito heterótico e maior probabilidade de que genótipos superiores sejam encontrados nas gerações segregantes. Na previsão da divergência genética, diferentes métodos multivariados podem ser aplicados, como a análise por componentes principais, por variáveis canônicas e por métodos aglomerativos. Quando o objetivo é identificar progenitores para hibridação, a distância euclidiana média e, sobretudo a distância generalizada de Mahalanobis são utilizadas rotineiramente (Cruz et al., 2004).

Assim como em outras espécies, em feijão-de-vagem, técnicas de análise multivariada vêm sendo empregadas para se obter informações sobre a divergência genética entre acessos. Por exemplo, Abreu et al. (2004) estimaram a divergência genética entre 25 acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento indeterminado do banco de germoplasma da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. A variabilidade encontrada entre os acessos avaliados por esses autores deu suporte para o trabalho de Silva et al. (2004), que utilizaram cinco destes acessos com destacada divergência genética e estudaram a capacidade de combinação, identificando, assim, os genitores e as combinações promissoras para iniciar um programa de melhoramento de feijão-de-vagem de hábito indeterminado.

Os objetivos no presente trabalho foram: a) caracterizar genótipos de feijão-de-vagem quanto a oito descritores morfoagronômicos; b) avaliar a reação desses genótipos à murcha-de-curtobacterium; c) estimar a divergência genética entre os genótipos com base nos descritores morfoagronômicos e na avaliação da resistência à murcha-de-curtobacterium; d) determinar a importância relativa das características estudadas na distinção dos genótipos; e, por fim, e) indicar potenciais genitores para estabelecer um programa de melhoramento do feijão-de-vagem para resistência à murcha-de-curtobacterium.

## MATERIAL E MÉTODOS

Foram conduzidos dois experimentos na área experimental da Universidade do Estado de Mato Grosso (UNEMAT), situada no município de

Tangará da Serra, MT, localizada na rodovia MT 358 km 07, a 321m de altitude, 14 39' latitude e 57 25' de longitude.

No experimento 1, os tratamentos foram constituídos de 15 genótipos de feijão-de-vagem (Tabela 1), cultivados nas condições de campo no período de novembro de 2006 a janeiro de 2007, no delineamento de blocos ao acaso, com três repetições. As parcelas experimentais foram constituídas de duas linhas com 3,0 m de comprimento, no espaçamento de 0,8 m entre fileiras e 0,2 m entre plantas, sendo avaliadas 30 plantas por parcela. Os tratos culturais foram realizados de acordo com as recomendações técnicas para a cultura (Filgueira, 2008). Nesta etapa, avaliaram-se os seguintes descritores morfoagronômicos: dias para o florescimento (DF) – refere-se ao número de dias contados a partir do plantio até o florescimento observado quando pelo menos 50% das plantas da parcela apresentam flores recém abertas; altura média de plantas (ATP) - que corresponde à distância do colo até o final da haste principal, assim que as plantas desenvolverem uma inflorescência no ápice da haste principal, expressa em cm; dias para a colheita (DPC) - refere-se ao número de dias contados a partir do plantio até a colheita; comprimento médio da vagem (CV) – medida longitudinal das vagens, com o auxílio de régua graduada, em uma amostra de 50 vagens por parcela, expressa em cm; número de vagens totais (NVT) – obtido pela contagem de todas as vagens da parcela; número de vagens por planta (NVP) – obtido pela divisão do número de vagens totais da parcela pelo número de plantas da parcela; peso de vagem (PV) – peso total de vagem, expresso em gramas; e, número de sementes por vagem (NSV) – obtido pela contagem das sementes produzidas por vagem, em uma amostra de 50 vagens por parcela.

O experimento 2 foi conduzido visando avaliar a reação dos diferentes genótipos de feijão-de-vagem à murcha-de-curtobacterium causada por *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens*. Os mesmos genótipos do experimento 1 foram testados neste ensaio.

No experimento 2, os genótipos foram cultivados em condição de casa de vegetação no período do janeiro a março de 2007. As plantas de feijoeiro foram cultivadas em vasos, contendo o volume de aproximadamente 2 litros de terra, previamente autoclavada. O experimento foi conduzido no delineamento de blocos ao acaso, com três repetições, cada parcela representada por três plantas, sendo uma planta por vaso.

Tabela 1 - Caracterização de alguns descritores e a procedência referente a quinze genótipos de feijão-de-vagem avaliadas no período de cultivo de 05/11/2006 a 10/01/2007. Tangará da Serra – MT, 2007

Genótipos	Características <sup>1/</sup>					Procedência
	TVG	CF	CORV	CORS	HB	
Alessa	Manteiga	Branca	Verde	Branca	Determinado	PESAGRO <sup>2/</sup>
Andra	Macarrão	Branca	Verde	Branca	Determinado	PESAGRO
Cota	Manteiga	Branca	Verde	Branca	Determinado	PESAGRO
UEL-1	Macarrão	Branca	Verde	Branca	Determinado	UEL <sup>3/</sup>
UEL-2	Macarrão	Branca	Verde	Branca	Determinado	UEL
Amarelo Baixo	Manteiga	Lilás	Dourada	Preta	Determinado	ISLA <sup>4/</sup>
UENF-1467	Manteiga	Lilás	Verde	Creme claro	Indeterminado	UFV <sup>5/</sup>
UENF-1480	Manteiga	Lilás	Verde	Preta	Indeterminado	UFV
Manteiga Baixo	Macarrão	Branca	Verde	Branca	Determinado	ISLA
Macarrão Baixo	Macarrão	Lilás	Dourada	Preta	Determinado	ISLA
UENF-1466	Manteiga	Branca	Verde	Castanha	Determinado	UFV
UENF-1453	Manteiga	Lilás	Verde	Preta	Indeterminado	UFV
UENF-1579	Macarrão	Branca	Verde	Preta	Determinado	CIAT <sup>6/</sup>
UENF-1469	Manteiga	Branca	Verde	Roxa	Indeterminado	UFV
Novirex	Macarrão	Lilás	Verde	Preta	Determinado	EPAMIG <sup>7/</sup>

<sup>1/</sup>TVG = Tipo de vagem; CF = Cor de flor; CORV = Cor de vagem; CORS = Cor de sementes; HB = Hábito de crescimento.

<sup>2/</sup>Empresa de Pesquisa Agropecuária do Estado do Rio de Janeiro

<sup>3/</sup>Universidade Estadual de Londrina

<sup>4/</sup>Empresas de Sementes

<sup>5/</sup>Universidade Federal de Viçosa

<sup>6/</sup>Centro Internacional de Agricultura Tropical

<sup>7/</sup>Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais

Uma alíquota da cultura estoque bacteriana do isolado Feij – 2634 de *Cff* (gentilmente cedido pelo professor Antonio Carlos Maringoni da Faculdade de Ciências Agronômicas, Universidade Estadual Paulista), com auxílio de alça de platina, foi transferida para placas de Petri contendo meio Kado sólido (Kado & Heskett, 1970). A bactéria cresceu durante 96 horas a 26 °C antes da inoculação, conforme proposto por Maringoni (2002). Todas as plantas foram inoculadas aos oito dias após a emergência por meio da inserção de palito de dente, previamente autoclavados e umedecidos em colônias de *Cff*, na haste da planta logo abaixo do par de folhas cotiledonares (Leite Jr. & Behlau, 2001).

A severidade da doença foi avaliada por meio da escala de notas, testada previamente por Krause et al. (2008) e descrita a seguir: 1,0 = até 10% da planta murcha; 2,0 = 10% até 25%; 3,0 = 25% até 50%; 4,0 = 50% até 75% e 5,0 ≥ 75%. Foram feitas doze avaliações da severidade da doença, em intervalos de dois dias, sendo a primeira quatro dias após a inoculação. As notas foram utilizadas para calcular a área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD), conforme Campbell & Madden (1990).

Os dados foram submetidos à análise de variância e as médias comparadas pelo teste de agrupamento de Scott-Knott (Scott-Knott, 1974), em nível de 5% de probabilidade. Para avaliar a divergência entre os genótipos foi empregada a estatística de Mahalanobis ( $D^2$ ). Foram utilizados os métodos UPGMA e as variáveis canônicas para agrupar os genótipos segundo suas distâncias genéticas. Estudou-se a importância relativa dos diversos caracteres, avaliados para divergência genética entre os genótipos, utilizando-se a metodologia de Singh (1981).

As análises estatísticas empregadas neste trabalho foram realizadas com o auxílio do programa GENES (Cruz, 2006).

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise de variância revelou diferenças significativas entre as médias dos genótipos ao nível de 1% de probabilidade pelo teste F, para todas as características estudadas, indicando a presença de variabilidade genética entre os quinze genótipos.

Os genótipos Andra, UEL 1, UEL 2, Amarelo Baixo, Manteiga Baixo, Macarrão baixo e Novirex foram os primeiros a florescer, em média aos 36 a 38 dias após o plantio. Os demais genótipos floresceram em média aos 40 a 45 dias após o plantio. Os genótipos Alessa, Cota, UENF 1467, UENF 1466 e UENF 1469, que se comportaram como os mais tardios para o florescimento, entretanto, foram os mais precoces para colheita, sendo colhidos juntamente com aqueles genótipos que floresceram primeiro. Dessa forma, tiveram um período menor do florescimento até a colheita. O genótipo Novirex, apesar de ter florescido primeiro, foi mais tardio para a colheita, na média aos 59 dias após o plantio. No entanto, essa idade corresponde à idade ideal de colheita deste genótipo (Pinto et al., 2001). Em geral, a ampliação do ciclo cultural resulta em maior custo de mão-de-obra e maior consumo de defensivos, devido a maior ocorrência de pragas e doenças (Peixoto et al., 2002).

Plantas de UENF 1480, UENF 1453 e UENF 1469 obtiveram os maiores valores para altura de planta, seguidos da UENF 1467, enquanto que as demais foram as mais baixas, com plantas entre 34 a 45 cm de altura. Plantas com altura elevada acarretam maior dificuldade de manejo e de colheita (Peixoto et al., 2002).

A maior variabilidade entre os genótipos foi observada para a característica comprimento da vagem, que formou quatro classes diferentes de acordo com o teste de Scott-Knott (Tabela 2). Observou-se que os genótipos Alessa, Cota, Macarrão Baixo e Novirex tiveram os maiores valores para comprimento de vagem. Os demais genótipos se dividiram entre três outras classes. Os genótipos Alessa, Andra, Macarrão Baixo, UENF 1453 e UENF 1469 obtiveram as maiores médias para a característica número de sementes por vagem.

Para as três características relacionadas com produção (número de vagens por planta, número de vagens total e peso total de vagem), destacaram-se os genótipos UENF 1469 e UENF 1480, que estiveram presentes no grupo mais produtivo para todas estas variáveis.

Os genótipos também foram avaliados para a resistência a *Cff*, agente causal da murcha-de-curtobacterium do feijoeiro. Os genótipos UEL 1, Amarelo Baixo e Novirex tiveram as menores notas, sendo identificadas como as mais resistentes.

Tabela 2 - Médias dos genótipos de feijão-de-vagem para oito características agrônômicas e reação a *Cff* avaliadas no período de cultivo de 05/11/2006 a 10/01/2007. Tangará da Serra – MT, 2007

Genótipos	Características <sup>2/</sup>									
	DF	ATP	DPC	CV	NVP	NVT	PVT	NSV	NOTA	AACPD
UENF 1480	41,67 a <sup>1/</sup>	129,33 a	64,33 a	7,43 d	17,47 a	502,33 a	1269,33 a	5,37 b	3,89 a	43,05 a
UENF 1453	45,00 a	126,00 a	63,67 a	8,08 d	10,99 b	281,08 b	769,67 a	6,80 a	4,33 a	43,88 a
UENF 1469	43,00 a	120,00 a	61,00 b	9,22 c	16,94 a	463,99 a	1636,67 a	5,93 a	4,11 a	42,27 a
UENF 1579	41,33 a	42,00 c	66,00 a	11,28 b	5,45 b	129,87 b	537,33 a	5,40 b	4,22 a	46,72 a
UENF 1467	41,33 a	78,33 b	61,00 b	8,27 d	11,59 b	307,74 b	916,33 a	5,57 b	3,78 a	39,19 a
Alessa	41,33 a	34,00 c	59,33 b	12,87 a	7,70 b	231,00 b	901,33 a	5,17 b	4,55 a	48,39 a
Cota	40,00 a	35,33 c	59,33 b	13,00 a	8,03 b	232,33 b	1021,33 a	5,47 b	3,66 a	38,00 a
UENF 1466	40,33 a	37,00 c	59,33 b	10,07 c	10,39 b	303,73 b	856,33 a	5,13 b	3,89 a	43,30 a
UEL 2	37,00 b	34,67 c	58,00 b	11,87 b	3,99 b	73,91 b	284,33 a	4,30 b	4,33 a	43,83 a
Andra	38,33 b	36,00 c	58,67 b	11,33 b	5,59 b	138,15 b	725,00 a	6,07 a	3,22 a	35,55 a
UEL 1	37,00 b	34,00 c	58,00 b	10,48 b	9,21 b	276,20 b	918,67 a	5,10 b	1,50 b	19,83 b
Amarelo Baixo	36,00 b	37,67 c	58,00 b	11,07 b	9,01 b	222,05 b	850,00 a	4,93 b	2,00 b	25,33 b
Manteiga Baixo	38,67 b	45,67 c	59,33 b	11,23 b	5,44 b	144,89 b	541,67 a	4,57 b	3,11 a	32,77 b
Macarrão Baixo	36,00 b	44,33 c	58,00 b	12,90 a	6,98 b	209,30 b	798,67 a	6,53 a	3,22 a	31,55 b
Novirex	36,00 b	42,67 c	59,00 b	12,37 a	8,40 b	231,90 b	780,00 a	4,47 b	2,00 b	24,42 b
Média	39,53	58,47	60,20	10,76	9,15	249,9	853,78	5,39	3,45	37,21

<sup>1/</sup>Médias seguidas pela a mesma letra, em cada coluna, pertence a um mesmo grupo, de acordo com o teste de Scott-knott, em nível de 5% de probabilidade;

<sup>2/</sup>DF = Dias para o florescimento; ATP = Altura média de plantas por parcela; DPC = Dias para a colheita; CV = Comprimento médio de vagem; NVP = Número médio de vagem por planta; NVT = Número médio de vagem por parcela; PVT = Peso total de vagem; NSV = Número médio de semente por vagem; AACPD = área abaixo da curva de progresso da doença; NOTA = obtida na 12<sup>a</sup> avaliação, aos 24 dias após a inoculação (DAI).

Esse comportamento indica a presença de algum mecanismo de resistência que dificultou a colonização da *Cff*, não promovendo a doença. Esse mecanismo de resistência foi relacionado por Schuster et al. (1964) como uma menor quantidade desta bactéria no xilema das plantas. Os demais genótipos demonstraram suscetibilidade à murcha-de-curtobacterium.

Os valores da AACPD variaram de 20,43 a 49,20 e os genótipos UEL 1, Amarelo Baixo, Novirex, Manteiga Baixo e Macarrão Baixo apresentaram as menores áreas, indicando maior resistência à doença (Tabela 2).

Não existem relatos sobre o comportamento de genótipos nacionais de feijão-de-vagem a essa doença. Com base nos resultados verificados no presente trabalho, os genótipos identificados como resistentes por já serem cultivares comercialmente utilizadas podem ser indicados aos produtores e ainda podem ser incorporadas em programas de melhoramento que visem à obtenção de cultivares com resistência associada a outros caracteres de interesse.

A análise de agrupamento dos genótipos pelo método UPGMA, utilizando-se como medida de dissimilaridade a distância generalizada de Mahalanobis ( $D_{ii}^2$ ), permitiu a formação de seis grupos, confirmando que existe variabilidade genética entre os 15 genótipos de feijão-de-vagem (Figura 1). Os genótipos foram agrupados da seguinte forma: o grupo 1 reuniu os genótipos UEL 1, Amarelo Baixo, Andra, Macarrão Baixo, Manteiga Baixo e Novirex; grupo 2, conteve apenas o genótipo UEL 2; grupo 3 foi formado pelos genótipos UENF 1466, Alessa e Cota; no grupo 4, somente o genótipo UENF 1467, enquanto no grupo 5 apenas o genótipo UENF 1579; e o grupo 6 reuniu os genótipos UENF 1469, UENF 1480 e UENF 1453.

Num programa de melhoramento, diversos autores têm recomendado a utilização de genitores com maior divergência possível para maximizar a probabilidade de ocorrência de segregantes superiores em gerações avançadas e ampliar a base genética. Contudo, a escolha de genótipos deve ser feita considerando também seus comportamentos *per se*. Assim, a recomendação de cruzamentos em programas de melhoramento entre genótipos divergentes, que apresentem desempenho superior nas principais características de importância agrônômica e que também atendam os objetivos ao qual o programa está sendo desenvolvido, é a mais indicada (Maluf e Ferreira, 1983; Oliveira et al., 1999; Pereira, 1999; Cruz et al., 2004).



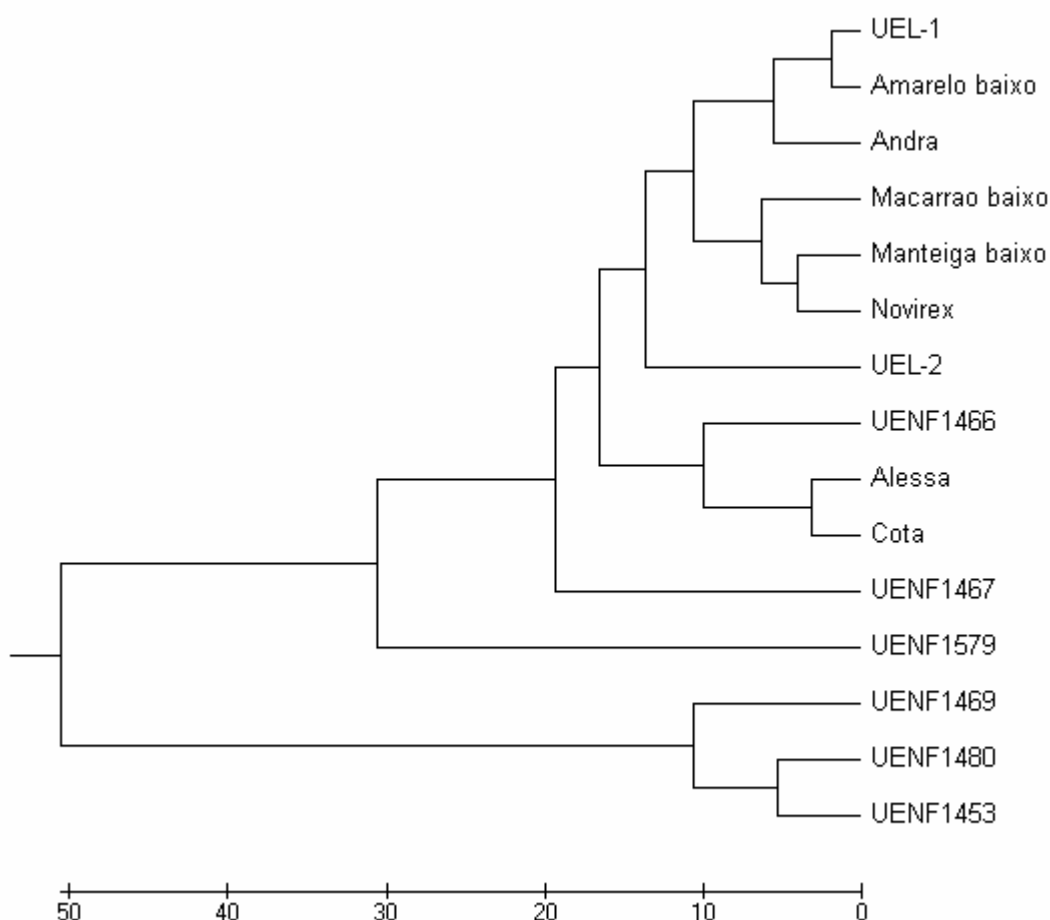


Figura 1 – Dendrograma obtido pelo método do UPGMA, a partir das medidas de dissimilaridades genéticas entre 15 genótipos de feijão-de-vagem avaliados no período de cultivo de 05/11/2006 a 10/01/2007. Tangará da Serra – MT, 2007.

Os genótipos UEL 2 (grupo 2), UENF 1467(grupo 4) e UENF 1479 (grupo 5), que distanciaram-se dos demais genótipos formando grupos isolados, poderiam ser utilizados para cruzamentos (Figura 1). No entanto, eles foram suscetíveis para a murcha-de-curtobacterium (Tabela 2), o mesmo ocorrendo com os genótipos do grupo 3 e 6. No entanto, o genótipo Cota do grupo 3 possui características como hábito de crescimento determinado, sementes brancas, vagens verdes e do tipo manteiga, que são de interesse para o mercado consumidor, podendo ser indicado para cruzamento com os genótipos resistentes à murcha-de-curtobacterium do grupo 1. Considerando os três componentes de produção (número de vagens por planta, número de vagens total e peso total de

vagem) os genótipos UENF 1469 e UENF 1480 do grupo 6, que foram os mais produtivos para todas estas variáveis, poderiam ser utilizados para cruzamentos. Os genótipos UENF 1469 e UENF 1480 possuem hábito de crescimento indeterminado. Plantas de porte elevado acarretam maior dificuldade de manejo e de colheita (Peixoto et al., 2002). Além disso, possuem semente roxa e preta, respectivamente, características qualitativas que não são de interesse para o mercado consumidor.

Os genótipos anteriormente identificados como os mais resistentes à murcha-de-curtobacterium (Tabela 2) estiveram presentes no grupo 1. Além da resistência a esta doença, os genótipos UEL 1 e Manteiga Baixo possuem hábito de crescimento determinado, vagens verdes e sementes brancas, que são características importantes para o feijão-de-vagem. O genótipo Novirex possui sementes pretas, mas além da resistência, possui também crescimento determinado, vagens verdes e é precoce, com uma média de 59 dias para colheita, e esteve no grupo intermediário para as características relacionadas com a produção. Portanto, esses genótipos podem ser indicados para o uso no programa de melhoramento genético de feijão-de-vagem visando à resistência à murcha-de-curtobacterium e características agrônômicas, além de características qualitativas de interesse do mercado consumidor.

Observou-se que as duas primeiras variáveis canônicas explicaram cerca de 79,78% da variação total disponível (Tabela 3). O agrupamento realizado pelas variáveis canônicas foi concordante com a técnica de agrupamento UPGMA, permitindo também identificar seis grupos de genótipos divergentes, que foram: grupo 1, com os genótipos Andra, Cota, UEL 2, Manteiga Baixo, Macarrão Baixo, UENF 1466 e Novirex; grupo 2, UEL 1 e Amarelo Baixo; grupo 3, Alessa; grupo 4, UENF 1467; grupo 5, UENF 1579; e, grupo 6, UENF 1480, UENF 1453 e UENF 1469 (Figura 2).

A contribuição de cada característica para a divergência genética entre os genótipos foi altura de plantas (30,84%), dias para colheita (16,65%), número de vagens total (12,67%), número de vagens por planta (12,25%), comprimento da vagem (6,58%), dias para o florescimento (6,25%), número de sementes por vagem (4,81%), nota (3,50%); peso de vagem total (3,37%) e área abaixo da curva de progresso da doença (3,08%) (Figura 3).

Tabela 3 – Estimativas de autovalores e coeficientes de ponderação das oito características agronômicas e reação a *Cff* avaliadas em 15 genótipos de feijão-de-vagem no período de cultivo de 05/11/2006 a 10/01/2007. Tangará da Serra – MT, 2007

Variável Canônica	Variância (autovalor)	Variância Acumulada (%)	<sup>1/</sup> Coeficiente de ponderação associado a:										
			DF	ATP	DPC	CV	NVP	NVT	PVT	NSV	NOTA	AACPD	
Y1	16,63	59,13	0,23	0,62	0,46	-0,12	0,13	0,40	-0,10	0,30	0,10	0,22	
Y2	5,72	79,78	0,12	-0,41	0,14	0,44	0,00	0,32	-0,29	-0,03	0,64	0,02	
Y3	1,79	85,84	0,34	-0,18	-0,01	-0,54	0,14	-0,22	0,47	0,06	0,51	0,11	
Y4	1,54	91,34	0,17	0,16	-0,53	0,33	0,22	0,34	0,39	-0,25	-0,06	0,41	
Y5	1,26	95,82	0,07	-0,51	0,17	0,12	0,04	0,10	0,21	0,62	-0,39	0,31	
Y6	0,69	98,29	-0,06	0,27	-0,43	0,15	-0,57	-0,13	0,04	0,54	0,29	0,00	
Y7	0,28	99,29	-0,37	-0,08	-0,44	-0,38	0,47	0,28	-0,34	0,30	0,09	-0,06	
Y8	0,12	99,72	0,25	-0,21	-0,12	-0,44	-0,56	0,51	-0,16	-0,21	-0,19	0,05	
Y9	0,06	99,92	0,28	0,00	-0,13	-0,05	0,04	-0,44	-0,57	-0,06	-0,05	0,61	
Y10	0,02	100,00	0,71	0,02	-0,23	0,12	0,22	-0,04	-0,15	0,17	-0,18	-0,55	

<sup>1/</sup>DF = Dias para o florescimento; ATP = Altura média de plantas por parcela; DPC = Dias para a colheita; CV = Comprimento médio de vagem; NVP = Número médio de vagem por planta; NVT = Número médio de vagem por parcela; PVT = Peso total de vagem; NSV = Número médio de semente por vagem; AACPD = área abaixo da curva de progresso da doença; NOTA = obtida na 12<sup>a</sup> avaliação, aos 24 dias após a inoculação (DAI).

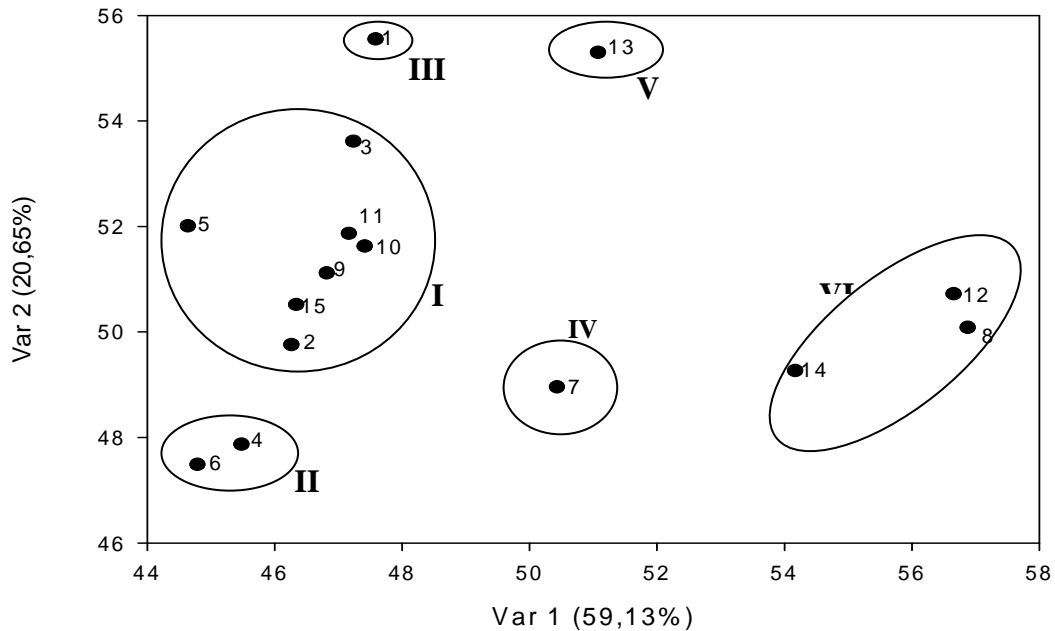


Figura 2 – Dispersão gráfica de 15 genótipos<sup>1/</sup> de feijão-de-vagem, em relação às duas primeiras variáveis canônicas, estabelecidas pela combinação linear de oito características agrônômicas e reação a *Cff* avaliadas no período de cultivo de 05/11/2006 a 10/01/2007. Tangará da Serra – MT, 2007.

<sup>1/</sup>1 = Alessa; 2 = Andra; 3 = Cota; 4 = UEL 1; 5 = UEL 2; 6 = Amarelo Baixo; 7 = UENF 1467; 8 = UENF 1480; 9 = Manteiga Baixo; 10 = Macarrão Baixo; 11 = UENF 1466; 12 = UENF 1453; 13 = UENF 1579; 14 = UENF 1469; 15 = Novirex.

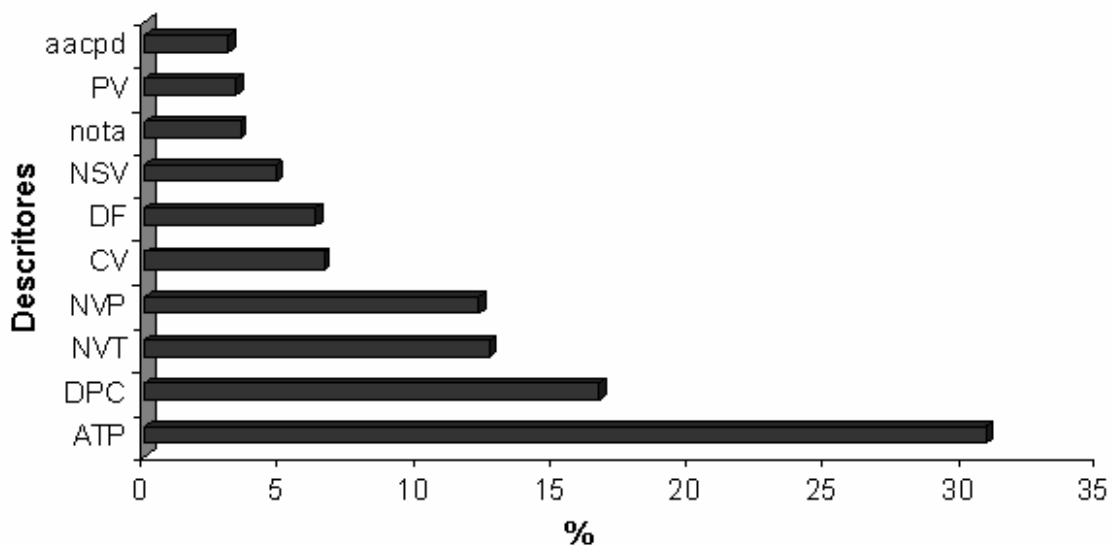


Figura 3 – Contribuição relativa das características<sup>1/</sup> avaliadas (%) em 15 genótipos de feijão-de-vagem avaliados no período de cultivo de 05/11/2006 a 10/01/2007. Tangará da Serra – MT, 2007.

<sup>1/</sup>DF = Dias para o florescimento; ATP = Altura média de plantas por parcela; DPC = Dias para a colheita; CV = Comprimento médio de vagem; NVP = Número médio de vagem por planta; NVT = Número médio de vagem por parcela; PV = Peso total de vagem; NSV = Número médio de semente por vagem; AACPD = área abaixo da curva de progresso da doença; NOTA = obtida na 12<sup>a</sup> avaliação, aos 24 dias após a inoculação (DAI).

## CONCLUSÕES

- Houve a formação de seis grupos dos genótipos tanto pelo método UPGMA como pelas variáveis canônicas;
- A divergência genética entre os genótipos de feijão-de-vagem foi quantificada pelas duas primeiras variáveis canônicas;
- As características que mais contribuíram para a divergência genética entre os genótipos foi altura de plantas, dias para colheita, número de vagens total e número de vagens por planta;
- Os genótipos Cota, UEL 1, Manteiga Baixo e Novirex apresentaram divergência genética e bom desempenho para as características desejáveis, sendo indicados para o uso no programa de melhoramento genético de feijão-de-vagem visando a resistência à murcha-de-curtobacterium e características agronômicas, além de características qualitativas de interesse do mercado consumidor.

## AGRADECIMENTOS

Os autores agradecem aos professores Antonio Carlos Maringoni (UNESP/Jaboticabal) e Carlos Uesugi (UnB), pelo envio de isolados bacterianos e ao professor Nei Peixoto (UEG) e o pesquisador Alisson Fernando Chiorato (IAC), pelo envio de sementes de feijão-de-vagem e comum.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Abreu, F. B., Leal, N. R., Rodrigues, R., Amaral Júnior, A. T., Silva, D. J. H. (2004) Divergência genética entre acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento indeterminado. *Horticultura Brasileira*, Brasília, 22 (3):547-552.
- Campbell, C. L., Madden, L. V. (1990) Monitoring epidemics diseases. *In:\_\_\_\_\_ Introduction to plant disease epidemiology*. New York: J. Wiley, p. 107-128.
- Castellane, P. D., Vieira, R. D., Carvalho, N. M. (1988) *Feijão-de-vagem (Phaseolus vulgaris L.): cultivo e produção de sementes*. Jaboticabal: FCAV-UNESP. 60p.
- Cruz, C. D. (2006) *Programa genes: análise multivariada e simulação*. Viçosa: UFV, 175p.

- Cruz, C. D., Regazzi, A. J., Carneiro, P. C. S. (2004) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. v. 1, Viçosa: Imprensa Universitária, 480p.
- Filgueira, F. A. R. (2008) *Novo manual de olericultura: agrotecnologia moderna na produção e comercialização de hortaliças*. 3. ed. Viçosa: UFV, 421p.
- Kado, C. I.; Heskett, M. G. (1970) Selective media for isolation of *Agrobacterium*, *Corynebacterium*, *Erwinia*, *Pseudomonas* and *Xanthomonas*. *Phytopathology*, Saint Paul, 60 (6):969-976.
- Krause, W., Rodrigues, R., Leal, N. R. (2008) Identificação de fontes de resistência e avaliação de métodos de inoculação de *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* em feijão-de-vagem. *Ciência & Agrotecnologia*. (no prelo).
- Leite Júnior, R. P., Behlau, F. (2001) Caracterização da murcha do feijoeiro no Paraná. *Anais da reunião Sul-Brasileira de feijão*, 5, Londrina: IAPAR, p. 50-54.
- Maluf, W. R.; Ferreira, P. E. (1983) Análise multivariada da divergência genética em feijão-vagem (*Phaseolus vulgaris* L.). *Horticultura Brasileira*, Brasília, 1(2):31-34.
- Maringoni, A. C. (2002) Comportamento de cultivares de feijoeiro comum à murcha-de-*Curtobacterium*. *Fitopatologia Brasileira*, 27(2):157-162.
- Maringoni, A. C.; Rosa, E. F. (1997) Ocorrência de *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* em feijoeiro no Estado de São Paulo. *Summa Phytopathologica*, Botucatu, 23(2):160-162.
- Oliveira, V. R.; Casali, V. W. D.; Cruz, C. D.; Pereira, P. R. G.; Braccini, A. L. (1999) Avaliação da diversidade genética em pimentão através de análise multivariada. *Horticultura Brasileira*, Brasília, 17(1):19-24.
- Pereira, J. J. (1999) *Análises de agrupamento e discriminante no melhoramento genético - aplicação na cultura do arroz (Oryza sativa L.)*. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Viçosa – MG, Universidade Federal de Viçosa - UFV, 191p.
- Peixoto, N.; Braz, L. T.; Banzatto, D. A.; Moraes, E. A.; Moreira, F. M. (2002) Características agronômicas, produtividade, qualidade de vagens e divergência genética em feijão-vagem de crescimento indeterminado. *Horticultura Brasileira*, Brasília, 20 (3):447-451.
- Pinto, C. M. F.; Vieira, R. F.; Vieira, C.; Caldas, M. T. (2001) Idade de colheita do feijão-vagem anão cultivar Novirex. *Horticultura Brasileira*, Brasília, 19 (1):163-167.
- Schuster, M. L.; Coyne, D. P.; Singh, K. (1964) Population trends and movement of *Corynebacterium flaccumfaciens* var. *aurantiacum* in tolerant and susceptible beans. *Plant Dis Rep*, 48:823–827.

Scott, A. J.; Knott, M. (1974) A cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. *Biometrics*, 30:507-512.

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

Singh, D. (1981) The relative importance of characters affecting genetic divergence. *The Indian Journal of Genetic and Plant Breeding*, 41:237-245.

## 5. CAPACIDADE COMBINATÓRIA EM FEIJÃO-DE-VAGEM PARA CARACTERES AGRONÔMICOS E RESISTÊNCIA À MURCHA-DE-CURTOBACTERIUM

RESUMO: Num programa de melhoramento visando à resistência a doenças, estudos genéticos da resistência são básicos para a definição dos métodos de melhoramento a serem adotados. O dialelo tem importância especial porque possibilita a obtenção de informações com base no comportamento “*per se*” de um grupo de genitores e, principalmente, por considerar sua capacidade de combinação na formação de híbridos. Objetivou-se, neste trabalho, avaliar a capacidade combinatória entre genitores de feijão-de-vagem, por meio de análise dialélica, quanto à resistência à murcha-de-curtobacterium e caracteres agronômicos. Quatro genitores de feijão-de-vagem e um genitor de feijão comum foram escolhidos com base no comportamento em relação à murcha-de-curtobacterium e nas características morfoagronômicas identificadas em experimentos preliminares para obtenção dos híbridos  $F_1$ 's. A obtenção das sementes híbridas foi realizada por meio de cruzamentos, considerando-se o esquema de dialelo completo sem os recíprocos. Dois experimentos foram conduzidos, sendo que no experimento 1 os cinco genitores e os sete híbridos  $F_1$ 's foram cultivados nas condições de campo, no período de novembro de 2007 a fevereiro de 2008, para avaliar oito caracteres agronômicos de interesse para o feijão-de-vagem. Neste experimento, utilizou-se o delineamento de blocos casualizados, com quatro repetições. O experimento 2 foi realizado nas condições de casa de vegetação no período de março a maio de 2008, no delineamento de blocos ao acaso, com cinco genitores e sete híbridos  $F_1$ 's, e seis repetições. Este



experimento foi para testar a reação dos híbridos e genitores quanto à murcha-de-curtobacterium. O isolado Feij-2634 foi utilizado para a inoculação. Considerando as características agronômicas de uma forma geral, pode-se concluir que os genitores 'UEL 1' e 'Novirex,' são os mais indicados para compor programas de melhoramento que visem obter populações promissoras para o desenvolvimento de linhagens superiores. Já para a característica reação de resistência à murcha-de-curtobacterium, os genitores foram 'Novirex', 'Manteiga Baixo' e 'IAC Carioca Tybatã'. As combinações Manteiga Baixo x Novirex e Manteiga Baixo x UEL1 foram as que mais se destacaram para a maioria das características agronômicas avaliadas com relação aos valores da capacidade específica de combinação, além de terem como genitores UEL 1 e Novirex que tiveram as melhores médias e os melhores valores da capacidade geral de combinação. Para a característica reação à murcha-de-curtobacterium, as combinações Manteiga Baixo x Novirex e Manteiga Baixo x Cota se destacaram, apresentando estimativas negativas de  $\hat{s}_{ij}$  e por terem como genitores 'Novirex' e 'Manteiga Baixo,' que obtiveram as melhores médias e as estimativas negativas de  $\hat{g}_j$ .

#### COMBINING ABILITY FOR AGRONOMIC TRAITS AND BACTERIAL WILT RESISTANCE IN SNAP BEAN

**ABSTRACT:** In a breeding program for disease resistance, genetic studies about resistance are essential to define the breeding methods that will be adopted. The diallel analysis generates information about the genitors' individual performance and their combining ability during the hybrid formation. The aim of this research was to evaluate the combining ability among snap bean genotypes, using the diallel cross, considering the bacterial wilt resistance and the agronomic traits. Four snap bean and one common bean genitors were chosen based on their bacterial wilt reaction and also on their agronomic traits. These characteristics were identified in preliminary studies to obtain  $F_1$  hybrids. Hybrid seeds were obtained by crosses in a complete diallel design, without the reciprocals. Two experiments were carried out, the first one under field conditions, from November 2007 to February 2008, in which the five genitors and the seven  $F_1$  hybrids were evaluated regarding eight important agronomic traits. This experiment was conducted in randomized complete block design, with four replications. The

Experiment 2 was carried out under greenhouse conditions, from March to May, 2008, in randomized complete block design, with five genitors, seven F<sub>1</sub> hybrids and six replications. This experiment was conducted to test the genotypes about their reaction to bacterial wilt disease. The Feij – 2634 isolate was used as the inoculation. Considering the agronomic aspects, it is possible to conclude that UEL1 and Novirex were the most promising genitors to be used in breeding programs to develop superior inbred lines. For bacterial wilt resistance, the best parents were Novirex, Manteiga Baixo and IAC Carioca Tybatã. The hybrid combinations Manteiga Baixo x Novirex and Manteiga Baixo x UEL1 had the best results for almost all agronomic traits, considering their specific combining ability, while the genitors UEL 1 and Novirex had the best means and the best values of general combining ability. For bacterial wilt resistance, the combinations Manteiga Baixo x Novirex and Manteiga Baixo x Cota had the best performances, due to their negative estimates of  $\hat{s}_{ij}$  and the fact that their genitors, Novirex and Manteiga Baixo, had the best means and negative estimates of  $\hat{g}_i$ .

## INTRODUÇÃO

A espécie *Phaseolus vulgaris* L. é extremamente diversificada em termos de métodos de cultivo e uso, podendo ser plantada em diferentes ambientes e cultivada desde o nível do mar a altitudes acima de 3000 metros, tanto em monocultura quanto consorciada ou em rotação com outras espécies. Desta espécie fazem parte tanto o feijão comum quanto o feijão-de-vagem. O feijão comum se caracteriza por seu produto final ser o grão e por isso as vagens são colhidas secas. Já o feijão-de-vagem é consumido quando as vagens ainda estão verdes (Broughton et al., 2003; Koutsika-Sotiriou & Traka-Mavrona, 2008).

Em países mais desenvolvidos, as cultivares arbustivas de feijão-de-vagem são adaptadas à mecanização intensiva, da semeadura até a colheita, com custo de produção reduzido (Pinto et al., 2001). Neste contexto, o cultivo dessas cultivares podem ser uma alternativa para a indústria, desde que haja disponibilidade de genótipos de boa qualidade para o consumo da vagem fresca, congelada ou industrializada, o que é comum em vários países do mundo (Silbernagel et al., 1991; Traka-Mavrona et al., 2000; Zdravković et al., 2005; Ferreira et al., 2006). No Brasil, o feijão-de-vagem de hábito determinado é

cultivado em pequenas propriedades e tem grande potencial de uso, tanto em rotação de culturas quanto em consórcio.

Entre as várias doenças que causam problemas em *P. vulgaris* está a murcha-de-curtobacterium, cujo agente causal é a bactéria *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens*, que coloniza o sistema vascular e ocasiona a murcha da planta (Souza et al., 2006; Deuner, 2007). Essa doença foi constatada em várias localidades produtoras de feijão nos Estados de São Paulo (Maringoni & Rosa, 1997), Paraná e Santa Catarina (Leite Jr. et al., 2001), Goiás e no Distrito Federal (Uesugi et al., 2003), apresentando-se, assim, como uma ameaça as lavouras de feijão. O uso de genótipos resistentes tem sido uma das medidas mais eficientes e econômicas para o controle de muitas doenças de plantas e é também o método mais prático e econômico para controle da murcha-de-curtobacterium na cultura do feijoeiro (Souza et al., 2006). Como se trata da mesma espécie, o melhoramento do feijoeiro e do feijão-de-vagem tem muitos aspectos comuns, inclusive o uso de genótipos e fontes de resistência a vagem.

Num programa de melhoramento visando a resistência à doenças, estudos genéticos da resistência são básicos para a definição dos métodos de melhoramento a serem adotados. Entre os métodos biométricos para a análise genética, o dialelo tem importância especial (Cruz et al., 2004; Gonçalves-Vidigal et al., 2007), isso porque possibilitam a obtenção de informações com base no comportamento “*per se*” de um grupo de genitores e, principalmente, por considerar sua capacidade de combinação na formação de híbridos (Ledo et al., 2003). Existem vários métodos usados na análise de cruzamentos dialélicos, sendo que o método proposto por Griffing (1956) é um dos mais empregados. Esse método gera informações a respeito da capacidade geral de combinação dos genitores (CGC), função da concentração de genes predominantemente aditivos, e da capacidade específica de combinação (CEC), decorrente da concentração de genes basicamente de efeito não aditivo (Jung et al., 2007). Em feijão-de-vagem, a análise genética por meio do dialelo tem sido utilizada, tanto para características agrônomicas (Carvalho et al., 1999; Silva et al., 2004; Zdravković et al., 2005; Rainey & Griffiths, 2005) como para doenças (Rodrigues et al., 1999).

Objetivou-se, neste trabalho, avaliar a capacidade combinatória entre genitores e híbridos de feijão-de-vagem, por meio de análise dialélica, quanto à resistência à murcha-de-curtobacterium e caracteres agrônômicos.

## MATERIAL E MÉTODOS

Quatro genitores de feijão-de-vagem e um genitor de feijão comum foram escolhidos com base no comportamento em relação à murcha-de-curtobacterium e nas características morfoagronômicas identificadas em experimentos preliminares para obtenção dos híbridos  $F_1$ 's (Tabela 1). A obtenção das sementes híbridas foi realizada por meio de cruzamentos considerando-se o esquema de dialelo completo (sem recíprocos) (Tabela 2).

As plantas foram cultivadas em vasos com capacidade para 5 L de terra em condições de casa-de-vegetação. Foram realizados quatro plantios escalonados dos genitores nos dias 09, 17, e 24/04/2007 e 04/05/2007, para garantir coincidência no florescimento e aumentar o período de realização de cruzamentos. Foram realizados 2.066 cruzamentos no período de 11/05/2007 a 17/06/2007, pela manhã (6 às 10 h) e à tarde (17 às 18 h). Foi utilizada a técnica de hibridação por emasculação com estigma coberto, que consiste em emascular o botão floral do genitor feminino e logo polinizar, mantendo as alas para a proteção do botão (CIAT, 1977; Rodrigues, 1997). Para verificar as possíveis contaminações (sementes oriundas de autofecundações), foram utilizados alguns marcadores morfológicos, isolados ou em associação (dependendo do cruzamento), como a cor da flor e da semente e o tipo de vagem (achatada ou redonda).

Dois experimentos foram conduzidos, o primeiro deles para avaliar oito caracteres agrônômicos de interesse para o feijão-de-vagem e o segundo para testar a reação dos híbridos e genitores quanto à murcha-de-curtobacterium em condições de casa-de-vegetação.

O experimento 1 foi conduzido nas condições de campo no período de novembro de 2007 a fevereiro de 2008 na área experimental da Universidade do Estado de Mato Grosso (UNEMAT), localizada no município de Tangará da Serra – MT, na rodovia MT 358, km 07, a 320 m de altitude, 14 39° latitude e 57 25° de longitude.

Tabela 1 – Caracterização de alguns descritores referentes a quatro genitores de feijão-de-vagem e um genitor de feijão comum utilizados em esquema de dialelo completo sem recíprocos. Tangará da Serra – MT. 2008.

Genótipos	Características <sup>(1)</sup>									
	Resistência às doenças <sup>(2)</sup>				Tipo	TVG	CF	CORV	CORS	HB
	M	A	F	BCMV						
Cota	S <sup>(3)</sup>	-	R	-	Vagem	Manteiga	Branca	Verde	Branca	Determinado
UEL-1	R	-	R	-	Vagem	Macarrão	Branca	Verde	Branca	Determinado
Manteiga Baixo	MR	-	R	-	Vagem	Macarrão	Branca	Verde	Branca	Determinado
Novirex	R	R	R	S	Vagem	Macarrão	Roxa	Verde	Preta	Determinado
IAC Carioca Tybatã	R	R	R	R	Comum	-	Branca	Verde	Carioca	Indeterminado

<sup>(1)</sup>TVG = Tipo de vagem; CF = Cor de flor; CORV = Cor de vagem; CORS = Cor de sementes; HB = Hábito de crescimento

<sup>(2)</sup>M: murcha-de-curtobacterium; A: antracnose; F: ferrugem; BCMV: mosaico comum do feijoeiro

<sup>(3)</sup>S: suscetível; MR: moderadamente resistente; R: resistente

Tabela 2 - Esquema dos cruzamentos dialélicos, sem recíprocos, entre cinco cultivares de *Phaseolus vulgaris* L. Tangará da Serra – MT, 2008.

	Manteiga Baixo (M)	Cota (C)	UEL 1 (U)	Novirex (N)	IAC Carioca Tybatã (I)
M	M*	M x C	M x U	M x N	M x I
C	-	C*	C x U	C x N	C x I
U	-	-	U*	U x N	U x I
N	-	-	-	N*	N x I
I	-	-	-	-	I*

\*Autofecundação

Utilizou-se o delineamento de blocos casualizados, com quatro repetições. Devido a perda das combinações Nxl, Cxl e Mxl, por não germinarem em todas as repetições, foram avaliados 12 tratamentos, sendo cinco pais e sete híbridos F<sub>1</sub>'s. As parcelas experimentais foram constituídas por duas linhas de 3 metros de comprimento, espaçadas de 0,80 m, sendo a densidade de plantio de cinco sementes por metro.

A adubação de plantio foi realizada no sulco no momento da semeadura, utilizando-se 280 g de superfosfato simples, 18 g de uréia e 22 g de cloreto de potássio por linha de 3 m. Foram realizadas duas adubações de cobertura, sendo a primeira aos 30 dias após a emergência utilizando 22 g de uréia e 32 g de cloreto de potássio por linha e a segunda aos 60 dias utilizando 40 g de uréia e 57 g de cloreto de potássio por linha. Os tratos culturais seguiram as recomendações técnicas para a cultura de feijão-de-vagem (Filgueira, 2008).

As características avaliadas foram: dias para o florescimento (DF), contando-se o número de dias a partir do plantio até o florescimento, observado quando pelo menos 50% das plantas da parcela tinham flores recém abertas; altura média de plantas (AP), que corresponde à distância do colo até o final da haste principal, na data da última colheita, expressa em cm; comprimento médio da vagem (CV), medida longitudinal das vagens, feita com o auxílio de régua graduada, em uma amostra de 10 vagens por planta, expressa em cm; diâmetro da vagem (DV), obtido pela medição da seção transversal da vagem, com o auxílio de paquímetro digital, em uma amostra de 10 vagens por planta, expressa em mm; número de vagens total (NV), obtido pela contagem de todas as vagens da parcela; peso de vagem (PV), peso total das vagens da parcela, expresso em gramas; número de sementes por vagem (NSV), obtido pela contagem das sementes produzidas por vagem, em uma amostra de 10 vagens por planta; e,

teor de fibra nas vagens (TF), obtido a partir de 10 gramas de vagens “in natura”, trituradas por três minutos em liquidificador; em seguida, as amostras foram colocadas em peneiras de 30 *mesh* e lavadas em água corrente. Posteriormente, as amostras foram lavadas com acetona (100%) e secas em estufa a 105° C por cerca de uma hora, procedendo-se em seguida a pesagem do material (Rodrigues, 1997).

O experimento 2 foi realizado nas condições de casa de vegetação no período de março a maio de 2008, no delineamento de blocos ao acaso, com 12 tratamentos, sendo cinco pais e sete híbridos  $F_1$ 's, com seis repetições e cada parcela representada por um vaso. As plantas foram cultivadas em vasos, com volume de aproximadamente 1 litro de mistura 3:1, de terra e areia lavada, previamente autoclavada. Nestes vasos foram plantadas três sementes e, aos quatro dias após a emergência, foi realizado o desbaste, mantendo-se uma planta por vaso.

Uma alíquota da cultura estoque bacteriana do isolado Feij – 2634 de *Cff* (gentilmente cedido pelo professor Antonio Carlos Maringoni da Faculdade de Ciências Agronômicas, Universidade Estadual Paulista), com auxílio de alça de platina, foi transferida para placas de Petri contendo meio Kado sólido (Kado & Heskett, 1970). A bactéria cresceu durante 96 horas a 26 °C antes da inoculação, conforme proposto por Maringoni (2002).

Todas as plantas foram inoculadas aos oito dias após a emergência por meio da inserção de um palito de dente na haste da planta, logo abaixo do primeiro par de folhas trifoliadas. Antes da inoculação das plantas, os palitos foram autoclavados e umedecidos em colônias de *Cff* (Leite Júnior & Behlau, 2001).

A severidade da doença foi avaliada por meio da escala de notas, testada previamente por Krause et al. (2008) e descrita a seguir: 1,0 = até 10% da planta murcha; 2,0 = 10% até 25%; 3,0 = 25% até 50%; 4,0 = 50% até 75% e 5,0  $\geq$  75%. Foram realizadas 12 avaliações da severidade da doença, em intervalos de dois dias, sendo que a primeira foi realizada aos quatro dias após a inoculação. As notas das 12 avaliações da severidade da doença foram utilizadas para calcular a área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD), conforme Campbell & Madden (1990). As variáveis AACPD e nota foram transformadas por  $\sqrt{x + 0,5}$ .

Todas as variáveis avaliadas nos dois experimentos foram submetidas à análise de variância e, posteriormente, ao teste de agrupamento de Scott-Knott (Scott & Knott, 1974). A análise foi realizada considerando-se como fixos todos os efeitos, exceto o erro experimental, conforme o seguinte modelo estatístico:

$$Y_{ij} = m + t_i + r_j + e_{ij}, \text{ em que:}$$

$Y_{ij}$  = valor observado na parcela que recebeu o tratamento  $i$  dentro do bloco  $j$ ;

$m$  = média geral do experimento;

$t_i$  = efeito do tratamento  $i$ , sendo  $i = 1, 2, \dots, 15$ ;

$r_j$  = efeito da repetição  $j$ , sendo  $j = 1, 2, 3$  e  $4$ ;

$e_{ij}$  = erro experimental associado a observação  $Y_{ij}$ , assumindo que os erros são independentes e normalmente distribuídos, com média zero e variância  $\sigma_e^2$ .

A análise da capacidade combinatória foi realizada de acordo com o Método 2 de Griffing (1956), onde são avaliadas as  $p(p + 1)/2$  combinações correspondentes aos parentais e seus cruzamentos, excluindo-se os recíprocos. Foi considerado que os genitores são de efeito fixo e apenas o erro experimental é de efeito aleatório, sendo as conclusões limitadas aos genótipos em estudo no presente trabalho. As análises dialélicas foram realizadas a partir das médias das repetições, obtidas na análise de variância preliminar para as características avaliadas, conforme modelo:

$$Y_{ij} = m + g_i + g_j + s_{ij} + e_{ij}, \text{ em que:}$$

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

$m$  = efeito médio de todos os tratamentos;

$g_i, g_j$  = efeitos da capacidade geral de combinação do  $i$ -ésimo e  $j$ -ésimo genitor, respectivamente;

$s_{ij}$  = efeito da capacidade específica de combinação do cruzamento entre os genitores de ordem  $i$  e  $j$ ; e

$e_{ij}$  = erro experimental médio associado à estimativa dos tratamentos.

Considerando-se as restrições  $\sum_i \hat{g}_i = 0$  e  $\sum_j \hat{s}_{ij} = 0$  (para cada  $i$ ), obtiveram-se os seguintes estimadores dos efeitos (Cruz et al., 2004):

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



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

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

em que:

$\hat{m}$  = estimador da média geral;

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

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

As somas de quadrados foram obtidas a partir das seguintes expressões (Cruz et al., 2004):

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

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

$$SQ(\hat{s}_{ij}) = SQ(CEC) = \sum_i \sum_{j \leq i} \hat{s}_{ij} Y_{ij} = \sum_i \sum_{j \leq i} Y_{ij}^2 - \frac{1}{p+2} \sum_i (Y_{ii} + Y_i)^2 + \frac{2}{[(p+1)(p+2)]} Y_{..}^2.$$

A Tabela 3 apresenta o esquema de análise de variância para CGC e CEC, com as respectivas esperanças de quadrados médios.

Tabela 3 - Esquema da análise de variância para capacidade geral (CGC) e específica de combinação (CEC).

FV	GL	QM	F	E(QM)
CGC	P - 1	QMG	QMG/QMR	$\sigma^2 + (p+2)\theta_g$
CEC	P(p - 1)/2	QMS	QMS/QMR	$\sigma^2 + \theta_g$
Resíduo	f	QMR	-	$\sigma^2$

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

Para cada caráter avaliado foi calculada a heterose em relação à média dos genitores, pela seguinte expressão:

$$H_{MP} = \frac{F_1 - MP}{MP} \times 100, \text{ onde } MP = \frac{P1 + P2}{2}.$$

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

### *Análise de variância*

Houve diferença altamente significativa para as características dias para o florescimento (DF), peso de vagem (PV), número de vagens por parcela (NV), comprimento de vagem (CV), diâmetro de vagem (DV), número médio de sementes por vagem (NS), altura de planta (AP), teor de fibra (TF) e significativa pelo teste F para a reação a *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* (*Cff*) (Tabela 4). Evidencia-se, assim, a existência de variabilidade genética nas cultivares usadas como genitores que, em trabalhos dessa natureza, é de fundamental importância.

Os coeficientes de variação (cv) para a maioria das características agronômicas avaliadas foram menores que 10%, indicando boa precisão experimental, exceto para PV, NV e TF, que alcançaram 38,54, 36,29 e 20,06%, respectivamente. Estes resultados de cv mais elevados são em geral esperados para os caracteres ligados a produção, como é o caso de peso e número de vagens. Os valores de cv aqui obtidos são semelhantes às médias de estimativas de coeficientes de variação relatados em outros experimentos com a cultura do feijão-de-vagem (Rodrigues et al., 1998; Silva et al., 2004). Para a reação a *Cff*, os valores de cv foram 28,33% e 16,93%, respectivamente, considerando os componentes de resistência nota e a área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD). Alguns trabalhos de resistência a doenças em feijão-de-vagem relatam cv's altos. Rodrigues et al. (1999) tiveram cv de 33,76% para a bactéria *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*, causadora do crestamento bacteriano comum. Já Theodoro (2004) obteve cv's de 6,84 a 21,84% em experimentos para a avaliação da resistência a *Cff*. Sabe-se que quanto menor o erro experimental mais confiável serão as decisões tomadas pelo melhorista quanto às escolhas das populações que irão dar continuidade ao programa de seleção.

### *Classificação das médias*

A análise das médias dos tratamentos feita com o teste de Scott-Knott (Tabela 5) permitiu observar que a cultivar IAC Carioca Tibatã foi a mais tardia, florescendo aos 54 dias após a semeadura.

Tabela 4 - Resumo da análise de variância para oito características agronômicas e reação a *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* avaliadas em combinações híbridas e respectivos genitores, resultantes dos cruzamentos dialélicos entre cinco cultivares de *Phaseolus vulgaris* L. Tangará da Serra – MT, 2008.

FV	GL	QM características agronômicas								GL	QM reação à <i>Cff</i>	
		DF <sup>(1)</sup>	PV	NV	CV	DV	NSV	AP	TF		NOTA	AACPD
Blocos	3	2,58	449776,72	14483,40	0,13	0,06	0,005	5,23	0,0017	5	0,49	1,33
Genótipos	11	82,62**	1548923,33**	47021,97**	12,06**	3,71**	0,724**	110,16**	0,0111**	11	0,46*	1,54*
Resíduo	33	7,25	221614,62	7096,66	0,45	0,36	0,12	6,65	0,0013	52	0,21	0,77
Total	47	-	-	-	-	-	-	-	-	68	-	-
Média	-	43,79	1221,59	232,15	12,24	9,41	4,94	35,23	0,18	-	2,42	27,23
CV (%)	-	6,15	38,54	36,29	5,50	6,34	7,02	7,32	20,06	-	28,33	16,93

\*\* Significativo, ao nível de 1% de probabilidade, pelo teste F

<sup>(1)</sup>DF: dias para o florescimento; PV: peso de vagem em gramas por parcela; NV: número de vagens por parcela; CV: comprimento de vagem em cm; DV: diâmetro de vagem em mm; NSV: número médio de sementes por vagem; AP: altura de planta em cm; TF: teor de fibra na vagem (g); AACPD = área abaixo da curva de progresso da doença; NOTA = obtida na 12<sup>a</sup> avaliação, aos 24 dias após a inoculação (DAI).

Tabela 5 - Valores médios dos genitores e respectivos híbridos F<sub>1s</sub> para oito características agronômicas e reação a avaliadas em combinações híbridas e respectivos genitores, resultantes dos cruzamentos dialélicos entre cinco cultivares de *Phaseolus vulgaris* L. Tangará da Serra – MT, 2008.

Gen <sup>(1)</sup>	Características avaliadas									
	DF <sup>(2)</sup>	PV	NV	CV	DV	NSV	AP	TF	NOTA	AACPD
M	47,50 b <sup>(3)</sup>	333,19 c	54,50 c	12,02 b	8,92 b	4,62 b	36,90 b	0,140 c	1,05 a	19,38 a
C	49,00 b	1098,67 b	175,25 b	12,84 b	10,87 a	4,81 b	38,01 b	0,143 c	3,17 b	30,58 b
U	39,00 c	1197,66 b	296,50 a	10,92 c	9,69 b	4,74 b	28,88 c	0,143 c	1,00 a	19,50 a
N	43,00 c	265,19 c	51,00 c	13,83 a	8,42 b	3,90 c	36,24 b	0,235 a	1,67 a	21,84 a
I	53,75 a	504,92 c	145,50 b	8,57 e	9,27 b	5,43 a	49,00 a	0,260 a	2,33 b	26,92 b
M x C	47,00 b	1274,91 b	196,25 b	13,13 b	9,49 b	4,80 b	36,50 b	0,105 c	2,27 b	25,44 b
M x U	41,25 c	1738,86 a	291,25 a	12,45 b	9,20 b	4,95 b	32,14 c	0,128 c	3,67 b	33,83 b
M x N	49,50 b	2216,19 a	343,50 a	14,15 a	8,43 b	5,30 a	33,61 b	0,193 b	1,00 a	19,50 a
C x U	39,75 c	1172,65 b	223,00 b	12,39 b	11,66 a	5,02 b	31,06 c	0,158 c	3,67 b	32,08 b
C x N	42,50 c	2003,88 a	348,00 a	14,03 a	9,02 b	5,40 a	34,22 b	0,188 b	3,33 b	35,92 b
U x N	39,75 c	1611,31 a	333,50 a	12,94 b	8,69 b	5,03 b	29,92 c	0,213 b	2,50 b	28,25 b
U x I	42,50 c	1241,66 b	327,50 a	9,63 d	9,34 b	5,29 a	36,27 b	0,260 a	2,67 b	28,68 b

<sup>(1)</sup>Genótipos Manteiga Baixo (M); Cota (C); UEL 1 (U); Novirex (N); IAC Carioca Tybatã (I)

<sup>(2)</sup>DF: dias para o florescimento; PV: peso de vagem em gramas por parcela; NV: número de vagens por parcela; CV: comprimento de vagem em cm; DV: diâmetro de vagem em mm; NSV: número médio de sementes por vagem; AP: altura de planta em cm; TF: teor de fibra na vagem (g); AACPD = área abaixo da curva de progresso da doença; NOTA = obtida na 12<sup>a</sup> avaliação, aos 24 dias após a inoculação (DAI).

<sup>(3)</sup>As médias seguidas da mesma letra não diferem entre si pelo teste de Scott-Knott, ao nível de 5% de probabilidade.

As cultivares de feijão-de-vagem Manteiga Baixo (M) e Cota (C), bem como o híbrido envolvendo as duas cultivares (MxC) e o híbrido Manteiga Baixo x Novirex foram classificadas em um grupo intermediário em termos de precocidade de florescimento, pois floresceram aos 47-49 dias após a semeadura, portanto, cerca de uma semana antes da cultivar IAC Carioca Tybatã. As cultivares UEL 1 (U) e Novirex (N) e os híbridos MxU, CxU, CxN, UxN e Uxl foram os híbridos mais precoces em termos de início de florescimento, variando entre 39 dias para 'UEL 1' e 43 dias para 'Novirex'. Todas as combinações produzidas por 'UEL 1' foram classificadas na categoria de maior precocidade. A variação entre a cultivar mais tardia e a mais precoce foi de 15 dias, tempo razoável quando se considera que o feijão-de-vagem é uma cultura de ciclo curto. Em geral, a ampliação do ciclo cultural resulta em maior custo de mão-de-obra e maior consumo de defensivos, devido a maior ocorrência de pragas e doenças (Peixoto et al., 2002).

Em termos de produção de vagens avaliada, tanto pelo peso (g) quanto pelo número, os tratamentos foram separados em três classes. Considerando-se o peso das vagens, os híbridos MxN, MxU, CxN e UxN foram classificados como sendo os mais produtivos, com pesos variando entre 2.216,19 g (9.234 kg.ha<sup>-1</sup>) (MxN) e 1.611,31 g (6.714 kg.ha<sup>-1</sup>) (UxN). O segundo grupo com maior produção em peso foi constituído pelas cultivares Cota e UEL 1 e os híbridos MxC, CxU e Uxl, com pesos variando entre 1.098,67 g (4.578 kg.ha<sup>-1</sup>) (Cota) e 1.274,91 g (5.312 kg.ha<sup>-1</sup>) (MxC). As cultivares Manteiga Baixo, Novirex e IAC Carioca Tibatã foram as que produziram menores pesos de vagem, com valores entre 265,19 g (1.105 kg.ha<sup>-1</sup>) (Novirex) e 504,92 g (2.104 kg.ha<sup>-1</sup>) (IAC Carioca Tibatã). A cultivar Novirex esteve envolvida na produção de três dos quatro híbridos mais produtivos, foi a que obteve a menor produção em peso de vagem.

Em experimentos realizados em Minas Gerais, a cultivar Novirex obteve produtividades que variaram de 7.400 a 10.100 kg.ha<sup>-1</sup> (Pinto et al., 2001). Na região de Seropédica-RJ, a cultivar Novirex alcançou 9.500 kg.ha<sup>-1</sup>, a 'Cota' 8.200 kg/ha e a 'UEL 1' 8.100 kg.ha<sup>-1</sup> (Guedes et al., 2007). Em dois experimentos realizados no município de Campos-RJ, a cultivar Cota obteve 3.900 e 2.639 kg.ha<sup>-1</sup>. A Cultivar Manteiga Baixo obteve 3.652 e 2.942 kg.ha<sup>-1</sup> (Teixeira et al., 2004). Considerando-se o número de vagens a cultivar Cota e os híbridos MxN, MxU, CxN, UxN e Uxl foram os que tiveram maior número de vagens.

O maior número de grupos formados foi para a característica CV, sendo cinco grupos. A cultivar Novirex (13,83 cm) e os híbridos MxN (14,15 cm) e CxN (14,03 cm) foram as que tiveram maior comprimento de vagem, sendo que ambos os híbridos possuem como um dos seus genitores a cultivar Novirex. Para a característica DV, os maiores valores foram para a cultivar Cota (10,87 mm) e para o híbrido CxU (11,66 mm).

As menores alturas de plantas foram para a cultivar Uel 1 (28,88 cm) e para os híbridos MxU (32,14 cm), CxU (31,06cm) e UxN (29,92 cm). Plantas de maior altura acarretam maior dificuldade de manejo e de colheita (Peixoto et al., 2002), por isso, plantas com altura mais baixa são desejadas. Com relação a característica TF, buscam-se cultivares com menores teores de fibras na vagem. Neste contexto, as cultivares Manteiga Baixo (0,14 g), Cota (0,143 g) e UEL 1 (0,143 g) e os híbridos MxC (0,105 g), MxU (0,128 g) e CxU (0,158 g) tiveram os menores valores. Teixeira et al. (2004) encontraram o valor de teor de fibras na vagem de 0,13 g para a cultivar Cota, sendo semelhante ao observado neste trabalho. O baixo teor de fibra na vagem é fundamental na qualidade do produto (Abreu et al., 2004).

As variáveis nota e AACPD separaram os tratamentos em dois grupos, um consistindo no conjunto de genótipos resistentes (nota igual ou menor que 2 e menor AACPD), formado pelas cultivares Manteiga Baixo, UEL 1 e Novirex e pelo híbrido MxN, e o segundo grupo correspondendo aos genótipos suscetíveis (Tabela 5).

#### *Capacidade geral de combinação*

As análises dialélicas demonstraram que ocorreram diferenças significativas entre os genitores para a capacidade geral de combinação (CGC) ao nível de 1% de probabilidade para as características DF, CV, DV, AP e TF, ao nível de 5% de probabilidade para as características PV, NV, NSV e nota, e não houve diferença significativa para a AACPD (Tabela 6). Com relação a capacidade específica de combinação (CEC), houve significância ao nível de 1% para as características PV, NV, DV e NSV e, 5% para DF, nota e AACPD.

Tabela 6 - Resumo da análise de variância para a capacidade combinatória de oito características agronômicas e reação a *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* avaliadas em dialelo entre cinco cultivares de *Phaseolus vulgaris* L. Tangará da Serra – MT, 2008.

FV	GL	QM características agronômicas								GL	QM reação à Cff	
		DF <sup>(1)</sup>	PV	NV	CV	DV	NSV	AP	TF		NOTA	AACPD
Gen	11	82,63**	1548923,33**	47021,97**	12,06**	3,71**	0,72**	110,16**	0,011**	11	0,6*	1,54*
CGC	4	168,62**	643679,37*	22922,65*	30,61**	8,67**	0,32*	260,40**	0,028**	4	0,52*	1,53
CEC	7	21,69*	2087017,9**	55450,16**	1,03	1,28**	0,81**	9,94	0,002	7	0,46*	1,65*
Res	33	7,25	221614,62	7096,67	0,45	0,36	0,12	6,65	0,0013	52	0,21	0,77

\*, \*\* Significativo, ao nível de 5 e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F

<sup>(1)</sup>DF: dias para o florescimento; PV: peso de vagem em gramas por parcela; NV: número de vagens por parcela; CV: comprimento de vagem em cm; DV: diâmetro de vagem em mm; NSV: número médio de sementes por vagem; AP: altura de planta em cm; TF: teor de fibra na vagem (g); AACPD = área abaixo da curva de progresso da doença; NOTA = obtida na 12<sup>a</sup> avaliação, aos 24 dias após a inoculação (DAI).

As características CV, AP e TF não foram significativas. As significâncias observadas para a grande maioria das características indicam a existência de variabilidade, resultante da ação de efeitos gênicos aditivos e não-aditivos no controle das características avaliadas, exceto para CV, AP e TF, em que predominaram apenas efeitos gênicos aditivos e para AACPD, que predominou efeitos gênicos não-aditivos (Tabela 6).

Os valores das médias dos quadrados dos efeitos da capacidade geral de combinação foram superiores aos correspondentes da capacidade específica de combinação para as características DF, CV, DV, AP, TF e menores para PV, NV, NSV, nota e AACPD. Esta análise indica que, no controle genético destas últimas características, estaria envolvida interação alélica com algum grau de dominância e/ou presença de epistasia (Lankey & Edwards, 1999). Dessa forma, sugere-se como melhor estratégia para as características PV, NV, NSV, nota e AACPD, a condução do programa de melhoramento envolvendo a produção de híbridos. Todavia, há de se considerar no momento a inviabilidade econômica na obtenção e recomendação de híbridos comerciais de feijão-de-vagem.

As estimativas de CGC proporcionam ao melhorista obter informações sobre a concentração de alelos favoráveis. Quanto maior a estimativa da CGC maior será a frequência de alelos favoráveis. Depreende-se que as populações originadas de cruzamentos entre pais que apresentam alta CGC possuem maior frequência de alelos favoráveis e, assim, aumentam a probabilidade de se encontrar linhagens que superem os genitores. Dessa forma, na escolha das populações, busca-se por cruzamentos que apresentem média elevada e que pelo menos um dos genitores possua alto valor absoluto da CGC (Cunha, 2005).

Nota-se que as características para as quais se buscam as maiores médias, como PV, NV, CV, DV e NSV, foram oriundas de cruzamentos em que pelo menos um dos pais apresentou valores positivos da CGC (Tabelas 5 e 6). Para as características em que se buscam as menores médias, ou seja, sugerindo a redução da característica, como DF, AP, TF, notas e AACPD apresentaram pelo menos um dos pais com valores negativos da CGC (Tabelas 5 e 6). Caracteriza-se, assim, que, na predominância de efeitos aditivos, o cruzamento de indivíduos que possuam alta CGC, ou seja, alta concentração de alelos favoráveis proporciona o desenvolvimento de populações híbridas com médias elevadas.



Observou-se que, para a característica DF, os genitores 'UEL 1' e 'Novirex' obtiveram estimativas negativas de  $\hat{g}_i$ , sendo -3,3746 e -1,4292, respectivamente (Tabela 7). Isso indica que na realização de cruzamentos e obtenção de linhagens superiores, estes genitores contribuiriam para obtenção de indivíduos mais precoces para a colheita. A precocidade numa cultivar é importante visto que, quanto menor o tempo em que a cultura permanecer no campo, menores serão os gastos com mão-de-obra e insumos para a sua manutenção, além de reduzir o período em que ela estará propensa ao ataque de pragas e doenças (Peixoto et al., 2002). Os genitores 'UEL 1' e 'Novirex' também foram os melhores para as características PV e NV. Eles obtiveram as maiores estimativas positivas de  $\hat{g}_i$  para essas duas características. Logo, eles seriam os mais indicados para cruzamentos com o objetivo de obter populações promissoras para o desenvolvimento de linhagens com maior número de vagens e peso de vagem. Os genitores 'Manteiga Baixo', 'Cota' e 'IAC Carioca Tybatã' revelaram estimativas negativas de  $\hat{g}_i$  (Tabela 7), tornando-se, pois, indesejáveis em programas que visem a aumentos no número de vagens e peso de vagem.

Para a característica comprimento de vagem (CV), os genitores 'Manteiga Baixo', 'Cota' e 'Novirex' apresentaram estimativas negativas de  $\hat{g}_i$ , sendo 0,287, 0,4464 e 1,0845, respectivamente. Assim, estes genitores contribuem para o aumento do tamanho da vagem. Os genitores 'UEL 1' e 'IAC Carioca Tybatã' obtiveram estimativas negativas de  $\hat{g}_i$ , contribuindo para a redução do comprimento de vagens. Os genitores 'Cota' e 'IAC Carioca Tybatã' apresentaram estimativas positivas de  $\hat{g}_i$  para a característica NSV. Portanto, estes genitores tendem a proporcionar linhagens com maior número de sementes por vagem. Entretanto, os genitores 'Manteiga Baixo', 'UEL 1' e 'Novirex' contribuirão negativamente para esta característica, reduzindo o número de sementes por vagem.

Referindo-se a característica altura de planta (AP), os genitores 'UEL 1' e 'Novirex' apresentaram estimativas negativas de  $\hat{g}_i$ , contribuindo, assim, para a redução da altura das plantas. Por sua vez, os genitores 'Manteiga Baixo', 'Cota' e 'IAC Carioca Tybatã' contribuíram para redução de tal característica.

Tabela 7 - Estimativas dos efeitos de capacidade geral de combinação ( $\hat{g}_i$ ) para oito características agronômicas e reação a *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* avaliadas em cinco cultivares de *Phaseolus vulgaris* L. Tangará da Serra – MT, 2008.

Genótipos <sup>(1)</sup>	Características avaliadas									
	DF <sup>(2)</sup>	PV	NV	CV	DV	NSV	AP	TF	NOTA	AACPD
Manteiga Baixo	1,20	-4,89	-33,44	0,29	-0,40	-0,068	0,65	-0,033	-0,138	-0,018
Cota	1,70	-8,15	-19,19	0,45	0,85	0,027	0,81	-0,026	0,177	0,303
UEL 1	-3,37	74,54	45,10	-0,53	0,35	-0,029	-3,92	-0,006	0,062	0,090
Novirex	-1,43	128,46	14,19	1,08	-0,77	-0,073	-0,63	0,033	-0,101	-0,130
IAC Carioca Tybatã	4,31	-341,45	-26,13	-1,98	-0,18	0,239	6,46	0,054	-0,018	-0,018

<sup>(1)</sup>Genótipos Manteiga Baixo (M); Cota (C); UEL 1 (U); Novirex (N); IAC Carioca Tybatã (I)

<sup>(2)</sup>DF: dias para o florescimento; PV: peso de vagem em gramas por parcela; NV: número de vagens por parcela; CV: comprimento de vagem em cm; DV: diâmetro de vagem em mm; NSV: número médio de sementes por vagem; AP: altura de planta em cm; TF: teor de fibra na vagem (g); AACPD = área abaixo da curva de progresso da doença; NOTA = obtida na 12ª avaliação, aos 24 dias após a inoculação (DAI).

No que diz respeito à característica TF, as estimativas negativas de  $\hat{g}_i$  caracterizam os melhores resultados, ou seja, indicam genitores que contribuem para a redução no teor de fibra das vagens. O baixo teor de fibras é uma característica extremamente importante, visto que, neste caso, busca-se melhorar o feijão-de-vagem. As estimativas negativas de  $\hat{g}_i$  foram apresentadas pelos genitores 'Manteiga Baixo', 'Cota' e 'UEL 1'.

Em termos de resistência à murcha-de-curtobacterium, buscaram-se estimativas negativas de  $\hat{g}_i$ . Assim, os genitores 'Manteiga Baixo', 'Novirex' e 'IAC Carioca Tybatã' que tiveram estimativas negativas de  $\hat{g}_i$  tanto para a variável nota quanto para a AACPD contribuem de forma a aumentar a resistência genética a *Cff*. Os genitores 'UEL 1' e 'Cota' tiveram estimativas positivas de  $\hat{g}_i$  tanto para a variável nota quanto para a AACPD, não contribuindo para a resistência a *Cff* nos cruzamentos em que esses genitores participam.

#### *Capacidade específica de combinação e heterose*

As estimativas da capacidade específica de combinação (CEC) são as medidas dos efeitos gênicos não-aditivos e dependem da divergência genética e de genes que apresentem efeitos de dominância e/ou de epistasia (Cruz et al., 2004). Dessa forma, é esperado que quanto maior a CEC, maior é a frequência dos locos em heterozigose no híbrido considerado. Espera-se, assim, que os cruzamentos que apresentarem altas estimativas de CEC serão capazes de liberar maior variabilidade, após algumas gerações de autofecundação, o que é essencial para o processo de seleção (Abreu et al., 2004).

Quanto às estimativas de  $\hat{s}_{ii}$ , Cruz et al. (2004) ressaltam a sua importância com relação ao seu significado genético, tanto no seu sinal quanto na sua magnitude. A magnitude de  $\hat{s}_{ii}$  é indicativo de existência de heterose varietal, sendo que quanto maior o valor de  $\hat{s}_{ii}$ , mais distante estará o genitor *i* da frequência média dos demais genitores incluídos no dialelo. Com isto, tem-se uma maior divergência entre este genitor e os demais parentais e, conseqüentemente, maior será o efeito da heterose varietal nos híbridos oriundos do genitor *i*. O sinal de  $\hat{s}_{ii}$  indica existência, ou não, de dominância unidirecional. Assim, se  $\hat{s}_{ii}$  for negativo, os desvios de dominância serão positivos e, nesse caso, os genes dominantes contribuem para aumentos na expressão da característica. E se os

sinais forem negativos e positivos, haverá expressão de dominância bidirecional (Cruz et al., 2004).

Para as características DF e AP todos os genitores apresentaram valores positivos de  $\hat{s}_{ii}$  (Tabela 8), evidenciados nos valores negativos das heteroses percentuais dos híbridos (Tabela 9). Do mesmo modo, descrito para a CGC, valores negativos de heterose são os mais promissores, visto que buscam-se genótipos mais precoces (DF) e com menor altura de planta (AP). Os valores de baixa magnitude encontrados para a heterose em relação às características DF e AP concordam com os resultados anteriores, mostrados na Tabela 7, indicando que a CGC e, portanto, os efeitos gênicos aditivos, são os mais importantes para essas características. Para a característica TF os genitores 'Manteiga Baixo' e 'Cota' obtiveram valores positivos de  $\hat{s}_{ii}$  e as demais valores negativos. Já para a característica DV, os genitores 'Cota' e 'UEL 1' obtiveram valores negativos de  $\hat{s}_{ii}$  e os demais valores positivos. Isto demonstra que há uma expressão de dominância bidirecional.

Todos os genitores expressaram estimativas negativas de  $\hat{s}_{ii}$  para as características PV, NV, NSV e CV (Tabela 8), indicando que os genes de efeito dominante contribuem para aumentar sua expressão, caracterizando o grande número de valores heteróticos positivos apresentados na Tabela 9. Para a característica PV, as maiores magnitudes heteróticas foram expressas pelas combinações MxN, CxN, MxU, UxN e MxC, com os respectivos valores para  $H_{MP}$  (%) de 86,45, 65,97, 55,98, 54,61 e 43,84 (Tabela 9). Para a característica NV, essas mesmas combinações com os seguintes valores da  $H_{MP}$  (%), 66,56, 67,49, 39,74, 47,90 e 41,46, respectivamente. Com relação a característica NSV, as combinações MxN, CxN e UxN obtiveram os valores da  $H_{MP}$  (%) de 19,62, 19,35 e 14,12, respectivamente. Já para a característica CV, os valores da  $H_{MP}$  (%) foram baixos. Para a reação a *Cff*, tanto a variável nota quanto AACPD apresentaram as estimativas negativas de  $\hat{s}_{ii}$ , para todos os genitores, resultando em dominância unidirecional, em que os genes dominantes contribuem para aumentar a suscetibilidade à murcha-de-curtobacterium, caracterizada também pelo grande número de valores heteróticos positivos apresentados na Tabela 14, exceto pela combinação MxN, que apresentou valor negativo da  $H_{MP}$  (%).

Tabela 8 - Estimativas dos efeitos da capacidade específica de combinação ( $\hat{s}_i$  e  $\hat{s}_{ij}$ ) para oito características agrônômicas e reação a *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* avaliadas em combinações híbridas, resultantes dos cruzamentos dialélicos entre cinco cultivares de *Phaseolus vulgaris* L. Tangará da Serra – MT , 2008.

Genótipos <sup>(1)</sup>	Características avaliadas									
	DF <sup>(2)</sup>	PV	NV	CV	DV	NSV	AP	TF	NOTA	AACPD
M	1,76	-1005,22	-131,77	-0,88	0,31	-0,274	0,68	0,0235	-0,119	-0,199
C	2,26	-233,22	-39,52	-0,38	-0,24	-0,262	1,47	0,0122	-0,158	-0,321
U	2,40	-299,60	-46,84	-0,35	-0,40	-0,214	1,82	-0,0267	-0,547	-0,923
N	2,51	-1339,92	-230,52	-0,67	0,56	-0,974	2,61	-0,0128	-0,034	-0,255
I	1,78	-160,38	-55,39	0,20	0,23	-0,065	1,17	-0,0303	-0,014	-0,031
M x C	0,76	-60,23	-4,27	0,08	-0,36	-0,175	0,12	-0,0188	-0,096	-0,210
M x N	-2,61	744,43	109,60	0,45	0,19	0,421	-1,32	0,0103	-0,184	-0,342
M x U	0,08	321,03	26,44	0,36	-0,15	0,028	0,51	-0,0154	0,399	0,751
C x U	-1,92	-241,92	-56,06	0,14	1,06	0,003	-0,73	0,0077	0,085	0,038
C x N	-1,11	535,38	99,85	0,17	-0,47	0,435	-0,87	-0,0015	0,169	0,493
U x N	1,21	60,12	21,07	0,05	-0,29	0,118	-0,43	0,0040	0,049	0,103
U x I	-1,78	160,38	55,39	-0,20	-0,23	0,065	-1,17	0,0303	0,014	0,031

<sup>(1)</sup>Genótipos Manteiga Baixo (M); Cota (C); UEL 1 (U); Novirex (N); IAC Carioca Tybatã (I)

<sup>(2)</sup>DF: dias para o florescimento; PV: peso de vagem em gramas por parcela; NV: número de vagens por parcela; CV: comprimento de vagem em cm; DV: diâmetro de vagem em mm; NSV: número médio de sementes por vagem; AP: altura de planta em cm; TF: teor de fibra na vagem (g); AACPD = área abaixo da curva de progresso da doença; NOTA = obtida na 12ª avaliação, aos 24 dias após a inoculação (DAI).

Tabela 9 - Heterose percentual em relação à média dos pais ( $H_{MP}$ ) para oito características agrônômicas e reação a *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* avaliadas em combinações híbridas, resultantes dos cruzamentos dialélicos entre cinco cultivares de *Phaseolus vulgaris* L. Tangará da Serra – MT, 2008.

Genótipos <sup>(1)</sup>	Características avaliadas									
	DF <sup>(2)</sup>	PV	NV	CV	DV	NSV	AP	TF	NOTA	AACPD
M x C	-2,59	43,84	41,46	5,33	-4,26	1,77	-2,62	-34,76	7,05	1,81
M x N	8,59	86,45	66,56	8,66	-2,85	19,62	-8,81	2,85	-36,00	-5,69
M x U	-4,85	55,98	39,74	7,87	-1,14	5,45	-2,33	-10,55	72,07	42,54
C x U	-10,69	2,09	-5,77	4,05	11,84	4,88	-7,68	9,49	43,19	21,61
C x N	-8,24	65,97	67,49	4,95	-6,93	19,35	-8,49	-0,53	27,33	27,03
U x N	-3,14	54,61	47,90	4,37	-4,20	14,12	-8,82	11,27	46,60	26,83
U x I	-9,12	31,44	32,52	-1,19	-1,50	3,88	-7,36	22,50	37,64	19,07

<sup>(1)</sup>Genótipos Manteiga Baixo (M); Cota (C); UEL 1 (U); Novirex (N); IAC Carioca Tybatã (I)

<sup>(2)</sup>DF: dias para o florescimento; PV: peso de vagem em gramas por parcela; NV: número de vagens por parcela; CV: comprimento de vagem em cm; DV: diâmetro de vagem em mm; NSV: número médio de sementes por vagem; AP: altura de planta em cm; TF: teor de fibra na vagem (g); AACPD = área abaixo da curva de progresso da doença; NOTA = obtida na 12<sup>a</sup> avaliação, aos 24 dias após a inoculação (DAI).

As altas estimativas absolutas de  $\hat{s}_{ij}$  (Tabela 8) indicam que o desempenho de um híbrido em particular é melhor ou pior em relação ao esperado com base na CGC dos genitores, enquanto os valores de pequena magnitude indicam que os híbridos  $F_1$ 's, entre os pais em questão, apresentam comportamento esperado com base na CGC dos genitores. Para algumas características avaliadas, como PV, NV, CV, DV e NSV, interessam estimativas positivas de  $\hat{s}_{ij}$  e para as características DF, AP, TF, nota e AACPD estimativas negativas de  $\hat{s}_{ij}$ , contribuindo para redução da característica.

As combinações que se destacaram, para as características PV e NV, foram CxN (535,3758), MxN (744,4258) e MxU (321,0250). Isto demonstra que os genitores Novirex e UEL 1, destacados pelos valores de  $\hat{g}_i$  (Tabela 7), realmente podem gerar indivíduos superiores para as características peso de vagem e número total de vagens, visto que pelo menos um dos pais participa das combinações apresentadas.

As combinações MxN e MxU apresentaram-se superiores em relação às demais, para a característica CV. Os genitores que apresentaram estimativas positivas de  $\hat{g}_i$  (CGC) foram 'Novirex' e 'Manteiga Baixo', indicando que os híbridos  $F_1$ 's contiveram valores superiores aos esperados com base na CGC dos genitores.

Com relação ao diâmetro de vagem (DV), a melhor combinação, de acordo com a Tabela 8, com estimativas positivas de  $\hat{s}_{ij}$ , foi a combinação CxU, em que ambos os genitores apresentaram valores altos e positivos de  $\hat{g}_i$  (Tabela 7). Para a característica NSV, as combinações que expressaram as maiores estimativas positivas de  $\hat{s}_{ij}$  foram CxN e MxN.

Em relação às características onde as estimativas de  $\hat{s}_{ij}$  foram mais interessantes, as combinações que se destacaram foram MxN (-2,6114) e CxU (-1,9159) para DF, UxI e MxN para AP e, MxC e MxU para TF. Observou-se que, pelo menos um dos genitores em todas as combinações híbridas apresentadas, destacou-se com valores negativos para a capacidade geral de combinação.

Para a característica reação a *Cff*, as combinações MxN e MxC apresentaram estimativas negativas de  $\hat{s}_{ij}$  (Tabela 8). Isto demonstra que os genitores 'Novirex' e 'Manteiga Baixo', destacados pelas estimativas negativas de

$\hat{g}_i$  (Tabela 7), realmente podem gerar indivíduos superiores resistentes à murcha-de-curtobacterium, visto que pelo menos um dos pais participa das combinações apresentadas.

Entre os métodos biométricos para a análise genética, o dialelo tem sido bastante utilizado (Gonçalves-Vidigal et al., 2007). Carvalho et al. (1999) avaliaram a capacidade de combinação para oito características, utilizando as cultivares de feijão-de-vagem de crescimento determinado Alessa, Andra, Cota e Cascade. Constatou-se que para a capacidade específica de combinação houve significância para as características número de vagens, peso de vagens, comprimento e diâmetro das vagens, número de dias para o início e o término do florescimento e altura de plantas, indicando que genes de dominância e/ou epistasia estão envolvidos no controle das características.

Silva et al. (2004) empregaram o método de Griffing (1956) em cinco acessos de feijão-de-vagem de hábito indeterminado, para as características número e peso médio de vagens por planta, número médio de sementes por vagem, altura média da inserção da primeira vagem e comprimento médio de vagem. Esses autores verificaram que as significâncias registradas para a grande maioria das características indicam a existência de variabilidade, resultantes da ação de efeitos gênicos aditivos e não-aditivos.

A análise dialélica também tem sido empregada para estimação da capacidade geral e específica de combinação para a característica reação a doenças em *P. vulgaris*. Rodrigues et al. (1999) avaliaram três genitores de feijão-de-vagem (Alessa, Hab 52, Hab 198) e dois de feijão comum (Bac-6 e A-794) quanto à resistência a *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*, agente causal do crestamento bacteriano comum do feijoeiro. Observaram que os efeitos de aditividade foram superiores aos de dominância para resistência em folhas, identificando-se os genitores 'Bac-6', 'A-794' e 'Alessa' como os mais promissores. Para resistência em vagens, os efeitos de dominância foram maiores aos de aditividade, permitindo-se destacar as combinações Alessa x Bac-6, Alessa x A-794 e Hab 52 x Bac-6.

Zdravković et al. (2005) avaliaram num dialelo a altura da inserção da primeira vagem com genitores de feijão-de-vagem e observaram a ação de efeitos gênicos aditivos e não-aditivos no controle desta característica. Também



identificaram a combinação híbrida entre os genitores 'Šumadinka' x 'Zora' como sendo a mais promissora.

Rainey & Griffiths (2005) selecionaram dez genitores de feijão-de-vagem diferentes quanto à tolerância a temperatura para analisarem num dialelo. Foram utilizados os componentes de produção (número de vagens, número de sementes e número de sementes por vagem) para medir esta tolerância. Verificou-se que essas características foram altamente significativas para a capacidade geral e significativa para capacidade específica de combinação, indicando à contribuição a ação dos efeitos genéticos aditivos e não-aditivos para a tolerância ao calor e que as características número de vagens, número de sementes e número de sementes por vagem foram bons indicadores neste estudo.

## CONCLUSÕES

- Considerando as características agrônômicas de uma forma geral, pode-se concluir que os genitores 'UEL 1' e 'Novirex' são os mais indicados para compor programas de melhoramento que visem obter populações promissoras para o desenvolvimento de linhagens superiores. Já para a característica reação de resistência a *Cff*, os genitores foram novamente o 'Novirex', 'Manteiga Baixo' e o 'IAC Carioca Tybatã'.

- As combinações MxN e MxU foram as que mais se destacaram para a maioria das características agrônômicas avaliadas com relação aos valores da CEC, além de terem como genitores UEL 1 e Novirex, que tiveram as melhores médias e os melhores valores da CGC. Para a característica reação à *Cff*, as combinações MxN e MxC se destacaram, apresentando estimativas negativas de  $\hat{s}_{ij}$  e por terem como genitores Novirex e Manteiga, que obtiveram as melhores médias e as estimativas negativas de  $\hat{g}_i$ .

## AGRADECIMENTOS

Os autores agradecem aos professores Antonio Carlos Maringoni (UNESP/Jaboticabal) e Carlos Uesugi (UnB), pelo envio de isolados bacterianos e ao professor Nei Peixoto (UEG) e o pesquisador Alisson Fernando Chiorato (IAC), pelo envio de sementes de feijão-de-vagem e comum.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Abreu, F. B.; Leal, N. R.; Rodrigues, R.; Amaral Júnior, A. T.; Silva, D. J. H. (2004) Divergência genética entre acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento indeterminado. *Horticultura Brasileira*, Brasília, 22 (3):547-552.
- 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.
- Campbell, C. L.; Madden, L. V. (1990) Monitoring epidemics diseases. In: \_\_\_\_\_. *Introduction to plant disease epidemiology*. New York: J. Wiley, p. 107-128.
- Carvalho, A. C. P. P.; Rodrigues, R.; Leal, N. R.; Costa, F. A. (1999) Capacidade de combinação para oito caracteres agrônômicos em cultivares de feijão de vagem de crescimento determinado. *Horticultura Brasileira*, Brasília, 17(2):102-105.
- Centro Internacional de Agricultura Tropical (1977) *Cruzamineto del frijol. Guia de estudio*. Cali, Colômbia. 36p.
- Cruz, C. D.; Regazzi, A. J.; Carneiro, P. C. S. (2004) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. v. 1, Viçosa: Imprensa Universitária, 480p.
- Cunha, W. G. (2005) *Seleção recorrente em feijão do tipo carioca para porte ereto*. Tese (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Lavras – MG, Universidade Federal de Lavras – UFLA, 130p.
- Deuner, C. C. (2007) Inoculação artificial e detecção de *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* em sementes de feijão. Tese (Doutorado em Fitopatologia) – Lavras – MG, Universidade Federal de Lavras – UFLA, 131p.
- Ferreira, M. E.; Varennes, A. de; Melo-Abreu, J. P. de; Vieira, M. I. (2006) Predicting pod quality of green beans for processing. *Scientia Horticulturae*, 109:207-211.
- Filgueira, F. A. R. (2008) *Novo manual de olericultura: agrotecnologia moderna na produção e comercialização de hortaliças*. 3. ed. Viçosa: UFV, 421p.
- Gonçalves-Vidigal, M. C.; Bonett, L. P.; Vidigal Filho, P. S.; Gonela, A.; Ribeiro, A. S. (2007) Genetic Control on the Performance of Common Bean Differential Cultivars to *Colletotrichum lindemuthianum* Races. *Brazilian Archives of Biology and Technology*, 50(4):579-586.
- Griffing, B. (1956) A generalized treatment of the use of diallel crosses in quantitative inheritance. *Heredity*, 10:31-50.
- Guedes, R., E.; Guerra, J. G. M.; Ribeiro, R. L. D.; Coelho, L. G.; Paula, P. D.; Moreira, V. F. (2007) *Avaliação de cultivares de feijão-de-vagem de crescimento*

determinado sob manejo orgânico, nas condições da baixada fluminense. Seropédica: EMBRAPA-RJ, 4p. (Comunicado Técnico, 102).

Jung, M. S.; Vieira, E. A.; Silva, G. O.; Brancker, A.; Nodari, R. O. (2007) Capacidade de combinação por meio de análise multivariada para caracteres fenotípicos em maracujazeiro-doce. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, 42 (5):689-694.

Kado; C. I.; Heskett, M. G. (1970) Selective media for isolation of *Agrobacterium*, *Corynebacterium*, *Erwinia*, *Pseudomonas* and *Xanthomonas*. *Phytopathology*, Saint Paul, 60 (6):969-976.

Koutsika-Sotiriou, M.; Traka-Mavrona, E. (2008) Fabaceae, Liliaceae, Solanaceae, and Umbelliferae. In: Prohens, J., Nuez, F. (eds.) *Vegetables II*. New York: Springer New York, 27-83.

Krause, W.; Rodrigues, R.; Leal, N. R. (2008) Identificação de fontes de resistência e avaliação de métodos de inoculação de *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* em feijão-de-vagem. *Ciência & Agrotecnologia*. (no prelo).

Lankey, K. R.; Edwards, J. W. (1999) Quantitative genetics of heterosis. In: Coors, J. G., Pandey, S. Genetics and exploitation of heterosis in crops. Madson: American Society of Agronomy, p. 31-38.

Ledo, C. A. S.; Ferreira, D. F.; Ramalho, M. A. P. (2003) Análise de variância multivariada para os cruzamentos dialélicos. *Ciência e Agrotecnologia*, 27:1214-1221.

Leite Júnior, R. P.; Behlau, F. (2001) Caracterização da murcha do feijoeiro no Paraná. *Anais da reunião Sul-Brasileira de feijão*, 5, Londrina: IAPAR, p. 50-54.

Leite Júnior, R. P.; Meneghim, L.; Behlau, F.; Rodrigues, S. R.; Bianchini, A. (2001) Ocorrência de *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* em feijoeiro no Paraná e Santa Catarina. *Fitopatologia Brasileira*, 26:303-304.

Maringoni, A. C. (2002) Comportamento de cultivares de feijoeiro comum à murcha-de-curtobacterium. *Fitopatologia Brasileira*, 27(2):157-162.

Maringoni, A. C.; Rosa, E. F. (1997) Ocorrência de *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* em feijoeiro no Estado de São Paulo. *Summa Phytopathologica*, Botucatu, 23(2):160-162.

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

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

Rainey, K. M.; Griffiths, P. D. (2005) Diallel analysis of yield components of snap beans exposed to two temperature stress environments. *Euphytica*, 142:43–53.

Rodrigues, R. (1997) *Análise genética da resistência ao cretamento bacteriano comum e outras características agrônômicas em Phaseolus vulgaris L.* Tese (Doutorado em produção vegetal) – Campos dos Goytacazes – RJ, Universidade Estadual Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF, 103p.

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

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

Scott, A. J.; Knott, M. (1974) A cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. *Biometrics*, 30:507-512.

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

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

Souza, V. L.; Maringoni, A. C.; Krause-Sakate, R. (2006) Variabilidade genética em isolados de *Curtobacterium flaccumfaciens*. *Summa Phytopathologica*, Botucatu, 32 (2):170-176.

Teixeira, A. B.; Amaral Júnior, A. T.; Rodrigues, R.; Pereira, T. N. S.; Bressan-Smith, R. E. (2004) Genetic divergence in snap bean (*Phaseolus vulgaris* L.) evaluated by different methodologies. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 4:57-62.

Theodoro, G. F. (2004) Ração de cultivares locais de feijão a *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*, em condições de campo. *Revista Brasileira de Agrociência*, 10(3):373-375.

Traka-Mavrona, E.; Georgakis, D.; Koutsika-Sotiriou, M.; Pritsa, T. (2000) An integrated approach of breeding and maintaining an elite cultivar of snap bean. *Agronomy Journal*, 92 (5):1020-26.

Uesugi, C. H.; Freitas, M. A.; Menezes, J. R. (2003) Ocorrência de *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* em feijoeiro, em Goiás e no Distrito Federal. *Fitopatologia Brasileira*, 28(3):303-304.

Zdravković, M.; Zdravković, J.; Stanković, L.; Pavlović, N. (2005) Combining abilities of inheriting first pod height of some french bean lines (*Phaseolus Vulgaris* L.). Genetika, 37 (1): 65-70.

## 6. RESUMO E CONCLUSÕES

A murcha-de-curtobacterium foi detectada no Brasil pela primeira vez em 1995 no Estado de São Paulo e, desde então, também tem sido identificada em outros Estados. Essa doença, cujo agente causal é a bactéria *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* (Cff), tem-se apresentado como ameaça às lavouras de feijoeiro. O uso de genótipos resistentes tem sido uma das medidas mais eficientes e econômicas para o controle de muitas doenças de plantas e é também o método mais prático e econômico para controle da murcha-de-curtobacterium na cultura do feijoeiro. Para a obtenção de genótipos resistentes e que tenham características agronômicas de interesse e sejam adaptados a diferentes condições ambientais, deve-se desenvolver um programa de melhoramento genético. Para isto, a primeira etapa é a caracterização e avaliação dos genótipos existentes e a estimativa da divergência genética. Nesta etapa, é realizada a escolha de genitores, de modo que se obtenha o máximo efeito heterótico e maior probabilidade de que genótipos superiores sejam encontrados nas gerações segregantes. Outra etapa importante são os estudos genéticos da resistência que são básicos para a definição dos métodos de melhoramento a serem adotados. O diallelo tem importância especial porque possibilita a obtenção de informações com base no comportamento “*per se*” de um grupo de genitores e, principalmente, por considerar sua capacidade de combinação na formação de híbridos. Primeiramente, diferentes genótipos de feijão-de-vagem foram avaliados em relação a resistência à murcha-de-curtobacterium e definido o método de

inoculação mais adequado para discriminar os genótipos resistentes e suscetíveis a *Cff*. Dois experimentos foram realizados, sendo o experimento 1 no período de dezembro de 2005 a fevereiro de 2006, no delineamento de blocos casualizados, seis repetições e 39 tratamentos. O experimento 2 foi conduzido no período de maio a julho de 2006, no delineamento de blocos ao acaso, com cinco repetições, oriundos de um arranjo em fatorial (três métodos de inoculação x 11 genótipos), visando comparar três métodos de inoculação utilizados para *Cff*. Os genótipos utilizados neste experimento foram os mais resistentes e o mais suscetível, identificados no experimento 1. As notas das avaliações foram utilizadas para calcular a área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD). Os genótipos 'Novirex', 'IAC Carioca Tybatã' e 'Amarelo Baixo' foram identificados como resistentes. O método de 'palito de dente', além da boa discriminação entre os genótipos resistentes e suscetíveis, apresenta rapidez e facilidade na execução, sendo o método de inoculação mais indicado. Em seguida, os genótipos de feijão-de-vagem foram caracterizados quanto a oito descritores morfoagronômicos. Também foi estimada a divergência genética entre os genótipos com base nos descritores agronômicos e na avaliação da resistência à murcha-de-curtobacterium; determinada a importância relativa das características estudadas na distinção dos genótipos; e, por fim, foram indicados potenciais genitores para estabelecer um programa de melhoramento do feijão-de-vagem para resistência à murcha-de-curtobacterium. Dois experimentos foram realizados, sendo o experimento 1 cultivado nas condições de campo no período de novembro de 2006 a janeiro de 2007 e o experimento 2 conduzido em casa de vegetação no período do janeiro a março de 2007. Ambos os experimentos foram conduzidos no delineamento de blocos casualizados, com três repetições e 15 tratamentos. Houve a formação de seis grupos dos genótipos, tanto pelo método UPGMA como pelas variáveis canônicas; as duas primeiras variáveis canônicas explicaram aproximadamente 80% da divergência genética entre os genótipos de feijão-de-vagem; as características que mais contribuíram para a divergência genética entre os genótipos foram altura de plantas, dias para colheita, número de vagens total e número de vagens por planta; os genótipos 'Cota', 'UEL 1', 'Manteiga Baixo' e 'Novirex' apresentaram divergência genética e bom desempenho para as características desejáveis, sendo indicados para o uso no programa de melhoramento genético de feijão-de-vagem visando a resistência à

murcha-de-curtobacterium e características agronômicas, além de características qualitativas de interesse do mercado consumidor. Desta forma, os quatro genitores de feijão-de-vagem e um genitor de feijão comum identificados anteriormente foram escolhidos com base no comportamento em relação à murcha-de-curtobacterium e nas características morfoagronômicas para obtenção dos híbridos  $F_1$ 's. A obtenção das sementes híbridas foi realizada por meio de cruzamentos, considerando-se o esquema de dialelo completo sem os recíprocos. Dois experimentos foram conduzidos, sendo que no experimento 1, os cinco genitores e os 10 híbridos  $F_1$ 's foram cultivados nas condições de campo, no período de novembro de 2007 a fevereiro de 2008, para avaliar oito caracteres agronômicos de interesse para o feijão-de-vagem. Neste experimento, utilizou-se o delineamento de blocos casualizados, com quatro repetições. O experimento 2 foi realizado nas condições de casa de vegetação no período de março a maio de 2008, no delineamento de blocos ao acaso, com cinco genitores, 10 híbridos  $F_1$ 's, e seis repetições. Este experimento foi para testar a reação dos híbridos e genitores quanto à murcha-de-curtobacterium. Considerando as características agronômicas de uma forma geral, pode-se concluir que os genitores 'UEL 1' e 'Novirex' são os mais indicados para compor programas de melhoramento que visem obter populações promissoras para o desenvolvimento de linhagens superiores. Já para a característica reação de resistência à murcha-de-curtobacterium, os genitores foram 'Novirex', 'Manteiga Baixo' e 'IAC Carioca Tybatã'. As combinações Manteiga Baixo x Novirex e Manteiga Baixo x UEL1 foram as que mais se destacaram para a maioria das características agronômicas avaliadas com relação aos valores da capacidade específica de combinação, além de terem como genitores UEL 1 e Novirex, que tiveram as melhores médias e os melhores valores da capacidade geral de combinação. Para a característica reação à murcha-de-curtobacterium, as combinações Manteiga Baixo x Novirex e Manteiga Baixo x Cota se destacaram, apresentando estimativas negativas de  $\hat{s}_{ij}$  e por terem como genitores 'Novirex' e 'Manteiga Baixo,' que obtiveram as melhores médias e as estimativas negativas de  $\hat{g}_i$ .



## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Abreu, F. B.; Leal, N. R.; Rodrigues, R.; Amaral Júnior, A. T.; Silva, D. J. H. (2004) Divergência genética entre acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento indeterminado. *Horticultura Brasileira*, Brasília, 22 (3):547-552.
- Acosta-Gallegos; J. A., Kelly; J. D.; Gepts, P. (2007) Prebreeding in common bean and use of genetic diversity from wild germplasm. *Crop Science*, 47(3):44–59.
- Agrios, G. N. (2005) *Plant pathology*. 5. ed. San Diego: Academic Press, 922p.
- Allard, R.W. (1999) *Principies of plant breeding*. 2. ed. New York: J. Wiley, 254p.
- Alzate-Marin, A. L.; Arruda, K. M.; de Barros, E. G.; Moreira, M. A. (2002) Allelism studies for anthracnose resistance genes of common bean cultivar Widusa. *Annual Report of the Bean Improvement Cooperative*, 45:110–111.
- Alzate-Marin, A. L.; Silva, M. A. M.; de Oliveira, E. J.; Moreira, M. A.; Barros, E. G. (2003) Identification of the second anthracnose resistant gene present in the common bean cultivar PI 207262. *Annual Report of the Bean Improvement Cooperative*, 46:177–178.
- Atkin, J. D. (1972) Nature of the stringy pod rogue of snap beans (*Phaseolus vulgaris*). *Search Agricultural*, 2(9):1-3.
- Bassett, M. J. (2004) List of genes – *Phaseolus vulgaris* L. *Annual Report of the Bean Improvement Cooperative*, 47:1-24.
- Belmonte, U. C. F. (2002) Análise da variabilidade de linhagens endofíticas e patogências de *Curtobacterium flaccumfaciens*. *Anais do Simpósio Internacional de Iniciação Científica da Universidade de São Paulo*, 10, Piracicaba: USP, v. 1, p. 7.

Bergamin Filho, A.; Menten, J. O. M.; Mendes, B. M. J. (1984) Avaliação de resistência a fitopatógenos. *Summa Phytopathologica*, Piracicaba, 10:137-154.

Bianchini, A.; Maringoni, A. C.; Carneiro, S. M. T. P. G. (2005) Doenças do feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.). In: Kimati, H.; Amorim, L.; Rezende, J. A. M.; Bergamin Filho, A.; Camargo, L. E. A. *Manual de fitopatologia: doenças de plantas cultivadas*. v. 2, 4. ed. São Paulo: Agronômica Ceres. p. 333-349.

Borém, A.; Miranda, G. V. (2007) *Melhoramento de plantas*. 4. ed. Viçosa: UFV, 525p.

Bradbury, J. F. (1986) *Guide to plant pathogenic bacteria*. Ferry Lane: CAB International Mycological Institute, 332 p.

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.

Brown, J. W. S.; McFerson, J. R.; Bliss, F. A.; Hall, T. C. (1982) Genetic divergence among commercial classes of *Phaseolus vulgaris* in relation to phaseolin pattern. *HortScience*, 17:752–754.

Cadle-Davidson, M.; Jahn, M. M. (2006) Divergent gene expression in *Phaseolus vulgaris* I locus NILs challenged with bean common mosaic virus. *Theor Appl Genet*, 112:1452–1457.

Camargo, L. E. A.; Bergamin Filho, A. (1995) Controle genético. In: Bergamin Filho, A.; Kimati, H.; Amorim, L. *Manual de fitopatologia*. 3. ed. São Paulo: Agronômica Ceres. p. 729-760.

Campbell, C. L.; Madden, L. V. (1990) Monitoring epidemics diseases. In: \_\_\_\_\_. *Introduction to plant disease epidemiology*. New York: J. Wiley, p. 107-128.

Carrijo, I. V. (1993) 'Macarrão Preferido AG-482': nova cultivar de feijão-de-vagem resistente à ferrugem e antracnose. *Horticultura Brasileira*, 11(1):56.

Carvalho, A. C. P. P.; Rodrigues, R.; Leal, N. R.; Costa, F. A. (1999) Capacidade de combinação para oito caracteres agrônômicos em cultivares de feijão de vagem de crescimento determinado. *Horticultura Brasileira*, Brasília, 17(2):102-105.

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

Castiglioni, V. B. R.; Oliveira, M. F.; Arias, C. A. A. (1999) Análise da capacidade combinatória entre linhagens de girassol. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 34:981-988.

Castillo-Urquiza, G. P.; Maia F. G. M.; Carvalho, M. G.; Pinto, C. M. F.; Zerbini, F. M. (2006) Caracterização de um Isolado do *Bean rugose mosaic virus* (BRMV) de Minas Gerais e estimativa de perdas em feijoeiro em infecção simples ou em conjunto com o BCMV. *Fitopatologia Brasileira*, 31(5):455-461.

Centro Internacional de Agricultura Tropical (1977) *Cruzamineto del frijol. Guia de estudio*. Cali, Colômbia. 36p.

Chavarro, C. A.; Lopez, G. C. A.; Lenne, J. M. (1985) Características y pathogenicidad de *Corynebacterium flaccumfaciens* (Hedges) Dows. Agente causal del marchitamiento bacteriano de *Zornia* spp. Y su efecto en el rendimiento de *Z. Glaba* CIAT 7847 y *Phaseolus vulgaris*. *Acta Agronomica*, Palmira, 35(10):64-79.

Collins, M. D., Jones, D. (1983) Reclassification of *Corynebacterium flaccumfaciens*, *Corynebacterium betae*, *Corinebacterium ootii* and *Corynebacterium poinsettiae* in the genus *Curtobacterium* as *Curtobacterium flaccumfaciens* comb. *Journal of Geneneral Microbiology*, London, 129(17): 3545-3548.

Commonwealth Mycological Institute (1992) *Distribution maps of plant diseases*: map n. 85. 5. ed. Farnham Royal.

Costa, M. R. (2007) *Melhoramento de feijões preto e vermelho visando a resistência a antracnose, ferrugem e mancha angular, com auxílio de marcadores moleculares*. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Viçosa – MG, Universidade Federal de Viçosa – UFV, 88p.

Coyne, D. P.; Schuster, M. L. (1974) Breeding and genetic studies of tolerance to several bean (*Phaseolus vulgaris* L.) bacterial pathogens. *Euphytica*, Dordrecht, 23(3):651-656.

Coyne, D. P.; Schuster, M. L. (1983) Genetics of and breeding for resistance to bacterial pathogens in vegetable crops. *Hortscience*, 18:30-36.

Coyne, D. P.; Schuster, M. L. (1976) 'Great Northern Star' dry bean tolerant to bacterial disease. *Hortscience*, Alexandria, 11(13):621.

Coyne, D. P.; Schuster, M. L.; Al-Yasiri, S. (1963) Reaction studies of bean species and varieties to common blight and bacterial wilt. *Plant Disease Reporter*, 47:534-537.

Coyne, D. P.; Schuster, M. L.; Estes, L. W. (1966) Effect of maturity and environment on the genetic control or reaction to wilt bacterium in *Phaseolus vulgaris* L. *American Society for horticultural Science*, 88:393-399.

Coyne, D. P.; Schuster, M. L.; Young, J. O. (1965) A genetic study of bacterial wilt (*Corynebacterium flaccumfaciens* var. *aurantiacum*) tolerance in *Phaseolus vulgaris* crosses and the development of tolerance to two bacterial diseases. *American Society for horticultural Science*, 87:279-285.

- Cruz, C. D. (2006) *Programa genes: análise multivariada e simulação*. Viçosa: UFV, 175p.
- Cruz, C. D. (2006) *Programa GENES: Estatística experimental e matrizes*. Viçosa: UFV, 285p.
- Cruz, C. D.; Regazzi, A. J.; Carneiro, P. C. S. (2004) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. v. 1, Viçosa: Imprensa Universitária, 480p.
- Cunha, W. G. (2005) *Seleção recorrente em feijão do tipo carioca para porte ereto*. Tese (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Lavras – MG, Universidade Federal de Lavras – UFLA, 130p.
- Deuner, C. C. (2007) Inoculação artificial e detecção de *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* em sementes de feijão. Tese (Doutorado em Fitopatologia) – Lavras – MG, Universidade Federal de Lavras – UFLA, 131p.
- Diatloff, A.; Imrie, B. C. (2000) Inoculation techniques for evaluating resistance to *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* in mungbean cultivars. *Australasian Plant Pathology*, 29(1):24-28.
- Dinesen, I. G. (1978) The movement of *Corynebacterium flaccumfaciens* in bean plant. *Proceedings International Conference On Plant Pathogenic Bacteria*, 4, Washington: INRA, p. 929-933.
- Drijfhout, E.; Silbernagel, M. J.; Burke, D. W. (1978) Differentiation of strains of bean common mosaic virus. *Neth J Pl Path*, 84:13–26.
- Dunleavy, J. M. (1983) Bacterial tan spot, a new disease of soybeans. *Crop Science*, Madison, 23:473-476.
- Faleiro, F. G.; Nietzsche, S.; Ragagnin, V. A.; Borém, A.; Moreira, M. A.; Barros, E. G. (2001) Resistência de cultivares de feijoeiro-comum à ferrugem e à mancha-angular em condições de casa de vegetação. *Fitopatologia Brasileira*, 26:86-89.
- Faleiro, F. G.; Ragagnin, V. A.; Moreira, M. A.; Barros, E. G. de. (2004) Use of molecular markers to accelerate the breeding of common bean lines resistant to rust and anthracnose. *Euphytica*, 138: 213–218.
- Ferreira, C. F.; Pereira, M. G.; dos 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, M. E.; Varennes, A. de; Melo-Abreu, J. P. de; Vieira, M. I. (2006) Predicting pod quality of green beans for processing. *Scientia Horticulturae*, 109:207-211.
- Filgueira, F. A. R. (2008) *Novo manual de olericultura: agrotecnologia moderna na produção e comercialização de hortaliças*. 3. ed. Viçosa: UFV, 421p.

Freitas, F. O. (2006) Evidências genético-arqueológicas sobre a origem do feijão comum no Brasil. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, 41 (7):1199-1203.

Freytag, G. F.; Debouck, D. G. (2002) Taxonomy, distribution, and ecology of the genus *Phaseolus* (Leguminosae-Papilionoideae) in North America, Mexico and Central America. Texas: Brit Press, 304p.

Fry, W. E. (1982) *Principles of plant disease management*. New York: Academic Press, 378p.

Gardner, C. O.; Eberhart, S. A. (1966) Analysis and interpretation of the variety cross diallel and related populations. *Biometrics*, 22:439-452.

Gepts, P.; Kmiecik, K.; Pereira, P.; Bliss, F. A. (1988) Dissemination pathways of common bean (*Phaseolus vulgaris*, Fabaceae) deduced from phaseolin electrophoretic variability. I. The Americas. *Economic Botany*, 42:73–85.

Gepts, P. (1998) Origin and evolution of common bean, past event and recent trends, past event and recent trends. *HortScience*, 33:1124–1130.

Gepts, P.; Osborn, T. C.; Rashka, K.; Bliss, F. A. (1986) Phaseolinprotein variability in wild forms and landraces of the common bean (*Phaseolus vulgaris*): evidence for multiple centers of domestication. *Economic Botany*, 40:451-468.

Gonçalves-Vidigal, M. C.; Bonett, L. P.; Vidigal Filho, P. S.; Gonela, A.; Ribeiro, A. S. (2007) Genetic Control on the Performance of Common Bean Differential Cultivars to *Colletotrichum lindemuthianum* Races. *Brazilian Archives of Biology and Technology*, 50(4):579-586.

Gonçalves-Vidigal, M. C.; Kelly, J. D. (2006) Inheritance of anthracnose resistance in the common bean cultivar Widusa. *Euphytica*, 151:411–419.

Gonçalves-Vidigal, M. C.; Vallejo, V. A.; Kelly, J. D. (2003) Characterization of the anthracnose resistance in the differential cultivar Widusa. *Annual Report of the Bean Improvement Cooperative*, 46: 175–176.

Grafton, K. F.; Weiser, G. C.; Littlefield, L. J.; Stavely, J. R. (1985) Inheritance of resistance to two races of leaf rust in dry edible bean. *Crop Science*. 25: 537-539.

Griffing, B. (1956) A generalized treatment of the use of diallel crosses in quantitative inheritance. *Heredity*, 10:31-50.

Guedes, R., E.; Guerra, J. G. M.; Ribeiro, R. L. D.; Coelho, L. G.; Paula, P. D.; Moreira, V. F. (2007) *Avaliação de cultivares de feijão-de-vagem de crescimento determinado sob manejo orgânico, nas condições da baixada fluminense*. Seropédica: EMBRAPA-RJ, 4p. (Comunicado Técnico, 102).

Hang, A. N. (1999) Three virus resistant snap bean germplasm lines, USWA-64, USWA-67 and USWA-68. *Hortscience*, 34(2):338.

- Hayman, B. I. (1954) The theory and analysis of diallel crosses. *Genetics*, 39:789-809.
- Hedges, F. (1922) A bacterial wilt of the bean caused by *Bacterium flaccumfaciens*. *Science*, Washington, 55(1): 433-434.
- Hedges, F. (1926) Bacterial wilt of beans (*Bacterium flaccumfaciens* Hedges) including comparisons with *Bacterium phaseoli*. *Phytopathology*, St. Paul, 16(3):1-22.
- Hsieh, T. F.; Huang, H. C.; Mundel, H. H.; Conner, R. L.; Erickson, R. S.; Balaubramanian, P. M. (2005) Resistance of common bean (*Phaseolus vulgaris*) to bacterial wilt caused by *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens*. *J. Phytopathology*, Berlin, 153:245-249.
- Iemma, M. (2003) Uso do melhor preditor não viesado (BLUP) em análises dialélicas e predição de híbridos. Tese (Mestrado em Estatística e Experimentação Agrícola) – Piracicaba – SP, Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz – Universidade de São Paulo – ESALQ – USP, 81p.
- Jaramillo, G.; Morante, N.; Pérez, J. C.; Calle, F.; Ceballos, H.; Arias, B.; Bellotti, A. C. (2005) Diallel analysis in cassava adapted to the midaltitude valleys environment. *Crop Science*, 45:1058-1063.
- Jung, M. S.; Vieira, E. A.; Silva, G. O.; Brancker, A.; Nodari, R. O. (2007) Capacidade de combinação por meio de análise multivariada para caracteres fenotípicos em maracujazeiro-doce. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, 42 (5):689-694.
- Kado, C. I.; Heskett, M. G. (1970) Selective media for isolation of *Agrobacterium*, *Corynebacterium*, *Erwinia*, *Pseudomonas* and *Xanthomonas*. *Phytopathology*, Saint Paul, 60 (6):969-976.
- Karkmkova, P.; Boyadzhiev, K. H. (1984) The new garden bean cultivar Rositsa. *Gardinaska i Lozarka Nauka*, 21(3):40-43.
- Kelly, J. D.; Afanador, L.; Haley, S. D. (1995) Pyramiding genes for resistance to bean common mosaic virus. *Euphytica*, 82:207–212.
- Kelly, J. D. (1997) A review of varietal response to bean common mosaic potyvirus in *Phaseolus vulgaris*. *Plant Varieties and Seeds*, 10:1–6.
- 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*, 82:135-154.
- Kelly, J. D.; Vallejo, V. A. (2004) A comprehensive review of the major genes conditioning resistance to anthracnose in common bean. *HortScience*, 39:1196–1207.

Kobayashi, L.; Souza, R. M.; Santos, J. B. (1999) Avaliação de cultivares e linhagens de feijoeiro quanto à reação foliar e de vagens à *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* var. *fuscans*. *Ciência e Agrotecnologia*, 23:40-47.

Koutsika-Sotiriou, M.; Traka-Mavrona, E. (2008) Fabaceae, Liliaceae, Solanaceae, and Umbelliferae. In: Prohens, J., Nuez, F. (eds.) *Vegetables II*. New York: Springer New York, 27-83.

Krause, W.; Rodrigues, R.; Leal, N. R. (2008) Identificação de fontes de resistência e avaliação de métodos de inoculação de *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* em feijão-de-vagem. *Ciência & Agrotecnologia*. (no prelo).

Lankey, K. R.; Edwards, J. W. (1999) Quantitative genetics of heterosis. In: Coors, J. G., Pandey, S. Genetics and exploitation of heterosis in crops. Madison: American Society of Agronomy, p. 31-38.

Ledo, C. A. S.; Ferreira, D. F.; Ramalho, M. A. P. (2003) Análise de variância multivariada para os cruzamentos dialélicos. *Ciência e Agrotecnologia*, 27:1214-1221.

Leite Júnior, R. P.; Behlau, F. (2001) Caracterização da murcha do feijoeiro no Paraná. *Anais da reunião Sul-Brasileira de feijão*, 5, Londrina: IAPAR, p. 50-54.

Leite Júnior, R. P.; Behlau, F. (2002) Reação de genótipos de feijoeiro à murcha bacteriana causada por *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens*. *Fitopatologia Brasileira*, Fortaleza, 27:63. (Suplemento).

Leite Júnior, R. P.; Meneghim, L.; Behlau, F.; Rodrigues, S. R.; Bianchini, A. (2001) Ocorrência de *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* em feijoeiro no Paraná e Santa Catarina. *Fitopatologia Brasileira*, 26:303-304.

Mahuku, G. S.; Jara, C.; Henriquez, 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. *J. Phytopathology*, 154:35-44.

Maia, G. F.; Fonseca Júnior, N. S.; Behlau, F.; Leite Júnior, R. P. (2004) Controle genético da resistência à murcha bacteriana causada por *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* em feijoeiro. *Fitopatologia Brasileira*, 29:231. (Suplemento).

Maluf, W. R.; Ferreira, P. E. (1983) Análise multivariada da divergência genética em feijãoovagem (*Phaseolus vulgaris* L.). *Horticultura Brasileira*, Brasília, 1(2):31-34.

Maringoni, A. C. (2006) Alterações nos teores de macronutrientes em plantas de feijoeiro infectadas por *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens*. *Ciência e Agrotecnologia*, Lavras, 27 (1):217-222.

Maringoni, A. C. (2002) Comportamento de cultivares de feijoeiro comum à murcha-de-curtobacterium. *Fitopatologia Brasileira*, 27(2):157-162.

Maringoni, A. C.; Rosa, E. F. (1997) Ocorrência de *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* em feijoeiro no Estado de São Paulo. *Summa Phytopathologica*, Botucatu, 23(2):160-162.

Mayers, J. R.; Baggett, J. R. (1999) Improvement of snap bean. In: Singh, S. P. (ed.) *Common bean improvement in the twenty-first century*. Boston: Kluwer Academic Publishers, p. 289-330.

McDonald, J. G.; Wong, E. (2000) High diversity in *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* characterized by serology and rep-PCR genomic fingerprinting. *Canadian Journal of Plant Pathology*, 22:17-22.

Melo, C. L. P. (2006) *Melhoramento de feijão do tipo carioca: avaliação de populações segregantes e uso de marcadores moleculares visando resistência a patógenos*. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Viçosa – MG, Universidade Federal de Viçosa – UFV, 107p.

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: 05-131.

Miklas, P. N.; Larsen, R. C.; Riley, R.; Kelly, J. D. (2000) Potential marker-assisted selection for *bc12* resistance to bean common mosaic potyvirus in common bean *Euphytica*, 116: 211-219.

Miranda Filho, R. J.; Silva, M. R.; Miranda, C. E. P.; Uesugi, C.H. (2004) Níveis de inóculo de *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* na produção de sintomas em cultivares e linhagens de feijão. *Fitopatologia Brasileira*, 29:92. (Suplemento).

Miranda Filho, R. J.; Uesugi, C.H. (2004) Comportamento de diferentes espécies vegetais em relação à *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* isolada de feijoeiro. *Fitopatologia Brasileira*, 29:92. (Suplemento).

Miranda Filho, R. J. (2006) *Perda de produtividade em feijoeiro comum cultivar Pérola causada por Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens*. Tese (Mestrado em Fitopatologia) – Brasília, DF, Universidade de Brasília – UnB, 79p.

Mora, N. O. A.; Vieira, C.; Zambolim, L. (1992) Variedades diferenciadoras de feijão para identificação de raças fisiológicas de *Uromyces phaseoli* var *typica* Arth. *Revista Ceres*, 39: 391-404.

Mukeshimana, G.; Paneda, A.; Suarez, C. R. (2005) Markers linked to the *bc-3* gene conditioning resistance to bean common mosaic potyviruses in common bean. *Euphytica*, 144:291-299.



Nikitina, K. V.; Budanova, V. I.; Stepanova, S. I.; Yaskina, O. S. (1980) Rapid method of evaluating resistance to bacterial disease in lupin and *Phaseolus*. *Selektsiya i Semenovodstvo URSS*, 5:22-23.

Oliveira, V. R.; Casali, V. W. D.; Cruz, C. D.; Pereira, P. R. G.; Braccini, A. L. (1999) Avaliação da diversidade genética em pimentão através de análise multivariada. *Horticultura Brasileira*, Brasília, 17(1):19-24.

Park, S. O.; Coyne, D. P.; Steadman, J. R.; Crosby, K. M.; Brick, M. A. (2004) RAPD and SCAR markers linked to the Ur-6 Andean gene controlling specific rust resistance in common bean. *Crop Science*, 44:1799–1807.

Paula Júnior, T. J.; Zambolim, L. (2006) Doenças. In: Vieira, C.; Paula Júnior., T. J.; Borém, A. (eds.) *Feijão: aspectos gerais e cultura no Estado de Minas*. 2. ed. Viçosa: UFV, p. 375-433.

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

Pereira, J. J. (1999) *Análises de agrupamento e discriminante no melhoramento genético - aplicação na cultura do arroz (Oryza sativa L.)*. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Viçosa – MG, Universidade Federal de Viçosa - UFV, 191 p.

Phang, P. D.; Gutenmaher, P.; Moela, I. (1974) Resistance to bacterial rots in some French bean. *Lucrari Stiintifice*, 17:45-48.

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

Rainey, K. M.; Griffiths, P. D. (2005) Diallel analysis of yield components of snap beans exposed to two temperature stress environments. *Euphytica*, 142:43–53.

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

Rava, C. A.; Costa, J. G. C. (2003) Reação de cultivares de feijoeiro comum à murcha-de-curtobacterium. *Reunião Técnica Catarinense de Milho e Feijão*, 4, Lages: Graphel, p. 246-247.

Rava, C. A.; Costa, J. G. C.; Fonseca, J. R.; Salgado, A. L. (2002) Procura de fontes de resistência à murcha-de-curtobacterium em coletas de feijoeiro-comum. *Congresso Nacional de Pesquisa de Feijão*, 7, Viçosa, p.128-129.

Rickard, S. F.; Walker, J. C. (1965) Mode of inoculation and host nutrition in relation to bacterial wilt of bean. *Phytopathology*, St. Paul, 55(5):174-178.

Rodrigues, R. (1997) *Análise genética da resistência ao cretamento bacteriano comum e outras características agrônômicas em Phaseolus vulgaris L.* Tese (Doutorado em produção vegetal) – Campos dos Goytacazes – RJ, Universidade Estadual Norte Fluminense – UENF, 103p.

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

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

Romeiro, R. S. (2001) *Métodos em bacteriologia de plantas*. Viçosa: UFV, 279p.

Saettler, A. W. (1991) Diseases caused by bacteria. In: Hall, R. *Compendium of bean diseases*. St. Paul: APS, p. 29-32.

Saettler, A. W.; Perry, S. K. (1972) Seed-transmitted bacterial diseases in Michigan navy (pea) beans. *Plant Disease Reporter*, Washington, 56(16):378-381.

Santalla, M.; Monteagudo, A. B.; Gonzalez, A. M.; Lema, M.; De la Fuente, M.; De Ron, A. M. (2004) Agronomic potential value of great northern recombinant lines and breeding implications in common bean. *Annu. Rept. Bean Improv. Coop.* 47: 147–148.

Santos, A. S. (2000) *Marcadores de DNA no melhoramento genético do feijoeiro (Phaseolus vulgaris) visando resistência à Xanthomonas axonopodis pv. phaseoli.* Tese (Doutorado em produção vegetal) – Campos dos Goytacazes, RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro– UENF, 140p.

Schuster, M. L. (1959) Relation of root-knot nematodes and irrigation water to the incidence and dissemination of bacterial wilt of bean. *Plant Disease Reporter*, Beltsville, 43(2):27-32.

Schuster, M. L.; Coyne, D. P.; Singh, K. (1964) Population trends and movement of *Corynebacterium flaccumfaciens* var. *aurantiacum* in tolerant and susceptible beans. *Plant Dis Rep*, 48:823–827.

Schuster, M. L.; Sayre, R. M. (1967) A coryneform bacterium induces purple-colored seed and leaf hypertrophy of *Phaseolus vulgaris* and other leguminosae. *Phytopathology*, St. Paul, 57(8):1964-1966.

Scott, A. J.; Knott, M. (1974) A cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. *Biometrics*, 30:507-512.

Scully, B. T.; Beiriger, R. L.; Olczyk, T.; Stavely, J. R. (2000) 'Beltglade RR-1', 'Beltglade RR-2' and 'Beltglade RR-3': rust resistant snap bean breeding lines with the *Ur-4* and *Ur-11* genes. *Hortscience*, 35(6):1180-1182.

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

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

Silva, S. A. G.; Rava, C. A.; Costa, J. G. C.; Morais, O. P. (1999) Herança da resistência do feijoeiro ao crestamento bacteriano comum. *Fitopatologia Brasileira*, 24:38-44.

Singh, S. P. (2001) Broadening the genetic base of common beans cultivars: A review. *Crop Science*, 41:1659–1675.

Singh, S. P.; Nodari, R.; Gepts, P. (1991) Genetic diversity in cultivated common bean. I. Allozymes. *Crop Science*, 31:19–23.

Singh, D. (1981) The relative importance of characters affecting genetic divergence. *The Indian Journal of Genetic and Plant Breeding*, 41:237-245.

Skroch, P.; Nienhuis, J. (1995) Qualitative and quantitative characterization of RAPD variation among snap bean (*Phaseolus vulgaris*) genotypes. *Theor. Appl. Genet.* 91:1078–1085.

Souza, V. L.; Maringoni, A. C.; Krause-Sakate, R. (2006) Variabilidade genética em isolados de *Curtobacterium flaccumfaciens*. *Summa Phytopathologica*, Botucatu, 32 (2):170-176.

Souza, V. L.; Maringoni, A.C.; Carbonell, S. A. M.; Ito, M. F. (2004) Detecção de resistência à murcha-de-*Curtobacterium* em genótipos de feijoeiro. *Summa Phytopathologica*, Botucatu, 30(1):90 (Resumo).

Souza, U. L.; Maringoni, A. C.; Carbonell, S. A. M.; Ito, M. F. (2006) Resistência genética em genótipos de feijoeiro a *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens*. *Summa Phytopathologica*, Botucatu, 32 (4):339-344.

Stavely, J. R.; Pastor-Corrales, M. A. (1994) Roya. In: Pastor-Corrales, M. A., Schwartz, H. F. (eds.) *Problemas de producción del frijol en los trópicos*. 2.ed. Cali: CIAT, p.185-225.

Tegli, S.; Seren I, A.; Surico, G. (2002) PCR-based assay for the detection of *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* in bean seeds. *The Society for Applied Microbiology*, Italy, 35(9):331-337.

Teixeira, A. B.; Amaral Júnior, A. T.; Rodrigues, R.; Pereira, T. N. S.; Bressan-Smith, R. E. (2004) Genetic divergence in snap bean (*Phaseolus vulgaris* L.) evaluated by different methodologies. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 4:57-62.

- Theodoro, G. F. (2004) Ração de cultivares locais de feijão a *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*, em condições de campo. *Revista Brasileira de Agrociência*, 10(3):373-375.
- Theodoro, G. F.; Herbes, D. H.; Maringoni, A. C. (2007) Fontes de resistência à murcha-de-curtobacterium em cultivares locais de feijoeiro, coletados em Santa Catarina. *Ciência e Agrotecnologia*, Lavras, 31(5):1333-1339.
- Theodoro, G. F.; Maringoni, A. C. (2006) Murcha-de-curtobacterium do feijoeiro no Estado de Santa Catarina e reação de genótipos a *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens*. *Summa Phytopathologica*, Botucatu, 32(1):34-41.
- Thomas, W. D.; Graham, R. W. (1952) Bacteria in apparently healthy pinto beans. *Phytopathology*, Saint Paul, 42:214.
- Torres, J. P.; Maringoni, A. C. (1999) Métodos de inoculação, estádios de desenvolvimento fenológico da planta e reação de cultivares de feijoeiro a *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*. *Ciência e Agrotecnologia*, Lavras, 23(1):124-129.
- Traka-Mavrona, E.; Georgakis, D.; Koutsika-Sotiriou, M.; Pritsa, T. (2000) An integrated approach of breeding and maintaining an elite cultivar of snap bean. *Agronomy Journal*, 92 (5):1020-26.
- Uesugi, C. H.; Freitas, M. A.; Menezes, J. R. (2003) Ocorrência de *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* em feijoeiro, em Goiás e no Distrito Federal. *Fitopatologia Brasileira*, 28(3):303-304.
- Venette, J. R.; Lampra, R. S.; Gross, P. L. (1995) First report of bean bacterial wilt caused by *Curtobacterium flaccumfaciens* subsp. *flaccumfaciens* in North Dakota. *Plant Disease*, St. Paul, 79(3):966.
- Vieira, C.; Paula Júnior., T. J.; Borém, A. (eds.) (2006) *Feijão: aspectos gerais e cultura no Estado de Minas*. 2. ed. Viçosa: UFV, 600p.
- Yu, K.; Park, S. J.; Zhang, B.; Havner, M.; Poysa, V. (2004) An SSR marker in the nitrate reductase gene of common bean is tightly linked to a major gene conferring resistance to common bacterial blight. *Euphytica*, 138:89-95.
- Zaiter, H. Z.; Coyne, D. P.; Steadman, J. R. (1989) Inheritance of resistance to a rust isolate in beans. *Annual Report Bean Improvement Cooperative*. 32:126-127.
- Zaumeyer, W. J.; Thomas, H. R. (1957) *A monographic study of beans diseases and methods for their control*. Washington: USDA, 255p.
- Zdravković, M.; Zdravković, J.; Stanković, L.; Pavlović, N. (2005) Combining abilities of inheriting first pod height of some french bean lines (*Phaseolus Vulgaris* L.). *Genetika*, 37 (1): 65-70.