

**UNIVERSIDADE DO ESTADO DE SANTA CATARINA - UDESC**  
**CENTRO DE CIÊNCIAS AGROVETERINÁRIAS – CAV**  
**PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIAS AGRÁRIAS**  
**MESTRADO EM PRODUÇÃO VEGETAL**

**GISELI VALENTINI**

**FONTES DE RESISTÊNCIA E HERANÇA GENÉTICA DA MURCHA  
DE CURTOBACTERIUM CAUSADA POR *Curtobacterium flaccumfaciens*  
*pv. flaccumfaciens* EM FEIJÃO**

**LAGES - SC**

**2011**

**GISELI VALENTINI**

**FONTES DE RESISTÊNCIA E HERANÇA GENÉTICA DA MURCHA  
DE CURTOBACTERIUM CAUSADA POR *Curtobacterium flaccumfaciens*  
*pv. flaccumfaciens* EM FEIJÃO**

Dissertação apresentada como requisito para  
obtenção do título de mestre no Curso de Pós-  
Graduação em Produção Vegetal da  
Universidade do Estado de Santa Catarina –  
UDESC.

Orientador: Altamir Frederico Guidolin  
Co-Orientador: Jefferson Luís Meirelles  
Coimbra

**LAGES – SC**

**2011**

Ficha catalográfica elaborada pela Bibliotecária  
Renata Weingärtner Rosa – CRB 228/14ª Região  
(Biblioteca Setorial do CAV/UDESC)

Valentini, Giseli

Fontes de resistência e herança genética da murcha de *curtobacterium*  
causada por *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* em feijão

/ Giseli Valentini ; orientador: Altamir Frederico Guidolin. –

Lages, 2011.

61f.

Inclui referências.

Dissertação (mestrado) – Centro de Ciências Agroveterinárias /  
UDESC.

1. Murcha de *curtobacterium*. 2. Banco ativo de germoplasma. 3. Herança  
genética. 4. Efeitos genéticos. I. Título.

CDD – 635.652

**GISELI VALENTINI**

**FONTES DE RESISTÊNCIA E HERANÇA GENÉTICA DA MURCHA  
DE CURTOBACTERIUM CAUSADA POR *Curtobacterium flaccumfaciens*  
*pv. flaccumfaciens* EM FEIJÃO**

Dissertação apresentada como requisito parcial para obtenção do título de mestre no Curso de Pós-Graduação em Produção Vegetal da Universidade do Estado de Santa Catarina – UDESC.

Aprovado em: 09/02/2011

Homologado em: / /

**Banca Examinadora:**

---

Orientador: Dr. Altamir Frederico Guidolin  
UDESC/Lages - SC

---

Dr. Léo Rufato  
Coordenador Técnico do Curso de Mestrado  
em Produção Vegetal – UDESC/Lages – SC

---

Co-Orientador: Dr. Jefferson Luís Meirelles  
Coimbra  
UDESC/Lages - SC

---

Dr. Luciano Colpo Gatiboni  
Coordenador do Programa de Pós-Graduação  
em Ciências Agrárias – UDESC/Lages – SC

---

Membro: Dr. Haroldo Tavares Elias  
EPAGRI/Florianópolis-SC

---

Dr. Cleimon Eduardo do Amaral Dias  
Diretor Geral do Centro de Ciências  
Agroveterinárias – UDESC/Lages - SC

Lages, Santa Catarina  
09 de Fevereiro de 2011

Aos meus pais, Francisco e Delci,  
Aos meus irmãos Giovani e Géssica,  
Com alegria e carinho dedico este trabalho.

## **AGRADECIMENTOS**

Agradeço ao Senhor Deus que iluminou meu caminho e meus passos para que eu conseguisse chegar ao meu objetivo.

Agradeço de coração a minha família Francisco, Delci, Giovani e Gêssica pelo conforto, apoio e incentivo.

Aos amigos e colegas do IMEGEM, com quem convivi durante este período, que me trouxeram alegria e aprendizado.

Aos orientadores Altamir Frederico Guidolin, Jefferson Luís Meirelles Coimbra e Haroldo Tavares Elias pelos ensinamentos.

Meus agradecimentos especiais à Universidade do Estado de Santa Catarina e aos Professores do Curso de Mestrado em Produção Vegetal.

Agradeço a todos que contribuíram para a realização deste trabalho e que de uma ou de outra maneira, apesar de não citadas aqui, contribuíram para que esta etapa fosse vencida.

A todos o meu muito obrigada.

## RESUMO

VALENTINI, Giseli. Fontes de resistência e herança genética da murcha de *curtobacterium* causada por *Curatobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* em feijão. 2011. 61 f. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal) – Universidade do Estado de Santa Catarina. Programa de Pos-Graduação em Ciências Agrárias, Lages, 2011.

A murcha de *curtobacterium* tem se mostrado uma das doenças emergentes mais importantes na cultura do feijão. Estudos que visem identificar fontes de resistência e conhecer o controle genético da doença são fundamentais para o desenvolvimento de cultivares resistentes. O objetivo deste trabalho foi identificar genótipos de feijão resistentes à murcha de *curtobacterium* e estudar a herança da resistência desta doença em feijão, para possibilitar o desenvolvimento de cultivares resistentes em programas de melhoramento. Foram avaliados 72 genótipos, dentre os quais estão 67 acessos pertencentes ao Banco Ativo de Germoplasma de Feijão da Universidade do Estado de Santa Catarina (UDESC). Foi possível identificar a linhagem Xan 159 como tolerante à doença, pois apresentou as menores médias para as notas dos sintomas da murcha de *curtobacterium*, sendo indicado para uso em programas de melhoramento para o desenvolvimento de cultivares resistentes. O estudo da herança da resistência à murcha de *curtobacterium* foi realizado, através de um dialelo completo com cinco genitores (IAC Carioca Aruã, IAC Carioca Pyatã, IAC Carioca Tybatã, Pérola e SCS Guará) e através do estudo das seis gerações das populações IAC Carioca Aruã x Guará e IAC Carioca Pyatã x Pérola. A análise dialélica mostrou que, embora ambos os efeitos aditivos e não-aditivos estão envolvidos, o efeito aditivo é mais importante no controle da murcha de *curtobacterium*. O genótipo IAC Carioca Pyatã apresentou a maior capacidade geral de combinação e é recomendado para uso em cruzamentos dirigidos que objetivam o desenvolvimento de genótipos resistentes. A análise das médias das gerações entre genótipos tolerantes x suscetíveis (IAC Carioca Aruã x SCS Guará e IAC Carioca Pyatã x Pérola), demonstra a importância dos efeitos aditivos para a determinação do caráter. As análises das variâncias das seis gerações concordam com os resultados encontrados pela análise das médias, onde o efeito aditivo possui maior importância para a herança da murcha de *curtobacterium*. A herdabilidade no sentido restrito foi em torno de 35%, demonstrando que há possibilidade de obter ganhos com a seleção de indivíduos resistentes.

Palavras-chave: Murcha de *curtobacterium*. Banco ativo de germoplasma. Herança genética. Efeitos genéticos.

## ABSTRACT

VALENTINI, Giseli. Resistance sources and genetic inheritance of bacterial wilt caused by *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* in common bean. 2011. 61 f. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal) – Universidade do Estado de Santa Catarina. Programa de Pos-Graduação em Ciências Agrárias, Lages, 2011.

Curtobacterium wilt has become one of the most important emerging diseases in bean plants. Studies aimed at identifying sources of resistance and to know the genetic control of disease are essential for the development of resistant cultivars. The aim of this study was to identify bean genotypes resistant to curtobacterium wilt and determine the inheritance of resistance of this disease on bean, to enable the development of resistant cultivars in a breeding program. Were evaluated 72 genotypes, among which are 67 accessions of the Active Germplasm Bank of beans at the Universidade do Estado de Santa Catarina (UDESC). It was possible to identify Xan 159 as being tolerant to the disease, because it showed the lowest average scores for symptoms of bacterial wilt and is indicated for use in breeding programs to develop resistant cultivars. The study of inheritance of resistance to bacterial wilt was accomplished through a complete diallel of five parents (IAC Carioca Aruã, IAC Carioca Pyatã, IAC Carioca Tybatã, SCS Guarã and Pérola) and through study of six generations of people IAC Carioca Aruã x Guara and IAC Carioca Pyatã x Pérola. Diallel analysis showed that although both the additive effects and non-additive are involved, the additive effect is more important in controlling the curtobacterium wilt. The IAC Carioca Pyatã had the highest general combining ability and is recommended for use in breeding programs that aim to develop resistant genotypes. The analysis of the means of generations between genotypes tolerant x susceptible (IAC Carioca Aruã x SCS Guarã and IAC Carioca Pyatã x Pérola), demonstrates the importance of the additive effects on the character determination. Analyses of variance of six generations agree with the results found by the analysis of averages, where the additive effect has greater importance for the inheritance of curtobacterium wilt. The narrow sense heritability was around 35%, demonstrating that it is possible to gain with the selection of resistant individuals.

Key-words: Curtobacterium wilt. Germplasm bank. Genetic inheritance. Genetic effects.



## LISTA DE ILUSTRAÇÕES

- Figura 1 – Gráficos dos genótipos avaliados, apresentando as notas dos sintomas da murcha de *curtobacterium* aos 30, 40 e 50 dias após a inoculação, o intervalo de confiança a 95% de probabilidade, o intervalo predito a 95% de probabilidade, Lages, SC, 2010.....25
- Figura 2 – Gráficos dos genótipos avaliados, apresentando as notas dos sintomas da murcha de *curtobacterium* aos 30, 40 e 50 dias após a inoculação, o intervalo de confiança a 95% de probabilidade, o intervalo predito a 95% de probabilidade, Lages, SC, 2010.....26
- Figura 3 – Gráficos dos genótipos avaliados, apresentando as notas dos sintomas da murcha de *curtobacterium* aos 30, 40 e 50 dias após a inoculação, o intervalo de confiança a 95% de probabilidade, o intervalo predito a 95% de probabilidade, Lages, SC, 2010.....27
- Figura 4 – Gráficos dos genótipos avaliados, apresentando as notas dos sintomas da murcha de *curtobacterium* aos 30, 40 e 50 dias após a inoculação, o intervalo de confiança a 95% de probabilidade, o intervalo predito a 95% de probabilidade, Lages, SC, 2010.....28

## LISTA DE TABELAS

Tabela 1 – Análise de variância para as notas dos sintomas da Murcha de curtobacterium de 73 genótipos de feijão, Lages, SC, 2010 .....	24
Tabela 2 – Médias das notas para sintomas da murcha de curtobacterium aos 20, 30 e 40 dias após a inoculação, coeficiente angular e coeficiente de determinação para os 72 genótipos, Lages, SC, 2010.....	30
Tabela 3 – Contrastes entre os 72 genótipos vs. testemunha (IAPAR 81) utilizando o teste de comparação de médias Dunnett, para as notas dos sintomas da murcha de curtobacterium aos 20, 30 e 40 dias após inoculação das plantas, Lages, SC, 2010.....	33
Tabela 4 – Médias para as notas dos sintomas da Murcha de Curtobacterium para o dialelo completo envolvendo cinco genótipos de feijão, Lages, SC, 2010.....	43
Tabela 5 – Análise de variância para as notas dos sintomas da Murcha de Curtobacterium de acordo com o método de Griffing (1956) no dialelo completo envolvendo cinco genótipos de feijão, Lages, SC, 2010.....	44
Tabela 6 – Capacidade geral de combinação (CGC), capacidade específica de combinação (CEC) e efeito recíproco (REC) para as notas dos sintomas da Murcha de Curtobacterium de acordo com o método de Griffing (1956) no dialelo completo envolvendo cinco genótipos de feijão, Lages, SC, 2010.....	45
Tabela 7 - Número de plantas avaliadas ( $n$ ), média ( $\mu$ ), variância ( $\sigma^2$ ), desvio padrão ( $S$ ) e erro padrão da média ( $\sigma_{\mu}$ ) para os sintomas da Murcha de Curtobacterium para as seis gerações das duas populações avaliadas, Lages, SC, 2010.....	46
Tabela 8 – Estimativa da média geral ( $m$ ) e dos desvios devido aos efeitos aditivos ( $a$ ), desvios devido aos efeitos de dominância ( $d$ ), efeitos epistáticos do tipo aditivo-aditivo ( $aa$ ), aditivo-dominante ( $ad$ ) e dominante-dominante ( $dd$ ), obtidos pela análise das seis gerações ( $P_1$ , $P_2$ , $F_1$ , $F_2$ , $RC_1$ e $RC_2$ ) para as duas populações avaliadas, Lages, SC, 2010.....	47
Tabela 9 – Decomposição não-ortogonal da soma de quadrados dos parâmetros ( $m$ , $a$ , $d$ , $aa$ , $ad$ , $dd$ ) pelo método de eliminação de Gauss obtidos pela análise das seis gerações	

(P<sub>1</sub>, P<sub>2</sub>, F<sub>1</sub>, F<sub>2</sub>, RC<sub>1</sub> e RC<sub>2</sub>) para as duas populações avaliadas, Lages, SC, 2010.....48

Tabela 10 – Estimativa dos componentes da variância fenotípica, genotípica, aditiva, de dominância e ambiental, herdabilidade do sentido restrito, herdabilidade do sentido amplo, grau médio de dominância e número de genes para as duas populações avaliadas, Lages, SC, 2010.....49

## SUMÁRIO

<b>1 INTRODUÇÃO GERAL.....</b>	<b>13</b>
<b>2 CAPITULO I.....</b>	<b>18</b>
2.1 FONTES DE RESISTÊNCIA À <i>Curtobacterium flaccumfaciens</i> pv. <i>flaccumfaciens</i> EM ACESSOS DE FEIJÃO.....	18
2.1.1 Resumo.....	18
2.1.2 Abstract.....	19
2.1.3 Introdução.....	19
2.1.4 Material e métodos.....	21
2.1.5 Resultados de discussão.....	23
2.1.6 Conclusão.....	35
<b>3 CAPITULO II.....</b>	<b>36</b>
3.1 HERANÇA DA RESISTÊNCIA DA MURCHA DE CURTOBACTERIUM EM FEIJÃO.....	36
3.1.1 Resumo.....	36
3.1.2 Abstract.....	37
3.1.3 Introdução.....	38
3.1.4 Material e métodos.....	39
3.1.4.1 Genótipos utilizados e cruzamentos.....	39
3.1.4.2 Resistência à murcha de curtobacterium.....	40
3.1.4.3 Análise estatística.....	41
3.1.5 Resultados.....	42
3.1.5.1 Análise dialélica para a resistência à murcha de curtobacterium.....	42
3.1.5.2 Análise das médias das gerações.....	45
3.1.5.3 Análise dos componentes das variâncias.....	48
3.1.6 Discussão.....	49

3.1.6.1 Análise dialéctica.....	49
3.1.6.2 Análise das médias e variâncias das gerações.....	51
3.1.7 Conclusão.....	55
<b>4 CONCLUSÃO GERAL.....</b>	<b>56</b>
<b>5 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....</b>	<b>56</b>

## 1 INTRODUÇÃO GERAL

O feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma das leguminosas mais consumidas no mundo, desempenhando um importante papel na dieta de toda a população, além disso, apresenta uma função social por estar vinculado a pequenos agricultores, contribuindo para a manutenção do emprego no meio rural (RIBEIRO et al., 2009). Em função disso, esforços têm sido dado para o desenvolvimento de cultivares cada vez mais produtivas, com ampla adaptabilidade a vários ambientes e resistentes a pragas e doenças, para atender a crescente demanda do mercado (CARBONELL et al., 2001).

Apesar do considerável progresso genético ocorrido na cultura do feijão, pode-se dizer que a produção ainda está abaixo do real potencial, e isso se deve, entre outros fatores, à incidência de doenças, que podem causar, dependendo das condições de ambiente, perdas totais na produção ou, então, dependendo do nível de contaminação, inviabilizar determinadas áreas para o cultivo. Estima-se que mesmo com todas as medidas de manejo adotadas, ainda ocorrem perdas de 15% no rendimento do feijão devido às doenças (MANTEN, 2008).

Um dos grandes problemas envolvidos na cultura do feijão é o uso de sementes não certificadas pelo agricultor. A falta do uso de sementes fiscalizadas ocasiona a disseminação de patógenos através das sementes contaminadas, pois estão associados a agentes fitopatogênicos, tanto fúngicos quanto bacterianos. Estudos revelam que a taxa de utilização de sementes de feijão fiscalizadas em Santa Catarina é de apenas 20%, havendo prevalência do uso de sementes produzidas pelo próprio agricultor (HERBES et al., 2008). Já em Minas Gerais, apenas 10% da área é cultivada com sementes fiscalizadas (SENA et al., 2008).

Entre os patógenos causadores de doenças bacterianas, que podem causar prejuízos ao feijão, estão *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseolli*, *Pseudomonas savastanoi* pv. *phaseolicola* e *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens*. Esta última bactéria,

*Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* tem se mostrado uma das doenças emergentes mais importantes na cultura do feijão. Em nosso país a doença foi constatada no ano de 1995 no estado de São Paulo (MARINGONI e ROSA, 1997) e hoje se encontra distribuída em grande parte das principais regiões produtoras de feijão do Brasil. Em 2001 foi identificado seu aparecimento no estado de Goiás e Distrito Federal (UESUGI et al., 2003) e no estado de Santa Catarina o primeiro relato ocorreu no município de Campos Novos (LEITE JUNIOR et al., 2001). Mais recentemente a doença foi encontrada nos municípios de Faxinal dos Guedes, Guatambú, Ipuacu, Ponte Serrada e Tigrinhos (THEODORO et al., 2004). A presença da Murcha de *Curtobacterium* nos vários municípios catarinenses citados por Theodoro et al. (2004) indica adaptabilidade do patógeno ao hospedeiro em diferentes ambientes, demonstrando a necessidade da adoção de medidas para seu controle. O feijão é cultivado durante todos os meses do ano (BERTOLDO et al., 2009) e a sua produção provém de quase todo o território nacional, o que permite a sobrevivência do patógeno.

A principal forma de transmissão da bactéria ocorre através de sementes contaminadas, as quais podem estar infectadas internamente ou apenas infestadas superficialmente. As sementes contaminadas internamente podem apresentar coloração amarelada, laranja ou púrpura, como consequência do crescimento bacteriano, e se tornarem enrugadas, no entanto, na maioria das vezes nenhum sintoma é visível. A sobrevivência do patógeno nas sementes e no solo pode ocorrer por dois anos ou por períodos mais longos, quando a semente é armazenada em condições ótimas (TEGLI et al., 2002). Outros relatos apontam que a bactéria *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* sobrevive por 25 anos em sementes infectadas e estocadas em temperatura ambiente (BURKHOLDER, 1945). De modo geral, patógenos de sementes possuem um longo período de sobrevivência em sementes.

O controle desta fitobactéria está fundamentado no uso de cultivares resistentes, rotação de culturas e uso de sementes sadias (MARINGONI e CAMARA, 2006; ALENCAR et al., 2008; HERBES et al., 2008) uma vez que o controle químico na lavoura não é uma opção presente, pois não há produtos registrados para a bactéria. Após o surgimento na lavoura, o controle de bactérias em plantas infectadas é possível exclusivamente com a erradicação das mesmas (ROMERO, 2005).

O uso de cultivares resistentes é considerado um meio eficiente para uma série de doenças de plantas cultivadas, o que não vem ocorrendo na cultura do feijão, por exemplo, para o crestamento bacteriano comum (*Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli*), cujo controle é possível através de cultivares resistentes, especialmente quando incorporados em um sistema de gestão integrada da doença que promove o uso de sementes certificadas e rotação de cultura (FERREIRA et al., 2003). Experiências com a utilização de produtos químicos não têm apresentado resultados satisfatórios no controle da bacteriose em condições de campo e o uso de cultivares resistentes ao crestamento bacteriano comum é limitado, pois não há no mercado cultivares de feijão com tal resistência. A natureza complexa da resistência, o grande efeito ambiental sobre o desenvolvimento dos sintomas e a baixa herdabilidade, faz com que o desenvolvimento de cultivares resistentes seja limitado (MUTLU et al., 2005).

A exemplo do crestamento bacteriano comum é importante o desenvolvimento de cultivares resistentes à murcha de *Curtobacterium*, sendo o conhecimento do tipo de herança genética da resistência ao patógeno o primeiro passo para alcançar o objetivo desejado. Estudos genéticos da resistência de feijão à murcha de *Curtobacterium* apontam natureza poligênica da herança, no entanto pesquisas mais aprofundadas são necessárias para de fato, conhecer os componentes de variância envolvidos na segregação (COYNE et al., 1965), as quais são fundamentais para o sucesso do programa de melhoramento, pois permite a escolha



do método de melhoramento mais adequado a ser aplicado no desenvolvimento de novas cultivares.

A análise dialélica tem sido utilizada pelos melhoristas para a obtenção de informações a respeito do comportamento de um grupo de genitores em combinações híbridas. Através dela é possível para conhecer a capacidades geral (CGC) e específica de combinação (CEC) e se há efeitos recíprocos envolvidos no controle da característica em questão.

O estudo da herança genética é fundamental, para determinar se o caráter é qualitativo ou quantitativo e o modo de ação predominante dos genes envolvidos com a resistência. A determinação dos parâmetros genéticos que governam a resistência permite direcionar os trabalhos de introdução de resistência, em germoplasma suscetível, e possibilita maiores ganhos com a seleção, nos métodos a serem empregados. O estudo do modo de herança de um caráter permite melhor direcionar e maximizar a exploração da variabilidade genética (SILVA et al., 2001).

Para atender a necessidade por genótipos resistentes ao patógeno, é de interesse do melhorista e fundamental para o avanço de um programa de melhoramento vegetal, a identificação de genótipos de feijão com bons níveis de resistência, o que facilita consideravelmente a incorporação desses genes em genótipos suscetíveis com potencial produtivo (MARINGONI, 2002; SOUZA et al., 2006; THEODORO et al., 2007).

A diversidade biológica e os recursos genéticos que compõe esta biodiversidade são recursos estratégicos em se tratando de segurança alimentar. O Brasil é o país detentor da maior diversidade biológica mundial, por isso tornam-se prioritários os estudos que venham salvaguardar este patrimônio em âmbito nacional e regional. Boa parte desta diversidade é mantida em bancos de germoplasma, com finalidade de reduzir a erosão genética e sendo utilizadas diretamente em programas de melhoramento para o desenvolvimento de cultivares.

Essa diversidade se expressa, entre outras maneiras, no grande número de variedades que as espécies apresentam.

Entretanto, a manutenção da variabilidade genotípica seria pouco útil se os acessos que a compõem não fossem devidamente caracterizados e avaliados, ou seja, a variabilidade genética só pode ser eficientemente utilizada se for devidamente avaliada e quantificada, sendo a descrição das introduções ou acessos fundamental para a manutenção e exploração do potencial das coleções (ACOSTA-GALLEGOS et al., 2007).

O objetivo deste trabalho foi identificar acessos de feijão portadores de resistência à murcha de *Curtobacterium* no Banco Ativo de Germoplasma de Feijão da UDESC e estudar a herança da resistência desta doença em feijão, para auxiliar programas de melhoramento no desenvolvimento de cultivares resistentes.

## 2 CAPITULO I

### 2.1 FONTES DE RESISTÊNCIA À *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* EM ACESSOS DE FEIJÃO

#### 2.1.1 Resumo

O objetivo deste trabalho foi identificar genótipos de feijão resistentes à murcha de *curtobacterium*, para que possam ser utilizados como fontes de resistência em programas de melhoramento no desenvolvimento de cultivares resistentes. Foram avaliados 67 acessos pertencentes ao Banco Ativo de Germoplasma de Feijão da Universidade do Estado de Santa Catarina (UDESC), cinco cultivares: IAC Carioca Aruã, IAC Carioca Pyatã, IAC Carioca Tybatã, SCS Guará e Pérola e uma testemunha: IAPAR 81. As plantas foram inoculadas artificialmente, utilizando o isolado de *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* Cff 2634. Foi possível identificar o Xan 159 como tolerante à doença, pois apresentou as menores médias para as notas dos sintomas da murcha de *curtobacterium*, sendo indicado para uso em programas de melhoramento para o desenvolvimento de cultivares resistentes.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L. Murcha de *curtobacterium*. Banco Ativo de Germoplasma.

### 2.1.2. Abstract

This study aim was to identify resistant genotypes to curtobacterium to be used as resistance sources in plant breeding programs to develop resistant cultivars. Were evaluated 67 accessions of UDESC beans Active Germplasm Bank, five cultivars: IAC Aruã Carioca, IAC Carioca Pyatã, Tybatã IAC Carioca, Guará and SCS Pérola and a witness: IAPAR 81. The plants were artificially inoculated using the isolated *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* Cff 2634. It was possible identify the Xan 159 as tolerant to the disease, because it showed the lowest averages for the scores of symptoms of wilt curtobacterium and is indicated for use in plant breeding programs to develop resistant cultivars.

Key words: *Phaseolus vulgaris* L. Curtobacterium wilt. Active Germplasm Bank

### 2.1.3 Introdução

O feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) é a segunda leguminosa mais produzida e consumida no mundo, com destaque na produção agrícola nacional e mundial. No entanto, a cultura está suscetível a uma série de fatores externos, relacionado às influências climáticas e a incidência de doenças, que contribuem para a redução da produtividade de grãos. Recentemente, a murcha de curtobacterium ou murcha bacteriana, causada por *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* foi detectada em várias regiões produtoras do Brasil (MARINGONI e ROSA, 1997; LEITE JUNIOR et al., 2001; UESUGI et al., 2003; THEODORO et al., 2004), fato este que tem motivado as pesquisas e apontado a murcha de curtobacterium como umas das doenças emergentes de maior importância para a cultura do feijão.

A sobrevivência do patógeno em restos culturais, solo contaminado e em sementes contaminadas, relacionado ao fato de que o feijão é cultivado em todo o território nacional e praticamente durante todo o ano, proporciona à bactéria *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* capacidade de sobrevivência por longos períodos e disseminação para novas regiões produtoras. Este é um problema fitossanitário, uma vez que, as sementes contaminadas são o meio mais eficiente para a disseminação da bactéria, principalmente a longas distâncias. Na cultura do feijão a taxa de utilização de sementes de feijão fiscalizadas é muito baixa, cerca de 20% no estado de Santa Catarina, havendo prevalência do uso de sementes produzidas pelo próprio agricultor (HERBES et al., 2008).

O controle da murcha de *curtobacterium* esta fundamentado no uso de cultivares resistentes, rotação de culturas e uso de sementes sadias (MARINGONI e CAMARA, 2006; HERBES et al., 2008) uma vez que o controle químico não é uma opção presente, pois não há produtos registrados para a bactéria. Após o surgimento na lavoura, o controle de bactérias em plantas infectadas é possível exclusivamente com a erradicação das plantas (ROMERO, 2005). O uso de cultivares resistentes é o meio mais eficiente para o controle da murcha de *curtobacterium*, além de ser barato e de fácil adoção pelo agricultor.

Para atender a necessidade por genótipos resistentes, é de interesse do melhorista e fundamental para o avanço de um programa de melhoramento genético, a identificação de genótipos de feijão com bons níveis de resistência, o que facilita consideravelmente a incorporação desses genes em genótipos suscetíveis com potencial produtivo (MARINGONI, 2002; SOUZA et al., 2006; THEODORO et al., 2007; KRAUSE et al., 2009). Nesse sentido, os Bancos Ativos de Germoplasma disponibilizam através de suas coleções, uma enorme variabilidade de genes, os quais devem ser caracterizados para serem utilizados em programas de melhoramento.

O objetivo deste trabalho foi identificar genótipos de feijão resistentes à murcha de *Curtobacterium*, para que possam ser utilizados como fonte de resistência em programas de melhoramento genético.

#### 2.1.4 Material e Métodos

Foram avaliados 67 acessos do Banco Ativo de Germoplasma de Feijão da Universidade do Estado de Santa Catarina (UDESC), cinco cultivares: IAC Carioca Aruã, IAC Carioca Pyatã, IAC Carioca Tybatã, SCS Guarã e Pérola e uma testemunha: IAPAR 81.

O experimento foi conduzido em casa de vegetação, em um delineamento inteiramente casualizado com três repetições, com temperatura oscilando entre 18 e 25°C. Cada unidade experimental foi composta por um vaso contendo três plantas. O solo utilizado foi uma mistura de terra de barranco, esterco bovino curtido e substrato. Foram semeadas cinco sementes por vaso e após a emergência realizou-se o desbaste deixando três plantas por vaso.

Aos nove dias após a emergência das plantas procedeu-se a inoculação, conforme a metodologia de Maringoni (2002). Foi utilizado o isolado de *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* Cff 2634, o qual foi cultivado em meio de cultura nutriente-sacarose-ágar (NSA) por 48 horas a uma temperatura de 28°C em câmara de crescimento bacteriano. Após o crescimento das bactérias diluiu-se em solução salina, a 0,85% de NaCl, até atingir uma concentração de  $10^8$  u.f.c.ml<sup>-1</sup>, medidas em espectrofotômetro, com densidade óptica de 600nm. A inoculação foi realizada através de duas punções no caule, entre as folhas cotiledonares e as folhas primárias, utilizando uma haste reta previamente umedecida na solução bacteriana. No tratamento testemunha (IAPAR 81) as plantas de feijão receberam duas punções com água destilada como substituto da solução bacteriana.

Aos nove dias após a emergência das plantas procedeu-se a inoculação, conforme a metodologia de Maringoni (2002), onde: 0: sem sintomas de doença; 1: sintoma de mosaico nas folhas; 2: poucas folhas murchas (1 a 3 folhas, menos de 10% das folhas das plantas); 5: aproximadamente 25% de folhas apresentando murcha e amarelecimento; 7: aproximadamente 50% de folhas murchas, amarelecimento e necrose de folíolos, plantas com nanismo; 9: aproximadamente 75% ou mais de folhas com murcha e/ou necrose, queda prematura de folhas, nanismo severo e/ou morte da planta.

A avaliação dos sintomas da doença foi realizada aos 20, 30 e 40 dias após a inoculação da bactéria nas plantas, empregando a escala de notas adaptada por Maringoni (2002). As reações de tolerância foram consideradas para os genótipos com notas médias até dois (THEODORO e MARINGONI, 2006; THEODORO et al., 2007).

Tendo em vista que as avaliações foram realizadas sob a mesma unidade experimental, utilizou-se o método de análise de medidas repetidas ao longo do tempo (LITTELL et al., 2006), o qual segue o modelo estatístico:  $Y_{ij} = \mu + g_i + t_j + gt_{ij} + e_{ij}$ , em que:  $Y_{ij}$  é o valor observado do genótipo  $i$  no tempo  $j$ ;  $\mu$  é a média geral do experimento;  $g_i$  é o efeito do genótipo  $i$ ;  $t_j$  é o efeito do tempo  $j$ ;  $gt_{ij}$  é o efeito da interação do genótipo  $i$  no tempo  $j$ ; e  $e_{ij}$  é o erro aleatório. Para atender a pressuposição de normalidade do modelo estatístico, os dados foram transformados por  $\sqrt{x + \frac{3}{8}}$ , sendo a verificação da normalidade realizada pelo teste de Shapiro-Wilk.

Para a modelagem da matriz de covariância dos resíduos foram testadas 15 estruturas no PROC MIXED do SAS. Na escolha da matriz de covariância, utilizou-se o Critério de Informação de Akaike, selecionando a que possuiu menor valor para este parâmetro (AKAIKE, 1974).

O desdobramento dos graus de liberdade para cada genótipo ao longo do tempo foi realizada através de análise de regressão linear, ajustando polinômios. Neste procedimento

optou-se pelo ajuste da regressão sem o intercepto, forçando a regressão a sair da origem. Para a determinação da tolerância ou suscetibilidade dos genótipos foi aplicado um teste de comparação de médias através do teste de Dunnett, comparando cada um dos genótipos com a testemunha (IAPAR 81). Todos os procedimentos foram realizados através do PROC MIXED e PROC GLM do SAS conforme Littell et al. (2006).

### 2.1.5 Resultados e Discussão

A matriz de covariância que melhor se ajustou aos dados foi a matriz Ante dependente de primeira ordem (ANTE(1)). Esta matriz considera a heterogeneidade de variância e a correlação entre os erros das avaliações nos tempos adjacentes, e possibilita a modelagem apropriada dos erros associados às médias, o que torna as conclusões da análise de variância válidas e aumenta a precisão das estimativas do erro associado à média (LITTELL et al., 2006).

É apresentada na Tabela 1, a análise de variância contendo os graus de liberdade, o valor para o F calculado e os valores de probabilidade para a variável nota da reação dos genótipos à murcha de *curtobacterium*, incluindo os fatores genótipo, tempo entre as avaliações e a interação genótipo x tempo. O efeito da interação genótipo x tempo foi significativo, indicando que os genótipos possuem comportamento diferenciado ao longo do tempo para as avaliações da murcha de *curtobacterium*, sendo que o efeito de tempo teve a maior influencia para que a interação fosse significativa.



Tabela 1 – Análise de variância para as notas dos sintomas da Murcha de *curtobacterium* de 73 genótipos de feijão, Lages-SC, 2010.

Fonte de Variação	GLD <sup>1/</sup>	GLN <sup>2/</sup>	F calculado	Pr > F
Genótipo	72	144	4,50	0,0001
Tempo	2	166	819,10	0,0001
Genótipo x Tempo	144	218	1,60	0,0006

<sup>1/</sup> Graus de liberdade do denominador

<sup>2/</sup> Graus de liberdade do numerador

Como a interação entre genótipo x tempo foi significativa, procedeu-se o desdobramento dos graus de liberdade, demonstrando o comportamento de cada genótipos ao longo das avaliações (Figura 1, 2, 3 e 4). Todos os acessos apresentaram incidência de murcha de *curtobacterium*, porém em níveis diferentes, sendo que todos se ajustaram ao modelo de crescimento linear da doença ao longo do tempo ( $R^2$  de 0,88 a 0,97) (Figura 1, 2, 3 e 4). A incidência da murcha de *curtobacterium* em todos os acessos deve-se ao fato de que o controle genético da doença é complexo, possivelmente de natureza poligênica (COYNE et al., 1965).

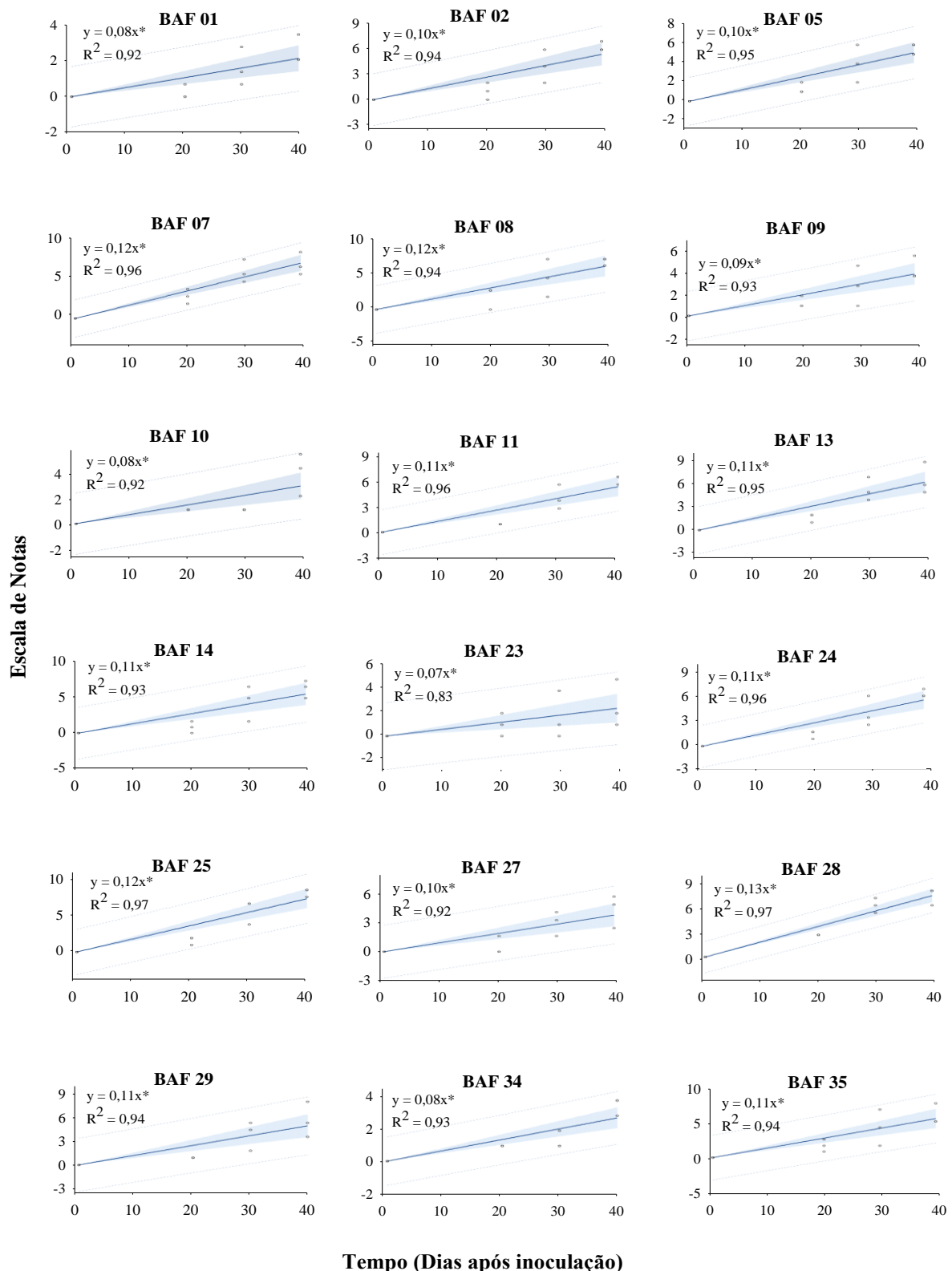


Figura 1 – Gráficos dos genótipos avaliados, apresentando as notas dos sintomas da murcha de *Curtobacterium* aos 30, 40 e 50 dias após a inoculação, o intervalo de confiança a 95% de probabilidade, o intervalo predito a 95% de probabilidade, Lages-SC, 2010.

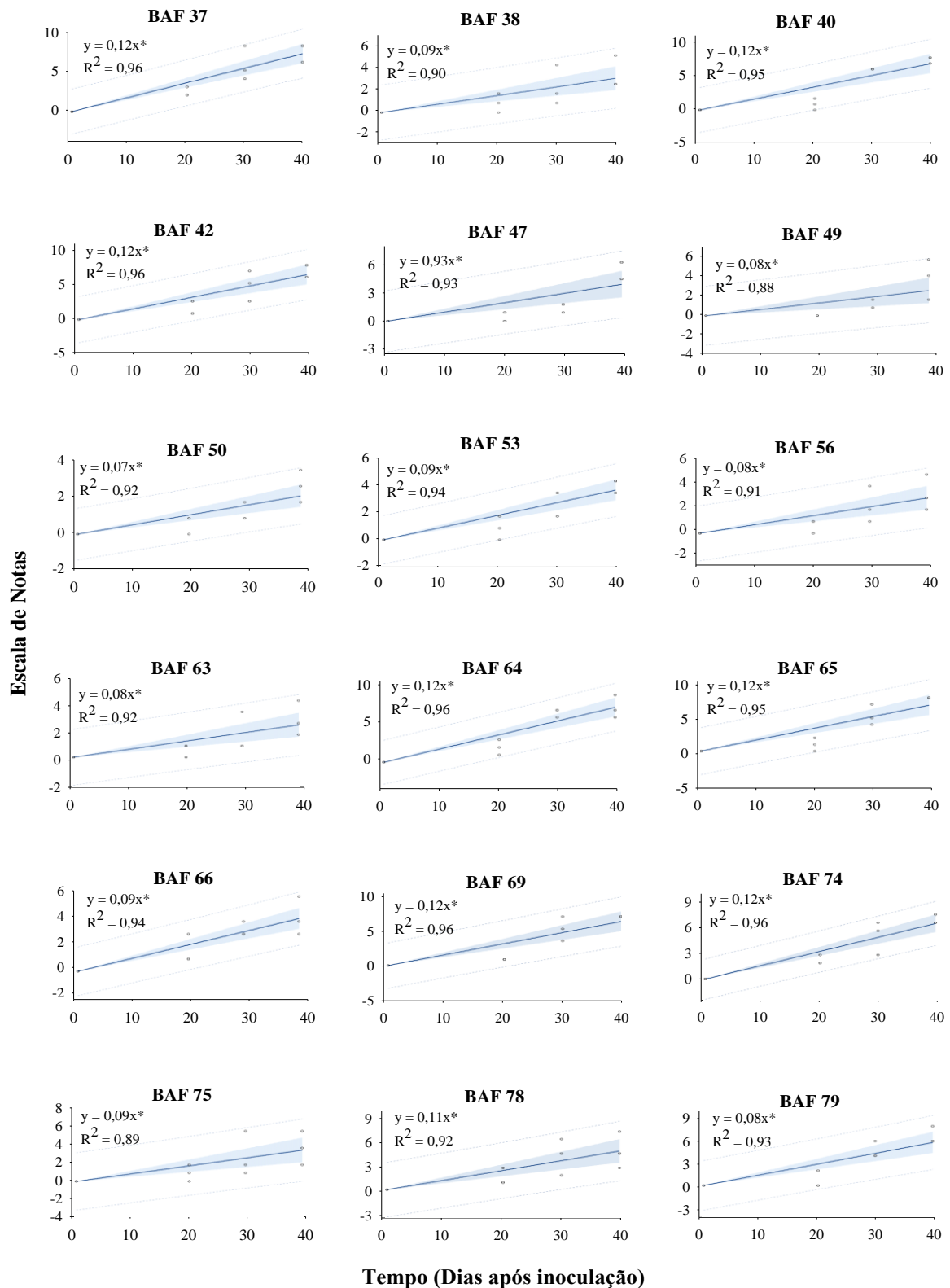


Figura 2 – Gráficos dos genótipos avaliados, apresentando as notas dos sintomas da murcha de *curtobacterium* aos 30, 40 e 50 dias após a inoculação, o intervalo de confiança a 95% de probabilidade, o intervalo predito a 95% de probabilidade, Lages-SC, 2010.

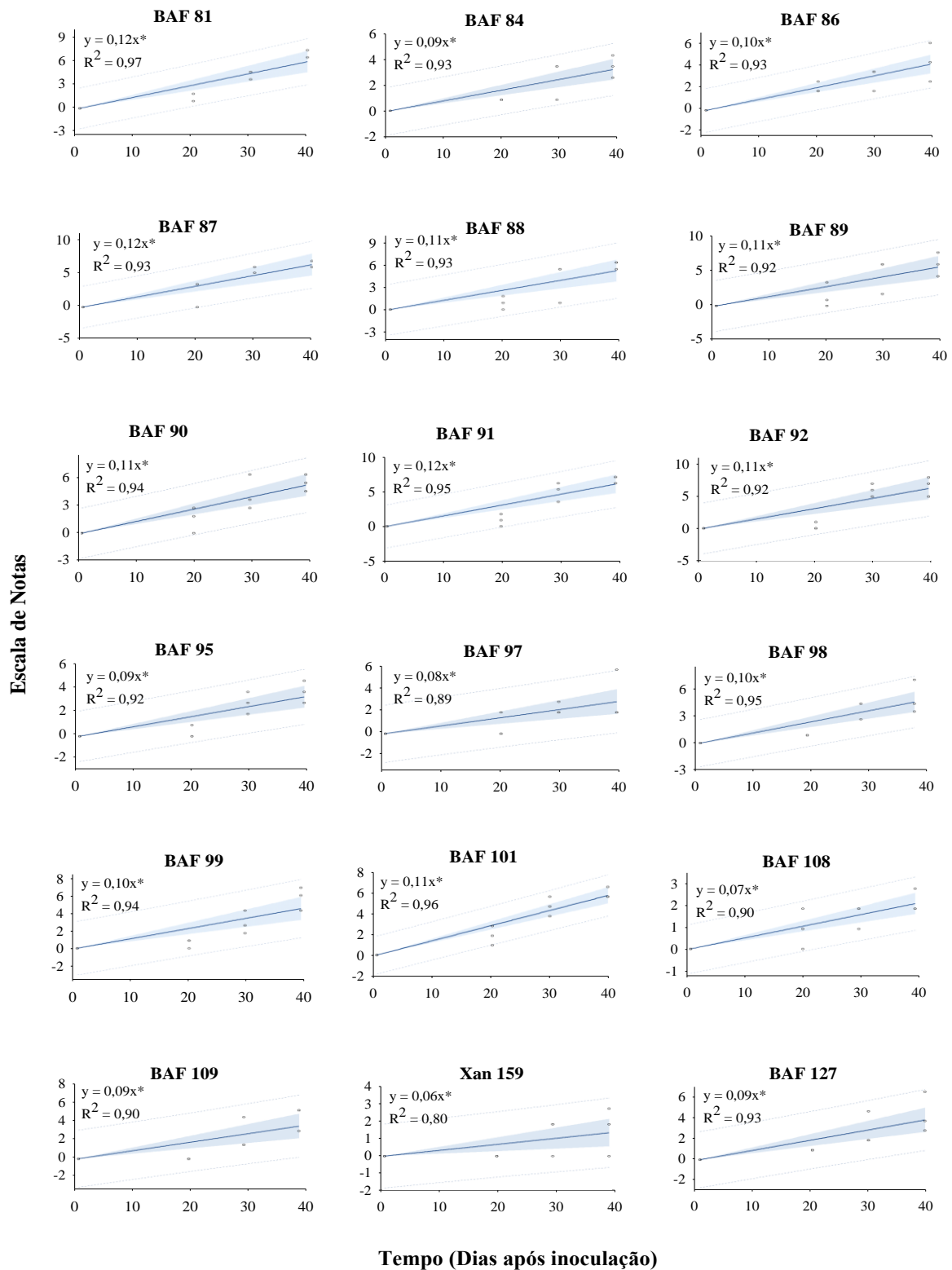


Figura 3 – Gráficos dos genótipos avaliados, apresentando as notas dos sintomas da murcha de *Curtobacterium* aos 30, 40 e 50 dias após a inoculação, o intervalo de confiança a 95% de probabilidade, o intervalo predito a 95% de probabilidade, Lages-SC, 2010.

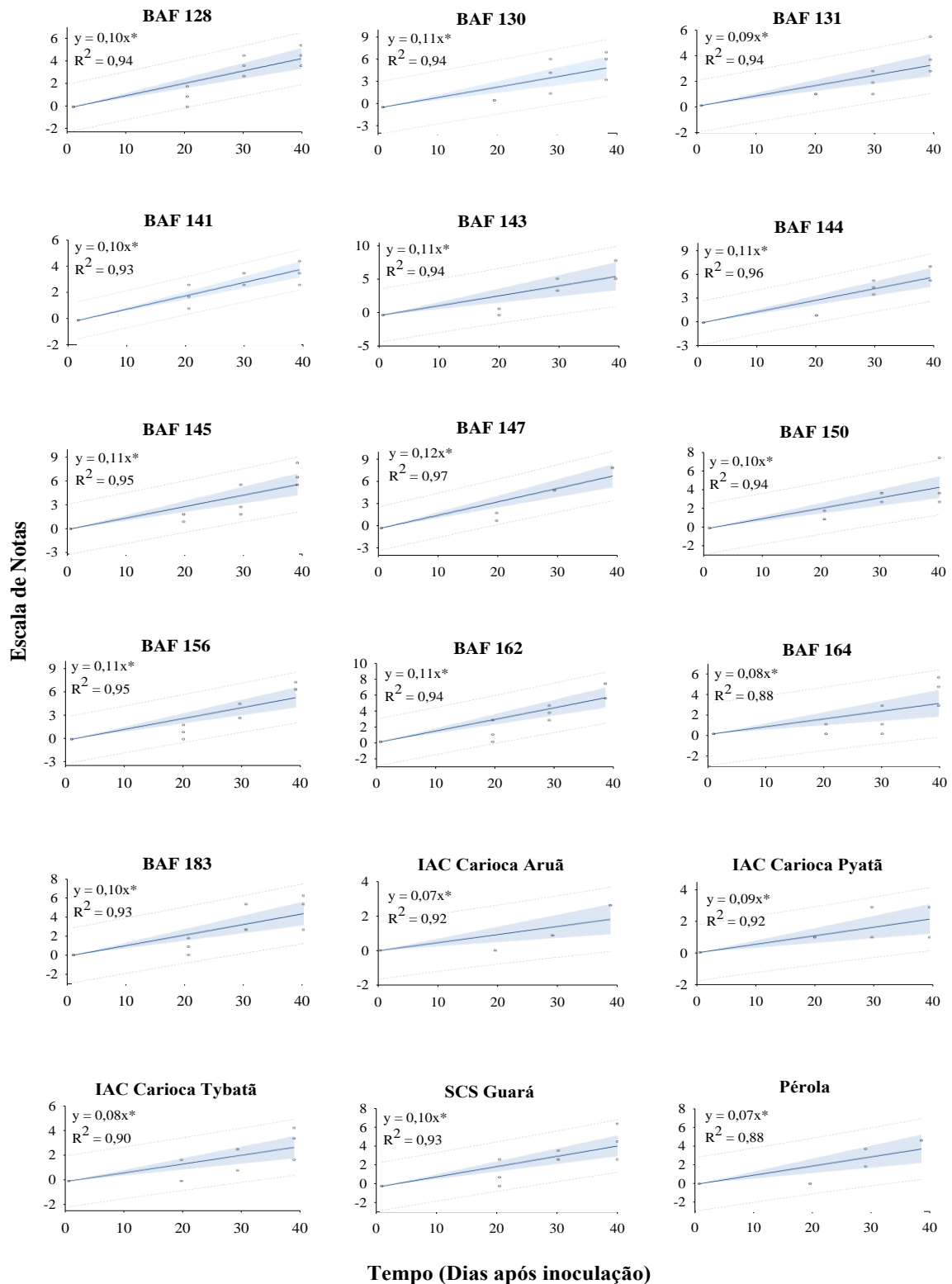


Figura 4 – Gráficos dos genótipos avaliados, apresentando as notas dos sintomas da murcha de *Curtobacterium* aos 30, 40 e 50 dias após a inoculação, o intervalo de confiança a 95% de probabilidade, o intervalo predito a 95% de probabilidade, Lages, SC-2010.

A natureza complexa da resistência e o ambiente com grande influência sobre o desenvolvimento dos sintomas têm como consequência uma baixa herdabilidade, o que dificulta o desenvolvimento de cultivares resistentes (MUTLU et al., 2005). O conhecimento prévio de fontes de resistência permite o desenvolvimento de genótipos resistentes ou com níveis aceitáveis de tolerância, que não comprometa a produtividade da cultura.

Nesse sentido, os Bancos Ativos de Germoplasma possuem grande valor, pois são os locais com a maior variabilidade de genes que podem ser utilizados em programas de melhoramento genético. Pode-se destacar entre os acessos do Banco Ativo de Germoplasma de Feijão da UDESC, o Xan 159 e os BAF's 23 (Preto Chapecó) e 108 (Branco) com as menores médias para as notas dos sintomas de murcha de *curtobacterium* durante as três avaliações, sendo que na última avaliação não ultrapassaram a nota 3, evidenciando que estes acessos possuem genes que condicionam tolerância á doença (Tabela 2). Além das notas baixas para os sintomas, é importante para a escolha correta dos acessos, que os mesmos tenham uma pequena evolução da doença ao longo do tempo, o que pode ser observado pelo coeficiente angular. Os genótipos que apresentaram o menor aumento foram o Xan 159 (0,06), BAF 23 (0,06) e BAF 108 (0,07), cujos coeficientes angulares demonstram o acréscimo na escala de notas por dia nos sintomas da doença.

A tolerância dos acessos está relacionada à presença de mecanismos de resistência como a formação de tiloses e presença de fibrilas em torno das células bacterianas, impedindo o crescimento e deslocamento das células pelos vasos do xilema, conseqüentemente não ocorrem os sintomas característicos da murcha de *curtobacterium* (SOUZA et al., 2006; SOUZA e MARINGONI, 2008). Em contrapartida, nos acessos suscetíveis, mecanismos de resistência não estão presentes, permitindo que as células bacterianas se proliferem, aumentando os sintomas característicos da doença.

Tabela 2 – Médias das notas para sintomas da murcha de *curtobacterium* aos 20, 30 e 40 dias após a inoculação, coeficiente angular e coeficiente de determinação para os 72 genótipos, Lages-SC, 2010.

Genótipo	Médias			Genótipo	Médias		
	20 dias	30 dias	40 dias		20 dias	30 dias	40 dias
BAF01	0,33	2,33	3,67	BAF81	1,50	4,50	7,50
BAF02	1,00	4,00	6,33	BAF84	1,00	3,00	4,00
BAF05	1,33	4,00	5,67	BAF86	2,33	3,33	5,00
BAF07	3,00	6,33	7,33	BAF87	2,00	6,50	7,50
BAF08	2,00	5,00	7,67	BAF88	1,00	4,33	6,67
BAF09	1,33	3,00	4,67	BAF89	1,67	5,33	7,00
BAF10	1,00	1,00	3,67	BAF90	1,67	4,67	6,00
BAF11	1,00	4,33	6,67	BAF91	1,00	5,67	7,67
BAF13	1,67	5,33	6,67	BAF92	0,33	6,00	6,67
BAF14	1,00	5,33	7,67	BAF95	0,33	3,00	4,00
BAF23	1,00	1,67	2,67	BAF97	0,67	2,33	3,33
BAF24	1,67	4,67	7,33	BAF98	1,00	4,33	5,67
BAF25	1,67	6,00	8,67	BAF99	0,67	3,33	6,67
BAF27	0,67	3,67	5,33	BAF101	2,00	5,00	6,33
BAF28	3,00	7,00	8,33	BAF108	1,00	1,67	2,33
BAF29	1,00	4,33	6,33	BAF109	0,00	3,33	6,00
BAF34	1,00	1,33	3,67	Xan 159	0,00	1,33	1,67
BAF35	2,00	5,00	7,00	BAF127	1,00	3,00	4,67
BAF37	2,33	5,67	7,33	BAF128	1,00	4,00	5,00
BAF38	1,00	2,67	4,00	BAF130	1,00	4,67	6,33
BAF40	1,00	7,00	8,67	BAF131	1,00	2,00	4,33
BAF42	1,67	5,67	8,33	BAF141	2,00	3,67	4,00
BAF47	0,67	1,67	6,33	BAF143	0,50	5,00	7,50
BAF49	0,00	1,33	4,67	BAF144	1,00	5,00	7,33
BAF50	0,67	1,33	3,00	BAF145	1,67	3,67	7,33
BAF53	1,00	3,33	4,67	BAF147	1,50	5,00	8,00
BAF56	0,67	2,33	3,33	BAF150	1,33	3,67	5,00
BAF63	0,67	2,00	3,33	BAF156	1,00	3,67	7,33
BAF64	2,00	6,67	7,33	BAF162	1,33	4,00	7,33
BAF65	1,00	5,33	8,00	BAF164	0,33	1,33	4,67
BAF66	1,67	3,33	4,33	BAF183	1,00	4,00	5,33
BAF69	1,00	6,00	8,00	Guará	1,33	3,00	5,00
BAF74	2,33	5,33	7,33	Pyatã	1,00	2,00	3,00
BAF75	1,00	3,00	4,00	Pérola	0,00	3,00	5,00
BAF78	1,67	4,67	5,33	Tybatã	0,67	2,33	3,67
BAF79	0,33	2,33	3,33	Aruã	0,00	1,00	3,00

As cultivares IAC Carioca Aruã, IAC Carioca Pyatã e IAC Carioca Tybatã apresentaram tolerância à murcha de *curtobacterium*, com sintomas leve da doença. As cultivares IAC Carioca Aruã, IAC Carioca Pyatã e também IAC Carioca Akytã, conforme Maringoni (2002) são as únicas cultivares registradas que apresentam resistência à murcha de *curtobacterium*, enquanto as demais cultivares apresentam extrema suscetibilidade à doença. Em estudos desenvolvidos por Souza et al. (2006) a cultivar IAC Carioca Tybatã não apresentou sintomas da doença, sendo considerada resistente. No entanto, no presente trabalho as cultivares apresentaram sintomas iniciais da doença, sendo, portanto consideradas tolerantes, e não resistentes, como citados pelos outros autores. Estudos sobre avaliação de resistência genética para alguns genótipos de feijão à murcha de *curtobacterium* realizados por diferentes autores mostram que o mesmo genótipo apresenta comportamento diferenciado. Isso ocorre porque os experimentos são conduzidos sob diferentes condições e desafiados à diferentes isolados bacterianos (SOUZA et al., 2006).

O fato de que a maioria das cultivares de feijão hoje recomendadas no Brasil são suscetíveis, implica em uma ameaça grave à cultura, pois essa doença poderá se tornar problemática para cultivares suscetíveis, em condições favoráveis à ocorrência de epidemias no campo (MARINGONI,2002). Por outro lado, a existência de alguns genótipos com tolerância é importante, uma vez que há cultivares disponíveis aos agricultores, para as regiões com incidência generalizada da doença.

Na Tabela 3 são apresentados os contrastes entre os acessos e cultivares vs. testemunha (IAPAR 81) para os 20, 30 e 40 dias após inoculação. Os contrastes com a Testemunha contribuem para a melhor interpretação dos resultados, uma vez que, é possível identificar aqueles acessos que possuem comportamento semelhante à Testemunha, que não apresentou sintomas da murcha de *curtobacterium*.



Na primeira avaliação a maioria dos acessos não diferiram da testemunha a 5% de probabilidade de erro. Na segunda avaliação, aos 30 dias após a inoculação, se verifica que Xan 159 e a cultivar IAC Carioca Aruã não diferiram da média da testemunha, enquanto os demais acessos e cultivares possuem médias elevadas, demonstrando a suscetibilidade da maioria dos acessos. Portanto, observamos que o Xan 159 é um acesso que possui genes que condicionam tolerância à murcha de *curtobacterium* e é um valioso recurso para os programas de melhoramento, que objetivam o desenvolvimento de cultivares resistentes à murcha de *curtobacterium*. O Xan 159 é uma importante fonte de genes para programas de melhoramento de feijão, uma vez que possui também resistência ao Crestamento Bacteriano Comum, causado por *Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli*, demonstrado em dois QTL que condicionam tal resistência (JUNG et al., 1997) e pode ser utilizado como doador de alelos em cruzamentos para desenvolver cultivares com níveis aceitáveis de resistência às duas bacterioses do feijão. Porém, embora o Xan 159 seja uma ótima fonte de tolerância para a murcha de *curtobacterium* e crestamento bacteriano comum, é um material exótico de grão comercial pouco importante para o Brasil. Certamente necessita de um maior trabalho do melhorista para utilizar esta fonte de tolerância, especialmente considerando o controle genético quantitativo da doença.

Tabela 3 – Contrastes entre os 72 genótipos vs. testemunha (IAPAR 81) utilizando o teste de comparação de médias Dunnett, para as notas dos sintomas da murcha de *curtobacterium* aos 20, 30 e 40 dias após inoculação das plantas, Lages-SC, 2010.

Contrastes	20 dias		30 dias		40 dias	
	Estimativa <sup>1/</sup>	Pr >  t	Estimativa	Pr >  t	Estimativa	Pr >  t
BAF 01 vs. IAPAR 81	0,1867	0,5317	0,9894	0,0043	1,3852	0,0001
BAF 02 vs. IAPAR 81	0,4963	0,0979	1,4402	0,0001	1,9761	0,0001
BAF 05 vs. IAPAR 81	0,6831	0,0233	1,4402	0,0001	1,8437	0,0001
BAF 07 vs. IAPAR 81	1,2109	0,0001	1,9667	0,0001	2,1551	0,0001
BAF 08 vs. IAPAR 81	0,8165	0,0069	1,6388	0,0001	2,2222	0,0001
BAF 09 vs. IAPAR 81	0,6831	0,0233	1,1637	0,0008	1,6237	0,0001
BAF 10 vs. IAPAR 81	0,5602	0,0621	0,6798	0,0481	1,3713	0,0001
BA F 11 vs. IAPAR 81	0,5602	0,0621	1,5388	0,0001	2,0397	0,0001
BAF 13 vs. IAPAR 81	0,8059	0,0077	1,7629	0,0001	2,0227	0,0001
BAF 14 vs. IAPAR 81	0,4963	0,0979	1,7076	0,0001	2,2145	0,0001
BAF 23 vs. IAPAR 81	0,4963	0,0979	0,6798	0,0481	1,0650	0,0001
BAF 24 vs. IAPAR 81	0,8059	0,0077	1,6024	0,0001	2,1627	0,0001
BAF 25 vs. IAPAR 81	0,8059	0,0077	1,8953	0,0001	2,3935	0,0001
BAF 27 vs. IAPAR 81	0,3096	0,3004	1,3713	0,0001	1,7469	0,0001
BAF 28 vs. IAPAR 81	1,2247	0,0001	2,0991	0,0001	2,3341	0,0001
BAF 29 vs. IAPAR 81	0,5602	0,0621	1,5158	0,0001	1,9471	0,0001
BAF 34 vs. IAPAR 81	0,5602	0,0621	0,6831	0,0471	1,3944	0,0001
BAF 35 vs. IAPAR 81	0,9046	0,0029	1,6388	0,0001	2,0915	0,0001
BAF 37 vs. IAPAR 81	1,0274	0,0007	1,8223	0,0001	2,1586	0,0001
BAF 38 vs. IAPAR 81	0,4963	0,0979	1,0650	0,0022	1,4540	0,0001
BAF 40 vs. IAPAR 81	0,4963	0,0979	2,1033	0,0001	2,3935	0,0001
BAF 42 vs. IAPAR 81	0,7817	0,0096	1,8063	0,0001	2,3341	0,0001
BAF 47 vs. IAPAR 81	0,3735	0,2119	0,8059	0,0195	1,9709	0,0001
BAF 49 vs. IAPAR 81	0,0000	1,0000	0,6831	0,0471	1,5794	0,0001
BAF 50 vs. IAPAR 81	0,3735	0,2119	0,6831	0,0471	1,2109	0,0001
BAF 53 vs. IAPAR 81	0,4963	0,0979	1,2958	0,0002	1,6304	0,0001
BAF 56 vs. IAPAR 81	0,3735	0,2119	0,9894	0,0043	1,2865	0,0001
BAF 63 vs. IAPAR 81	0,3735	0,2119	0,8666	0,0121	1,2865	0,0001
BAF 64 vs. IAPAR 81	0,9046	0,0029	2,0397	0,0001	2,1551	0,0001
BAF 65 vs. IAPAR 81	0,4963	0,0979	1,7629	0,0001	2,2816	0,0001
BAF 66 vs. IAPAR 81	0,7817	0,0096	1,3096	0,0002	1,5388	0,0001
BAF 69 vs. IAPAR 81	0,5602	0,0621	1,8911	0,0001	2,2816	0,0001
BAF 74 vs. IAPAR 81	1,0274	0,0007	1,7469	0,0001	2,1627	0,0001
BAF 75 vs. IAPAR 81	0,4963	0,0979	1,1338	0,0011	1,4402	0,0001
BAF 78 vs. IAPAR 81	0,7817	0,0096	1,5794	0,0001	1,7375	0,0001
BAF 79 vs. IAPAR 81	0,1867	0,5317	1,0274	0,0031	1,3096	0,0001
BAF 81 vs. IAPAR 81	0,7445	0,0270	1,5927	0,0001	2,1925	0,0001
BAF 84 vs. IAPAR 81	0,5602	0,0621	1,1729	0,0008	1,4700	0,0001
BAF 86 vs. IAPAR 81	1,0274	0,0007	1,2958	0,0002	1,6780	0,0001
BAF 87 vs. IAPAR 81	0,7396	0,0280	2,0079	0,0001	2,1925	0,0001

BAF 88 vs. IAPAR 81	0,4963	0,0979	1,4617	0,0001	2,0397	0,0001
BAF 89 vs. IAPAR 81	0,6798	0,0240	1,7118	0,0001	2,0863	0,0001
BAF 90 vs. IAPAR 81	0,7178	0,0173	1,6024	0,0001	1,9073	0,0001
BAF 91 vs. IAPAR 81	0,4963	0,0979	1,8317	0,0001	2,2222	0,0001
BAF 92 vs. IAPAR 81	0,1867	0,5317	1,9073	0,0001	2,0303	0,0001
BAF 95 vs. IAPAR 81	0,1867	0,5317	1,2109	0,0005	1,4700	0,0001
BAF 97 vs. IAPAR 81	0,3096	0,3004	1,0274	0,0031	1,2567	0,0001
BAF 98 vs. IAPAR 81	0,5602	0,0621	1,5456	0,0001	1,8223	0,0001
BAF 99 vs. IAPAR 81	0,3735	0,2119	1,2865	0,0002	2,0303	0,0001
BAF 101 vs. IAPAR 81	0,9046	0,0029	1,6993	0,0001	1,9761	0,0001
BAF 108 vs. IAPAR 81	0,4963	0,0979	0,8059	0,0195	1,0274	0,0001
BAF 109 vs. IAPAR 81	0,0000	1,0000	1,2567	0,0003	1,8953	0,0001
XAN 159 vs. IAPAR 81	0,0000	1,0000	0,6192	0,0715	0,7178	0,0070
BAF 127 vs. IAPAR 81	0,5602	0,0621	1,1878	0,0007	1,6024	0,0001
BAF 128 vs. IAPAR 81	0,4963	0,0979	1,4700	0,0001	1,6993	0,0001
BAF 130 vs. IAPAR 81	0,5602	0,0621	1,5794	0,0001	1,9547	0,0001
BAF 131 vs. IAPAR 81	0,5602	0,0621	0,9046	0,0089	1,5388	0,0001
BAF 141 vs. IAPAR 81	0,9046	0,0029	1,3944	0,0001	1,4700	0,0001
BAF 143 vs. IAPAR 81	0,2801	0,4017	1,6959	0,0001	2,1810	0,0001
BAF 144 vs. IAPAR 81	0,5602	0,0621	1,6993	0,0001	2,1586	0,0001
BAF 145 vs. IAPAR 81	0,8059	0,0077	1,3553	0,0001	2,1551	0,0001
BAF 147 vs. IAPAR 81	0,7445	0,0270	1,7060	0,0001	2,2816	0,0001
BAF 150 vs. IAPAR 81	0,6831	0,0233	1,3944	0,0001	1,6619	0,0001
BAF 156 vs. IAPAR 81	0,4963	0,0979	1,3852	0,0001	2,1627	0,0001
BAF 162 vs. IAPAR 81	0,5950	0,0477	1,4700	0,0001	2,1586	0,0001
BAF 164 vs. IAPAR 81	0,1867	0,5317	1,0274	0,0031	1,6144	0,0001
BAF 183 vs. IAPAR 81	0,4963	0,0979	1,4540	0,0001	1,7469	0,0001
Guará vs. IAPAR 81	0,5950	0,0477	1,2109	0,0005	1,6780	0,0001
Pérola vs. IAPAR 81	0,0000	1,0000	1,2040	0,0019	1,7060	0,0001
Pyatã vs. IAPAR 81	0,5602	0,0947	0,8925	0,0206	1,2247	0,0001
Tybatã vs. IAPAR 81	0,3096	0,3004	1,0032	0,0038	1,3713	0,0001
Aruã vs. IAPAR 81	0,0000	1,0000	0,5602	0,1439	1,2247	0,0001

A identificação de genes que condicionam resistência ou tolerância para a murcha de *curtobacterium* é o primeiro passo para que o melhorista tenha sucesso em seu programa de melhoramento. A partir disso, os trabalhos de pesquisa devem abranger aspectos como o conhecimento do fenótipo da reação do hospedeiro, do número de genes envolvidos em cada reação, das interações com o ambiente, dos mecanismos genéticos envolvidos, bem como a identificação de marcadores moleculares para a sua utilização na seleção assistida por

marcadores, os quais são de extrema valia nos programas de melhoramento, porque permitem utilizar os genes disponíveis de forma a obter uma proteção consistente contra o patógeno (RAVA et al., 2004; ALMEIDA et al., 2007).

#### 2.1.6 Conclusão

Há variabilidade para a reação da resistência da murcha de *curtobacterium* dentre os acessos do Banco Ativo de Germoplasma de Feijão da UDESC. O Xan 159 é tolerante ao isolado Cff 2634 de *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens*, sendo indicado para uso em programas de melhoramento no desenvolvimento de genótipos resistentes.

## 3 CAPITULO II

### 3.1 HERANÇA DA RESISTÊNCIA DA MURCHA DE CURTOBACTERIUM EM FEIJÃO

#### 3.1.1 Resumo

A murcha de *curtobacterium* tem se mostrado uma das doenças emergentes mais importantes na cultura do feijão. Estudos do controle genético da doença são fundamentais para o desenvolvimento de cultivares resistentes. Esse trabalho teve como objetivo determinar a herança da resistência da murcha de *curtobacterium* em feijão. A análise dialélica mostrou que, embora ambos os efeitos aditivos e não-aditivos estão envolvidos, o efeito aditivo é mais importante no controle da murcha de *curtobacterium*. O genótipo IAC Carioca Pyatã apresentou a maior capacidade geral de combinação e é recomendado para uso em cruzamentos dirigidos que objetivam o desenvolvimento de genótipos resistentes. A análise das médias das gerações entre genótipos tolerantes x suscetíveis (IAC Carioca Aruã x SCS Guarã e IAC Carioca Pyatã x Pérola), demonstra a importância dos efeitos para a determinação do caráter e que isso é devido à presença de interações de dominância presente nos dois cruzamentos. As análises das variâncias das seis gerações a análise das médias apresentaram resultados semelhantes, onde o efeito aditivo possui maior importância para a herança da murcha de *curtobacterium*. A herdabilidade no sentido restrito foi de 29% e 44%, demonstrando que há possibilidade de obter ganhos com a seleção de indivíduos resistentes.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L. *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens*  
Resistência genética. Controle genético. Dielelo. Componentes de média. Componentes da  
variância.

### 3.1.2 Abstract

Curtobacterium wilt has become one of the most important emerging diseases in bean plants. Studies of genetic control of disease are essential for the development of resistant cultivars. This study aimed to determine the inheritance of resistance in bean curtobacterium wilt. Diallel analysis showed that although both the additive effects and non-additive are involved, the additive effect is more important in controlling the curtobacterium wilt. The IAC Carioca Pyatã had the highest general combining ability and is recommended for use in breeding programs that aim to develop resistant genotypes. The analysis of the means of generations between genotypes tolerant x susceptible (IAC Carioca Aruã x SCS Guarã and IAC Carioca Pyatã x Pérola), demonstrates the importance of the effects on the character and determination that this is due to the presence of dominance interactions present in both crosses. Analyses of variance of six generations agree with the results found by the analysis of averages, where the additive effect has greater importance for the inheritance of curtobacterium wilt. The narrow sense heritability was around 35%, demonstrating that it is possible to gain with the selection of resistant individuals.

Key-words: *Phaseolus vulgaris* L., *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens*,  
genetic resistance, genetic control. Diallel. Components of average. Components of variance.

### 3.1.3 Introdução

Evolutivamente, plantas e patógenos vêm interagindo desde os tempos mais remotos, sendo que, após o surgimento da agricultura intensiva, expressivas alterações ambientais refletiram seus efeitos nas populações tanto dos patógenos quanto das espécies cultivadas. Todas essas mudanças têm culminado no surgimento de novas doenças, de patógenos mais resistentes e no aumento da frequência de epidemias, causando sérios prejuízos e perdas aos agricultores (SHUELTER et al., 2003). Recentemente, a murcha de *curtobacterium* ou murcha bacteriana, causada por *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* foi identificada em várias regiões produtoras de feijão no Brasil (MARINGONI e ROSA, 1997; LEITE JUNIOR et al., 2001; UESUGI et al., 2003; THEODORO et al., 2004), fato este que tem motivado as pesquisas e apontado a murcha de *curtobacterium* como umas das doenças emergentes de maior importância para a cultura do feijão.

O controle da doença depende da combinação de práticas culturais, incluindo uso de sementes saudáveis, rotação de cultura e utilização de cultivares resistentes. Sendo que, a resistência genética é considerada o meio mais eficiente e econômico para o controle da murcha de *curtobacterium*, além de ser de fácil adoção pelo agricultor (MARINGONI e CAMARA, 2006; HERBES et al., 2008). Para o desenvolvimento de cultivares resistentes, o conhecimento da variabilidade do patógeno, fontes de resistência e o mecanismo de herança da resistência do hospedeiro são requisitos básicos.

Estudos da herança da resistência da murcha de *curtobacterium* em feijão são restritos, o primeiro relato foi realizado por Coyne et al. (1965) e posteriormente por Coyne et al. (1966). Os autores demonstram que a reação de tolerância é determinada por dois genes recessivos, nos dois cruzamentos utilizando a linhagem PI 165078 como doador de alelos tolerantes. No Brasil, Krause (2008) estudou o controle genético de características

agronômicas e a reação à murcha de *curtobacterium* em feijão-vagem por meio de dialelo. Ainda, segundo Krause os genitores Novirex, Manteiga Baixo e IAC Carioca Tybatã obtiveram as melhores capacidades gerais de combinação, indicando a presença de genes com efeito aditivo para a redução da doença. As combinações Manteiga Baixo x Novirex e Manteiga Baixo x Cota destacaram por apresentar as menores estimativas negativas da capacidade específica de combinação.

Dada a importância do feijão no país e a disponibilidade de acessos e cultivares portadores de alelos tolerantes à doença, é imprescindível que se desenvolvam trabalhos que implementem a utilização dos recursos genéticos disponíveis para o melhor conhecimento da natureza e da magnitude dos efeitos gênicos que controlam a resistência, visando a escolha do método mais adequado a ser aplicado na seleção e na predição do comportamento de gerações segregantes para o desenvolvimento de novas cultivares de feijão. Nesse sentido, o objetivo desse estudo foi determinar a herança da resistência da murcha de *curtobacterium* através de um dialelo completo com cinco genitores e o estudo de gerações  $P_1$ ,  $P_2$ ,  $F_1$ ,  $F_2$ ,  $RC_1$  e  $RC_2$  em dois cruzamentos de feijão.

### 3.1.4 Material e Métodos

#### 3.1.4.1 Genótipos utilizados e cruzamentos

Cinco genótipos de feijão com diferentes reações de resistência à murcha de *curtobacterium* foram cruzados em esquema dialélico, obtendo 10 combinações híbridas  $F_1$  e 10 híbridos recíprocos. Os genótipos IAC Carioca Aruã, IAC Carioca Pyatã e IAC Carioca



Tybatã foram utilizados como pais portadores de alelos que condicionam tolerância à murcha de *curtobacterium*, enquanto Pérola e SCS Guará são genótipos sensíveis à doença. Dois cruzamentos entre genótipos tolerantes e sensíveis (IAC Carioca Aruã x SCS Guará e IAC Carioca Pyatã x Pérola) foram utilizados para dar origem às gerações fixas: P<sub>1</sub>, P<sub>2</sub> e F<sub>1</sub>, e as gerações segregantes F<sub>2</sub>, RC<sub>1</sub> e RC<sub>2</sub>.

#### 3.1.4.2 Resistência à murcha de *curtobacterium*

No primeiro experimento, o dialelo completo contendo os pais, os híbridos F<sub>1</sub>'s e os híbridos recíprocos foi avaliado quanto à reação a murcha de *curtobacterium* em casa de vegetação, num delineamento inteiramente casualizado com 10 repetições por tratamento, sendo cada planta considerada uma repetição.

As duas famílias compostas das seis gerações (P<sub>1</sub>, P<sub>2</sub>, F<sub>1</sub>, F<sub>2</sub>, RC<sub>1</sub> e RC<sub>2</sub>) foram avaliadas em um segundo experimento, novamente em casa de vegetação com temperatura oscilando entre 20 e 25°C. Utilizou-se um delineamento inteiramente casualizado com número diferente de plantas por geração. O solo utilizado foi uma mistura de solo de barranco, esterco bovino curtido e substrato, corrigido conforme o recomendado para a cultura do feijão.

Para os dois experimentos, aos nove dias após a emergência das plantas foi realizada a inoculação, conforme a metodologia de Maringoni (2002). Foi utilizado o isolado de *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* Cff 2634, o qual foi cultivado em meio de cultura nutriente-sacarose-ágar (NSA) por 48 horas a uma temperatura de 28°C em câmara de crescimento bacteriano. Após o crescimento das bactérias foi procedida a diluição das mesmas, em solução salina, a 0,85% de NaCl, até atingir uma concentração de 10<sup>8</sup> u.f.c.ml<sup>-1</sup>, medidas em espectrofotômetro, com densidade óptica de 600 nm. A inoculação foi realizada

através de duas punções no caule, entre as folhas cotiledonares e as folhas primárias, utilizando uma haste reta previamente umedecida na solução bacteriana.

A avaliação dos sintomas da doença foi realizada aos 30 dias após a inoculação da bactéria nas plantas, empregando uma escala de notas adaptada por Maringoni (2002), onde: 0: sem sintomas de doença; 1: sintoma de mosaico nas folhas; 2: poucas folhas murchas (1 a 3 folhas, menos de 10% das folhas das plantas); 5: aproximadamente 25% de folhas apresentando murcha e amarelecimento; 7: aproximadamente 50% de folhas murchas, amarelecimento e necrose de folíolos, plantas com nanismo; 9: aproximadamente 75% ou mais de folhas com murcha e/ou necrose, queda prematura de folhas, nanismo severo e/ou morte da planta.

#### 3.1.4.3 Análise estatística

Para a análise dialélica foi utilizado o método I de Griffing (1956) admitindo o modelo como fixo (modelo I), para estimar a capacidade geral de combinação (CGC), capacidade específica de combinação (CEC) efeito recíproco (REC), efeito dos genes nucleares da mãe (GNM) e efeito extracromossômico (EEC).

As análises de variância, utilizadas para estimar as médias e variâncias das populações, foram realizadas para cada geração de cada família. As análises de médias de geração, pelo método dos quadrados mínimos ponderados, foram efetuadas para estimar os efeitos envolvidos na determinação da resistência genética da murcha de *curtobacterium*, utilizando os seis parâmetros do modelo completo, conforme Mather e Jinks (1984) e Cruz e Regazzi (1997). Baseadas nas estimativas do componente de média ( $m$ ), aditivo ( $a$ ) e de dominância ( $d$ ), foram estimados os outros parâmetros que se referem às interações epistáticas

(*aa*, *ad* e *dd*). A significância da hipótese de que cada parâmetro é nula, isto é,  $H_0: b_i = 0$  pode ser avaliada pelo teste *t*.

A partir das variâncias fenotípicas de cada geração foram estimados os componentes de variância genética e de ambiente para o caráter avaliado. No modelo completo de Mather e Jinks (1984), tomando a geração  $F_2$  como população de referência, foram estimados os componentes de variância ambiental na  $F_2$  ( $\sigma_e^2$ ), variância genética ( $\sigma_g^2$ ), variância genética aditiva ( $\sigma_a^2$ ) e variância genética dominante ( $\sigma_d^2$ ). A partir das estimativas dos componentes da variância estimou-se a herdabilidade no sentido amplo ( $h_a^2$ ) e no sentido restrito ( $h_r^2$ ). A estimativa do número de genes foi realizado utilizando a fórmula descrita por Cruz e Regazzi (1997) considerando o grau médio de dominância com base nas variâncias (*gmd*).

As análises foram realizadas com auxílio dos softwares SAS – Macro Diallel-SAS05 (ZHANG et al., 2005) e Genes (CRUZ, 2006).

### 3.1.5 Resultados

#### 3.1.5.1 Análise dialélica para a resistência à murcha de *curtobacterium*

Os genótipos IAC Carioca Aruã, IAC Carioca Pyatã e IAC Carioca Tybatã apresentaram as menores médias para os sintomas da murcha de *curtobacterium* como já era esperado, enquanto Pérola e SCS Guará tiveram notas elevadas, demonstrando sensibilidade à doença (Tabela 4). Os híbridos  $F_1$ 's e recíprocos do cruzamento IAC Carioca Aruã x IAC Carioca Tybatã (tolerante x tolerante) chamam atenção por apresentar médias superiores às médias dos pais (6,70 e 5,40), indicando que a tolerância da murcha de *curtobacterium* nestes

cruzamentos deve-se a genes com efeito recessivo, pois os alelos de tolerância à doença dos pais não estão se manifestando nos filhos. Os cruzamentos entre genótipos tolerantes e sensíveis IAC Carioca Aruã x Pérola e IAC Carioca Aruã x Guará (F<sub>1</sub>'s e recíprocos) apresentaram notas elevadas, com médias pendendo para o pai suscetível, também indicando que os genes de tolerância são recessivos. Já os cruzamentos F<sub>1</sub>'s e recíprocos do IAC Carioca Pyatã x Pérola e IAC Carioca Pyatã x Guará, todos tolerantes x sensíveis, apresentaram médias inferiores à média dos pais, demonstrando que para estes cruzamentos a tolerância foi dominante.

Tabela 4 – Médias para as notas dos sintomas da Murcha de Curtobacterium para o dialelo completo envolvendo cinco genótipos de feijão, Lages-SC, 2010.

Médias dos sintomas de murcha de curtobacterium					
	IAC Carioca Aruã	IAC Carioca Pyatã	IAC Carioca Tybatã	Pérola	SCS Guará
IAC Carioca Aruã	1,68	2,10	6,70	7,40	6,30
IAC Carioca Pyatã	2,40	1,90	1,30	0,90	1,50
IAC Carioca Tybatã	5,40	1,50	1,60	3,90	1,60
Pérola	7,40	1,60	6,40	6,80	8,70
SCS Guará	7,40	2,40	4,90	7,60	8,20

De acordo com a análise de variância dialélica os pais diferiram em relação à capacidade geral de combinação (CGC) e os híbridos apresentaram distintas capacidades específicas de combinação (CEC) (Tabela 5). O fato de que tanto a CGC quanto a CEC foram significativas indica que ambos os efeitos aditivos e não aditivos estão envolvidos na resistência genética da murcha de curtobacterium nos genótipos estudados, sendo que a magnitude do quadrado médio para a CGC indica a predominância de efeitos aditivos. O efeito significativo para o efeito recíproco (REC) e efeito dos genes nucleares da mãe (GNM) demonstra que as combinações agem diferenciadamente quando um genótipo é considerado

mãe ou pai, e que esse fato deve à presença de genes nucleares herdados da mãe que são responsáveis por certas condições do citoplasma do óvulo.

Tabela 5 – Análise de variância para as notas dos sintomas da Murcha de *Curtobacterium* de acordo com o método de Griffing (1956) no dialelo completo envolvendo cinco genótipos de feijão, Lages-SC, 2010.

Fontes de variação	GL	Quadrado médio	Valor de F	Prob > f
Tratamento	(24)	74,371	15,180	0,000
CGC	4	286,203	58,409	0,000
CEC	10	51,924	10,597	0,000
REC	(10)	11,340	2,314	0,013
GNM	4	21,500	4,387	0,002
EEC	6	4,567	0,932	0,472
Erro	215	4,899		

GL = Graus de Liberdade; CGC = capacidade geral de combinação; CEC = capacidade específica de combinação; REC = efeito recíproco; GNM = efeito de genes nucleares da mãe; EEC= efeito extracromossômico.

Valores negativos para os efeitos da CGC e CEC indicam tolerância à murcha de *curtobacterium*, ou seja, menores sintomas da doença, enquanto sinais positivos para os efeitos da CGC e CEC, indicam tendência de suscetibilidade. Os efeitos da CGC foram significativos para todos os genótipos, e baseado nisso, os genótipos IAC Carioca Pyatã e IAC Carioca Tybatã podem ser recomendados como genitores com capacidade de diminuir os sintomas da murcha de *curtobacterium* (Tabela 6), enquanto os genótipos suscetíveis Pérola e SCS Guará e até mesmo o genótipo tolerante IAC Carioca Aruã contribuem para aumentar o caráter. As combinações híbridas entre o genótipo tolerante IAC Carioca Pyatã e os dois genótipos suscetíveis Pérola e SCS Guará apresentaram efeitos significativos e negativos (Tabela 6) demonstrando a existência de efeito heterótico para a resistência à murcha de

curtobacterium. Já as combinações entre IAC Carioca Aruã (tolerante) com IAC Carioca Tybatã, Pérola e SCS Guará demonstraram efeito significativo e positivo, promovendo aumento do caráter. Os efeitos recíprocos para a combinação IAC Carioca Tybatã x Pérola e IAC Carioca Tybatã x Guará foram significativas, indicando que para essas duas combinações ocorre diferenças quando o genitor é usado como doador ou receptor de pólen.

Tabela 6 – Capacidade geral de combinação (CGC), capacidade específica de combinação (CEC) e efeito recíproco (REC) para as notas dos sintomas da Murcha de Curtobacterium de acordo com o método de Griffing (1956) no dialelo completo envolvendo cinco genótipos de feijão, Lages-SC, 2010.

		CEC				CGC	
		IAC Carioca Aruã	IAC Carioca Pyatã	IAC Carioca Tybatã	Pérola		SCS Guará
IAC Carioca Aruã			-0,041	2,019*	1,109*	4,346*	0,541*
IAC Carioca Pyatã		-0,150		0,467	-1,947*	-3,880*	-2,553*
IAC Carioca Tybatã	REC	0,650	-0,100		0,213	-0,540	-0,813*
Pérola		0,000	-0,350	-1,250*		1,420	1,447*
SCS Guará		-0,550	-0,450	-1,650*	0,550		1,377*

\* Significativo a 5% de probabilidade pelo teste t.

### 3.1.5.2 Análise das médias das gerações

Os pais utilizados neste estudo não representam os genótipos extremos para a resistência e suscetibilidade à murcha de curtobacterium, conforme pode ser verificado pelas médias (Tabela 7), no entanto não houve sobreposição das classes das notas para os sintomas. Os pais tolerantes IAC Carioca Aruã e IAC Carioca Pyatã apresentaram médias de 0,89 e 0,51, respectivamente, enquanto que os genótipos suscetíveis tiveram notas de 4,31 (SCS Guará) e 6,897 (Pérola).

Tabela 7 - Número de plantas avaliadas (n), média ( $\mu$ ), variância ( $\sigma^2$ ) e erro padrão da média ( $\sigma_\mu$ ) para os sintomas da Murcha de *Curtobacterium* para as seis gerações das duas populações avaliadas, Lages-SC, 2010.

Geração	n	$\mu$	$\sigma^2$	$\sigma_\mu$
<b>IAC Carioca Aruã x SCS Guará</b>				
P <sub>1</sub>	38	0,895	0,529	0,014
P <sub>2</sub>	38	4,316	6,005	0,158
F <sub>1</sub>	44	4,522	6,022	0,137
F <sub>2</sub>	206	4,388	7,994	0,039
RC <sub>1</sub>	15	2,533	6,695	0,446
RC <sub>2</sub>	27	4,740	6,968	0,258
<b>IAC Carioca Pyatã x Pérola</b>				
P <sub>1</sub>	45	0,511	0,891	0,020
P <sub>2</sub>	39	6,897	5,884	0,151
F <sub>1</sub>	44	0,773	0,738	0,016
F <sub>2</sub>	208	2,043	7,404	0,035
RC <sub>1</sub>	32	0,594	0,765	0,024
RC <sub>2</sub>	37	2,648	10,734	0,290

O comportamento verificado nas gerações F<sub>1</sub> e F<sub>2</sub>, para ambos os cruzamentos, sugere que interações alélicas não aditivas estão envolvidas, uma vez que as médias são diferentes das médias dos pais. O cruzamento IAC Carioca Aruã x SCS Guará apresentou interação alélica dominante pendendo para o pai com maior média de sintomas da doença, uma vez que as médias das populações F<sub>1</sub> e F<sub>2</sub> são diferentes da média dos pais, pendendo para a média do genitor pérola, indicando que a tolerância é dada por genes recessivos. Já o cruzamento IAC Carioca Pyatã x Pérola apresentou interação alélica dominante pendendo para IAC Carioca Pyatã, ou seja, o pai com menor média, sugerindo que para este cruzamento os genes de tolerância são dominantes.

O efeito gênico envolvido com a resistência genética da murcha de *curtobacterium* foi investigada pela análise das médias das gerações das duas famílias, através do modelo completo (Tabela 8).

Tabela 8 – Estimativa da média geral ( $m$ ) e dos desvios devido aos efeitos aditivos ( $a$ ), desvios devido aos efeitos de dominância ( $d$ ), efeitos epistáticos do tipo aditivo-aditivo ( $aa$ ), aditivo-dominante ( $ad$ ) e dominante-dominante ( $dd$ ), obtidos pela análise das seis gerações ( $P_1$ ,  $P_2$ ,  $F_1$ ,  $F_2$ ,  $RC_1$  e  $RC_2$ ) para as duas populações avaliadas, Lages-SC, 2010.

Parâmetro	GL	Estimativa	Variância	$t$
<b>IAC Carioca Aruã x SCS Guará</b>				
$m$	319	5,610	3,482	3,007*
$a$	74	-1,710	0,043	-8,249*
$d$	362	-3,801	28,368	-0,713
$aa$	245	-3,005	3,438	-1,620*
$ad$	114	-0,994	2,989	-0,574
$dd$	362	2,713	12,611	0,764
<b>IAC Carioca Pyatã x Pérola</b>				
$m$	356	5,392	1,868	3,945*
$a$	82	-3,193	0,042	-15,458*
$d$	399	-8,777	13,984	-2,347*
$aa$	274	-1,688	1,825	-1,249
$ad$	149	2,276	1,427	1,906*
$dd$	399	4,157	5,832	1,721*

GL = Graus de Liberdade; \* Significativo a 5% de probabilidade

Os efeitos genéticos estimados para os seis parâmetros do modelo mostram que, para os dois cruzamentos o efeito aditivo foi significativo e para o cruzamento IAC Carioca Pyatã x Pérola efeitos  $d$  foram significativos e tiveram magnitudes maiores. IAC Carioca Aruã x SCS Guará mostraram efeito epistático do tipo  $aa$ , enquanto que o cruzamento IAC Carioca Pyatã x Pérola mostrou significância para os efeitos  $ad$  e  $dd$ . Pela decomposição não-ortogonal da soma de quadrados dos parâmetros (Tabela 9), conclui-se que os efeitos aditivos apresentam maior importância na determinação do caráter, explicando 74,54% da variabilidade para IAC Carioca Aruã x SCS Guará e 88,35 % para IAC Carioca Pyatã x Pérola.



Tabela 9 – Decomposição não-ortogonal da soma de quadrados dos parâmetros (*m*, *a*, *d*, *aa*, *ad*, *dd*) pelo método de eliminação de Gauss obtidos pela análise das seis gerações (P<sub>1</sub>, P<sub>2</sub>, F<sub>1</sub>, F<sub>2</sub>, RC<sub>1</sub> e RC<sub>2</sub>) para as duas populações avaliadas, Lages-SC, 2010.

Fonte de variação	GL	SQ	R <sup>2</sup> (%)
<b>IAC Carioca Aruã x SCS Guará</b>			
<i>m/ a, d, aa, ad, dd</i>	1	1,285	16,366
<i>a/ m, d, aa, ad, dd</i>	1	5,852	74,544
<i>d/ m, a, aa, ad, dd</i>	1	0,102	1,300
<i>aa/ m, a, d, ad, dd</i>	1	0,376	4,793
<i>ad/ m, a, d, aa, dd</i>	1	0,098	1,258
<i>dd/ m, a, d, aa, ad</i>	1	0,136	1,736
<b>Total</b>	<b>6</b>	<b>7,850</b>	<b>99,999</b>
<b>IAC Carioca Pyatã x Pérola</b>			
<i>m/ a, d, aa, ad, dd</i>	1	1,187	5,142
<i>a/ m, d, aa, ad, dd</i>	1	20,392	88,352
<i>d/ m, a, aa, ad, dd</i>	1	0,544	2,359
<i>aa/ m, a, d, ad, dd</i>	1	0,118	0,514
<i>ad/ m, a, d, aa, dd</i>	1	0,518	2,245
<i>dd/ m, a, d, aa, ad</i>	1	0,320	1,387
<b>Total</b>	<b>6</b>	<b>23,081</b>	<b>99,999</b>

GL = Graus de liberdade; SQ = Soma de quadrados; R<sup>2</sup> = Coeficiente de determinação

### 3.1.5.3 Análise dos componentes das variâncias

As estimativas dos componentes da variância, das herdabilidades e do número de genes são apresentadas na Tabela 10. Para as duas populações avaliadas, os efeitos aditivos foram superiores aos efeitos de dominância, concordando com os dados anteriores. O cruzamento IAC Carioca Aruã x SCS Guará apresentou efeito do ambiente com maior contribuição sobre o fenótipo, comparativamente ao efeito genotípico, conseqüentemente,

pode-se verificar herdabilidades inferiores às aquelas apresentadas pela população IAC Carioca Pyatã x Pérola. A herdabilidade do sentido restrito foi de 29% para IAC Carioca Aruã x SCS Guará e 44% para IAC Carioca Pyatã x Pérola, apontando a proporção da variância genotípica que é herdada. A estimativa do número de genes que governam a resistência da murcha de *Curtobacterium* apontou que estão envolvidos de três a quatro genes.

Tabela 10 – Estimativa dos componentes da variância fenotípica, genotípica, aditiva, de dominância e ambiental, herdabilidade do sentido restrito, herdabilidade do sentido amplo, grau médio de dominância e número de genes para as duas populações avaliadas, Lages-SC, 2010.

Parâmetro	IAC Carioca Aruã x SCS Guará	IAC Carioca Pyatã x Pérola
Variância fenotípica na F <sub>2</sub> ( $\sigma_f^2$ )	7,994	7,404
Variância genotípica ( $\sigma_g^2$ )	3,349	5,341
Variância aditiva ( $\sigma_a^2$ )	2,325	3,308
Variância de dominância ( $\sigma_d^2$ )	1,024	2,032
Variância ambiental ( $\sigma_e^2$ )	4,645	2,062
Herdabilidade no sentido amplo ( $h_a^2$ )	41,898	72,138
Herdabilidade no sentido restrito ( $h_r^2$ )	29,090	44,685
Grau médio de dominância ( $gmd$ )	0,938	1,108
Número de genes ( $n$ )	4,353	3,060

### 3.1.6 Discussão

#### 3.1.6.1 Análise dialélica

A análise dialélica é uma importante ferramenta para identificar os melhores genitores e combinações híbridas para um programa de melhoramento. Os dados apontam que a CGC

foi superior à CEC, indicando que a maioria dos genes envolvidos com a herança da resistência da murcha de *curtobacterium* possuem efeito aditivo. Resultados semelhantes foram obtidos por Krause (2008) em um dialelo envolvendo cinco genitores para genótipos de feijão-vagem para a resistência à murcha de *curtobacterium*.

Na cultura do feijão se buscam genitores com as mais altas estimativas de CGC, cujos efeitos aditivos garantem maior concentração de alelos favoráveis e, assim, aumentam a probabilidade de se obter progresso genético no programa de melhoramento. Quando as estimativas da CGC são elevadas, independente de serem positivas ou negativas, o genitor em questão é muito superior ou muito inferior aos demais genitores do dialelo (CRUZ e REGAZZI, 1997), nesse sentido, o genitor IAC Carioca Pyatã se apresenta como uma importante fonte de genes para diminuir os sintomas da murcha de *curtobacterium* e é recomendado para participar de blocos de cruzamentos.

Enquanto a capacidade geral de combinação (CGC) é usada para designar o desempenho médio de um genitor em uma série de combinações híbridas, o termo capacidade específica de combinação (CEC) é empregada para identificar certas combinações que possuem desempenho melhor ou pior do que a performance média dos pais envolvidos no dialelo, portanto, serve para demonstrar a importância de interações alélicas não-aditivas, e aquelas resultantes da complementação gênica entre os genitores (GRIFFING, 1956). Duas combinações híbridas mostraram efeitos da CEC negativas e significativas, indicando a importância da ação gênica não aditiva nestes cruzamentos, sendo elas IAC Carioca Pyatã x Pérola e IAC Carioca Pyatã x SCS Guará, as quais são recomendadas para recuperar genótipos promissores nas gerações avançadas, uma vez que envolve um pai com elevada CGC. Em um programa de melhoramento de plantas autógamas, a CEC possui limitações para o uso, porque o produto desejável no feijão são linhas puras (NKALUBO et al., 2009). A razão para isso é que a ação gênica dominante diminui quando as gerações são avançadas,

devido à redução na fração de plantas heterozigotas na população. Porém, o uso de cruzamentos cujas CEC são elevadas trás acréscimo na probabilidade de se obter sucesso no processo de melhoramento de plantas autógamas.

A significância dos cruzamentos recíprocos Pérola x IAC Carioca Tybatã e Guará x IAC Carioca Tybatã indica que ocorrem diferenças quando estes genitores são utilizados como receptores ou doadores de pólen. O efeito dos genes nucleares da mãe (GNM) significativo, também conhecido como efeito materno, indica que genes nucleares maternos podem estar envolvidos no controle genético da característica herança da resistência da murcha de *curtobacterium*, visto que os descendentes dos cruzamentos Pérola x IAC Carioca Tybatã e Guará x IAC Carioca Tybatã possuem o mesmo fenótipo do genitor feminino. Os efeitos dos genes nucleares da mãe são responsáveis por certas condições no citoplasma do óvulo, provavelmente produtos gênicos. Contudo, é importante salientar que o efeito de genes nucleares da mãe sobre o fenótipo do filho se dá apenas por uma ou no máximo duas gerações (RAMALHO et al., 2008). Estes dados são de grande importância para os programas de melhoramento de feijão, uma vez que não havia informações do comportamento dos híbridos recíprocos para a característica de resistência da murcha de *curtobacterium*.

### 3.1.6.2 Análise das médias e variâncias das gerações

A maior variância nas gerações dos retrocruzamentos e  $F_2$ , comparada com as demais gerações pode ser atribuída à maior segregação dos genes, e conseqüentemente maior número de classes de sintomas formados. A variação dos genitores suscetíveis à doença provavelmente está relacionado ao complexo controle genético e ao efeito pronunciado do ambiente, o qual permite a formação de várias classes para as notas dos sintomas, observado

nas cultivares Pérola e SCS Guará. Em estudos de resistência à antracnose, Nkalubo et al. (2009) identificaram que os genitores com alelos de tolerância eram os que apresentavam as mais baixas variâncias, em contrapartida os genitores com variâncias elevadas eram os mais suscetíveis à doença. As médias das gerações apontam comportamento diferenciado para os dois cruzamentos realizados, nas quais é possível verificar a presença de interação alélica não aditiva, sendo que IAC Carioca Aruã x SCS Guará demonstram dominância pendendo para o pai suscetível, ou seja, tolerância recessiva, e IAC Carioca Pyatã x Pérola possui dominância pendendo para o pai tolerante, ou seja, tolerância dominante, o que sugere a presença de diferentes alelos de resistência que segregam nos cruzamentos realizados.

Pelo menos um dos tipos de epistasia (*aa*, *ad* ou *dd*) foi significativa para os dois conjuntos de gerações estudadas, indicando a importância de utilizar o modelo completo nas análises (NKALUBO et al., 2009). A significância dos efeitos aditivos (*a*) e aditivos-aditivos (*aa*) para o cruzamento IAC Carioca Aruã x SCS Guará indica que há possibilidade da característica ser fixada com a seleção nas gerações seguintes. As técnicas de melhoramento de plantas autógamas se beneficiam da alta variância aditiva e da interação aditiva x aditiva, pois é possível obter ganhos genéticos satisfatórios (GRAVINA et al., 2004).

Por definição, o componente de efeito aditivo (*a*) nunca seria negativo, enquanto que o sinal do componente dos desvios de dominância (*d*) depende da direção predominante da dominância (MATHER e JINKS, 1984). A existência do componente aditivo com sinal negativo é explicado pelo fato de que nem sempre o genitor  $P_1$  assim como seu respectivo retrocruzamento ( $RC_1$ ), refere-se ao genótipo com maior expressão do caráter, que nesse caso seria o genótipo de maior suscetibilidade à doença. Neste caso, o  $P_1$  com maior resistência é aquele que recebeu as menores notas e, conseqüentemente, menor média, por isso o sinal negativo do efeito aditivo foi verificado.

No cruzamento IAC Carioca Pyatã x Pérola o efeito aditivo ( $a$ ) foi negativo, porém teve menor amplitude quando comparado aos efeitos não aditivos. A ação gênica não-aditiva não se deve somente aos efeitos de dominância ( $d$ ), mas também aos efeitos aditivo-dominante ( $ad$ ) e dominante-dominante ( $dd$ ), sugerindo que os genes que controlam a resistência da murcha de *curtobacterium* não agem independentemente (CRUZ et al., 2006). Os efeitos epistáticos são mais importantes para o melhorista de espécies autógamas do que os efeitos de dominância, devido ao fato de que a dominância é quebrada com as gerações de auto fecundação. A epistasia por outro lado, não depende dos locos em heterozigose e pode permitir, portanto, maior número de combinações de genes do que a dominância (OMOIKERODAH e FATOKUN, 2009).

O sinal associado com a previsão do efeito de dominância indica o genitor que concentra o maior número de genes para diminuir ou incrementar a característica e por convenção, os resultados de sinal negativo são utilizados para a  $P_1$  e sinal positivo para  $P_2$  (FALCONER, 1989). Então, o sinal negativo indica que o genótipo IAC Carioca Pyatã ( $P_1$ ) concentra o maior número de genes para diminuir os sintomas da murcha de *curtobacterium*. O cruzamento IAC Carioca Pyatã x Pérola demonstrou ser promissor para diminuir os sintomas da murcha de *curtobacterium*, no entanto, a presença de efeitos de dominância prejudica a seleção para a resistência em gerações segregantes, porque estes efeitos tendem a desaparecer, indicando a conveniência da seleção mais rigorosa a partir de uma fase mais tardia de endogamia. Apesar do efeito de dominância ser superior ao da aditividade ( $a$ ), pela decomposição não-ortogonal, é possível verificar que os efeitos aditivos apresentam maior importância na determinação do caráter nos dois cruzamentos. Estes resultados evidenciam a possibilidade de obtenção de genótipos homozigotos superiores a partir da seleção nas populações provenientes da geração  $F_2$  (SCHUELTER et al., 2003).

As análises das variâncias das seis gerações concordam com os resultados encontrados pela análise das médias, onde o efeito aditivo possui maior contribuição para explicar a herança da murcha de *curtobacterium*. A herdabilidade no sentido amplo aponta que 41% e 72% da variação da população é devido a causas genéticas, e que 29% e 44%, respectivamente, é atribuída a causas genéticas de natureza aditiva, e, portanto há possibilidade de obter ganhos com a seleção, o que pode ser evidenciado também, pela superioridade dos efeitos aditivos em relação aos efeitos de dominância. As herdabilidades da população para IAC Carioca Aruã x SCS Guará foi relativamente inferior às herdabilidades da população IAC Carioca Pyatã x Pérola, isto é devido ao fato de que o ambiente exerceu considerável influência na expressão do caráter em estudo para a primeira população e, portanto, diminuiu a porção do fenótipo que pode ser herdado. É importante ressaltar que, apesar das herdabilidades aqui obtidas serem uma propriedade do caráter, sendo válida apenas para a população e as condições ambientais a que os indivíduos foram submetidos, elas são um forte indicativo da magnitude da herdabilidade da murcha de *curtobacterium* (RAMALHO et al., 1993; CRUZ e REGAZZI, 1997). As baixas herdabilidades são um indicativo de que a murcha de *curtobacterium* possui um controle complexo e a obtenção de cultivares resistentes é difícil e demanda muito trabalho aos programas de melhoramento.

A estimativa do número de genes confirma o caráter quantitativo da herança da resistência encontrados anteriormente por Coyne et al. (1965) e Coyne et al. (1966) em seus trabalhos. Estes valores não podem ser tomados de forma absoluta, mas sim como um indicativo do tipo de herança envolvida, se é de natureza mono, oligo ou poligênica. Além disso, pode-se verificar que cada cruzamento possui particularidades, dependendo dos genótipos utilizados e dos fatores externos que interferem, já que a estimativa do número de genes é muito sensível a variação ambiental.

### 3.1.7 Conclusão

No controle genético da resistência da murcha de *curtobacterium* estão envolvidos tanto efeitos aditivos quanto não aditivos, sendo que os efeitos aditivos são mais importantes. O genitor IAC Carioca Pyatã apresentou a melhor capacidade geral de combinação e é recomendado para participar de blocos de cruzamentos para o desenvolvimento de cultivares resistentes. As análises das médias e variâncias das gerações sugere a presença de efeitos aditivos envolvidos no controle genético da murcha de *curtobacterium*, demonstrando possibilidade de obter sucesso com a seleção. A herdabilidade no sentido restrito para a murcha de *curtobacterium* variou de 29% a 44%. Estimativas do número de genes sugere que estão envolvidos mais de 3 genes no controle da murcha de *curtobacterium*.



#### **4 CONCLUSÃO GERAL**

O Xan 159 é tolerante à murcha de *curtobacterium*, e é indicado para uso em programas de melhoramento para o desenvolvimento de cultivares tolerantes.

No controle genético da resistência da murcha de *curtobacterium* estão envolvidos tanto efeitos aditivos quanto não aditivos, sendo que os efeitos aditivos são mais importantes, possibilitando sucesso com a seleção de plantas tolerantes à murcha de *curtobacterium*.

A herança genética da resistência da murcha de *curtobacterium* é uma característica poligênica, com mais de três genes envolvidos e herdabilidade no sentido restrito de 29% e 44%.

## 5 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ACOSTA-GALLEGOS, J.A.; KELLY, J.D.; GEPTS, P. Prebreeding in common bean and use of genetic diversity from wild germplasm. **Crop Science**, Madison, v.47, p.44-59, 2007.

AKAIKE, H. A new look at the statistical model identification. **IEEE Transaction on Automatic Control**, v.19, p.716-723, 1974.

ALENCAR, N.E.; WENDLAND, A.; MELO, L.C.; COSTA, J.G.C.; DEL PELOSO, M.J.; PEREIRA, H.S.; FARIA, L.C.; CÔRTEZ, M.V.C.B. Avaliação fenotípica de genótipos de feijoeiro comum a isolados de *Curtobacterium fl accumfaciens* pv. *fl accumfaciens*. **Anais do Congresso Nacional de Pesquisa de Feijão**, Campinas Brasil, p.957-960, 2008.

ALMEIDA, A.B.; CHAVES, M.S.; BRAMMER, S.P.; BAGGIO, M.I. Identificação de fontes de resistência à ferrugem da folha do trigo em acessos de *Aegilops tauschii*. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v.32, p.349-352, 2007.

BERTOLDO, J.G.; COIMBRA, J.L.M.; GUIDOLIN, A.F.; ROCHA, F. Tempo de cocção de grãos de feijão em função de doses de fósforo no plantio e do tempo de armazenamento. **Revista Biotemas**, Florianópolis, v.22, n.1, p.39-47, 2009.

BURKHOLDER, W.H. The longevity of the pathogen causing the wilt of the common bean. **Phytopathology**, v.35, p.743-744, 1945.

CARBONELL, S.A.M.; AZEVEDO FILHO, J.A.; DIAS, L.A.S.; GONÇALVES, C.; ANTONIO, C.B.. Adaptabilidade e estabilidade de produção de cultivares e linhagens de feijoeiro no estado de São Paulo. **Bragantia**, Campinas, v.60, p.69-77, 2001.

COYNE, D.P.; SCHUSTER, M.L.; YOUNG, J.O. A genetic study of bacterial wilt (*Corynebacterium flaccumfaciens* var. *aurantiacum*) tolerance in *Phaseolus vulgaris* crosses and the development of tolerance to two bacterial diseases in beans. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, Aledria, v.87, p.279-285, 1965.

COYNE, D.P.; SCHUSTER, M.L.; ESTES, L.W. Effect of maturity and environment on the genetic control of reaction to wilt bacterium in *Phaseolus vulgaris* L. crosses. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, Alexandria, v.88, p.393-399, 1966.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. Ed. Viçosa: UFV, 1997. 390p.

CRUZ, C.D. **Programa Genes**: Biometria. Viçosa: UFV. 382p. 2006.

CRUZ, R.P.; MILACH, S.C.K.; FEDERIZZI, L.C. Inheritance of rice cold tolerance at the germination stage. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v.29, n.2, p.314-320, 2006.

FALCONER, D.S. Introduction to quantitative genetics. London: Longman, 1989. 438p.

FERREIRA, C.F.; PEREIRA, M.G.; SANTOS, A.S.; RODRIGUES, R.; BRESSAN-SMITH, R.E.; VIANA, A.P.; DAHER, R.F. Resistance to common bacterial blight in *Phaseolus vulgaris* L. recombinant inbred lines under natural infection of *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*. **Euphytica**, Dordrecht, v.134, p.43-46, 2003.

GRAVINA, G.A.; MARTINS FILHO, S.; SEDIYAMA, C.S.; CRUZ, C.D. Parâmetros genéticos da resistência da soja a *Cercospora sojina*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. Brasília, v.39, n.7, p.653-659, 2004.

GRIFFING, B. Concept of general and specific ability in relation to diallel crossing systems. **Australian Journal of Biological Sciences**, v.9, p.462-93, 1956.

HERBES, D.H.; THEODORO, G.F.; MARINGONI, A.C.; DAL PIVA, C.A.; ABREU, L. Detecção de *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* em sementes de feijoeiro produzidas em Santa Catarina. **Tropical Plant Pathology**, Brasília, v.33, p.53-156, 2008.

JUNG, G.; SKROCH, P.W.; COYNE, D.P.; NIENHUIS, J.; ARNAUD-SANTANA, E.; ARIYARATHEN, H.M.; KAEPLER, S.M.; BASSETT, M.J. Molecular-marker-based genetic analysis of tepary beanderived common bacterial blight resistance in different developmental stages of common bean. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, v.122, p.329-337, 1997.

KRAUSE, W. Fontes de resistência, métodos de inoculação e capacidade de combinação para a resistência à murcha-de-curtobacterium em feijão-de-vagem. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Campos dos Goytacazes – RJ. 2008, 108p.

KRAUSE, W.; RODRIGUES, R.; GONÇALVES, L.S.A.; BEZERRA NETO, F.V.; LEAL, N.R. Genetic divergence in snap bean based on agronomic traits and resistance to bacterial wilt. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v.9, p.246-252, 2009.

LEITE JÚNIOR, R.P.; MENEGUIM, L.; BEHLAU, F.; RODRIGUES, S.R.; BIANCHINI, A. Ocorrência de *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* em feijoeiro no Paraná e Santa Catarina. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v.2, p.303, 2001.

LITTELL, R.C., MILLIKEN, G.A.; STROUP, W.W.; WOLFINGER, R.D.; SCHABENBERGER, O. **SAS for mixed models**. SAS, Cary, 2006. 814p.

MANTEN, J. O. Importância de novos defensivos agrícolas no manejo de doenças no feijoeiro. **Anais do Congresso Nacional de Pesquisa de Feijão**, Campinas, Brasil, p.957-960, 2008.

MARINGONI, A.C.; CAMARA, R.C. *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* detection in bean seeds using a semi-selective culture medium. **Brazilian Journal of Microbiology**, São Paulo, v.37, p.451-455, 2006.

MARINGONI, A.C.; ROSA, E.F. Ocorrência de *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* em feijoeiro no Estado de São Paulo. **Summa Phytopathologica**, Botucatu, v.23, p.160-162, 1997.

MARINGONI, A.C. Comportamento de cultivares de feijoeiro comum à murcha-de-curtobacterium. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v.27, p.157-162, 2002.

MATHER, K.; JINKS, J.L. **Introdução a genética biométrica**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1984. 242p.

MUTLU, N.; MIKLAS, P.; REISER, J. COYNE, D. Backcross breeding for improved resistance to common bacterial blight in pinto bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Plant Breeding**, v.124, p.282-287, 2005.

NKALUBO, S.T.; MELIS, R.; DERERA, L.; MARK, D.L.; OPIO, F. Genetic analysis of anthracnose resistance in common bean breeding source germplasm. **Euphytica**, Dordrecht, 2009.

OMO-IKERODAH, E.E.; FATOKUN., C. A.; FAWOLE, I. Genetic analysis of resistance to flower bud thrips (*Megalurothrips sjostedti*) in cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp.). **Euphytica**, Dordrecht, 2008.

RAVA, C.A.; COSTA, J.G.C.; FONSECA, J.R.; SALGADO, A.L. New sources of resistance to bacterial wilt identified in dry bean germplasm collection. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v.4, n.111-114, 2004.

RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B.; ZIMMERMANN, M.J. **Genética quantitativa de plantas autógamas: aplicações ao melhoramento do feijoeiro**. Goiânia: UFG, 1993. 271p.

RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B.; PINTO, C.A.B.P. **Genética na Agropecuária**. 4 ed. Lavras: UFLA, 2008. 436 P.

RIBEIRO, N.D.; SOUZA, J.F.; ANTUNES, I.F.; POERSCH, E.L. Estabilidade de produção de cultivares de feijão de diferentes grupos comerciais no estado do Rio Grande do Sul. **Bragantia**, Campinas, v.68, p.339-346, 2009

ROMERO, R.S. **Bactérias fitopatogênicas**. Viçosa: UFV, 2005. 417p.

SCHUELTER, A.R.; SOUZA, I.R.P.; TAVARES, F.F.; SANTOS, M.X.; OLIVEIRA, E.; GUIMARÃES, C.T. Controle genético da resistência do milho à mancha por *phaeosphaeria*. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v.2, n.1, p.80-86, 2003.

SENA, M.R.; ABREU, Â.F.B.; RAMALHO, M.A.P.; BRUZI, A.T. Envolvimento de agricultores no processo seletivo de novas linhagens de feijoeiro. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v.32, n.2, p.407-412, 2008.

SILVA, H.P.; BARBOSA, M.P.M.; NASS, L.L.; CAMARGO, L.E.A. Capacidade de combinação e heterose para resistência a *Puccinia polysora* Underw. em milho. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v.58, p.777-783, 2001.

SOUZA, V.L.; MARINGONI, A.C.; SÉRGIO, A.M.C.; ITO, M.F. Resistência genética em genótipos de feijoeiro a *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens*. **Summa Phytopathologica**, Botucatu, v.32, p.339-344, 2006.

SOUZA, V.L.; MARINGONI, A.C. Análise ultraestrutural da interação de *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* em genótipos de feijoeiro. **Summa Phytopathologica**, Botucatu, v.4, p.318-320, 2008.

TEGLI, S.; SERENI, A.; SURICO, G. PCR – based assay for the detection of *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* in bean seeds. **Letters in Applied Microbiology**, v.35, p.331-337, 2002.

THEODORO, G.F.; HERBES, D.H. MARINGONI, A.C. Fontes de resistência à murcha de *Curtobacterium* em cultivares locais de feijoeiro, coletadas em Santa Catarina. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v.31, p.333-1339, 2007.

THEODORO, G.F.; MARINGONI, A.C.; HEMP, S. Distribuição de *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* em lavouras de feijoeiro comum no estado de Santa Catarina. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v.29, p.39, 2004.

THEODORO, G.F.; MARINGONI, A.C. Effect of potassium levels in the severity of bacterial wilt in common bean cultivars. **Summa Phytopathologica**, Botucatu, v.32, n.2, p.139-146, 2006.

UESUGI, C.H.; FREITAS, M.A.; MENEZES, J.R. Ocorrência de *Curtobacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens* em feijoeiro, em Goiás e no Distrito Federal. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v.28, p.324, 2003.

ZHANG, K.; KANG, M.S.; LAMKEY, K.R. Diallel-Sas05: A comprehensive program for Griffing's and Gardner-Eberhart analyses. **Agronomy Journal**, Madison, v. 97, p.1097-1106, 2005.