

UNIVERSIDADE ESTADUAL DE MARINGÁ
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO

ALEXANDRE ERNESTO PELEMBE

**Co-segregação de linhagens endogâmicas recombinantes de feijão
comum às raças 65 e 73 de *Colletotrichum lindemuthianum***

MARINGÁ
PARANÁ – BRASIL
DEZEMBRO – 2015

ALEXANDRE ERNESTO PELEMBE

**Co-segregação de linhagens endogâmicas recombinantes de feijão
comum às raças 65 e 73 de *Colletotrichum lindemuthianum***

Dissertação apresentada à Universidade Estadual de Maringá, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento para obtenção do Título de Mestre.

Orientador: Prof. Dr. Pedro Soares Vidigal Filho.

MARINGÁ
PARANÁ – BRASIL
DEZEMBRO – 2015

Aos meus queridos pais, Ernesto Germano Pelembe e Lúcia Justino Matlombe.

Ao meu querido tio Alexandre Germano Pelembe (*In Memoriam*).

Aos meus queridos irmãos e sobrinhos.

À minha querida esposa Telma José Guiliche.

À minha querida filha Lucinda Telma Alexandre Pelembe.

Com alegria e carinho, dedico, este trabalho.

AGRADECIMENTOS

A Deus, fonte suprema de amor e sabedoria inesgotável, sou grato pela vida, força, inspiração e presença constante, que me conduziu firme durante os momentos difíceis.

À Universidade Estadual de Maringá (UEM), programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento (PGM), pela oportunidade concedida à realização deste curso, Paraná, Brasil.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) do Brasil, pela concessão da bolsa de estudos.

Ao professor doutor Pedro Soares Vidigal Filho, pela orientação, ensinamentos, confiança e todo apoio prestado, desde a minha chegada ao Brasil e durante a realização do curso.

À professora doutora Maria Celeste Gonçalves Vidigal pela coorientação, confiança, ensinamentos, sugestão do tema e concessão do uso do Laboratório de Biologia Molecular do Núcleo de Pesquisa Aplicada à Agricultura (Nupagri).

A todos os professores do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, especialmente aos professores doutores Maria Cláudia Ruvolo Takasusuki, Ronald Barth Pinto, Juliana Poletine, Carlos Alberto Scapim, Erasmo Renesto, Maria de Fátima Machado, Adriana Gonela e Claudete Mangolin, pelos ensinamentos transmitidos durante o curso.

Agradecimento especial à doutora Giselly Figueiredo Lacanallo, pelos ensinamentos, coorientação, amizade, auxílio e críticas construtivas durante o desenvolvimento deste trabalho. Às doutoras Vanusa da Silva Ramos Martins e Marilda Pereira Caixeta, meu reconhecimento pela amizade, favores prestados, ensinamentos e bons momentos vividos no Nupagri.

Ao doutor Thiago Lívio Pessoa Oliveira de Souza, Pesquisador da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa) – Arroz e Feijão - da Cidade de Santo Antônio de Goiás, Brasil, pela concessão de material vegetal para realização do estudo.

Às minhas companheiras e colegas de todos os tempos, doutoras Giseli Valentini e Maria Conceição Martiniano Sousa, pela preciosa ajuda, bons momentos vividos e amizade que, acima de tudo, nunca esquecerei. Aos meus amigos e colegas da Pós-graduação em Agronomia e Pós-graduação em Genética e

Melhoramento, em especial aos do Laboratório de Biologia Molecular do Nupagri, Thiago Gilio, Rodrigo Franzon, Sandra Aparecida de Lima Castro, Leonel Domingos Moiana, Pollyana Priscila Schuertz Paulino, Mariana Vaz Bisneta, Marcela Coêlho, Alberto Numoto e Alex Henrique Tiene Ortiz, pela ajuda nos momentos mais difíceis deste percurso, pois sempre estiveram presentes quando mais precisei.

Ao Francisco José da Cruz e Maria Valquíria Magro, da secretaria do Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento, e ao Edmilson Galacini e Rogério Gomes de Almeida, do setor de vigilância da UEM, pela amizade e pelos favores prestados.

Ao Ministério da Ciência e Tecnologia de Moçambique (MCT), pela concessão da bolsa de estudos.

Ao Ministério da Agricultura e Segurança Alimentar de Moçambique, em especial ao secretário permanente, doutor Daniel Clemente, pelo parecer favorável à continuação dos meus estudos no estrangeiro.

Ao engenheiro agrônomo Norberto Mahalambe, diretor do Instituto do Algodão de Moçambique, que muito contribuiu para a realização desse precioso sonho. Pessoalmente o considero meu mentor na aquisição dos conhecimentos técnico-científicos, servindo como fonte de inspiração e referência, pela sua personalidade íntegra, digna, plena e trabalhadora.

Ao engenheiro agrônomo Osvaldo Catine, chefe do departamento de Estudos e Projetos do Instituto do Algodão de Moçambique, pela força, ajuda e companheirismo.

Ao professor doutor Tomás Chiconela, diretor da Faculdade de Agronomia e Engenharia Florestal da Universidade Eduardo Mondlane, Moçambique, pela amizade, confiança e concessão da carta de recomendação.

À professora doutora Ivone Muocha, pela confiança, amizade e concessão da carta de recomendação.

A todos que, direta ou indiretamente, contribuíram para o sucesso deste trabalho.

BIOGRAFIA

ALEXANDRE ERNESTO PELEMBE, filho de Ernesto Germano Pelembe e de Lúcia Justino Matlombe, nasceu aos 20 de junho de 1984, na cidade de Maputo, Moçambique.

Cursou o Ensino Primário do 1º e 2º graus na Escola Primária Completa 12 de Outubro, arredores da cidade de Maputo, Moçambique, no período compreendido entre 1993 e 1999. Em 2000, iniciou o Ensino Secundário Básico na Escola Secundária do Noroeste 1, tendo concluído em 2002.

De 2003 a 2004, cursou o Ensino Secundário Médio na Escola Secundária de Laulane, arredores da cidade de Maputo, Moçambique.

Em 2005, iniciou o Curso de Licenciatura em Engenharia Agrônômica na Universidade Eduardo Mondlane (UEM), Maputo, Moçambique, tendo concluído em março de 2009. Na UEM, desenvolveu atividades de monitoria nas disciplinas de Rega e Drenagem e Hidrologia, no Departamento de Engenharia Rural.

Em 2008, foi contratado para lecionar as disciplinas de Agropecuária, Química e Biologia no Ensino Médio, nas Escolas Secundárias de Força do Povo, 12 de outubro e Comunitária de Laulane, arredores da Cidade de Maputo, Moçambique.

Em 2009, foi contratado pela Universidade Zambeze, Município de Mocuba, Província da Zambézia, para desenvolver Atividades de Ensino e Pesquisa na área de Hidrologia, tendo interrompido por razões de Aprovação em Concurso e nomeação para exercer funções no Ministério da Agricultura.

Em 2010, foi admitido no Quadro do Pessoal do Ministério da Agricultura, exercendo as funções de Engenheiro Agrônomo no Instituto do Algodão de Moçambique, afeto no Departamento de Estudos Estratégicos e Projetos.

Em março de 2014, ingressou no curso de Mestrado em Genética e Melhoramento, área de concentração em Melhoramento Genético Vegetal, oferecido pela Universidade Estadual de Maringá, Paraná, Brasil.

SUMÁRIO

RESUMO.....	viii
ABSTRACT	ix
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	4
2.1. A cultura do feijão comum: panorama mundial e nacional.....	4
2.2. Aspectos botânicos da cultura	5
2.3. Origem e domesticação do feijão comum	7
2.4. Antracnose no feijão comum.....	10
2.5. Populações para o mapeamento genético.....	17
2.6. RIL's de feijão comum.....	20
3. MATERIAL E MÉTODOS.....	22
3.1. Local do experimento.....	22
3.2. Material genético.....	22
3.3. Multiplicação de sementes	23
3.4. Preparo do inóculo.....	24
3.5. Incubação e inoculação em laboratório.....	24
3.6. Método de avaliação dos sintomas	26
3.7. Análise de caracteres morfológicos.....	27
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	28
4.1. Resposta das linhagens endogâmicas recombinantes quanto à reação às raças 65 e 73 de <i>C. lindemuthianum</i> e análise de segregação.....	28
4.2. Análise da segregação de caracteres morfológicos das 393 RIL's.....	40
5. CONCLUSÕES	43
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	44
APÊNDICE	61

RESUMO

PELEMBE, Alexandre Ernesto, M. Sc. Universidade Estadual de Maringá, dezembro de 2015. **Co-segregação de linhagens endogâmicas recombinantes de feijão comum às raças 65 e 73 de *Colletotrichum lindemuthianum***. Orientador: Pedro Soares Vidigal Filho. Conselheiras: Maria Celeste Gonçalves Vidigal e Giselly Figueiredo Lacanallo.

Linhagens endogâmicas recombinantes (RIL's) são populações oriundas de autofecundação de F₂, em gerações avançadas, e tem grande importância na construção de mapas de ligação. O objetivo do presente trabalho foi caracterizar fenotipicamente a população de linhagens endogâmicas recombinantes (RIL's) provenientes do cruzamento AND 277 × Rudá, quanto à reação às raças 65 e 73 de *Colletotrichum lindemuthianum*, agente causador da antracnose. As análises genéticas revelaram que as linhagens endogâmicas recombinantes co-segregaram para ambas as raças de *Colletotrichum lindemuthianum*, evidenciando que o mesmo gene *Co-1⁴* presente na cultivar AND 277 é responsável pela resistência às raças 65 e 73. As linhagens endogâmicas recombinantes apresentaram índice de atogenicidade de 48,35% para ambas as raças 65 e 73 de *C. lindemuthianum*. A reação das RIL's às raças 65 e 73 de *Colletotrichum lindemuthianum*, bem como as características morfológicas hábito de crescimento e cor da flor, apresentaram herança monogênica, sendo governadas por apenas um gene. As linhagens endogâmicas recombinantes, oriundas do cruzamento AND 277 × Rudá, devido ao elevado tamanho, podem ser usadas no mapeamento de genes que controlam caracteres qualitativos e quantitativos e marcadores moleculares, apresentando, por isso, potencial para o desenvolvimento de um mapa consenso para feijão comum.

Palavras-chave: feijão comum, RIL's, *C. lindemuthianum*, Rudá, AND 277.

ABSTRACT

PELEMBE, Alexandre Ernesto, M. Sc. Universidade Estadual de Maringá, december, 2015. **Co-segregation of recombinant inbred lines of the common bean to races 65 and 73 of *Colletotrichum lindemuthianum***. Adviser: Pedro Soares Vidigal Filho. Committee members: Maria Celeste Gonçalves Vidigal and Giselly Figueiredo Lacanallo.

Recombinant inbred lines (RIL's) are populations obtained from an F₂ generation by successive self-pollinations in advanced generations and are useful for bulding linkage maps. Thus, the objective of this research was to featuring a population of recombinant inbred lines (RIL's) from crossing of AND 277 x Rudá in reaction to 65 and 73 races of *Colletotrichum lindemuthianum*. Genetic analysis revealed that the recombinant inbred lines co-segregated for 65 and 73 races of *Colletotrichum lindemuthianum*, showing that the *Co-1*⁴ gene present in AND 277 confers resistance to both races. Recombinant inbred lines showed a 48.35% pathogenicity index for both races 65 and 73 of *C. lindemuthianum*. The reaction of RIL's to the races 65 and 73 of *Colletotrichum lindemuthianum* as well as the morphological and growth habit flower color presented monogenic inheritance, being governed by a single gene. The recombinant inbred lines derived from the cross AND 277 x Rudá due to the large size, can be used in mapping genes that control quantitative and qualitative traits and molecular markers, hence they present the potential for the development of a consensus map to common bean.

Keywords: Commom bean, RIL's, *C. lindemuthianum*, Rudá, AND 277.

1. INTRODUÇÃO

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma das leguminosas mais importantes para consumo direto humano na forma de grãos e vagens, sendo fonte de proteína, fibra, ferro, carboidratos, minerais e vitaminas para milhões de pessoas em países desenvolvidos e em vias de desenvolvimento, principalmente da América Latina, África e Ásia (Lin et al., 2008).

No Brasil, a produtividade média é de aproximadamente 1.050 kg ha⁻¹, ainda considerada baixa, pois em alguns Estados essa média encontra-se acima de 2.300 kg ha⁻¹ (CONAB, 2015). Agricultores brasileiros, que utilizam alta tecnologia, já ultrapassaram a marca de 3.000 kg ha⁻¹ (Borém e Carneiro, 2015). Assim, a identificação e minimização dos fatores responsáveis pela baixa produtividade são convergentes e comuns em programas de melhoramento genético do feijão comum em todo o mundo (Gepts et al., 2008). No Brasil, uma série de fatores bióticos e abióticos limita produtividade do grão do feijão comum. Dentre eles, o porte e arquitetura inadequados da planta, baixa eficiência de fixação de nitrogênio na planta, uso de sementes de baixa qualidade, deficiência hídrica e altas temperaturas, acidez elevada do solo e incidência de pragas, doenças e infestantes (Barros e Souza, 2012; Borém e Carneiro, 2015). Estes fatores limitantes podem ser minimizados pelo melhoramento genético. Segundo Faria et al. (2013), o progresso genético para a produtividade do grão está em torno de 0,72%, significando um aumento de 17,3 kg ha⁻¹ devido ao melhoramento genético.

O conhecimento, o acesso e o uso da variabilidade genética existente em genótipos cultivados e silvestres são fundamentais para ampliação da base genética e sustentação de um programa de melhoramento (Singh, 2001). Essa variabilidade é expressiva na cultura do feijão comum, devido à existência de dois centros de origens distintos: Andino e Mesoamericano. A variabilidade genética permite a seleção para vários caracteres morfológicos, agronômicos, fenotípicos e fenológicos (Silva, et al., 2014).

As cultivares AND 277, Pitanga, Jalo Vermelho, Jalo Listras Pretas, Corinthiano, Crioulo 159, Paloma, Amendoim Cavalo e Jalo Pitado 2, por exemplo, constituem importantes fontes de resistência à antracnose, causado pelo fungo

Colletotrichum lindemuthianum (Gonçalves-Vidigal et al., 2008a; 2009a; 2012; Coelho et al., 2013; Castro et al., 2014; Frias et al., 2014; Nanami et al., 2014).

A antracnose se destaca, dentre as doenças do feijão comum, como a mais devastadora doença fúngica, causando perdas económicas avultadas à cultura em condições de clima favorável (Pastor-Corrales et al., 1995). O uso de cultivares resistentes é o método mais indicado para controle desta doença. Vários genes de resistência para antracnose têm sido descobertos e caracterizados (Kelly e Vallejo, 2004). A cultivar AND 277 tem sido extensivamente utilizada em cruzamentos artificiais, com o objetivo de desenvolver cultivares resistentes a doenças, uma vez que, AND 277 possui gene de resistência à antracnose (*Co-1⁴*) e mancha angular (*Phg-1*) (Gonçalves-Vidigal et al., 2011). De acordo com Gonçalves-Vidigal et al. (2011), os genes *Co-1⁴* e *Phg-1* (cluster *Co-1⁴/Phg-1*) presentes no AND 277 estão ligados ao marcador g2303 a uma distância de 0,0 cM.

O mapeamento genético é o processo de detecção da posição e distância entre marcadores nos cromossomos, e o produto obtido chama-se mapa de ligação (Gepts et al., 1993). Um dos principais usos dos mapas de ligação é na identificação de regiões cromossômicas, contendo genes e QTL's (*Quantitative Trait Loc*) relacionados à característica de interesse agronômico (Gepts et al., 1993). A obtenção de população para mapeamento genético e detecção de QTL's tem sido prática constante na cultura do feijão comum (Gepts et al., 1993; Tar'an et al., 2002; Broughton et al., 2003; Collard et al., 2005; Blair et al., 2006). Essas populações têm propiciado estudos detalhados e promissores para uma maior eficácia no melhoramento genético da cultura em escala mundial, porém possuem, como limitação, o tamanho reduzido (Sanglard et al., 2013). Populações pequenas comprometem a acurácia das estimativas de recombinantes e, conseqüentemente, a precisão do mapa genético como um todo (Sanglard et al., 2013).

Visando superar esta limitação, uma população de linhagens endogâmicas recombinantes, potencial para o mapeamento genético, foi desenvolvida pelo Programa de Melhoramento do Feijão comum da Universidade Federal de Viçosa e foi disponibilizado ao grupo de pesquisa do Nupagri (Núcleo de Pesquisas Aplicadas a Agricultura) da Universidade Estadual de Maringá. Assim, o presente trabalho teve como objetivo caracterizar fenotipicamente a população de linhagens endogâmicas

recombinantes (RIL's), proveniente do cruzamento Rudá x AND 277, quanto à reação às raças 65 e 73 de *Colletotrichum lindemuthianum*.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. A cultura do feijão comum: panorama mundial e nacional

A cultura do feijão é produzida em todos os continentes do mundo, nomeadamente: África, Américas, Ásia, Europa e Oceania, em cerca de 127 países (Moura e Brito, 2015). Segundo a Organização das Nações Unidas para Agricultura e Alimentação (FAO, 2015), a produção mundial do feijão nos últimos 10 anos concentrou-se nos continentes asiático, com 46%, americano, com 35% e africano, com 16% do total produzido. A Europa e Oceania participam com 2,5 e 0,5% da produção, nesse período, respectivamente.

Dentre os países maiores produtores de feijão comum no mundo, destacam-se Myanmar, com aproximadamente 3,70 milhões de toneladas de grãos, Índia, com 3,63 milhões de toneladas e o Brasil, em terceiro lugar, com aproximadamente 3,18 milhões de toneladas (FAO, 2015; CONAB, 2015). No Brasil, o feijão comum é cultivado sob diferentes condições climáticas, em diversos sistemas de cultivo e em quase todas as regiões. Segundo dados da CONAB (2015), o estado do Paraná, região Sul do país, destaca-se no cenário da produção brasileira, respondendo pela maior parte da produção do feijão comum, com produção de 720,4 mil toneladas na Safra 2014/15, com produtividade média de 1.775 kg ha⁻¹.

A dieta de milhões de pessoas de países subdesenvolvidos da África e da América Latina possui quantidades suficientes de carboidratos, provenientes principalmente das culturas da mandioca, milho, arroz e trigo, no entanto, a dieta é pobre em proteínas (Gepts et al., 2005). As fontes de proteínas de origem animal como ovos, leite e carne, muitas vezes possuem custo elevado e podem ser substituídos por produtos obtidos a partir de plantas leguminosas, dentre elas, o feijão comum (Broughton et al., 2003; Gepts et al., 2005). A sua proteína é rica em aminoácido essencial lisina, porém pobre em aminoácidos sulfurados metionina e cisteína, essenciais ao Homem. Todavia, os cereais são pobres em lisina, mas ricos em aminoácidos sulfurados, o que torna a tradicional dieta, arroz com feijão, complementar em termos de aminoácidos essenciais (Borém e Carneiro, 2015).

No Brasil, o consumo médio *per capita* de grãos de feijão comum é de aproximadamente 18,58 kg ano (Borém e Carneiro, 2015). Na região Oriental e Austral da África, o consumo aumenta significativamente, chegando a 66 kg ano em

algumas regiões do Quênia, e a 40 kg ano em Ruanda e Burundi (Broughton et al., 2003).

O cultivo do feijão no Brasil é realizado, de forma diversificada, por pequenos e grandes produtores, sistemas de produção de subsistência e tecnificada - individual ou consorciado com outras culturas -, com predomínio do uso da mão de obra familiar nas pequenas propriedades ou com o uso de tecnologia mais intensiva, nas propriedades de maior porte (Blair et al., 2013; Moura e Brito, 2015). Segundo a Comissão Técnica Sul Brasileira do Feijão (CTSBF, 2010), através do cultivo do feijão comum, pequenos agricultores são incluídos no sistema de produção das grandes culturas e se beneficiam com o rápido retorno financeiro e baixo investimento necessário para a sua produção.

2.2. Aspectos botânicos da cultura

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) pertence ao ramo Embryophytae syphonogamae, sub-ramo Angiospermae, classe Dicotyledoneae, subclasse Archichlamydeae, ordem Rosales, e família Leguminosae, subfamília Papilionoideae e tribo Phaseolineae (Santos et al., 2015). É uma espécie diploide com $2n = 2x = 22$ cromossomos (Singh et al., 1991).

Ele é cultivado em locais, variando de 52° de latitude Norte a 32° de latitude Sul e mesmo a altitudes superiores a 3.000m. Porém, adapta-se melhor às zonas altas dos trópicos e às zonas temperadas, podendo ser cultivado nos trópicos úmidos, semiáridos e até mesmo em regiões de clima frio, com período vegetativo que pode variar de menos de 70 a mais de 200 dias (Schoonhoven e Voysest, 1991).

O feijão comum apresenta o fenômeno de heterofilia, caracterizado pela formação de dois tipos de folhas durante a sua ontogênese: folhas simples e folhas compostas (Santos et al., 2015). As folhas simples são as duas primeiras a serem formadas; aparecem no segundo nó do caule e são formadas dentro da semente durante a embriogênese. (Santos et al., 2015). As folhas compostas possuem estípulas, pecíolo, raque, pulvinulos e lâmina foliar compostas (Santos et al., 2015). São folhas trifoliadas alternas; a inflorescência é um racemo que pode ser axilar ou terminal (Silva, 2005). As plantas são classificadas, basicamente, de acordo com o hábito de crescimento, em determinadas e indeterminadas. O hábito de crescimento

é definido pelo crescimento do caule e florescimento da planta, entre outras características.

As plantas de hábito de crescimento determinado desenvolvem inflorescência no ápice do caule e dos ramos laterais, apresentam número limitado de nós, e o florescimento ocorre do ápice para a base da planta. Nas plantas de hábito de crescimento indeterminado, os meristemas apicais do caule e dos ramos laterais continuam vegetativos durante o florescimento, que ocorre da base para o ápice da planta, e as inflorescências se desenvolvem nas axilas das folhas (Silva, 2005).

Os hábitos de crescimento podem ser classificados em quatro tipos principais: tipo I, caracteriza-se por apresentar hastes principal e laterais (geralmente fortes e eretas, terminando com a formação de uma inflorescência, o que impede o crescimento da planta. Além disso, o florescimento é uniforme e por um período curto (Santos et al., 2015). O número de entrenós é pequeno (geralmente de 5 a 10) e curto; tipo II, as plantas são fortes e eretas e terminam com uma pequena guia na haste principal. Portanto, apresenta crescimento da gema vegetativa, ao contrário dos ramos laterais que não apresentam guias. O número de entrenós é maior do que no tipo I (crescimento determinado), em geral maior que 12. O fotoperíodo de florescimento é mais prolongado do que no tipo I (crescimento determinado), sendo que a planta apresenta pouco crescimento durante e após o florescimento; tipo III, apresenta vários ramos prostrados ou semi-prostrados. O número de nós e o tamanho dos entrenós são grandes (maior que os tipos I e II). A haste principal e os ramos laterais terminam com uma guia; tipo IV, possui vários entrenós em suas hastes (até 30) (Santos et al., 2015). Apresenta pequeno desenvolvimento dos ramos laterais, devido à grande dominância apical da haste principal. O período de florescimento é muito longo, quando comparado aos demais hábitos de crescimento, exibindo vários estádios de desenvolvimento do florescimento e de formação da vagem (Santos e Gavilanes, 1998; Santos et al., 2015).

Com relação ao porte da planta, este pode ser ereto, quando o caule possui posição vertical e o ângulo formado com os ramos é inferior a 90° semi-ereto, o caule mantém a posição vertical, porém o ângulo ultrapassa os 90° e prostrado, o caule apresenta-se inclinado, tendendo a prostrar-se sobre o solo, e o ângulo formado pelo caule, e os ramos atinge aproximadamente 120° (Silva, 2005).

A flor é do tipo papilionácea, apresenta cálice gamossépalo e campanulado, corola composta por cinco pétalas: uma mais externa e maior, denominada estandarte; duas laterais menores, chamadas asas; e duas inferiores, fusionadas, denominadas quilha. A disposição de seus órgãos reprodutores favorece a autofecundação; as anteras são deicentes e estão situadas no mesmo nível do estigma e envolvidas completamente pela quilha; a polinização ocorre no momento ou pouco antes da antese, o que caracteriza a cleistogamia na espécie (Santos e Gavilanes, 1998; Santos et al., 2015). Apesar de ser uma espécie autógama, pode apresentar taxa de fecundação cruzada aproximadamente de 5%, e dependendo de fatores como umidade ambiental, temperatura, distância de semeadura entre as cultivares, coincidência e duração do período de florescimento, atividade de insetos polinizadores e tamanho de flor, pode atingir valores mais elevados (Marques Júnior e Ramalho, 1995). Em relação à cor, a flor pode ser branca, rosa ou violeta, uniforme para toda a corola ou desuniforme, apresentando estandarte e asas com diferente coloração ou intensidade de cor (Silva, 2005; Santos et al., 2015).

O fruto é um legume denominado vagem, constituído de duas valvas unidas por duas suturas. A semente do feijoeiro é exalbuminosa, ou seja, sem albume. O tegumento das sementes apresenta ampla diversidade de cores, variando do preto ao branco, bege, amarelo, marrom, vermelho, róseo, podendo ter coloração uniforme ou apresentar estrias, manchas ou pontuações; e ser opaco, brilhoso ou de brilho intermediário; com presença ou ausência de halo (Debouck, 1991; Santos e Gavilanes, 1998; Santos et al., 2015).

2.3. Origem e domesticação do feijão comum

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma das culturas mais antigas do mundo, apresenta diversos métodos de cultivo, alta adaptabilidade ambiental e elevada variabilidade morfológica (Gepts, 1998; Broughton et al., 2003).

O gênero *Phaseolus* compreende mais de 100 espécies, onde somente cinco possuem importância para o consumo humano: o feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.), o feijão Ayocote (*Phaseolus coccineus* L.), o feijão de lima (*Phaseolus lunatus* L.); o feijão tepari (*Phaseolus acutifolius*) e *Phaseolus polyanthus* (Debouck, 1999). O gênero *Phaseolus* é membro da tribo Phaseoleae, que também inclui o feijão caupi, feijão guandu e soja (Lavin et al., 2005). A tribo Phaseoleae faz parte do

clado “Phaseoloid-Millettoid”, que divergiram a cerca de 45 a 50 milhões de anos atrás do clado “Hologalegina”, que inclui culturas com legumes predominantemente de clima temperado como a ervilha, alfafa, grão de bico e lentilha (Lavin et al., 2005; Stefanovič et al., 2009).

O estudo de sintenia tem como objetivo analisar a relação entre o genoma de duas espécies, e tem sido muito utilizado na cultura do feijão comum. A presença de sintenia entre o gênero *Phaseolus* e outras leguminosas está negativamente correlacionada à distância filogenética, sendo que, os níveis mais elevados de sintenia são observados com o gênero *Vigna* (feijão-frade e feijão mungo), seguido da soja, e mais distante está o clado “Hologalegina” (Gepts et al., 2008).

Estudos de sintenia entre o feijão comum e a soja revelam que as duas espécies divergiram há mais de 19 milhões de anos (Lavin et al., 2005; Stefanovič et al., 2009). Análises moleculares utilizando marcadores RFLP revelaram que sequências do genoma do feijão comum e da soja possuem elevado grau de homologia. As evidências sugerem que a soja passou por um grande processo de duplicação dos cromossomos, seguido por rearranjos, baseado no fato de que as sequências sintênicas possuem uma cópia no genoma do feijão comum e duas cópias no genoma da soja, sugerindo que o feijão comum é a espécie diploide ($2n = 2x = 22$), modelo para a soja (McClellan et al., 2010).

Estudos baseados em isoenzimas (Singh et al., 1991), proteínas de sementes (Gepts e Bliss, 1986), características morfológicas (Durán et al., 2005), e marcadores de DNA (Blair et al., 2009) comprovaram a existência de dois centros de origem geograficamente diferentes para o feijão comum cultivado: Mesoamericano e Andino (Gepts et al., 1986). As estimativas apontam que a diferenciação do feijão comum silvestre ocorreu a aproximadamente 165.000 anos atrás (Schmutz et al., 2014).

O *pool* gênico Mesoamericano inclui genótipos de sementes pequenas, e se refere aos genótipos oriundos da região Norte do México até a Colômbia, enquanto os genótipos Andinos possuem seu centro de origem distribuído do Sul do Peru ao Noroeste da Argentina, e são caracterizados por genótipos com sementes grandes (Gepts et al., 1986).

Enquanto apenas dois *pools* gênicos são organizados nas populações domesticadas ou cultivadas de feijão comum, a estrutura populacional do feijão

comum silvestre pode ser mais complexa. O feijão comum silvestre é endêmico ao longo do Norte do México a Noroeste da Argentina, em altitudes variando de 500 a 2.000, e precipitações pluviais de 500 a 1800 mm (Gepts, 1998). Segundo o mesmo autor, diferenças foram encontradas em características morfológicas e moleculares entre as populações dos dois extremos destas localizações geográficas, o que levou à conclusão da existência de dois *pools* gênicos para os feijões comuns silvestres, o Andino e o Mesoamericano.

Posteriormente, estudos com análise de proteínas de sementes de populações silvestres de feijão comum distribuídas no Norte do Peru e Equador mostraram que aquelas populações são diferentes daquelas encontradas nos *pools* gênicos Mesoamericanos e Andinos (Debouck et al., 1993), pois estas populações possuem padrão de faseolina tipo I, não encontrados em outros grupos (Kami et al., 1995). Tal fato sugere que um terceiro *pool* gênico está presente entre os ancestrais silvestres do feijão comum, o que corrobora com os resultados encontrados por Bitocchi et al. (2012).

A existência dos dois maiores *pools* gênicos cultivados, Mesoamericano e Andino, proporciona desafios e oportunidades para os melhoristas do feijão comum, pois eventos de recombinação entre genótipos dos dois *pools* gênicos podem promover novas recombinações entre genes, uma vez que o isolamento reprodutivo e a reduzida performance nas progênieis pode ser superado (Gepts et al., 1986; Gepts e Bliss, 1988). Por outro lado, verificam-se problemas como o baixo vigor das progênieis resultantes do cruzamento natural entre cultivares Andinas e Mesoamericanas, o que é resultado da interação entre dois genes semi-dominantes complementares, o DL₁ e o DL₂, de origem Mesoamericana e Andina, respectivamente (Koinange e Gepts, 1992; Hannah et al., 2000).

A existência de duas populações distintas, geográfica e morfológicamente, levou ao surgimento da questão de onde a domesticação do feijão comum ocorreu (Gepts e Bliss, 1986). Antes da domesticação, o *P. vulgaris* silvestres já havia divergido em dois *pools* gênicos (Gepts, 1998), sugerindo que a existência dos *pools* gênicos do feijão comum cultivado reflete os múltiplos eventos da domesticação independentes (Gepts e Bliss, 1986; Gepts, 1998).

Trabalhos recentes de Bitocchi et al. (2012) sugerem que a origem do feijão comum é Mesoamericana, provavelmente localizado na parte central do México.

Baseados em dados de diversidade de nucleotídeos de diferentes genes de acessos silvestres representativos de cada *pool* gênico, foi possível verificar que os genótipos Andinos foram resultados do evento de migração das populações silvestres mesoamericanas, e que o evento da domesticação ocorreu somente depois, separadamente para cada um dos *pools* gênicos. Além disso, a partir da análise de estrutura de população, houve uma forte indicação da ocorrência de bottleneck antes da domesticação nos Andes.

A domesticação de plantas e animais propiciou modificações em suas características, de modo que as atuais espécies domesticadas são diferenciadas dos antecessores, pela seleção de características morfológicas e fisiológicas, e essas mudanças são chamadas de Síndrome da Domesticação (Koinange et al., 1996). Não é bem definido quando a síndrome da domesticação ocorreu no feijão comum, mas provavelmente o evento ocorreu cerca de cinco a sete mil anos atrás (Broughton et al., 2003).

A distribuição dos genes da síndrome da domesticação para o feijão comum foi concentrada em três regiões genômicas com maior efeito, os quais afetam fortemente características importantes para determinar a adaptação ao ambiente onde as plantas se desenvolvem como hábito de crescimento e fenologia, a dispersão e dormência, e a dimensão do fruto e semente (Koinange et al., 1996). Os caracteres foram importantes na fase de domesticação do feijão comum, e continuam a desempenhar papel na aceitação do agricultor e do consumidor (Gepts et al., 2008).

2.4. Antracnose no feijão comum

A antracnose do feijão comum, causada pelo fungo *Colletotrichum lindemuthianum* (Sacc. e Magnus) Briosi e Cavara, é uma das doenças mais importantes do feijão comum, podendo causar perdas de rendimento em torno de 100% em cultivares suscetíveis e períodos prolongados de condições favoráveis ao desenvolvimento da doença (Melotto et al., 2000; Singh e Schwartz, 2010; Pria e Silva, 2010).

A doença afeta cultivares suscetíveis estabelecidas principalmente em regiões com temperaturas amenas (13 a 26°C), e que apresentam elevada umidade relativa (Pastor-Corrales et al., 1995; Pria e Silva, 2010). Temperaturas superiores a

25°C e inferiores a 18°C limitam tanto a infecção, quanto o desenvolvimento do fungo (Zaumeyer e Thomas, 1957; Schwartz et al., 2005). A eficiência na transmissão do patógeno *C. lindemuthianum* via sementes, e as perdas econômicas causadas pela antracnose, qualificam-na como a doença fúngica foliar mais grave do feijão comum (Rey et al., 2005).

A antracnose tem sido constatada em vários países da Europa, África, Austrália, Ásia e América (Broughton et al., 2003; Acosta-Gallegos et al., 2007). No Brasil, ela ocorre na maioria dos principais Estados produtores, tais como Rio Grande do Sul, Santa Catarina, Paraná, São Paulo, Minas Gerais, Bahia, Pernambuco, e em algumas regiões do Espírito Santo, Alagoas, Sergipe e Paraíba (Rava e Sartorato, 1994; Nunes et al., 2013).

O fungo causador da antracnose foi descrito, pela primeira vez, por Saccardo e Magnus, em 1878, como *Gloeosporium lindemuthianum*, com base em coletas feitas, por Lindemuth em Bonn na Alemanha (Zaumeyer e Thomas, 1957). Segundo Augustin e Costa (1971), Scribner em 1889, classificou definitivamente o fungo como sendo *Colletotrichum lindemuthianum*, pertencente à classe dos Deuteromicetos (fungos imperfeitos), ordem Melanconiales e família Melanconiaceae (Kimati, 1980).

O *C. lindemuthianum* apresenta duas fases reprodutivas, assexuada ou imperfeita e sexuada ou perfeita (Damasceno e Silva et al., 2007). Reproduz-se assexuadamente, produzindo conídios ou esporos assexuais em um corpo de frutificação que recebe o nome de acérvulo (Sutton, 1992). No estado sexual é conhecido como *Glomerella cingulata* f. (Stonem Spaulde e V. Schrenk) (Rava e Sartorato, 1994), e nesta fase, o fungo produz peritécio e ascos, dentro dos quais se originam os esporos, denominados de ascósporos (Kimati, 1980).

O *C. lindemuthianum* é um patógeno necrotrófico, que sobrevive de um ano agrícola para outro como micélio dormente no interior das sementes ou em restos culturais na forma de esporos (Schwartz et al., 2005; Terán et al., 2013). As sementes contaminadas externamente por conídios, ou internamente pelo micélio dormente, constituem a mais importante via de disseminação a longa distância (Kimati, 1980). Outras formas de disseminação do patógeno também podem ocorrer por meio de respingos de água de chuva ou de irrigação, de animais e do homem, durante os tratos culturais (Kimati, 1980).

Os sintomas da antracnose podem ser observados em todos os órgãos aéreos e em todos os estádios fenológicos do feijão comum (Kimati, 1980) (Figura 1). Segundo Zaumeyer e Thomas (1957), o *C. lindemuthianum* infecta as sementes e, ao atravessar o tegumento, produz desde uma leve descoloração até lesões nos tecidos cotiledonares, caracterizadas como cancos ligeiramente deprimidos e de tamanho variado. As sementes contaminadas são geralmente descoloridas, podendo apresentar cancos, cuja coloração varia de amarela, café-escuro à negra. Nas sementes que apresentam o tegumento preto, os sintomas são mais difíceis de serem observados (Schwartz e Pastor-Corrales, 1989).

Nas folhas, a formação de lesões necróticas de coloração marrom-escuro é inicialmente observada na face abaxial e nas nervuras primárias (Kimati, 1980). Estas lesões, ao se desenvolverem, dão origem a regiões cloróticas, fazendo com que as folhas se curvem para baixo, diminuindo a área foliar da planta (Figura 1). Além disso, as lesões produzidas no caule e nos pecíolos são alongadas, escuras e, às vezes, deprimidas, podendo também apresentar cancos (Kimati, 1980; Schwartz e Pastor-Corrales, 1989; Schwartz et al., 2005) (Figura 1).



Fonte: Nupagri, 2015.

Figura 1 - Sintomas da antracnose do feijão comum. A) Lesões na folha; B) Lesões no caule; C) lesões escuras nas vagens.

Os sintomas da antracnose são reconhecidos facilmente nas vagens onde as lesões são mais definidas (Rava e Sartorato, 1994) (Figura 1), uma vez que, quando as condições são favoráveis, as lesões podem coalescer e cobrir parcialmente as vagens, formando uma massa de esporos de coloração rosada no centro das lesões (Schwartz e Pastor-Corrales, 1989).

A diversidade genética do *C. lindemuthianum* é um dos principais fatores limitantes no controle da antracnose do feijoeiro comum (Ceolin et al., 2007). Um total de 247 raças de *C. lindemuthianum*, distribuídas por 28 países diferentes, foram

identificadas até o momento, e mais de 73 raças foram identificadas somente no Brasil (Nunes et al., 2013).

As raças *C. lindemuthianum* são identificadas utilizando um conjunto de 12 cultivares diferenciadoras para antracnose, conforme apresentado no Quadro 1, as quais são associadas a um conjunto binário para a denominação do nome de cada raça (Pastor-Corrales, 1991).

Quadro 1 - Relação das 12 cultivares diferenciadoras, número binário, pool gênico e genes de resistência à antracnose

Cultivares diferenciadoras	Número binário (2^{n-1})	Genes de resistência	Pool gênico
Michelite	1	<i>Co-11</i>	M
MDRK	2	<i>Co-1</i>	A
Perry Marrow	4	<i>Co-1³</i>	A
Cornell 49-242	8	<i>Co-2</i>	M
Widusa	16	<i>Co-1⁵</i>	A
Kaboon	32	<i>Co-1²</i>	A
México 222	64	<i>Co-3</i>	M
PI 207262	128	<i>Co-4³; Co-3^{3*}</i>	M
TO	256	<i>Co-4</i>	M
TU	512	<i>Co-5</i>	M
AB 136	1024	<i>Co-6</i>	M
G 2333	2048	<i>Co-4²; Co-5²; Co-3^{5*}</i>	M

MDRK: Michigan Dark Red Kidney; M: mesoamericano; A: andino; *genes renomeados.

Até o momento, já foram identificados 19 genes (Gonçalves-Vidigal et al., 2012), que conferem resistência à antracnose do feijão comum, sendo os mesmos designados pelo símbolo *Co*, seguidos por letras ou números. Estes genes e seus alelos são: *Co-1* (Burkholder, 1918; McRostie, 1919; Cárdenas et al., 1964), *Co-1²* (Melotto e Kelly, 2000), *Co-1³* (Melotto e Kelly, 2000), *Co-1⁴*, *Co-1⁴/Phg-1* (Alzate-Marin et al., 2003; Gonçalves-Vidigal et al., 2011), *Co-1⁵* (Gonçalves-Vidigal e Kelly, 2006), *Co-2* (Mastenbroek, 1960), *Co-3* (Bannerot et al., 1965), *Co-3²* (Fouilloux, 1976), *Co-3³* (Geffroy et al., 1999; Méndez-Vigo et al., 2005; Alzate-Marin et al., 2007; Rodríguez-Suárez et al., 2008; Geffroy et al., 2009; Campa et al., 2011), *Co-3⁴* (Gonçalves-Vidigal et al., 2013), *Co-3⁵* (Pastor-Corrales, et al., 1994; Young et al., 1998; Sousa et al., 2014), *Co-4* (Fouilloux, 1976; 1979), *Co-4²* (Young et al., 1998), *Co-4³* (Alzate-Marin et al., 2007), *Co-5* (Young e Kelly, 1996; Young et al., 1998), *Co-*

5² (Young e Kelly, 1996; Vallejo e Kelly, 2009; Sousa et al., 2014), Co-6 (Schwartz et al., 1982; Kelly e Young, 1996; Gonçalves-Vidigal et al., 1997; Vallejo e Kelly, 2009), Co-11 (Gonçalves-Vidigal et al., 2007), Co-12 (Gonçalves-Vidigal et al., 2008), Co-13 (Gonçalves-Vidigal et al., 2009; Lacanallo e Gonçalves-Vidigal, 2015), Co-14 (Gonçalves-Vidigal et al., 2012), Co-15 (Sousa et al., 2015), Co-u (Geffroy, 1997; Geffroy et al., 2008), Co-v (Geffroy, 1997), Co-w e Co-x (Geffroy, 1997; Geffroy et al., 2008), Co-y e Co-z (Geffroy et al., 1999).

No Quadro 2, observa-se que o *locus* Co-1, anteriormente denominado gene “A”, está presente na cultivar andina Michigan Dark Red Kidney (MDRK), e foi identificado por McRostie (1919). Por muito tempo foi considerado como a única fonte de resistência de origem andina (Kelly e Vallejo, 2004). Este gene está localizado no grupo de ligação Pv01 (Freyre et al., 1998; Kelly et al., 2003). Apresenta a série alélica: Co-1², presente na cultivar Kaboon (Melotto e Kelly, 2000); Co-1³, encontrado na cultivar Perry Marrow (PM) (Melotto e Kelly, 2000); Co-1⁴ (Alzate-Marin et al., 2003; Gonçalves-Vidigal et al., 2011) identificado na cultivar AND 277, sendo mapeado no cromossomo Pv01. Por sua vez, o alelo Co-1⁵ foi identificado na cultivar Widusa (Gonçalves-Vidigal e Kelly, 2006).

Campa et al. (2009), verificaram a existência de um segundo gene presente na cultivar Michigan Dark Red Kidney, sendo que este confere resistência às raças 449 e 1545 de *C. lindemuthianum*.

O *locus* Co-2, anteriormente denominado “Are”, está presente na cultivar diferenciadora mesoamericana Cornell 49-242 (Quadro 2). Foi primeiramente encontrado por Mastenbroek (1960). Este gene representa uma das maiores fontes de resistência à antracnose nas áreas tropicais, o qual foi mapeado no grupo de ligação Pv11 (Adam-Blondon et al., 1994; Freyre et al., 1998).

No Brasil, a cultivar Cornell 49-242 foi amplamente utilizada em programas de melhoramento para transferência do então gene “Are”, que integra o pedigree de muitas cultivares e linhagens desenvolvidas (Gonçalves-Vidigal et al., 1997).

O *locus* Co-3 descoberto por Bannerot (1965) foi encontrado na cultivar mesoamericana, México 222, fato que justifica a antiga denominação, “*Mexique 1*” (Quadro 2). Segundo Rodríguez-Suárez et al. (2008) esse gene está localizado no grupo de ligação Pv04 e apresenta a seguinte série alélica: Co-3² encontrado na cultivar México 227 (Fouilloux, 1979), Co-3³ presente nas cultivares BAT 93 e PI

207262 (Geffroy et al., 1999; Rodríguez-Suárez et al., 2008; Méndez- Vigo et al., 2005) e *Co-3*⁴ na cultivar Ouro Negro (Gonçalves-Vidigal et al., 2013). Sousa et al. (2014) verificaram que o gene *Co-7* (Pastor-Corrales et al., 1994; Young et al., 1998), presente em MSU 7-1 e em G 2333 é um alelo do *locus Co-3*, o qual passou a ser denominado como *Co-3*⁵. A cultivar diferenciadora G 2333, apresenta mais dois genes independentes (*Co-4*², *Co-5*²) (Young et al., 1998; Vallejo e Kelly, 2009); o *locus Co-4*, anteriormente denominado “*Mexique 2*”, foi descoberto em 1996, por Bannerot na cultivar TO (Fouilloux, 1976; 1979). Esse gene está localizado (Kelly et al., 2003) no grupo de ligação Pv08 (Freyre et al., 1998), e apresenta a seguinte série alélica: *Co-4*², encontrado nas cultivares SEL 1308 (Young et al., 1998; Kelly et al. 2003); Vallejo e Kelly (2009) e G 2333 (Young et al., 1998); *Co-4*³, presente na cultivar PI 207262 (Alzate-Marin et al., 2007).

O alelo *Co-4*² é reconhecido por ser uma excelente fonte de resistência ao *C. lindemuthianum*, uma vez que é capaz de controlar até 97% das raças já identificadas (Young et al., 1998).

O *locus Co-5*, anteriormente designado “*Mexique 3*”, foi descrito por Bannerot em 1969 (Fouilloux, 1976; 1979) estando presente nas cultivares diferenciadoras mesoamericanas TU e G 2333, e na linhagem SEL 1360 (Young et al., 1998); Vallejo e Kelly (2009) concluíram que o alelo presente na cultivar G 2333, bem como em SEL 1360 é um alelo diferente, designado *Co-5*² (Quadro 2). Em estudos posteriores, Sousa et al. (2014), também comprovaram a presença do alelo *Co-5*² em MSU 7-1, bem como evidenciaram a localização desse alelo no grupo de ligação Pv07.

O *locus Co-6* foi descoberto por Schwartz et al. (1982) e está presente na cultivar AB 136 (Gonçalves-Vidigal, 1994; Kelly et al., 2003) (Quadro 2). Esse gene está localizado (Kelly et al., 2003; Méndez-Vigo, 2002) no grupo de ligação Pv07 (Alzate-Marin et al., 1999). Dentre os genes de resistência identificados, o *locus co-8* é o único recessivo e está presente na cultivar mesoamericana AB136 (Alzate-Marin et al., 1997; 2001).

O *locus Co-11* foi identificado na cultivar diferenciadora Michelite (Gonçalves-Vidigal et al., 2007). Os *locus Co-12*, *Co-13*, *Co-14* e *Co-15* são de origem andina e estão presentes nas cultivares, Jalo Vermelho (Gonçalves-Vidigal et

al., 2008), Jalo Listras Pretas (Gonçalves-Vidigal et al., 2009), Pitanga (Gonçalves-Vidigal et al., 2012) e Corinthiano (Sousa et al., 2015), respectivamente (Quadro 2).

Quadro 2 - Genes, cultivares, *pool* gênico, grupo de ligação e autores relacionados a fontes de resistência ao *C. lindemuthianum* e grupo de ligação

Genes	Cultivares	Conjunto Gênico	GL	Referências
Co-1	Wells Red Kidney MDRK	A	Pv01 Pv01	Burkholder (1918); McRosite (1919); Cárdenas et al. (1964)
Co-1 ²	Kaboon	A	Pv01	Melotto e Kelly (2000)
Co-1 ³	Perry Marrow	A	Pv01	Melotto e Kelly (2000)
Co-1 ⁴	AND 277	A	Pv01	Alzate-Marin et al. (2003); Gonçalves-Vidigal et al. (2011)
Co-1 ⁵	Widusa	A	Pv01	Goncalves-Vidigal e Kelly (2006)
Co-2	Cornell 49-242	M	Pv11	Mastenbroek (1960)
Co-3	México 222	M	Pv04	Bannerot et al. (1965)
Co-3 ²	México 277	M	Pv04	Fouilloux (1976)
Co-3 ³	A 493, BAT 93	M	Pv04	Geffroy et al. (1999); Mendez-Vigo et al. (2005); Rodríguez-Suárez et al. (2008); Campa et al. (2011)
Co-3 ⁴	Ouro Negro	M	Pv04	Gonçalves-Vidigal et al. (2013)
Co-3 ⁵	MSU 7-1, H1	M	Pv04	Pastor-Corrales et al. (1994); Young et al. (1998); Sousa et al. (2014)
Co-4	TO	M	Pv08	Fouilloux (1976)
Co-4 ²	SEL 1308, G 2333	M	Pv08	Young et al. (1998)
Co-4 ³	PI 207262	M	Pv08	Alzate-Marin et al. (2007)
Co-5	TU	M	Pv07	Fouilloux (1976); Young et al. (1998); Alzate-Marin et al. (2007)
Co-5 ²	G 2333, SEL 1360	M	Pv07	Vallejo e Kelly (2009)
Co-6	Catrachita, AB 136	M	Pv07	Schwartz et al. (1982); Gonçalves-Vidigal et al., (1997); Kelly e Young (1996), Vallejo e Kelly (2009); Sousa et al. (2014)
Co-11	Michelite	M	*	Gonçalves-Vidigal et al. (2007)
Co-12	Jalo Vermelho	A	*	Gonçalves-Vidigal et al. (2008)
Co-13	Jalo Listras Pretas	A	Pv03	Gonçalves-Vidigal et al. (2009); Lacanallo e Gonçalves-Vidigal (2015).
Co-14	Pitanga	A	Pv01	Gonçalves-Vidigal et al. (2012; 2016)
Co-15	Corinthiano	M	Pv04	Sousa et al. (2015)
Co-16	Crioulo 159	M	Pv04	Coimbra-Gonçalves et al. (2016)
Co-u	BAT 93	M	Pv02	Geffroy et al. (2008)
Co-v	BAT 93	M	Pv07	Geffroy (1997)
Co-w	Jalo EEP558	A	Pv01	Geffroy (1997); Geffroy et al. (2008)
Co-x	Jalo EEP558	A	Pv01	Geffroy (1997); Geffroy et al. (2008)
Co-y	Jalo EEP558	M	Pv04	Geffroy et al. (1999)
Co-z	Jalo EEP558	M	Pv04	Geffroy et al. (1999)

A: Andino; GL: grupo de ligação; * Não identificados; M: Mesoamericano.

O *locus Co-16* está presente na cultivar mesoamericana Crioulo 159 (Coelho et al., 2013) (Quadro 2). Essa cultivar foi coletada no estado de Santa Catarina e apresenta um gene dominante independente dos anteriormente descritos.

Os *locus Co-w*, *Co-x*, *Co-y* e *Co-z* foram identificados na cultivar andina Jalo EEP 558 por Geffroy (1997) e Geffroy et al. (1999; 2008). Os *locus Co-u* e *Co-v* são fontes mesoamericanas de resistência à antracnose e estão presentes na cultivar BAT 93 (Geffroy, 1997) (Quadro 2).

Mais recentemente, novas fontes de resistência foram descritas nas landraces andinas Paloma, Amendoim Cavalo e Jalo Pintado 2 (Castro et al., 2014; Frias et al., 2014; Nanami et al., 2014).

2.5. Populações para o mapeamento genético

Diferentes tipos de populações podem ser utilizados para o mapeamento genético em plantas, cada uma apresentando suas particularidades, de acordo com o interesse do pesquisador. Dentre essas populações, podem ser citadas as populações de plantas da geração F_2 , populações derivadas por autofecundação da geração F_2 , populações de RIL's (*Recombinant Inbred Lines*), duplo-haploides (Schuster e Cruz, 2004; Sanglard et al., 2013) e população de NIL's (*Nearly Isogenic Lines*, ou Linhagens Quase Isogênicas) (Semagn et al., 2006; Silva et al., 2014).

O Quadro 3 apresenta os diferentes tipos de populações utilizadas no mapeamento genético, considerando as características, vantagens e desvantagens de cada tipo de população.

Entretanto, é extremamente importante que os genitores da população obtida sejam contrastantes para possibilitar a identificação de marcadores polimórficos e, assim, realizar a construção do mapa genético (Collard et al., 2005; Souza et al., 2013). Espécies de polinização cruzada quase sempre apresentam um maior nível de polimorfismo no DNA, quando comparadas com espécies endogâmicas. Uma vez identificados os marcadores polimórficos pela genotipagem dos genitores, toda a população pode ser, então, genotipada com esses marcadores (Collard et al., 2005).

As populações F_2 são obtidas por autofecundação das plantas F_1 , resultantes do cruzamento entre genitores homocigóticos e contrastantes, de tal forma que os marcadores codominantes segreguem na proporção de 1:2:1, e os

dominantes, na proporção de 3:1. Populações F_2 oriundas de pais heterozigóticas também podem ser analisadas, desde que os marcadores segreguem na proporção esperada (Schuster e Cruz, 2004).

Quadro 3 - Características de diferentes populações de mapeamento genético

Tipo população	Nº de gametas informativo/ indivíduo	Nº eventos de recombinação/ gameta	Nº de genótipos/ locus	Nº de necessidades para obtenção
Retrocruzamento	1	X	2	2
F_2	2	X	3	2
RIL's	1	2X	2	6-8
NIL's	1	X/2X	3/2	2/6
Duplo- haploides	1	X	2	2

Fonte: Adaptado de Schuster e Cruz (2004); Semagn et al. (2006); Pierre et al. (2011); Sanglard et al. (2013).

A desvantagem da população F_2 é o fato da replicação de progênies somente ser possível pela clonagem. A impossibilidade de replicação faz com que exista uma população para realizar as análises dos marcadores genéticos (Schuster e Cruz, 2004). Desse modo, não seria possível, por exemplo, o mapeamento de diferentes genes de resistência a doenças, em que fosse necessária a inoculação da população segregante com diferentes raças fisiológicas e diferentes patógenos. Também não seria possível a montagem de experimentos com repetições para a avaliação de características quantitativas complexas (muito influenciadas pelo ambiente) na população segregante (Schuster e Cruz, 2004; Sanglard et al., 2013).

As populações derivadas por autofecundação, a partir da geração F_2 (como F_3 , F_4 , etc.), possuem estrutura genética previsível, o que também facilita o seu uso para fins de mapeamento genético. Para isso, um mesmo número de plantas F_3 é obtido de cada planta F_2 ou um mesmo número de plantas F_4 é obtido de cada planta F_3 . Uma vez que estas populações geralmente já estão prontas nos programas de melhoramento, não há necessidade de produzir uma população especialmente destinada para fins de mapeamento. Este método apresenta as mesmas limitações das populações F_2 , pois cada planta da geração que está sendo analisada é genotipada e não há possibilidade de repetição do mesmo genótipo (Schuster e Cruz, 2004).

Na obtenção das RIL's, a partir de uma população F_2 , são realizadas sucessivas gerações de autofecundação a partir de plantas individuais em cada

geração, até que se obtenha um elevado grau de homozigose. Pelo método SSD (*Single Seed Descent*) (Brim, 1966; Sanglard et al., 2013), cada planta F_2 é avançada até F_3 , sendo, então, cada planta F_3 avançada até F_4 , repetindo-se o processo até a geração F_8 ou superior, momento esse em que são abertas as linhagens ou famílias – RIL's. Cada RIL é uma linhagem endogâmica recombinante, a qual representa uma planta F_2 , de tal forma que a variabilidade existente na população F_2 está representada nas RIL's, desde que um tamanho de população adequado tenha sido inicialmente utilizado e mantido (Sanglard et al., 2013; Souza et al., 2013).

Tendo em vista que as RIL's são formadas apenas por indivíduos homozigotos, essas podem ser multiplicadas e avaliadas com repetição e em ambientes diferentes, o que possibilita a obtenção de uma estimativa mais acurada para as características a serem mapeadas. No entanto, o uso deste tipo de população não permite a estimação de parâmetros associados ao grau de dominância dos loci mapeados (Schuster e Cruz, 2004).

De forma a obter-se populações de NIL's, realiza-se hibridação de indivíduos contrastantes para o caráter de interesse. Posteriormente, os indivíduos F_1 são retrocruzados sucessivamente com o genitor recorrente, até serem obtidas populações de plantas RC_nF_1 . Obtido o último retrocruzamento, as plantas RC_nF_1 são autofecundadas, comportando-se como população F_2 ou população de RIL's, de acordo com o número de gerações de autofecundação, segregando apenas para a característica de interesse (Martin et al., 1991; Mackill e Bonman, 1992; Semagn et al., 2006, Tinoco, et al., 2010).

A população de duplo-haploides somente pode ser usada em algumas espécies de plantas, as quais permitem a cultura de anteras (Pierre et al., 2011). A obtenção da população de duplo-haploides é feita através da regeneração de plantas a partir de microsporos (grãos de pólen imaturos) com um número haploide de cromossomos, sendo posteriormente feita a indução da duplicação cromossômica e obtenção de dois cromossomos homólogos idênticos (Pierre et al., 2011). Este fato faz com que a quantidade de informação recombinacional seja equivalente àquela disponível em populações de retrocruzamentos. Entretanto, os indivíduos duplo-haploides são completamente homozigotos e, assim, podem ser auto-polinizados para produzir grande número de progênies, as quais seriam geneticamente idênticas

(Pierre et al., 2011). Esta replicação de progênies permite a montagem de ensaios com repetições para a avaliação de fenótipos e, também, possibilita a distribuição de populações de duplo-haploides, idênticas para muitos pesquisadores, de modo que informações detalhadas sobre genótipos comuns possam ser acumuladas (Pierre et al., 2011).

2.6. RIL's de feijão comum

O primeiro mapa de ligação do feijão comum foi publicado pelo Lamprecht (1961), dando início aos trabalhos de mapeamento genético, os quais são realizados até hoje.

A principal população usada no mapeamento genético é composta por 75 RIL's, obtidas do cruzamento entre as cultivares BAT 93 (Mesoamericano) e Jalo EPP558 (Andino), sendo considerada como a população de referência (Nodari et al., 1993; Freyre et al., 1998; Sanglard, 2013). No entanto, esta população possui uma séria limitação, o seu tamanho reduzido, fato esse que compromete a acurácia das estimativas de recombinação e afeta a precisão do mapa genético obtido (Sanglard et al., 2013).

Visando contornar esse problema, a Embrapa Arroz e Feijão realizou novos cruzamentos entre genitores BAT 93 e Jalo EPP558, a fim de obter um maior número de RIL's para esse cruzamento, o que elevou o seu tamanho populacional para cerca de 200 linhagens (Barros e Souza, 2012). No entanto, outra séria limitação ainda permanece, a dificuldade de manutenção destas RIL's em virtude de sua baixa adaptação nas condições edafoclimáticas tropicais do Brasil (Barros e Souza, 2012). Desta forma, tem sido um grande desafio a multiplicação de sementes destas RIL's e de seus genitores (Barros e Souza, 2012; Sanglard et al., 2013).

O CIAT (Centro Internacional de Agricultura Tropical – Cali, Colômbia) desenvolveu uma população composta de 87 RIL's, oriundas do cruzamento entre DOR 346 e G 19833, também muito usadas em trabalhos de mapeamento genético. DOR 346 é uma cultivar de grãos vermelhos e pequenos, pertencente ao *pool* gênico Mesoamericano, recomendado para cultivo em vários países da América Central, dentre eles Costa Rica, El Salvador, Honduras e Nicarágua, enquanto que G 19833 é um acesso do Banco de Germoplasma do CIAT, de grãos vermelhos

amarelados e grandes, desenvolvidos no Peru, e pertence ao *pool* gênico Andino (Blair et al., 2003; Galeano et al., 2009; Sanglard et al., 2013).

Outra relevante população de mapeamento em feijão comum foi recentemente desenvolvida e publicada por Blair et al. (2012). Tal população é composta de 113 RIL's derivadas do cruzamento DOR 346 e BAT 447, sendo ambos os genitores pertencentes ao *pool* gênico mesoamericano. A linhagem BAT 447 é tolerante à seca e, desta forma, marcadores SSR, AFLP e RAPD foram usados para mapear QTL's associados a características inerentes ao déficit hídrico. Uma séria limitação dessa população é também o seu tamanho reduzido, comprometendo desta forma, a acurácia das estimativas de recombinação (Sanglard et al., 2013).

A obtenção de um mapa genético acurado é dependente de uma série de fatores, tais como o tamanho e tipo de população, a quantidade e o tipo de marcadores, a taxa de segregação de cada locus, a frequência de recombinação e o valor de LOD (*Logarithm of Odds*, ou logarimo da probabilidade) usado para detectar a ligação (Silva et al., 2007). Populações de 200, 300 e 500 RIL's são suficientes para a obtenção de mapas confiáveis com nível elevado de saturação do genoma (5 cM de distância entre marcas), médio (10 cM de distância média entre marcas) e baixo (20 cM de distância média entre as marcas), respectivamente (Silva et al., 2007).

Neste contexto, o Programa de Melhoramento do feijão da Universidade Federal de Viçosa (UFV), Minas Gerais, Brasil, desenvolveu uma população de RIL's composta por aproximadamente 393 linhagens derivadas do cruzamento entre Rudá e AND 277 que, atualmente, encontra-se na geração F₁₂.

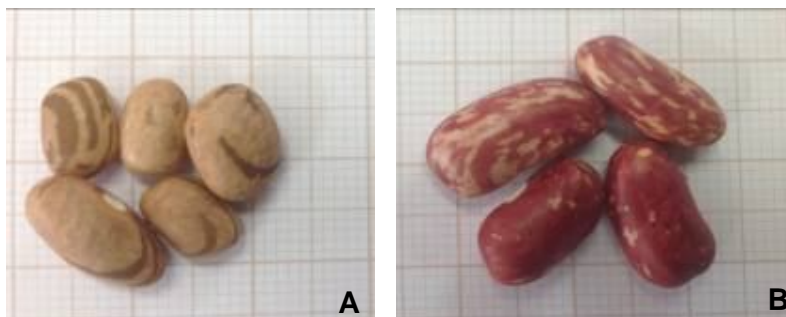
3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Local do experimento

O presente trabalho foi realizado no Núcleo de Pesquisa Aplicada à Agricultura (Nupagri), Universidade Estadual de Maringá (UEM), Maringá, Paraná, Brasil, no período de agosto de 2014 a outubro de 2015. Os experimentos foram conduzidos em casa de vegetação e no Laboratório de Melhoramento do Feijão Comum e Biologia Molecular do Nupagri.

3.2. Material genético

O material genético usado neste experimento foi, gentilmente, cedido pelo doutor Thiago Lívio Pessoa Oliveira de Souza, da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa) – Arroz e Feijão - da Cidade de Santo Antônio de Goiás, Goiás. O material consistiu de 395 genótipos, sendo 393 RIL's (UFV-RA-001 a UFV-RA-393) (Figura 1A) derivadas do cruzamento AND 277 × Rudá e os dois parentais AND 277 e Rudá (Figura 2).



Fonte: Nupagri, 2015.

Figura 2 - Genitores usados no desenvolvimento de RIL's: A) Rudá; B) AND 277.

As linhagens endogâmicas recombinantes (RIL's) foram desenvolvidas na Universidade Federal de Viçosa, utilizando o método SSD (*Single Seed Descent*) (Brim, 1966) e foi avançado até a geração F_{12} . Cada planta F_{12} obtida a partir de uma planta F_2 , foi considerada uma linhagem endogâmica recombinante (RIL) e suas sementes foram multiplicadas em casa de vegetação, para avaliar a segregação da resistência às raças 65 e 73 de *C. lindemuthianum* e características morfológicas.

A cultivar Rudá, de origem Mesoamericana, foi desenvolvida pelo CIAT do cruzamento entre as cultivares Carioca e Rio Tibagi, tendo sido introduzida no Brasil

como a linhagem A 285, pela Embrapa Arroz e Feijão (Ragagnin et al., 2003). Apresenta grãos do tipo carioca e pequenos, e é suscetível a várias raças de *Uromyces appendiculatus*, *Colletotrichum lindemuthianum* e *Pseudocercospora griseola*, agentes causais da ferrugem, antracnose e mancha angular no feijão comum, respectivamente (Ragagnin et al., 2003; Alzate-Marin et al., 2005).

A cultivar AND 277 {[Cargabello x (Pompadour x Linea 17)] x (Linea 17 x Red Cloud)} é uma importante fonte de resistência à mancha angular, pertencente ao *pool* gênico Andino, e foi desenvolvida pelo CIAT (Sanglard, 2010). Ela foi amplamente utilizada no desenvolvimento de diferentes isolinhas, tais como Pérola R, Rudá R e Rudá R1 (Arruda, 2005) e Rudá R3 (Sanglard, 2010). A piramidação de genes de resistência a doenças foi assistida por marcadores moleculares, no Programa de Melhoramento do feijão comum conduzido na UFV.

Estudos de caracterização genética da resistência de AND 277 a *P. griseola* permitiram a identificação de um gene que foi designado por *Phg-1* (Carvalho et al., 1998; Gonçalves-Vidigal et al., 2011). Por sua vez, o alelo *Co-1⁴* de resistência ao *C. lindemuthianum* foi identificado na cultivar AND 277 e mapeado no cromossomo Pv01 (Alzate-Marin et al., 2003; Gonçalves-Vidigal et al., 2011). Voysest (2000) apresenta a hipótese de uma origem Andina e Mesoamericana para AND 277, devido à compatibilidade de cruzamento existente entre essa linhagem e as cultivares Mesoamericanas.

A cultivar AND 277 é resistente às raças 7, 8, 9, 55, 64, 65, 71, 72, 73, 77, 81,87, 89, 453, 1609 e 2047 de *C. lindemuthianum*, enquanto que Rudá é suscetível a estas raças (Arruda, 2009; Souza et al., 2013).

3.3. Multiplicação de sementes

As sementes das linhagens utilizadas neste trabalho foram semeadas em vasos de polietileno (capacidade de 5 dm³), contendo 5 kg do substrato constituído de uma mistura à base de turfa (nome comercial Humusfértil®).

A adubação foi realizada de acordo com a recomendação para a cultura do feijão comum. Antes da semeadura, realizou-se a adubação de base, adicionando-se fertilizante mineral na formulação 04-14-08 (NPK), sendo a quantidade de 1,3 g vaso⁻¹. Posteriormente, em cobertura, foram realizadas adubações periódicas, a partir do aparecimento da primeira folha trifoliolada (estádio V₃).

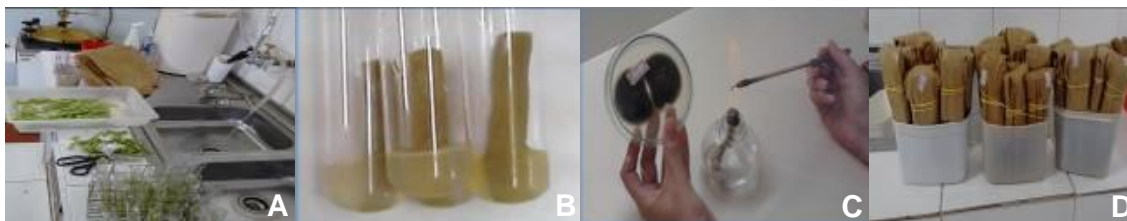
A adubação, realizada quinzenalmente, foi à base de Sulfato de Amônia ((NH₄)₂SO₄) e Cloreto de Potássio (KCl), na quantidade de 1,25 e 0,375 g, respectivamente, diluído em 0,05 L de água, para cada vaso, até que as plantas atingissem a fase de enchimento de vagens (estádio R₈).

3.4. Preparo do inóculo

As linhagens foram inoculadas com as raças 65 e 73 de *C. lindemuthianum*, ambas obtidas da micoteca do Nupagri. Os inóculos foram preparados no Laboratório de Melhoramento de Feijão Comum e de Biologia Molecular. Essas raças foram selecionadas, por causarem reações contrastantes nos parentais AND 277 e Rudá (Alzate-Marin et al., 2003).

O preparo do inóculo foi realizado segundo a metodologia proposta por Cárdenas et al. (1964), que consiste na multiplicação dos esporos do *C. lindemuthianum* em tubos de ensaio contendo vagens esterilizadas (autoclavadas 2 vezes por 20 minutos a 120°C) e parcialmente imersas em meio com ágar-água.

A repicagem do *C. lindemuthianum* nas vagens foi feita em ambiente de câmara de fluxo laminar (Telstar) previamente esterilizada, sendo que, em seguida, o material foi incubado em BOD (Biochemical Oxygen Demand) por 14 dias, sob a temperatura de 20°C (Figura 3).



Fonte: Nupagri, 2015.

Figura 3 - Repicagem: Metodologia de repicagem utilizada: A) preparo da vagem; B) Vagem autoclavada; C) Repicagem do fungo *C. lindemuthianum*; D) Vagens inoculadas.

3.5. Incubação e inoculação em laboratório

Nas avaliações em câmara de nevoeiro, as linhagens foram semeadas em bandejas plásticas contendo substratos à base de turfa. Em cada bandeja foram semeadas cerca de 10 RIL's para posterior inoculação com as raças 65 e 73 de *C. Lindemuthianum* (Figura 4).



Fonte: Nupagri, 2015.

Figura 4 - Semeadura de material vegetal para inoculação: A) Bandejas com substrato; B) Bandejas com plantas em estágio V₂.

Após o período necessário para o desenvolvimento do fungo, as vagens foram retiradas dos tubos com o auxílio de uma pinça esterilizada e colocadas em um bécker contendo água destilada autoclavada. Em seguida, a solução foi filtrada por meio de uma dupla camada de gaze, resultando, assim, em uma suspensão de esporos (Figura 5).

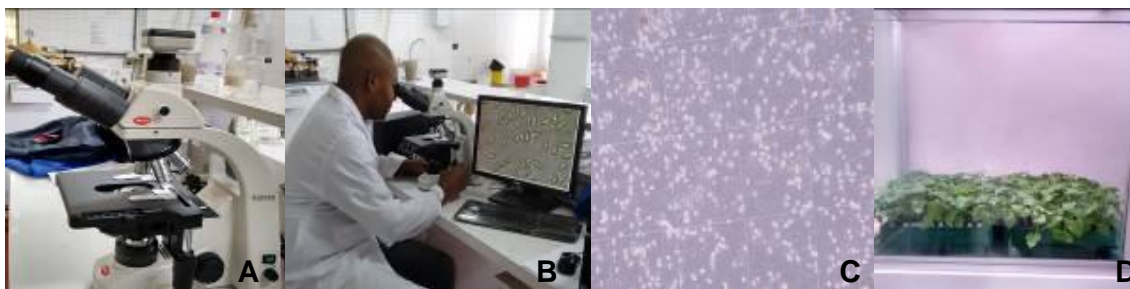


Fonte: Nupagri, 2015.

Figura 5 - Preparo de inóculo: A) Retirada de vagens; B) Filtração; C) Suspensão de esporos.

A contagem dos esporos em cada raça do patógeno foi efetuada com o auxílio do hematocitômetro (Câmara de Neubauer- Preciss) e microscópio biológico trinocular, marca Motic® - mod BA210. Após a contagem, em número de 5, a suspensão de esporos foi ajustada à concentração de $1,2 \times 10^6$ esporos mL⁻¹ de água destilada autoclavada. A inoculação da suspensão de esporos nas plantas seguiu a metodologia proposta por Cárdenas et al. (1964), utilizando um compressor de ar tipo De Vilbiss, número 15 (Figura 6).

As RIL's e genitores Rudá e AND 277 foram inoculados com as suspensões de esporos de cada raça (65 e 73), separadamente, para evitar contaminações. Simultaneamente, foram inoculadas as cultivares diferenciadoras para antracnose visando confirmar os fenótipos de virulência das raças em estudo (Pastor-Corrales, 1988; Mahuku e Riascos, 2004).



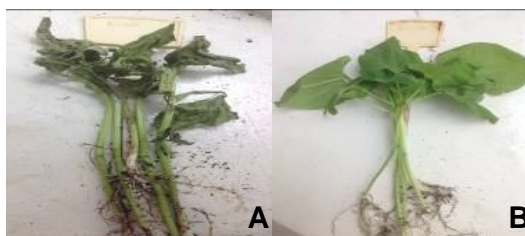
Fonte: Nupagri, 2015.

Figura 6 - Contagem de esporos: A) Microscópio biológico trinocular; B) Observação e contagem de esporos; C) Esporos na câmara de Neubauer-Precis; D) Plantas inoculadas em câmara de nevoeiro.

Após a inoculação, as plantas foram mantidas em câmara de nevoeiro por 72h, sob a temperatura de $20 \pm 2^{\circ}\text{C}$, com luminosidade controlada (12h de iluminação de 680 lux/12h de escuro). Decorrido o período de incubação, as bandejas contendo as plantas foram retiradas da câmara de nevoeiro e mantidas à temperatura de $20 \pm 2^{\circ}\text{C}$ e luz artificial, até a ocasião das avaliações.

3.6. Método de avaliação dos sintomas

As avaliações visuais dos sintomas em cada planta foram realizadas dez dias após a inoculação do patógeno (Figura 7).



Fonte: Nupagri, 2015.

Figura 7 - Reação de genitores de RIL's: A) Rudá – genitor suscetível; B) AND 277- genitor resistente.

As notas atribuídas a cada linhagem foram usadas para calcular o índice de patogenicidade de cada raça (IP), indicador que mede a capacidade do patógeno

causar doença e índice de resistência de cada linhagem (IR), indicador que mede a habilidade de uma planta permanecer sem infecção a uma doença (Balardin et al., 1997) usando as expressões:

$$IP = \frac{\text{Total de linhagens com notas de 4 a 9}}{\text{Total de linhagens avaliadas}} * 100\% \quad (\text{Índice de patogenicidade});$$

$$IR = \frac{\text{Total de linhagens com notas de 1 a 3}}{\text{Total de raças usadas}} * 100\% \quad (\text{Índice de resistência}).$$

Testes de χ^2 com auxílio de recurso computacional do Programa Genes (Cruz, 2013), foram feitos para testar a herança da resistência a cada uma das raças de *C. lindemuthianum*.

3.7. Análise de caracteres morfológicos

Os caracteres morfológicos foram escolhidos de acordo com as recomendações do Centro Internacional para os Recursos Genéticos Vegetais (IPGRI, 2001). Os seguintes caracteres morfológicos foram avaliados: hábito de crescimento, cor da flor, cor da semente, cor dos cotilédones e cor de listras da semente. Testes de χ^2 , com auxílio de recurso computacional do Programa Genes (Cruz, 2013), foram feitos para testar a herança de cada um dos caracteres.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Resposta das linhagens endogâmicas recombinantes quanto à reação às raças 65 e 73 de *C. lindemuthianum* e análise de segregação

Estudos da resistência genética da cultivar AND 277 utilizada como um dos genitores neste estudo, foram conduzidos por Alzate-Marin et al. (2003) e por Gonçalves-Vidigal et al. (2011), os quais revelaram herança monogênica em AND 277 para as raças 64, 65, 73, 81, 87, 89, 119 e 453 de *C. lindemuthianum* conferida pelo gene dominante *Co-1⁴*, mapeado no cromossomo Pv01.

Gonçalves-Vidigal et al. (2011) conduziram estudos de co-segregação famílias F_{2:3} derivadas do cruzamento AND 277 (R) × Ouro Negro (S), inoculando com a raça 2047 de *C. lindemuthianum* e raça 63-23 de *P. griseola*. Os autores observaram que os genes de resistência *Co-1⁴* ao *C. lindemuthianum* e *Phg-1* ao *P. griseola* presentes na cultivar AND 277, co-segregaram para resistência à raça 2047 e para a raça 63-23, evidenciando que estes dois genes são herdados juntamente. Os mesmos autores, realizando inoculações simultâneas com a raça 73 de *C. lindemuthianum* e com a raça 63-23 de *P. griseola* em indivíduos F₂ derivados do cruzamento AND 277 × Rudá, observaram que estes dois genes também co-segregaram para ambos patógenos.

As reações das linhagens endogâmicas recombinantes e de seus genitores AND 277 e Rudá as raças 65 e 73 de *C. lindemuthianum* são apresentadas no Quadro 5.

Um total de 393 RIL's derivadas do cruzamento AND 277 e Rudá foram testadas no presente trabalho. Os resultados revelaram a segregação observada de 202 plantas resistentes para 191 suscetíveis, quando inoculadas com a raça 65 e 73 de *C. lindemuthianum* ($\chi^2 = 0,307$; p = 0,579). Estas segregações ajustaram-se à razão monogênica de 1:1, evidenciando que as RIL's co-segregaram para ambas as raças inoculadas, indicando ser um único gene envolvido na resistência destas raças (Quadro 4).

A segregação de 1:1 (RR:SS) nas 393 RIL's às duas raças, indica que não houve distorção de segregação (alteração da estrutura genética) para esta característica, o que evidencia o potencial destas linhagens para o mapeamento genético de genes que condiciona resistência ao *Colletotrichum lindemuthianum*.

Quadro 4 - Teste de herança em populações de RIL's derivadas do cruzamento entre as cultivares de feijão comum Rudá x AND 277 utilizando as raças 65 e 73 de *Colletotrichum lindemuthianum*

Raças fisiológicas	Notas		Segregação observada		Segregação esperada		χ^2	p valor
	AND 277	Rudá	R ^a	S ^b	R	S		
Raça 65	1	5	202	191	1	1	0,307	0,579
Raça 73	1	6	203	190	1	1	0,430	0,512

^a = Resistente; ^b = Suscetível.

Por sua vez, Souza et al. (2013), estudando a reação dos genitores da população de RIL's derivadas do cruzamento Rudá x AND 277, observaram que o genitor AND 277 foi resistente às raças 8, 9, 64, 65, 71, 72, 73, 77, 81, 89, 453, 1609 e 2047, enquanto que Rudá foi suscetível à estas raças. Os autores concluíram que as reações diferenciais, apresentadas frente aos diferentes patógenos avaliados, corroboram o contraste fenotípico destes genitores para vários caracteres agrônômicos e morfológicos, revelando assim a possibilidade de mapeamento genético do gene de resistência à antracnose presente em AND 277.

Vale destacar que as 393 RIL's apresentaram similaridade no comportamento fenotípico, ou seja, as linhagens, que foram resistentes à raça 65, também apresentaram reação de resistência à raça 73. Similarmente, as plantas que foram suscetíveis à raça 65, também foram suscetíveis à raça 73. Exceto a linhagem 4 (UFV-RA004), que foi suscetível à raça 65 e resistente à raça 73. Estes resultados evidenciaram que um mesmo gene confere resistência a ambas as raças 65 e 73.

Estudos conduzidos por Faleiro et al. (2003), sobre caracterização de 154 RIL's e mapeamento de locos de características quantitativas associadas ao ciclo e ao rendimento do feijão comum, observaram que segregação de resistência de 154 RIL's derivadas do cruzamento entre Rudá e Ouro Negro à raça 73 é de herança monogênica.

Também foram realizadas observações quanto ao espectro de resistência das RIL's em relação às raças 65 e 73 de *C. lindemuthianum*. Os resultados obtidos evidenciam que o índice de resistência (IR) variou de 0,0 a 100% nas linhagens endogâmicas (RIL's) inoculadas.

De um total de 393 RIL's, observou-se que 203 foram resistentes às raças 65 e 73 de *C. lindemuthianum* e 190 foram suscetíveis, correspondendo a um índice de patogenicidade de 48, 35% (Quadro 5).

Quadro 5 - Reação de linhagens endogâmicas recombinantes às raças 65 e 73 de *C. lindemuthianum*, índices de resistência e de patogenicidade

Genótipo	Código	Raça 65		Raça 73		IR (%)
		Nota	Reação	Nota	Reação	
1	UFV-RA-001	1	R	2	R	100
2	UFV-RA-002	6	S	6	S	100
3	UFV-RA-003	4	S	6	S	0,0
4	UFV-RA-004	3	R	1	R	100
5	UFV-RA-005	1	R	1	R	100
6	UFV-RA-006	1	R	1	R	100
7	UFV-RA-007	1	R	1	R	100
8	UFV-RA-008	1	R	2	R	100
9	UFV-RA-009	7	S	6	S	0,0
10	UFV-RA-010	1	R	1	R	100
11	UFV-RA-011	1	R	1	R	100
12	UFV-RA-012	1	R	1	R	100
13	UFV-RA-013	5	S	5	S	0,0
14	UFV-RA-014	5	S	5	S	0,0
15	UFV-RA-015	5	S	5	S	0,0
16	UFV-RA-016	5	S	5	S	0,0
17	UFV-RA-017	1	R	1	R	100
18	UFV-RA-018	7	S	6	S	0,0
19	UFV-RA-019	1	R	1	R	100
20	UFV-RA-020	6	S	6	S	0,0
21	UFV-RA-021	1	R	1	R	100
22	UFV-RA-022	2	R	2	R	100
23	UFV-RA-023	5	S	6	S	0,0
24	UFV-RA-024	1	R	1	R	100
25	UFV-RA-025	1	R	1	R	100
26	UFV-RA-026	4	S	4	S	0,0
27	UFV-RA-027	1	R	1	R	100
28	UFV-RA-028	1	R	1	R	100
29	UFV-RA-029	5	S	5	S	0,0
30	UFV-RA-030	1	R	1	R	100
31	UFV-RA-031	1	R	1	R	100
32	UFV-RA-032	4	S	6	S	0,0
33	UFV-RA-033	2	R	1	R	100
34	UFV-RA-034	1	R	1	R	100
35	UFV-RA-035	1	R	1	R	100
36	UFV-RA-036	1	R	1	R	100
37	UFV-RA-037	4	S	5	S	0,0
38	UFV-RA-038	5	S	5	S	0,0
39	UFV-RA-039	1	R	1	R	100
40	UFV-RA-040	1	R	1	R	100
41	UFV-RA-041	1	R	1	R	100

Quadro 5, Cont.

Genótipo	Código	Raça 65		Raça 73		IR(%)
		Nota	reação	Nota	reação	
42	UFV-RA-042	1	R	1	R	100
43	UFV-RA-043	1	R	1	R	100
44	UFV-RA-044	1	R	1	R	100
45	UFV-RA-045	1	R	1	R	100
46	UFV-RA-046	5	S	5	S	0,0
47	UFV-RA-047	1	R	1	R	100
48	UFV-RA-048	1	R	1	R	100
49	UFV-RA-049	1	R	1	R	100
50	UFV-RA-050	4	S	4	S	0,0
51	UFV-RA-051	1	R	2	R	100
52	UFV-RA-052	4	S	4	S	0,0
53	UFV-RA-053	5	S	5	S	0,0
54	UFV-RA-054	1	R	1	R	100
55	UFV-RA-055	6	S	6	S	0,0
56	UFV-RA-056	1	R	1	R	100
57	UFV-RA-057	1	R	1	R	100
58	UFV-RA-058	1	R	1	R	100
59	UFV-RA-059	1	R	1	R	100
60	UFV-RA-060	1	R	1	R	100
61	UFV-RA-061	1	R	1	R	100
62	UFV-RA-062	1	R	1	R	100
63	UFV-RA-063	1	R	1	R	100
64	UFV-RA-064	1	R	1	R	100
65	UFV-RA-065	1	R	1	R	100
66	UFV-RA-066	1	R	1	R	100
67	UFV-RA-067	1	R	1	R	100
68	UFV-RA-068	1	R	1	R	100
69	UFV-RA-069	5	S	6	S	0,0
70	UFV-RA-070	1	R	1	R	100
71	UFV-RA-071	1	R	1	R	100
72	UFV-RA-072	1	R	1	R	100
73	UFV-RA-073	5	S	4	S	0,0
74	UFV-RA-074	1	R	1	R	100
75	UFV-RA-075	1	R	1	R	100
76	UFV-RA-076	1	R	1	R	100
77	UFV-RA-077	1	R	1	R	100
78	UFV-RA-078	6	S	5	S	0,0
79	UFV-RA-079	1	R	1	R	100
80	UFV-RA-080	1	R	1	R	100
81	UFV-RA-081	6	S	7	S	0,0
82	UFV-RA-082	6	S	5	S	0,0
83	UFV-RA-083	1	R	1	R	100
84	UFV-RA-084	6	S	5	S	0,0

Quadro 5, Cont.

Genótipo	Código	Raça 65		Raça 73		IR (%)
		Nota	Reação	Nota	Reação	
85	UFV-RA-085	5	S	4	S	0,0
86	UFV-RA-086	1	R	1	R	100
87	UFV-RA-087	1	R	1	R	100
88	UFV-RA-088	5	S	4	S	0,0
89	UFV-RA-089	1	R	1	R	100
90	UFV-RA-090	1	R	1	R	100
91	UFV-RA-091	1	R	1	R	100
92	UFV-RA-092	5	S	7	S	0,0
93	UFV-RA-093	6	S	5	S	0,0
94	UFV-RA-094	1	R	1	R	100
95	UFV-RA-095	1	R	1	R	100
96	UFV-RA-096	1	R	1	R	100
97	UFV-RA-097	1	R	2	R	100
98	UFV-RA-098	6	S	6	S	0,0
99	UFV-RA-099	1	R	1	R	100
100	UFV-RA-100	1	R	1	R	100
101	UFV-RA-101	4	S	4	S	0,0
102	UFV-RA-102	5	S	5	S	0,0
103	UFV-RA-103	5	S	5	S	0,0
104	UFV-RA-104	5	S	4	S	0,0
105	UFV-RA-105	5	S	4	S	0,0
106	UFV-RA-106	4	S	5	S	0,0
107	UFV-RA-107	6	S	6	S	0,0
108	UFV-RA-108	1	R	3	R	100
109	UFV-RA-109	5	S	6	S	0,0
110	UFV-RA-110	5	S	5	S	0,0
111	UFV-RA-111	5	S	5	S	0,0
112	UFV-RA-112	6	S	4	S	0,0
113	UFV-RA-113	1	R	1	R	100
114	UFV-RA-114	1	R	2	R	100
115	UFV-RA-115	6	S	6	S	0,0
116	UFV-RA-116	1	R	1	R	100
117	UFV-RA-117	5	S	7	S	0,0
118	UFV-RA-118	1	R	1	R	100
119	UFV-RA-119	7	S	7	S	0,0
120	UFV-RA-120	6	S	5	S	0,0
121	UFV-RA-121	1	R	1	R	100
122	UFV-RA-122	5	S	4	S	0,0
123	UFV-RA-123	1	R	1	R	100
124	UFV-RA-124	5	S	5	S	0,0
125	UFV-RA-125	1	R	1	R	100
126	UFV-RA-126	6	S	5	S	0,0
127	UFV-RA-127	1	R	1	R	100

Quadro 5, Cont.

Genótipo	Código	Raça 65		Raça 73		IR(%)
		Nota	Reação	Nota	Reação	
128	UFV-RA-128	1	R	1	R	100
129	UFV-RA-129	1	R	1	R	100
130	UFV-RA-130	6	S	7	S	0,0
131	UFV-RA-131	4	S	4	S	0,0
132	UFV-RA-132	1	R	1	R	100
133	UFV-RA-133	1	R	1	R	100
134	UFV-RA-134	4	S	5	S	0,0
135	UFV-RA-135	5	S	5	S	0,0
136	UFV-RA-136	1	R	2	R	100
137	UFV-RA-137	5	S	5	S	0,0
138	UFV-RA-138	1	R	1	R	100
139	UFV-RA-139	1	R	1	R	100
140	UFV-RA-140	5	S	5	S	0,0
141	UFV-RA-141	1	R	1	R	100
142	UFV-RA-142	7	S	6	S	0,0
143	UFV-RA-143	1	R	1	R	100
144	UFV-RA-144	1	R	1	R	100
145	UFV-RA-145	1	R	1	R	100
146	UFV-RA-146	7	S	7	S	0,0
147	UFV-RA-147	5	S	4	S	0,0
148	UFV-RA-148	5	S	6	S	0,0
149	UFV-RA-149	5	S	7	S	0,0
150	UFV-RA-150	1	R	1	R	100
151	UFV-RA-151	1	R	1	R	100
152	UFV-RA-152	1	R	1	R	100
153	UFV-RA-153	1	R	1	R	100
154	UFV-RA-154	4	S	4	S	0,0
155	UFV-RA-155	1	R	2	R	100
156	UFV-RA-156	5	S	5	S	0,0
157	UFV-RA-157	1	R	1	R	100
158	UFV-RA-158	5	S	5	S	0,0
159	UFV-RA-159	1	R	1	R	100
160	UFV-RA-160	6	S	5	S	0,0
161	UFV-RA-161	1	R	1	R	100
162	UFV-RA-162	4	S	4	S	0,0
163	UFV-RA-163	1	R	1	R	100
164	UFV-RA-164	1	R	1	R	100
165	UFV-RA-165	4	S	5	S	0,0
166	UFV-RA-166	5	S	4	S	0,0
167	UFV-RA-167	4	S	7	S	0,0
168	UFV-RA-168	1	R	1	R	100
169	UFV-RA-169	5	S	5	S	0,0
170	UFV-RA-170	6	S	6	S	0,0

Quadro 5, Cont.

Genótipo	Código	Raça 65		Raça 73		IR(%)
		Nota	Reação	Nota	Reação	
171	UFV-RA-171	1	R	1	R	100
172	UFV-RA-172	1	R	1	R	100
173	UFV-RA-173	8	S	6	S	0,0
174	UFV-RA-174	6	S	6	S	0,0
175	UFV-RA-175	1	R	1	R	100
176	UFV-RA-176	1	R	1	R	100
177	UFV-RA-177	6	S	6	S	0,0
178	UFV-RA-178	1	R	1	R	100
179	UFV-RA-179	4	S	6	S	0,0
180	UFV-RA-180	1	R	1	R	100
181	UFV-RA-181	1	R	1	R	100
182	UFV-RA-182	1	R	1	R	100
183	UFV-RA-183	1	R	1	R	100
184	UFV-RA-184	1	R	1	R	100
185	UFV-RA-185	5	S	6	S	0,0
186	UFV-RA-186	1	R	1	R	100
187	UFV-RA-187	1	R	1	R	100
188	UFV-RA-188	6	S	4	S	0,0
189	UFV-RA-189	1	R	1	R	100
190	UFV-RA-190	1	R	1	R	100
191	UFV-RA-191	1	R	1	R	100
192	UFV-RA-192	1	R	1	R	100
193	UFV-RA-193	1	R	1	R	100
194	UFV-RA-194	5	S	7	S	0,0
195	UFV-RA-195	5	S	5	S	0,0
196	UFV-RA-196	1	R	1	R	100
197	UFV-RA-197	1	R	1	R	100
198	UFV-RA-198	1	R	1	R	100
199	UFV-RA-199	2	R	2	R	100
200	UFV-RA-200	5	S	5	S	0,0
201	UFV-RA-201	4	S	4	S	0,0
202	UFV-RA-202	6	S	4	S	0,0
203	UFV-RA-203	6	S	4	S	0,0
204	UFV-RA-204	6	S	6	S	0,0
205	UFV-RA-205	7	S	7	S	0,0
206	UFV-RA-206	5	S	4	S	0,0
207	UFV-RA-207	1	R	1	R	100
208	UFV-RA-208	5	S	5	S	0,0
209	UFV-RA-209	1	R	1	R	100
210	UFV-RA-210	1	R	2	R	100
211	UFV-RA-211	1	R	1	R	100
212	UFV-RA-212	6	S	7	S	0,0
213	UFV-RA-213	4	S	6	S	0,0

Quadro 5, Cont.

Genótipo	Código	Raça 65		Raça 73		IR(%)
		Nota	Reação	Nota	Reação	
214	UFV-RA-214	1	R	1	R	100
215	UFV-RA-215	1	R	1	R	100
216	UFV-RA-216	1	R	3	R	100
217	UFV-RA-217	5	S	7	S	0,0
218	UFV-RA-218	4	S	6	S	0,0
219	UFV-RA-219	4	S	5	S	0,0
220	UFV-RA-220	5	S	5	S	0,0
221	UFV-RA-221	2	R	1	R	100
222	UFV-RA-222	6	S	4	S	0,0
223	UFV-RA-223	6	S	5	S	0,0
224	UFV-RA-224	1	R	1	R	100
225	UFV-RA-225	4	S	4	S	0,0
226	UFV-RA-226	1	R	1	R	100
227	UFV-RA-227	4	S	6	S	0,0
228	UFV-RA-228	1	R	2	R	100
229	UFV-RA-229	6	S	4	S	0,0
230	UFV-RA-230	5	S	5	S	0,0
231	UFV-RA-231	1	R	1	R	100
232	UFV-RA-232	4	S	4	S	0,0
233	UFV-RA-233	1	R	1	R	100
234	UFV-RA-234	1	R	1	R	100
235	UFV-RA-235	5	S	4	S	0,0
236	UFV-RA-236	5	S	6	S	0,0
237	UFV-RA-237	6	S	4	S	0,0
238	UFV-RA-238	1	R	1	R	100
239	UFV-RA-239	1	R	1	R	100
240	UFV-RA-240	4	S	5	S	0,0
241	UFV-RA-241	1	R	1	R	100
242	UFV-RA-242	4	S	6	S	0,0
243	UFV-RA-243	3	R	1	R	100
244	UFV-RA-244	1	R	3	R	100
245	UFV-RA-245	5	S	6	S	0,0
246	UFV-RA-246	5	S	5	S	0,0
247	UFV-RA-247	6	S	6	S	0,0
248	UFV-RA-248	1	R	1	R	100
249	UFV-RA-249	1	R	1	R	100
250	UFV-RA-250	1	R	1	R	100
251	UFV-RA-251	7	S	5	S	0,0
252	UFV-RA-252	6	S	5	S	0,0
253	UFV-RA-253	6	S	5	S	0,0
254	UFV-RA-254	1	R	1	R	100
255	UFV-RA-255	1	R	1	R	100
256	UFV-RA-256	5	S	7	S	0,0

Quadro 5, Cont.

Genótipo	Código	Raça 65		Raça 73		IR
		Nota	Reação	Nota	Reação	
257	UFV-RA-257	5	S	5	S	0,0
258	UFV-RA-258	5	S	6	S	0,0
259	UFV-RA-259	5	S	4	S	0,0
260	UFV-RA-260	4	S	7	S	0,0
261	UFV-RA-261	1	R	1	R	100
262	UFV-RA-262	1	R	1	R	100
263	UFV-RA-263	4	S	5	S	0,0
264	UFV-RA-264	1	R	1	R	100
265	UFV-RA-265	1	R	1	R	100
266	UFV-RA-266	6	S	7	S	0,0
267	UFV-RA-267	7	S	4	S	0,0
268	UFV-RA-268	2	R	1	R	100
269	UFV-RA-269	1	R	1	R	100
270	UFV-RA-270	6	S	6	S	0,0
271	UFV-RA-271	4	S	5	S	0,0
272	UFV-RA-272	5	S	5	S	0,0
273	UFV-RA-273	6	S	5	S	0,0
274	UFV-RA-274	1	R	1	R	100
275	UFV-RA-275	1	R	1	R	100
276	UFV-RA-276	5	S	6	S	0,0
277	UFV-RA-277	7	S	4	S	0,0
278	UFV-RA-278	5	S	6	S	0,0
279	UFV-RA-279	6	S	4	S	0,0
280	UFV-RA-280	1	R	1	R	100
281	UFV-RA-281	1	R	1	R	100
282	UFV-RA-282	6	S	8	S	0,0
283	UFV-RA-283	1	R	1	R	100
284	UFV-RA-284	4	S	4	S	0,0
285	UFV-RA-285	4	S	6	S	0,0
286	UFV-RA-286	6	S	4	S	0,0
287	UFV-RA-287	1	R	1	R	100
288	UFV-RA-288	5	S	6	S	0,0
289	UFV-RA-289	6	S	6	S	0,0
290	UFV-RA-290	1	R	1	R	100
291	UFV-RA-291	6	S	6	S	0,0
292	UFV-RA-292	6	S	5	S	0,0
293	UFV-RA-293	2	R	1	R	100
294	UFV-RA-294	4	S	4	S	0,0
295	UFV-RA-295	7	S	7	S	0,0
296	UFV-RA-296	1	R	1	R	100
297	UFV-RA-297	1	R	1	R	100
298	UFV-RA-298	4	S	4	S	0,0
299	UFV-RA-299	1	R	1	R	100

Quadro 5, Cont.

Genótipo	Código	Raça 65		Raça 73		IR(%)
		Nota	Reação	Nota	Reação	
300	UFV-RA-300	5	S	5	S	0,0
301	UFV-RA-301	4	S	4	S	0,0
302	UFV-RA-302	1	R	1	R	100
303	UFV-RA-303	6	S	5	S	0,0
304	UFV-RA-304	4	S	4	S	0,0
305	UFV-RA-305	1	R	1	R	100
306	UFV-RA-306	4	S	4	S	0,0
307	UFV-RA-307	5	S	6	S	0,0
308	UFV-RA-308	1	R	1	R	100
309	UFV-RA-309	1	R	1	R	100
310	UFV-RA-310	6	S	6	S	0,0
311	UFV-RA-311	1	R	1	R	100
312	UFV-RA-312	1	R	1	R	100
313	UFV-RA-313	1	R	1	R	100
314	UFV-RA-314	6	S	7	S	0,0
315	UFV-RA-315	8	S	7	S	0,0
316	UFV-RA-316	6	S	6	S	0,0
317	UFV-RA-317	1	R	2	R	100
318	UFV-RA-318	7	S	5	S	0,0
319	UFV-RA-319	1	R	1	R	100
320	UFV-RA-320	8	S	5	S	0,0
321	UFV-RA-321	1	R	1	R	100
322	UFV-RA-322	4	S	4	S	0,0
323	UFV-RA-323	4	S	6	S	0,0
324	UFV-RA-324	1	R	1	R	100
325	UFV-RA-325	4	S	6	S	0,0
326	UFV-RA-326	1	R	1	R	100
327	UFV-RA-327	6	S	5	S	0,0
328	UFV-RA-328	4	S	4	S	0,0
329	UFV-RA-329	4	S	7	S	0,0
330	UFV-RA-330	1	R	1	R	100
331	UFV-RA-331	5	S	7	S	0,0
332	UFV-RA-332	1	R	1	R	100
333	UFV-RA-333	1	R	1	R	100
334	UFV-RA-334	7	S	9	S	0,0
335	UFV-RA-335	2	R	1	R	100
336	UFV-RA-336	1	R	1	R	100
337	UFV-RA-337	6	S	5	S	0,0
338	UFV-RA-338	5	S	4	S	0,0
339	UFV-RA-339	1	R	1	R	100
340	UFV-RA-340	1	R	1	R	100
341	UFV-RA-341	6	S	6	S	0,0
342	UFV-RA-342	1	R	1	R	100

Quadro 5, Cont.

Genótipo	Código	Raça 65		Raça 73		IR(%)
		Nota	Reação	Nota	Reação	
343	UFV-RA-343	4	S	5	S	0,0
344	UFV-RA-344	4	S	4	S	0,0
345	UFV-RA-345	1	R	1	R	100
346	UFV-RA-346	1	R	1	R	100
347	UFV-RA-347	6	S	9	S	0,0
348	UFV-RA-348	1	R	3	R	100
349	UFV-RA-349	4	S	5	S	0,0
350	UFV-RA-350	6	S	6	S	0,0
351	UFV-RA-351	1	R	1	R	100
352	UFV-RA-352	1	R	1	R	100
353	UFV-RA-353	6	S	6	S	0,0
354	UFV-RA-354	6	S	7	S	0,0
355	UFV-RA-355	5	S	5	S	0,0
356	UFV-RA-356	5	S	6	S	0,0
357	UFV-RA-357	1	R	1	R	100
358	UFV-RA-358	6	S	6	S	0,0
359	UFV-RA-359	1	R	1	R	100
360	UFV-RA-360	4	S	4	S	0,0
361	UFV-RA-361	4	S	7	S	0,0
362	UFV-RA-362	1	R	1	R	100
363	UFV-RA-363	1	R	1	R	100
364	UFV-RA-364	6	S	4	S	0,0
365	UFV-RA-365	1	R	1	R	100
366	UFV-RA-366	4	S	7	S	0,0
367	UFV-RA-367	1	R	1	R	100
368	UFV-RA-368	6	S	7	S	0,0
369	UFV-RA-369	1	R	1	R	100
370	UFV-RA-370	4	S	4	S	0,0
371	UFV-RA-371	5	S	4	S	0,0
372	UFV-RA-372	4	S	4	S	0,0
373	UFV-RA-373	6	S	6	S	0,0
374	UFV-RA-374	1	R	1	R	100
375	UFV-RA-375	2	R	1	R	100
376	UFV-RA-376	4	S	4	S	0,0
377	UFV-RA-377	4	S	6	S	0,0
378	UFV-RA-378	1	R	1	R	100
379	UFV-RA-379	1	R	1	R	100
380	UFV-RA-380	5	S	4	S	0,0
381	UFV-RA-381	1	R	1	R	100
382	UFV-RA-382	1	R	1	R	100
383	UFV-RA-383	6	S	6	S	0,0
384	UFV-RA-384	6	S	6	S	0,0
385	UFV-RA-385	6	S	6	S	0,0

Quadro 5, Cont.

Genótipo	Código	Raça 65		Raça 73		IR(%)
		Nota	Reação	Nota	Reação	
386	UFV-RA-386	1	R	1	R	100
387	UFV-RA-387	5	S	6	S	0,0
388	UFV-RA-388	1	R	1	R	100
389	UFV-RA-389	6	S	6	S	0,0
390	UFV-RA-390	1	R	1	R	100
391	UFV-RA-391	5	S	5	S	0,0
392	UFV-RA-392	4	S	5	S	0,0
393	UFV-RA-393	5	S	5	S	0,0
Rudá	-	5	S	6	S	
AND 277	-	1	R	1	R	
IP (%)		48,35		48,35		

IR = Índice de Resistência; IP = Índice de Patogenicidade.

Valores elevados de índice de resistência implicam que a linhagem é resistente a um maior número de raças e valores elevados de índice de patogenicidade (IP) indicam que a raça em questão é capaz de ser patogênica a um maior número de linhagens (Balardin et al., 1997; Rodriguez-Guerra et al., 2006).

Estudos conduzidos por Del Rio et al. (2003), nos Estados Unidos, usando trinta cultivares de feijão comum, inoculando a raça 73, tiveram um índice de patogenicidade de 53,3%.

No Brasil, Antunes et al. (2003), inocularam 31 genótipos de feijão comum com a raça 73 e verificaram que 22 foram suscetíveis, com um índice de patogenicidade de 71%. No presente trabalho, este índice foi de 48,35% para ambas as raças 65 e 73 de *C. lindemuthianum*.

O Índice de Resistência de 100% qualifica as linhagens como fontes promissoras de resistência. Segundo Balardin e Pastor-Corrales (1990), quanto maior for o número de linhagens com resistência à antracnose, mais fácil será o manejo da doença, já que diminuiriam as chances de ocorrer interações de compatibilidade entre o patógeno e a linhagem.

As raças 65 e 73 de *C. lindemuthianum* foram utilizadas neste estudo, pela sua ampla ocorrência no mundo, havendo relatos nos seguintes países: Brasil, Honduras, México, Estados Unidos, Costa Rica, Guatemala, Porto Rico, Índia e Canadá (Nunes et al., 2013). No Brasil, ocorre com alta frequência nas regiões Central e Sul (Nunes et al., 2013).

4.2. Análise da segregação de caracteres morfológicos das 393 RIL's

A análise de segregação de caracteres morfológicos foi realizada considerando a hipótese monogênica 1R:1S, utilizando o teste χ^2 ($p < 0,05$). O Quadro 6 apresenta os caracteres hábito de crescimento e cor da flor, os quais apresentaram segregação de acordo com a hipótese monogênica (Quadro 6).

Quadro 6 – Análise da segregação de caracteres morfológicos nas 393 RIL's

Caracteres morfológicos	Fenótipo		Segregação observada	χ^2 *	p valor
	AND 277	Rudá			
Hábito de crescimento	Tipo I	Tipo II	199:194	0,063	0,80
Cor da flor	Rosa	Branca	200:193	0,125	0,72

* Hipótese monogênica testada.

De um total de 393 linhagens recombinantes, 199 apresentaram crescimento determinado tipo I ($\chi^2 = 0,063$; $p = 0,80$) e 194 exibiram crescimento indeterminado tipo II ($\chi^2 = 0,125$; $p = 0,72$), evidenciando que apenas um gene dominante está envolvido na manifestação do caráter indeterminado.

Outras pesquisas foram conduzidas por Faleiro et al. (2003), utilizando 154 linhagens endogâmicas recombinantes resultantes do cruzamento entre Ouro Negro e Rudá, tendo observado 77 indivíduos com hábito de crescimento do tipo IIIb e 76 com hábito de crescimento do tipo IIb, confirmando, deste modo, a hipótese monogênica deste caráter.

Pesquisas realizadas por Martins et al. (2014) sobre a validação de marcadores moleculares, ligados aos alelos que controlam o hábito de crescimento em feijão comum, confirmaram que o hábito de crescimento é governado por um gene dominante. Outros autores, como Park et al. (1999), Faleiro et al. (2003) e Pañeda et al. (2008), chegaram às mesmas conclusões.

Pesquisas conduzidas por Park et al. (1999) sobre marcadores moleculares ligados a genes específicos de resistência à ferrugem e hábito de crescimento indeterminado no feijão comum, analisaram o cruzamento entre as cultivares PC-50 (hábito determinado) × Chicara 83-109 (indeterminado) e observaram que a proporção ajustou-se a uma razão de 3:1, evidenciando que esta característica é governada por um único gene dominante.

Adicionalmente, em 2008, Pañeda e colaboradores, pesquisando sobre marcadores moleculares ligados ao gene *fin*, controlando hábito de crescimento, utilizaram na geração F₂ uma população resultante do cruzamento entre Andecha (*Fin*) x BRB 130 (*fin*), tendo resultado em 63 indivíduos com hábito de crescimento indeterminado e 14 indivíduos com hábito de crescimento determinado, confirmando, assim, que o hábito de crescimento é governado por um único gene.

O hábito de crescimento é um importante caráter que deve merecer uma atenção especial em programas de melhoramento genético do feijão comum, uma vez que proporciona a identificação e a seleção de plantas superiores, com amadurecimento rápido e uniforme, períodos curtos de inflorescência e com facilidade em manejo da cultura e colheita, características encontradas em cultivares com hábito de crescimento determinado.

Em relação à cor da flor, esta segregou-se mendelianamente ($\chi^2 = 0,063$; $p = 0,72$) na proporção esperada de 1:1, confirmando que este caráter é governado por um único gene. Outros autores, como Lamprecht (1939) e Campos et al. (2011) chegaram à mesma conclusão.

Estudos conduzidos por Campos et al. (2011), utilizando uma população de linhagens endogâmicas recombinantes, derivadas do cruzamento entre as cultivares de feijão comum IAC-UNA x CAL 143, observaram uma segregação mendeliana de 1:1 para cor de flor e tipo de curvatura da ponta de vagem, confirmando, desta maneira, que a cor da flor é governada por um único gene. Lamprecht (1939) chegou aos mesmos resultados e concluiu que o caráter cor de flor é controlado por locus V.

Por conseguinte, Faleiro et al. (2003), trabalhando com 154 linhagens endogâmicas recombinantes, analisaram o tipo de herança de flor e observaram cerca de 94 indivíduos de flor roxa e 57 indivíduos de flor branca ($\chi^2 = 9,07$; $p = 0,0026$). Para Faleiro et al. (2003) e Bassett (1991), a cor da flor é um caráter fortemente influenciado pelo epistasia e pleiotropia; por isso, não poderá ser associado a um cromossomo específico. Bassett (1991) publicou um mapa revisado do feijão comum, que incluía genes que controlam caracteres morfológicos e de pigmentação, tais como cor da flor e da semente.

Os caracteres cor da listra, cor da semente e cor do cotilédone apresentaram mais de duas classes fenotípicas; por isso, não segregaram de

acordo com a hipótese monogênica testada. Estudos conduzidos por Gepts e Debouk (1991) revelaram que mais de 18 genes estão envolvidos com a cor da semente, cor das listras e cor de tegumento, o que implica uma grande complexidade no estudo destes caracteres.

5. CONCLUSÕES

Os resultados obtidos permitiram as seguintes conclusões:

1. As análises genéticas revelaram que as linhagens endogâmicas recombinantes co-segregaram para ambas as raças de *Colletotrichum lindemuthianum*, evidenciando que o mesmo gene confere resistência à ambas as raças;
2. As linhagens endogâmicas recombinantes apresentaram índice de patogenicidade de 48,35% para as raças 65 e 73 de *C. lindemuthianum*;
3. A reação das RIL's às raças 65 e 73 de *Colletotrichum lindemuthianum*, bem como as características morfológicas hábito de crescimento e cor da flor, apresentaram herança monogênica, sendo governadas por apenas um gene;
4. As linhagens endogâmicas recombinantes oriundas do cruzamento AND 277 × Rudá, devido ao elevado tamanho, podem ser usadas no mapeamento de genes que controlam caracteres qualitativos e quantitativos e marcadores moleculares, apresentando, por isso, potencial para o desenvolvimento de um mapa consenso para feijão comum.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

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

ADAM-BLONDON, A. F.; SEVIGNAC, M.; DRON, M.; BANNEROT, H. A genetic map of common bean to localize specific resistance genes against anthracnose. **Genome**, 37:915-924, 1994.

ALZATE-MARIN, A.L.; BAIA, G.S.; PAULA JÚNIOR., T.J.; CARVALHO, G.A.; BARROS, E.G.; MOREIRA, M.A. Inheritance of anthracnose resistance in common bean differential cultivar AB 136. **Plant Disease**, 81:996-998, 1997.

ALZATE-MARIN, A.L.; MENARIM, H.; CARVALHO, G.A.; PAULA JUNIOR, T.J.; BARROS, E.G.; MOREIRA, M.A. Improved selection with newly identified RAPD markers linked to resistance gene to four pathotypes of *Colletotrichum lindemuthianum* in common bean. **Phytopathology**, 89:281-285, 1999.

ALZATE-MARIN, A.L.; COSTA, M.R.; SARTORATO, A.; RAVA, C.; BARROS, E.G.; MOREIRA, M.A. Use of markers as a tool to investigate the presence of disease resistance genes in common bean cultivars. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, 1:25-133, 2001.

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

ALZATE-MARIN, A.L.; CERVIGINI, G.D.L.; MOREIRA, M.A.; BARROS, E.G. Seleção assistida por marcadores moleculares visando ao desenvolvimento de plantas resistentes a doenças, com ênfase em feijoeiro e soja. **Fitopatologia Brasileira**, 30:333-342, 2005.

ALZATE-MARIN, A.L.; SOUZA, K.A; SILVA, M.G.M.; OLIVEIRA, E.J.; MOREIRA, M.A.; BARROS, E.G. Genetic characterization of anthracnose resistance genes *Co-4³* and *Co-9* in common bean cultivar tlalnepantla 64 (PI 207262). **Euphytica**, 154:1-8, 2007.

ANTUNES, I.F.; SANTIN, R.C.M., MASTRANTONIO, J.J.S.; CHOLLET, C.B.; LOPES, R.A.M.; CAMPOS, A.D.; SILVA, H.T. New sources of resistance, race identification and virulence and resistance indexes in anthracnose research. **Annual Report of Bean Improvement Cooperative**, 46:181-182. 2003.

ARRUDA, K.M.A. **Melhoramento genético de feijão tipo “carioca” com ênfase na piramidação de genes de resistência à antracnose**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2005. 77p. Dissertação de Mestrado (Fitotecnia).

ARRUDA, K.M.A. **Piramidação de genes de resistência à antracnose, ferrugem e mancha-angular e estudos de alelismos em feijão comum**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2009. 129p. Tese de Doutorado (Fitotecnia).

AUGUSTIN, E.; COSTA, J.G.C. Levantamento de duas raças fisiológicas de *Uromyces phaseoli* no Rio Grande do Sul e Santa Catarina em 1968 e 1969. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 6:109-113, 1971.

BALARDIN, R.S.; PASTOR-CORRALES, M.A. Reação de germoplasma de *Phaseolus vulgaris* a nove raças de *Colletotrichum lindemuthianum*. **Fitopatologia Brasileira**, 15:269-273, 1990.

BALARDIN, R.S.; JAROSZ, A.M.; KELLY, J.D. Virulence and molecular diversity in *Colletotrichum lindemuthianum* from South, Central and North America. **Phytopathology**, 87:1184-1191, 1997.

BANNEROT, H. Résultats de l'infection d'une collection de haricots par six races physiologiques d'antracnose. **Annual Amélior Plantes**, 15:201-222, 1965.

BARROS, E.G.; SOUZA, T.L.P.O. Biotecnologia aplicada à cultura do feijoeiro. In: CANÇADO, G.M.A.; SOARES, B.D.F. (eds.). **Biotecnologia aplicada à Agropecuária**. Caldas: Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais, 2012. 644p.

BASSETT, M.J. A revised linkage map of common bean. **HortScience**, 26:834-836, 1991.

BITOCCHI, E.; NANNI, L.; BELLUCCI, E.; ROSSI, M.; GIARDINI, A.; ZEULI, S.P.; LOGOZZO, G.; STOUGAARD, J.; MCCLEAN, P.; ATTENE, G.; PAPA, R. Mesoamerican origin of the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) is revealed by

sequence data. **Proceedings of the National Academy of Science**, 109:788-796, 2012.

BLAIR, M.W.; PEDRAZA, F.; BUENDIA, H.F.; SOLÍS, E.G.; BEEBE, S.E.; GEPTS, P.; THOME, J. Development of a genome-wide anchored microsatellite map for common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Theoretical and Applied Genetics**, 107:1362-1374, 2003.

BLAIR, M.W.; IRIARTE, G.; BEEBE, S. QTL analysis of yield traits in an advanced backcross population derived from a cultivated Andean x wild common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) cross. **Theoretical and Applied Genetics**, 112:1149-1163, 2006.

BLAIR, M.W.; ASTUDILLO, C.; GRUSAK, M.; GRAHAM, R.; BEEBE, S. Inheritance of seed iron and zinc content in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) **Molecular Breeding**, 23:197-207, 2009.

BLAIR, M.W.; GALEANO, C.H.; TOVAR, E.; TORRES, M.C.M.; CASTRLLÓN, A.V.; BEEBE, S.E.; RAO, I.M. Development of a Mesoamerican intra-gene pool genetic map for quantitative trait loci detection in a drought tolerant x susceptible common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) cross. **Molecular Breeding**, 29:71-88, 2012.

BLAIR, M.W.; BRONDANI, R.V.P.; DIAZ, L.M.; DEL PELOSO, M.J. Diversity and Population Structure of Common Bean from Brazil. **Crop Science**, 53:1983-1993, 2013.

BORÉM, A.; CARNEIRO, J.E.S. A cultura. In: CARNEIRO, J.E.S.; JÚNIOR, T.J.P.; BORÉM, A. **Feijão: do plantio à colheita**. Viçosa: UFV, 2015. p. 9-15.

BRIM, C.A. A modified pedigree method of selection in soybeans. **Crop Science**, 6:220-220, 1966.

BROUGHTON, W.J.; HERNANDEZ, G; BLAIR, M.W.; BEEBE, S.E.; GEPTS, P.; VANDERLEYDEN, J. Beans (*Phaseolus* spp.) model food legumes. **Plant Soil**, 252:55-128, 2003.

BURKHOLDER, W.H. The gamma strain of *Colletotrichum lindemuthianum* (Sacc. et Magn.) Bri. et Cav. **Phytopathology**, 13:316-323, 1918.

CAMPA, A.; GIRALDEZ, R.; FERREIRA, J.J. Genetic dissection of the resistance to nine anthracnose races in the common bean differential cultivars MDRK and TU. **Theoretical and Applied Genetics**, 119 :1-11, 2009.

CAMPA, A.; GIRALDEZ, R.; FERREIRA, J.J. Genetic Analysis of the Resistance to Eight Anthracnose Races in the Common Bean Differential Cultivar Kaboon. **Phytopathology**, 101:757-764, 2011.

CAMPOS, T.; OBLESSUE, P.R. SFORÇA, D.A.; CARDOSO, J.M.K.; BARONI, R.M.; SOUSA, A.C.B.; CARBONELL, S.A.M.; CHIORATTO, A.F; GARCIA, A.A.F.; RUBIANO, L.B.; SOUZA, A.P. Inheritance of growth habit detected by genetic linkage analysis using microsatellites in the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Molecular Breeding**, 27:549-560, 2011.

CÁRDENAS, F.; ADAMS, M.W.; ANDERSEN, A. The genetic system for reaction of field beans (*Phaseolus vulgaris* L.) to infection by three physiologic races of *Colletotrichum lindemuthianum*. **Euphytica**,13:178-186, 1964.

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

CASTRO, S.A.L.; GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; NANAMI, D.S.Y.; FRIAS, A.A.T.; FRANZON, R.C.; POLETINE, J.P.; LACANALLO, G.F.; GALVÁN, M.Z. Inheritance and allelic relationships of anthracnose resistance in common bean Paloma cultivar. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, 57:163-164, 2014.

CEOLIN, A.C.G.; GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; VIDIGAL FILHO, P.S.; KVITSCHAL, M.V.; GONELA, A.; SCAPIM, C.A. Genetic divergence of the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) group Carioca using morpho-agronomic traits by multivariate analysis. **Hereditas**, 144:1-9, 2007.

COELHO, R.T.; GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; VIDIGAL FILHO, P.S.; LACANALLO, G.F.; DARBEN, L.M.; SILVA, C.R.; SOUSA, L.L.; CRUZ, A.S. Characterization of the anthracnose resistance gene in the mesoamerican common bean cultivar Crioulo 159. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, 56: 43-44, 2013.

COIMBRA-GONÇALVES, G.K.; GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; COELHO, R.T.; VALENTINI, G.; VIDIGAL FILHO, P.S.; LACANALLO, G.F. et al. Characterization and mapping of anthracnose resistance genes in mesoamerican common bean cultivar Crioulo 159. **Crop Science**, 56:2904-2915, 2016.

COLLARD, B.C.Y.; JAHUFER, M.Z.Z.; BROUWER, J.B.; PANG, E.C.K. An introduction to markers, quantitative trait loci (QTL) mapping and marker assisted selection for crop improvement: the basic concept. **Euphytica**, 142:169-196, 2005.

CONAB. **Companhia Nacional de Abastecimento**. Acompanhamento de safra brasileira: grãos, primeiro levantamento, outubro 2015/Companhia Nacional de Abastecimento. Disponível em: <http://www.conab.gov.br>. Acesso em: 17, outubro, 2015.

CRUZ, C.D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**, 35:271-276, 2013.

CTSBF. **Comissão Técnica Sul-Brasileira de Feijão**. Informações técnicas para o cultivo do feijão na Região Sul Brasileira 2009. Florianópolis: Epagri, 2010, p.164-164.

DAMASCENO E SILVA, K.J.; SOUZA, E.A.; ISHIKAWA, F.H. Characterization of *Colletotrichum lindemuthianum* isolates from the State of Minas Gerais, Brazil. **Journal of Phytopathology**, 155:241-247, 2007.

DEBOUCK, D.G. Systematics and morphology. In: VAN SCHOONHOVEN, A.; VOYSEST, O. (eds.). **Common beans: research for crop improvement**, 1991. p. 55-118.

DEBOUCK, D.G.; TORO, O.; PAREDES, O.M.; JOHNSON, W.C.; GEPTS, P. Genetics diversity and ecological distribution of *Phaseolus vulgaris* in northwestern South America. **Economic Botany**, 47:408-423, 1993.

DEBOUCK, D.G. Diversity in Phaseolus species in relation to the common bean, In: S.P. Singh (ed.). **Common bean improvement in the twenty-first century**, 1999. p. 25-52.

DEL RIO, L.E.; LAMPPA, R.S.; GROSS, P.L. Characterization of the reaction of North Dakota dry bean cultivars to three races of *Colletotrichum lindemuthianum*. **Plant Disease**, 87:263-265, 2003.

DURÁN, N.; MARCATO, P.D.; ALVES, O.; SOUZA, G. Mechanistic aspects of biosynthesis of silver nanoparticles by several *Fusarium oxysporum* strains. **Journal of Nanotechnology**, 3:8, 2005.

FALEIRO F.G.; SCHUSTER, I.; RAGAGNIN, V.A.; CRUZ, C.D.; CORRÊA, R.X., MOREIRA, M.A.; BARROS, E.G. Caracterização de linhagens endogâmicas recombinantes e mapeamento de locos de características quantitativas associados ao ciclo e produtividade do feijoeiro-comum. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 38:1387-1397, 2003.

FAO. **Faostat database gateway**. Disponível em: <http://www.fao.org>. Acesso em 30, Outubro, 2015.

FARIA, L.C.; MELO, P.G.S.; PEREIRA, H.S.; DEL PELOSO, M.J.; BRÁS, A.J.B.P.; MOREIRA, J.A.A.; CARVALHO, H.W.L.; MELO, L.C. Genetic progress during 22 years of improvement of carioca-type common bean in Brazil. **Field Crops Research**, 142:68-74, 2013.

FOUILLoux, G.L. anthracnose du haricot (*Colletotrichum lindemuthianum* Sacc. et Magn.): Nouvelles sources de resistance et nouvelles races physiologiques. **Annual Amélior Plantes**, 26:443-453, 1976.

FOUILLoux, G. New races of bean anthracnose and consequences on our breeding programs. In: MARAITE, H.; MEYER, J.A. (eds.). INTERNATIONAL SYMPOSIUM ON DISEASES OF TROPICAL FOOD. Université Catholique de Louvain, 1979, Louvain la Neuve, Belgique, 1979. **Proceedings ...** Belgique: Université Catholique de Louvain, 1979. p.221-235.

FREYRE, R.; SKROCH, P.W.; GEFFROY, V.; ADAM-BLONDON, A.F.; SHIRMOHAMADALI, A.; JOHNSON, W.C.; LLACA, V.; NODARI, R.O.; PEREIRA, P.A.; TSAI, S.M.; TOHME, J.; DRON, M.; NIENHUIS, J.; VALLEJOS, C.E.; GEPTS, P. Towards an integrated linkage map of common bean. 4. Development of a core linkage map and alignment of RFLP maps. **Theoretical and Applied Genetics**, 97:847-856, 1998.

FRIAS, A.A.T.; CASTRO, S.A.L.; NANAMI, D.S.Y.; LACANALLO, G.F.; SOUZA, M.C.M.; GALVÁN, M.Z.; GONÇALVES-VIDIGAL, M.C. Genetic analysis of anthracnose resistance in Jalo Pintado 2 dry bean cultivar. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, 57:167-168, 2014.

GALEANO, C.H.; FERNÁNDEZ, A.C.; GÓMEZ, M.; BLAIR, M.W. Single strand conformation polymorphism based SNP and indel markers for genetic mapping and synteny analysis of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **BioMed Central**, 10:629, 2009.

GEFFROY, V. **Dissection génétique de la résistance à *Colletotrichum lindemuthianum*, agente de l' anthracnose, chez deux génotypes représentatifs des pools géniques de *Phaseolus vulgaris***. Paris, France: Institut National Agronomique Paris-Grignon, 1997. 263p. PhD thesis.

GEFFROY, V.; DELPHINE, S.; DE OLIVEIRA, J.C.F.; SEVIGNAC, M.; COHEN, S.; GEPTS, P.; NEEMA, C.; LANGIN, T.; DRON, M. Identification of an ancestral resistance gene cluster involved in the coevolution process between *Phaseolus vulgaris* and its fungal pathogen *Colletotrichum lindemuthianum*. **Molecular Plant-Microbe Interactions**, 12:774-784, 1999.

GEFFROY, V.; SÉVIGNAC, M.; BILLANT, P.; DRON, M.; LANGIN, T. Resistance to *Colletotrichum lindemuthianum* in *Phaseolus vulgaris*: a case study for mapping two independent genes. **Theoretical and Applied Genetics**, 116:407-415, 2008.

GEFFROY, V.; MACADRE, C.; DAVID, P.; PEDROSA-HARAND, A.; SEVIGNAC, M.; DAUGA, C.; LANGIN, T. Molecular analysis of a large subtelomeric Nucleotide-binding-Site-Leucine-Rich-Repeat family in two representative genotypes of the major gene pools of *Phaseolus vulgaris*. **Genetics**, 181:405-419, 2009.

GEPTS, P.; BLISS, F.A. Phaseolin variability among wild and cultivated common beans (*Phaseolus vulgaris*) from Colombia. **Economic Botany**, 40:469-478, 1986.

GEPTS, P.; OSBORN, T.C.; RASHKA, K.; BLISS, F.A. Phaseolin protein variability in wild forms and landraces of the common bean (*Phaseolus vulgaris*): Evidence for multiple centers of domestication. **Economic Botany**, 40:451-468, 1986.

GEPTS P.; BLISS, F.A. Dissemination pathways of common bean (*Phaseolus vulgaris*, Fabaceae) deduced from phaseolin electrophoretic variability. II. Europe and Africa. **Economic Botany**, 42:86-104, 1988.

GEPTS P.; DEBOUCK D.G. Origin, domestication, and evolution of the common bean, *Phaseolus vulgaris*. In: VOYSEST, O.; VAN SCHOONHOVEN, A. (eds.). **Common beans: research for crop improvement**, 1991. p. 7-53.

GEPTS, P.; NODARI, R.; TSAI, R.; KOINANGE, E.M.K.; LLACA, V.; GILBERTSON, R.; GUZMÁN, P. Linkage mapping in common bean. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, 36:24-38, 1993.

GEPTS, P. Origin and evolution of common bean: past events and recent trends. **HortScience**, 33:1124-1130, 1998.

GEPTS, P.; BEAVIS, W.D.; BRUMMER, E.C.; SHOEMAKER, R.C.; STALKER, H.T.; WEEDEN, N.F.; YOUNG, N.D. Legumes as a model plant family. Genomic for food and feed report of the cross-legume advances through genomic conference. **Plant Physiology**, 137:1228-1235, 2005.

GEPTS, P.; ARAGÃO, F.J.L.; BARROS, E.; BLAIR, M.W.; BRONDANI, R.; BROUGHTON, W.; GALASSO, I.; HERNÁNDEZ, G.; KAMI, J.; LARIGUET, P.; McCLEAN, P.; MELOTTO, M.; MIKLAS, P.; PAULS, P.; HARAND, A. P.; PORCH, T.; SÁNCHEZ, F.; SPARVOLI, F.; YU, K. Genomics of *Phaseolus* beans, a major source of dietary protein and micronutrients in the tropics. In: MOORE, P.H.; MING, R. (eds.). **Genomics of tropical crop plants**. 2008. p. 113-114.

GONÇALVES-VIDIGAL, M.C. **Herança da resistência às raças alfa, delta e capa de *Colletotrichum lindemuthianum* (Sacc. & Magn.) Scrib. no feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.)**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 1994. 52p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento).

GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; CARDOSO, A.A.; VIEIRA, C.; SARAIVA, L.S. Inheritance of anthracnose resistance in common bean genotypes PI 207262 and AB 136. **Brazilian Journal of Genetics**, 20:59-62, 1997.

GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; KELLY, J.D. Inheritance of anthracnose resistance in the common bean cultivar Widusa. **Euphytica**, 151:411-419, 2006.

GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; SILVA, C.R.; VIDIGAL FILHO, P.S.; GONELA, A.; KVITSCHAL, M.V. Allelic relationships of anthracnose (*Colletotrichum lindemuthianum*) resistance in the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) cultivar Michelite and the proposal of a new anthracnose resistance gene, *Co-11*. **Genetics and Molecular Biology**, 30:589-593, 2007.

GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; LACANALLO, G.F.; VIDIGAL FILHO, P.S. A new gene conferring resistance to anthracnose in andean common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) cultivar Jalo Vermelho. **Plant Breeding**, 127:592-596, 2008a.

GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; VIDIGAL FILHO, P.S.; MEDEIROS A.F.; PASTOR-CORRALES, M.A. Common bean landrace Jalo Listras Pretas is the source of a new andean anthracnose resistance gene. **Crop Science**, 49:133-138, 2009a.

GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; CRUZ, A.S.; GARCIA, A.; KAMI, J.; VIDIGAL FILHO, P.S.; SOUSA, L.L.; McCLEAN, P.; GEPTS, P.; PASTOR-CORRALES, M.A. Linkage mapping of the *Phg-1* and *Co-1⁴* genes for resistance to angular leaf spot and anthracnose in the common bean cultivar AND 277. **Theoretical and Applied Genetics**, 122:893-903, 2011.

GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; MEIRELLES, A.N.; POLETINE, J.P.; SOUSA, L.L.; CRUZ, A.S.; NUNES, M.P.; LACANALLO, G.F.; VIDIGAL FILHO, P.S. Genetic analysis of anthracnose resistance in Pitanga dry bean cultivar. **Plant Breeding**, 131:423-429, 2012.

GONÇALVES-VIDIGAL M.C.; CRUZ, A.S.; LACANALLO, G.F.; VIDIGAL FILHO, P.S.; SOUSA, L.L.; PACHECO, C.M.N.A.; McCLEAN, P.; GEPTS, P.; PASTOR-CORRALES, M.A. Co-segregation analysis and mapping of the anthracnose *Co-10* and angular leaf spot *Phg-ON* disease-resistance genes in the common bean cultivar Ouro Negro. **Theoretical and Applied Genetics**, 126:2245-2255, 2013.

GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; PACHECO, C.M.N.A.; VIDIGAL FILHO, P.S.; LACANALLO, G.F.; SOUSA, L.L.; MARTINS, V.S.R. Genetic mapping of the anthracnose resistance gene *Co-14* in the common bean cultivar Pitanga. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, 59:55-56, 2016.

HANNAH, M.A.; IQBAL, M.J. SANDERS, F.E. The DL gene system in common bean: a possible mechanism for control of root-shoot partitioning. **New Phytologist**, 147:487-496, 2000.

IPGRI. Descritores para *Phaseolus vulgaris*. **International Plant Genetic Resources Institute**, Roma, 2001, 45p.

- KAMI, J.; BECERRA-VELASQUEZ, V.; DEBOUCK, D.G.; GEPTS, P. Identification of presumed ancestral DNA sequences of phaseolin in *Phaseolus vulgaris*. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, 92:1101-1104, 1995.
- KELLY, J.D.; VALLEJO, V. A comprehensive review of the major genes conditioning resistance to anthracnose in common bean. **HortScience**, 39: 1196-1207, 2004.
- KELLY, J.D.; YOUNG, R.A. Proposed symbols for anthracnose resistance genes. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, 39:20-24, 1996.
- KELLY, J.D.; GEPTS, P.; MIKLAS, P.N.; COYNE, D.P. Tagging and mapping of genes and QTL and molecular marker-assisted selection for traits of economic importance in bean and cowpea. **Field Crops Research**, 82:135-154, 2003.
- KIMATI, H. Doenças do feijoeiro – *Phaseolus vulgaris*. In: GALLI, F. (ed.). **Manual de Fitopatologia: doenças de plantas cultivadas**. São Paulo: Agronômica Ceres, 1980. p.297-318.
- KOINANGE, E.M.K.; GEPTS, P. Hybrid weakness in wild *Phaseolus vulgaris* L. **Journal of Heredity**, 83:135-139, 1992.
- KOINANGE, E.M.K.; SINGH, S.P.; GEPTS, P. Genetic control of the domestication syndrome in common-bean. **Crop Science**, 36:1037-1045, 1996.
- LACANALLO, G.F.; GONCALVES-VIDIGAL, M.C. Mapping of an andean gene for anthracnose resistance (*Co-13*) in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) Jalo Listras Pretas landrace. **Australian Journal of Crop Science**, 9:394-400, 2015.
- LAMPRECHT, H. Zur genetik von *Phaseolus vulgaris*. Zur vererbung der testafarbe. **Hereditas**, 25:255-288, 1939.
- LAMPRECHT, H. Weitere kopplungsstudien na *Phaseolus vulgaris* mitt einer über die koppelungsgruppens. **Agri Hortique Genetica**, 9:319-332, 1961.
- LAVIN, M.; HERENDEEN, P.; WOJCIECHOWSKI, M.F. Evolutionary rates analysis of Leguminosae implicates a rapid diversification of lineages during the Tertiary. **Systematic Biology**, 54:530-549, 2005.
- LIN, L.Z.; HARNLY, J.M.; PASTOR-CORRALES, M.A.; LUTHRIA, D.L. The polyphenolic profiles of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Food Chemistry**, 107:399-410, 2008.

- MACKILL, D.J.; BONMAN, J.M. Inheritance of blast resistance in near-isogenic lines of rice. **Phytopathology**, 82:746-749, 1992.
- MAHUKU, S.G.; RIASCOS, J.J. Virulence and molecular diversity within *Colletotrichum lindemuthianum* isolates from andean and mesoamerican bean varieties and regions. **European Journal of Plant Pathology**, 110:253-263, 2004.
- MARQUES JÚNIOR, O.G.; RAMALHO, M.A.P. Determinação da taxa de fecundação cruzada de feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.) nas diferentes épocas de semeadura em Lavras-MG. **Ciência e Prática**, 19:339-341, 1995.
- MARTIN, G.B.; WILLIAMS, J.G.K.; TANKSLEY, S.D. Rapid identification of markers linked to a *Pseudomonas* resistance gene in tomato by using random primers and near-isogenic lines. **Genetics**, 88:2336-2340, 1991.
- MARTINS, V.S.R.; GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; LACANALLO, G.F.; VIDIGAL FILHO, P.S. Validation of molecular markers linked to alleles controlling growth habit in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Australian Journal of Crop Science**, p.1503-1509, 2014.
- MASTENBROEK, C. A breeding programme for resistance to anthracnose in dry shell haricot beans, based on a new gene. **Euphytica**, 9:177-184, 1960.
- McCLEAN, P.; MAMIDI, S.; McCONNELL, M.; CHIKARA, S.; LEE, R. Synteny mapping between common bean and soybean reveals extensive blocks of shared loci. **BMC Genomics**, 11:184, 2010.
- McROSTIE, G.P. Inheritance of anthracnose resistance as indicated by a cross between a resistant and a susceptible bean. **Phytopathology**, 9:141-148, 1919.
- MELOTTO, M.; BALARDIN, R.S.; KELLY, J.D. Host-pathogen interaction and variability of *Colletotrichum lindemuthianum*. In: PRUSKY, D.; FREEMAN, S.; DICKMAN, M.B. (eds.). **Colletotrichum host specificity, pathology, and host-pathogen interaction**, 2000. p. 346-361.
- MELOTTO, M.; KELLY, J.D. An allelic series at the *Co-1* locus conditioning resistance to anthracnose in common bean of Andean origin. **Euphytica**, 116:143-149, 2000.

MENDÉZ-VIGO, B.; RODRÍGUEZ, C.; PAÑEDA, A.; GIRALDEZ, R.; FERREIRA, J.J. Development of a SCAR marker linked to Co-9 in common bean. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, 45:116-117, 2002.

MENDÉZ-VIGO, B.; RODRÍGUEZ-SUÁREZ, C.; PAÑEDA, A.; FERREIRA, J.J.; GIRALDEZ, R. Molecular markers and allelic relationships of anthracnose resistance gene cluster B4 in common bean. **Euphytica**, 141:237-245, 2005.

MOURA, A.D.; BRITO, L.M. Aspectos sócioeconômicos. In: CARNEIRO, J.E.S.; JÚNIOR, T.J.P.; BORÉM, A. **Feijão: do plantio à colheita**. Viçosa: Editora UFV, 2015. p. 16-36.

NANAMI, D.S.Y.; FRIAS, A.A.T.; CASTRO, S.A.L.; ELIAS, J.C.F.; LACANALLO, G.F.; GONÇALVES-VIDIGAL, M.C. Inheritance and allelic relationships of anthracnose resistance in common bean Amendoim Cavallo. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, 57:165-166, 2014.

NODARI, R.O.; TSAI, S.M.; GUZMAN, P.; GILBERTSON, R.L.; GEPTS, P. Toward an integrated linkage map of common Bean. III Mapping genetic factors controlling host-bacteria interactions. **Genetics**, 134:341-350, 1993.

NUNES, M.P., GONÇALVES-VIDIGAL, M.C., LACANALLO, G.F., COIMBRA, G.K. Comprehension of Genetic Variability and Virulence of *Colletotrichum lindemuthianum* in Common Bean. **Biennial meeting of the bean improvement cooperative**, 2013. 13p.

PAÑEDA, A.; SUÁREZ, C.R.; CAMPA, A.; FERREIRA, J.J.; GIRALDEZ, R. Molecular markers linked to the fin gene controlling determinate growth habit in common bean. **Euphytica**, 162:241-248, 2008.

PARK, S.O.; COYNE, D.P.; BOKOSI, J.M.; STEADMAN, J.R. Molecular markers linked to genes for specific rust resistance and indeterminate growth habit in common bean. **Euphytica**, 105:133-141, 1999.

PASTOR-CORRALES, M.A. Variación patogénica de *Colletotrichum lindemuthianum*, el agente causal de la antracnosis del frijol y una propuesta para su estandarización. In: PASTOR-CORRALES, M.A. (ed.). **La antracnosis del frijol común, *Phaseolus vulgaris*, en América Latina**, 1988. p. 212-239.

PASTOR-CORRALES, M.A. Estandarización de variedades diferenciales y de designación de razas de *Colletotrichum lindemuthianum*. **Phytopathology**, 81:694, 1991.

PASTOR-CORRALES, M.A.; ERAZO, O.A.; ESTRADA, E.I. SINGH, S.P. Inheritance of anthracnose resistance in common bean accession G 2333. **Plant Disease**, 78:959-962, 1994.

PASTOR-CORRALES, M.A.; JARA, C. La evolucion de *Phaeoisariopsis griseola* com el frijol comum en América Latina. **Fitopatologia Colombiana**, 19:15-22, 1995.

PASTOR-CORRALES, M.A.; OTOYA, M.M.; MOLINA, A.; SINGH, S.P. Resistance to *Colletotrichum lindemuthianum* isolates from Middle America and Andean South America in different common bean races. **Plant Disease**, 79:63-67, 1995.

PASTOR-CORRALES, M.A.; JARA, C.; SINGH, S.P. Pathogenic variation in, sources of, and breeding for resistance to *Phaeoisariopsis griseola* causing angular leaf spot in common bean. **Euphytica**, 103:161-171, 1998.

PIERRE, P.M.O.; DAVIDE, L.M.C.; COUTO, E.G.O.; SILVA, T.N.; RAMALHO, M.A.; SANTOS, J.B. Duplo-haplóides: Estratégias para obtenção e importância no melhoramento genético do milho. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, 10:1-16, 2011.

PRIA, M.D.; SILVA, O.C. Doenças causadas por fungos: diagnose e epidemiologia. In: PRIA, M.D.; SILVA, O.C. (eds.). **Cultura do feijão: doenças e controle**, 2010. p.47-56.

RAGAGNIN, V.A., ALZATE-MARIN, A.L.; SOUZA, T.L.P.O.; ARRUDA, K.M.A.; MOREIRA, M.A.; BARROS, E.G. Avaliação da resistência de isolinhas de feijoeiro ao *Colletotrichum lindemuthianum*, *Uromyces appendiculatus* e *Phaeoisariopsis griseola*. **Fitopatologia Brasileira**, 28:591-596, 2003.

RAVA, C.; PURCHIO, A.; SARTORATO, A. Caracterização de patótipos de *Colletotrichum lindemuthianum* que ocorrem em algumas regiões produtoras de feijoeiro comum. **Fitopatologia Brasileira**, 19:167-172, 1994.

REY, M.S.; BALARDIN, R.S.; PIEROBOM, C.R. Reação de cultivares de feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris*) a patótipos de *Colletotrichum lindemuthianum*. **Revista Brasileira de Agrociência**, 11:113-116, 2005.

RODRÍGUEZ-GUERRA, R.; ACOSTA-GALLEGOS, J.A.; GONZÁLEZ-CHAVIRA, M.M.; SIMPSON, J. Patotipos de *Colletotrichum lindemuthianum* y su implicación en la generación de cultivares resistentes de frijol. **Agricultura Técnica en México**, 32:101-114, 2006.

RODRÍGUEZ-SUÁREZ, C.; FERREIRA, J.J.; CAMPA, A.; PAÑEDA, A.; GIRALDEZ, R. Molecular mapping and intra-cluster recombination between anthracnose race specific resistance genes in the common bean differential cultivars Mexico 222 and Widusa. **Theoretical and Applied Genetics**, 116:807-814, 2008.

SANGLARD, D.A. **Melhoramento do feijoeiro para resistência à Manchaangular: validação de marcadores moleculares SCAR, piramidação de genes, testes de alelismo e caracterização de linhagens elite**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2010. 109p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento).

SANGLARD, D.A.; MAFRA, V.S.; RIBEIRO, C.A.G.; SILVA, L.C.; BARROS, E.G.; MOREIRA, M.A.; CARNEIRO, J.E.S.; MOTA, A.P.S.; VIANELLO, R.P.; SOUZA, T.L. P.O. Rudá x AND 277 RILs: a potential new core mapping population for common bean. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, 56:23-24, 2013.

SANTOS, J.B.; GAVILANES, M.L. Botânica. In: VIEIRA, C.; PAULA JÚNIOR, T.J.; BORÉM, A. (eds.). **Feijão. Aspectos gerais e cultura no Estado de Minas**. Viçosa: Editora Universidade Federal de Viçosa, 1998. p. 55-81.

SANTOS, J.B.; GAVILANES, M.L.; VIEIRA, R.F.; PINHEIRO, L.R. Botânica. In: CARNEIRO, J.E.S.; JÚNIOR, T.J.P.; BORÉM, A. **Feijão: do plantio à colheita**. Viçosa: Editora Universidade Federal de Viçosa, 2015. p. 37-66.

SCHMUTZ, J.; MCCLEAN, P.E.; MAMIDI, S.; WU, G.A. CANNON, S.B.; GRIMWOOD, J.; JENKINS, J.; SHU, S.; SONG, Q.; CHAVARRO, C.; TORRES-TORRES, M.; GEFFROY, V.; MOGHADDAM, S.M.; GAO, D.; ABERNATHY, B.; BARRY, K.; BLAIR, M.; BRICK, M.A.; CHOVIATIA, M.; GEPTS, P.; GOODSTEIN, D.M.; GONZALES, M.; HELLSTEN, U.; HYTEN, D.H.; JIA, G.; KELLY, J.D.; KUDRNA, D.; LEE, R.; RICHARD, M.M.S.; MIKLAS, P.N.; OSORNO, J.M.; RODRIGUES, J.; THAREAU, V.; URREA, C.A.; WANG, M.; YU, Y.; HANG, M.; WING, R.A.; CREGAN, P.C.; ROKHSAR D.S.; JACKSON, S.A. A reference genome for common bean and genome-wide analysis of dual domestications. **Nature Genetics**, 46:707-713, 2014.

SCHOONHOVEN, V.A.; VOYSEST, O. **Common beans: research for crop improvement**. Wallingford: CAB International, 1991. 979p.

SCHUSTER, I.; CRUZ, C.D. **Estatística genômica aplicada a populações derivadas de cruzamentos controlados**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2004, 568p.

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

SCHWARTZ, H.F.; PASTOR-CORRALES, M.A. **Bean production problems in the tropics**. Cali: CIAT, 1989. p.105-157.

SCHWARTZ, H.F.; STEADMAN, J.R.; HALL, R.; FORSTER, R.L. **Compendium of bean diseases**. St. Paul: APS Press American Phytopathological Society, 2005. 109p.

SEMAGN, K.; BJORNSTAD, A.; NDJIONDJOP, M.N. Principles, requirements and prospects of genetic mapping in plants. **African Journal of Biotechnology**, 5:2569-2587, 2006.

SILVA, H.T. Descritores mínimos indicados para caracterizar cultivares/variedades de feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.). Santo Antonio de Goiás: **Documentos Embrapa Arroz e Feijão 184**, 2005. 32p.

SILVA, L.C.; CRUZ, C.D.; MOREIRA, M.A.; BARROS, E.G. Simulation of population size and genome saturation level for genetic mapping of recombinant inbred lines (RILs). **Genetics and Molecular Biology**, 30:1101-1108, 2007.

SILVA, L.C.; MOURA, L.M.; BARILI, L.D.; VALE, N.M.; SOUZA, T.L.P.O.; CARNEIRO, P.C.S.; BARROS, E.G.; CARNEIRO, J.E.S. Phenotypic characterization of the Rudá x AND 277 common bean RIL population. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, 57:289-290, 2014.

SINGH, S.P.; GEPTS, P.; DEBOUCK, D. Races of common bean (*Phaseolus vulgaris*, Fabaceae). **Economic Botany**, 45:379-396, 1991.

SINGH, S.P.; SCHWARTZ, H.F. Breeding common bean for resistance to diseases: a review, **Crop Science**, 50:2199-2223, 2010.

SOUSA, L.L.; GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; CRUZ, A.S.; VIDIGAL FILHO, P.S. Genetic mapping of the resistance allele *Co-5²* to *Colletotrichum lindemuthianum* in the common bean MSU 7-1 line. **Australian Journal of Crop Science**, 8:317-323, 2014.

SOUSA, L.L.; GONÇALVES, A.O.; GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; LACANALLO, G.F.; FERNANDEZ, A.C.; AWALE, H.; KELLY, J.D. Genetic characterization and mapping of antracnose resistance of common bean landrace cultivar corinthiano. **Crop Science**, 55:1025-1036, 2015.

SOUZA, T.L.P.O.; SILVA, L.C.; BARROS, E.G.; MOREIRA, M.A.; CARNEIRO, J.E.S.; MOTA, A.P.S.; VIANELLO, R.P. Reação a patógenos e diversidade genética dos genitores da População de RILs Rudá x AND 277, uma opção como população de mapeamento consenso para o feijoeiro comum. In: 7^o CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS. Uberlândia, 2013. **Resumos Expandidos...** Uberlândia: Triângulo Mineiro, 2013, p. 123-126.

STEFANOVIC, S.; PFEIL B.E.; PALMER, J.D. Relationship among phaseoloid based on sequences from eight chloroplast regions. **Systematic Biology**, 34:115-128, 2009.

SUTTON, B.C. The genus *Glomerella* and its anamorph *Colletotrichum*. In: BAILEY, J.A.; JEGER, M.J. (eds.). **Colletotricum – Biology, pathology and control**. Wallingford: CAB International, 1992. p.1-26.

TAR'AN, B.; MICHAELE, T.E.; PAULS, K.P. Genetic mapping of agronomic traits in common bean. **Crop Science**, 42:544-556, 2002.

TERÁN, H.; JARA, C.; MAHUKU, G.; BEEBE, S.; SINGH, S.P. Simultaneous selection for resistance to five bacterial, fungal, and viral diseases in three andean x middle american inter-gene pool common bean populations. **Euphytica**, 198:283-292, 2013.

TINOCO, C.F.S.; MAGALHÃES, J.V.; BELICUAS, S.N.J.; GUIMARÃES, L.J.M.; PARNTONI, S.N.; LANA, U.G.P.; GUIMARÃES, C.T. Obtenção de linhagens isogênicas para QTLs de tolerância ao alumínio em Milho utilizando retrocruzamento assistido por marcadores moleculares. Sete Lagoas: **Documentos Embrapa 145**, 2010. 8p.

VALLEJO, V.; KELLY, J.D. New insights into the anthracnose resistance of common bean landrace G 2333. **The Open Horticulture Journal**, 2:29-33, 2009.

VOYSEST, O.V. **Mejoramiento genético del frijol (*Phaseolus vulgaris* L.): legado de variedades de América Latina 1930-1999**. Cali Colombia: CIAT, 2000. 195p.

YOUNG, R.A.; KELLY, J.D. Characterization of the genetic resistance to *Colletotrichum lindemuthianum* in common bean differential cultivars. **Plant Disease**, 80:650-654, 1996.

YOUNG, R.A.; MELOTTO, M.; NODARI, R.O.; KELLY, J.D. Marker assisted dissection of oligogenic anthracnose resistance in the common bean cultivar, G 2333. **Theoretical and Applied Genetics**, 96:87-94, 1998.

ZAUMEYER, W.J.; THOMAS, H.R. **A monographic study of bean diseases and methods for their control**. Washington: USDA, 1957. p. 5-15.

APÊNDICE

Figura 1A - Linhagens endogâmicas recombinantes do cruzamento entre Rudá x AND 277.



Figura 1A, Cont.

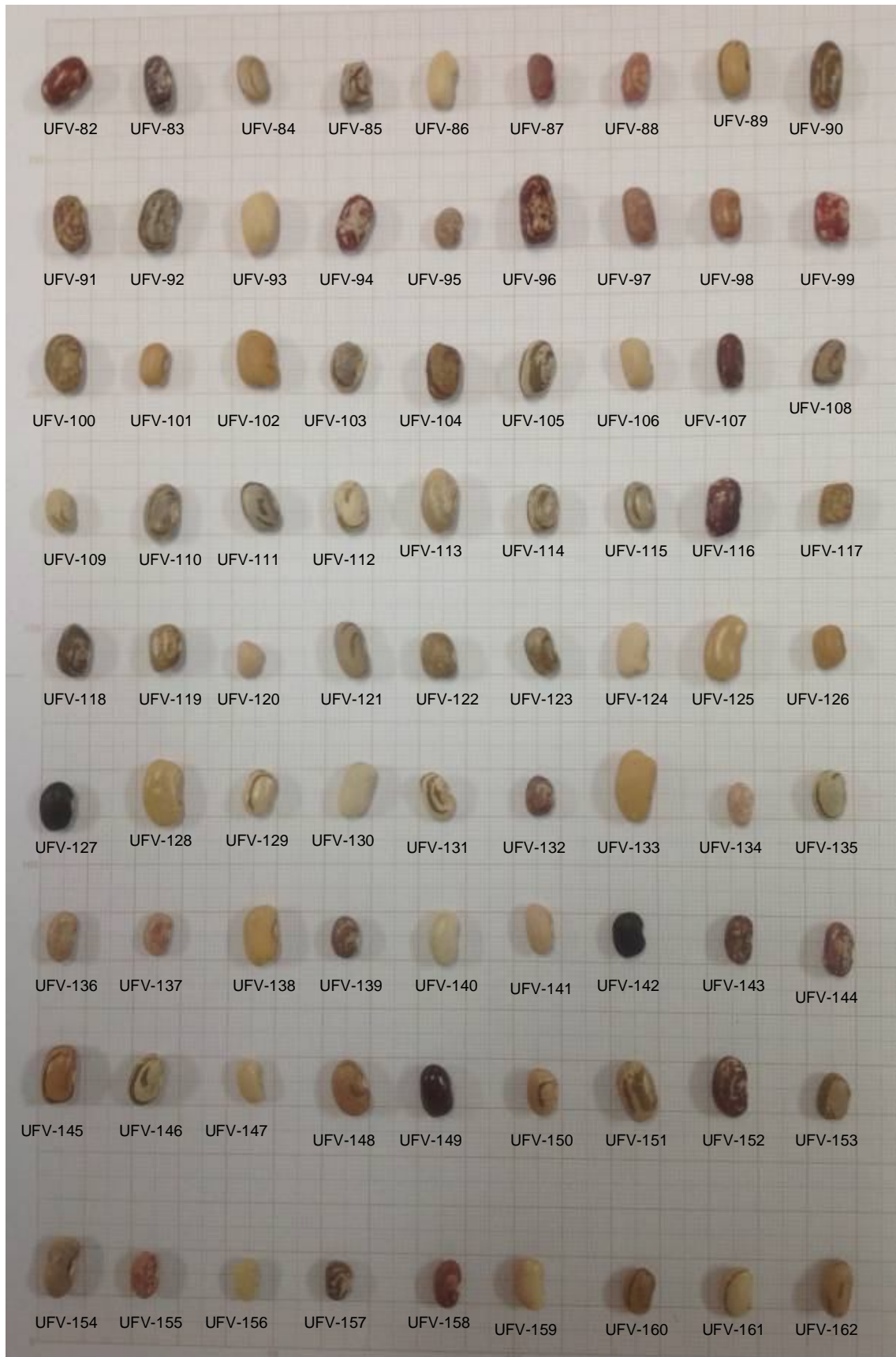


Figura 1A, Cont.

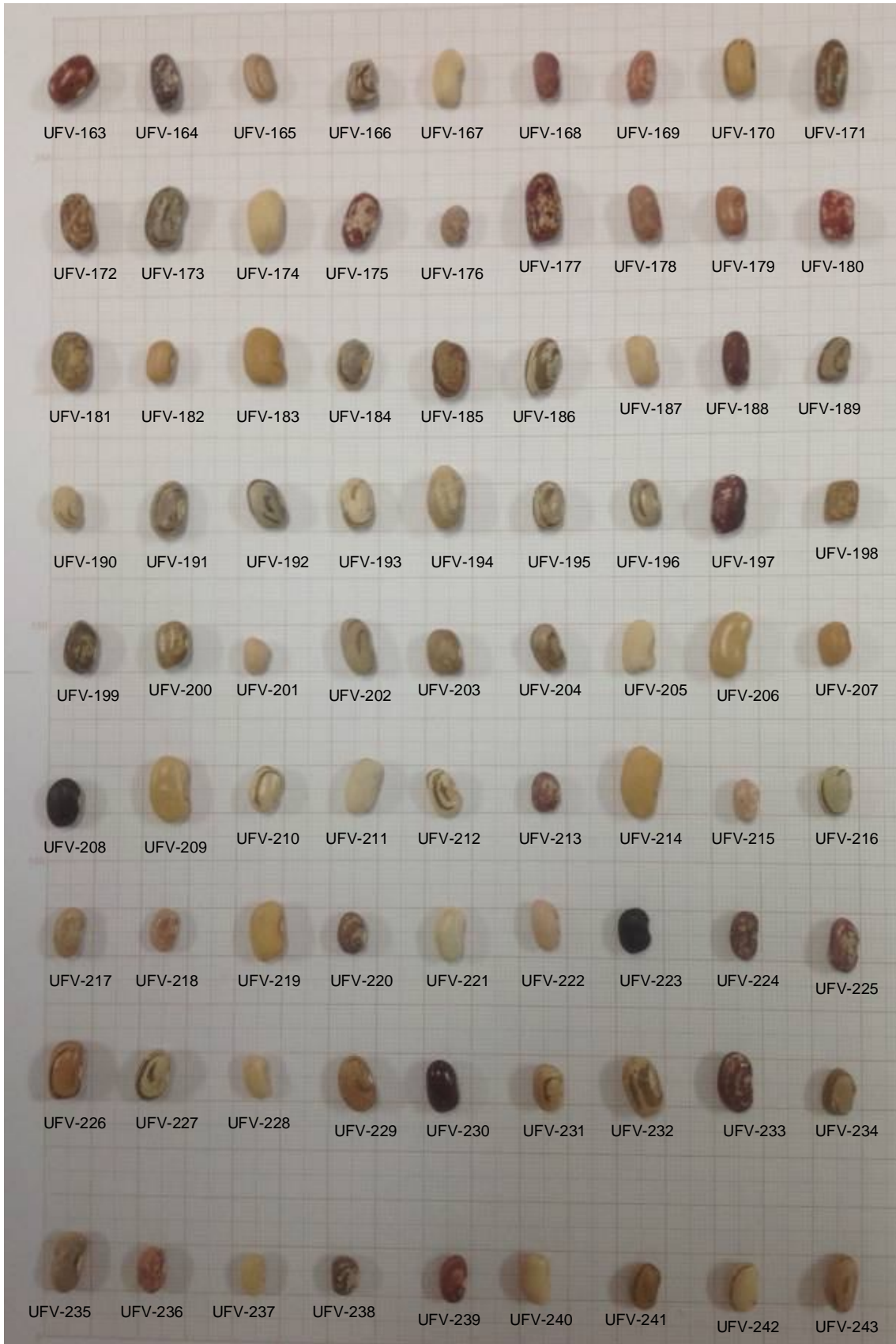


Figura 1A, Cont.



Figura 1A, Cont.

