

## Seleção de Progênes de Feijoeiro F<sub>4</sub> Resistentes ao *Bean golden mosaic virus*

Fernando C. Juliatti<sup>1</sup>, Simone A. Moraes<sup>1</sup>, Heyder D. Silva<sup>2</sup> & Márcio H. C. Borges<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Instituto de Ciências Agrárias, Universidade Federal de Uberlândia, Núcleo de Fitopatologia, Campus Umuarama, CEP 38400-902, Uberlândia, MG; <sup>2</sup>Faculdade de Matemática, Universidade Federal de Uberlândia, Campus Santa Mônica, CEP 38400-000, Uberlândia, MG, e-mail: juliatti@ufu.br

(Aceito para publicação em 13/01/2005)

Autor para correspondência: Fernando César Juliatti

JULIATTI, F.C., MORAES, S.A., SILVA, H.D. & BORGES, M.H.C. Seleção de progênes de feijoeiro F<sub>4</sub> resistentes ao *Bean golden mosaic virus*. Fitopatologia Brasileira 30:279-285. 2005.

### RESUMO

O objetivo deste trabalho foi identificar progênes de feijoeiro (*Phaseolus vulgaris*) na geração F<sub>4</sub> provenientes do cruzamento entre cultivares resistentes ao *Bean golden mosaic virus* (BGMV). Os parentais foram as cultivares Carioca-MG (suscetível) e IAPAR-57, IAPAR-72 e IAPAR-65 (resistentes). A população de 480 progênes foi obtida pelo modelo dialélico completo. Estas foram semeadas em campo sob inoculação natural e estudada ao nível de plantas individuais para cálculo do índice de doença de BGMV (I.D.) Em relação ao I.D. médio, as progênes foram mais resistentes do que seus parentais (2,62 e 2,87), respectivamente. O processo de seleção foi realizado pelo I.D. ( $\sigma_g^2 = 0,2729$  e  $h_a^2 = 0,3953$ ), onde foram obtidas famílias com grãos do tipo carioca e com I.D. inferior aos parentais resistentes. Segundo o GS% estimado, não serão necessárias muitas progênes ou famílias para se obter progresso com seleção para BGMV. O genótipo IAPAR-72 foi o parental superior na obtenção de progênes de maior resistência (menores I.D.). Possivelmente o mecanismo de resistência é do tipo resistência parcial.

**Palavras-chave adicionais:** begomovirus, vírus transmitidos pela mosca branca, resistência.

### ABSTRACT

#### Selection of common bean F<sub>4</sub> progenies for resistance to *Bean golden mosaic virus* resistance

The objective of this investigation was to select *Bean golden mosaic virus* (BGMV) resistant 480 F<sub>4</sub> progenies in full diallele crosses under field conditions. The BGMV disease index calculation (ID) was obtained at the level of individual plants. The common bean (*Phaseolus vulgaris*) cultivar Carioca-MG was the susceptible parent, and IAPAR-57, IAPAR-72 and IAPAR-65 were the resistant parent cultivars. The F<sub>4</sub> progenies presented a higher degree of resistance than parental genotypes (2.62 vs. 2.87), and also greater variability. Genetic variance (0.2729) was significantly different from zero (P<0,01) with a broad heritability estimate of  $h_a^2 = 0.3953$ . According to the estimated selection gain (GS%), we can improve resistance to BGMV with a small number of progenies. The population originating from the IAPAR 72 parent presented progenies with higher resistance. The resistance mechanism is possibly of the partial resistance type.

**Additional keywords:** begomovirus, whitefly-transmitted virus, resistance.

O vírus do mosaico dourado do feijoeiro (*Bean golden mosaic virus*, BGMV) família *Geminiviridae* e gênero *Begomovirus*, transmitido pela mosca branca, *Bemisia tabaci* Gennadius biótipo B (= *Bemisia argentifolii* Bellows & Perring), tem-se tornado um dos fatores mais limitantes ao cultivo do feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.) no Brasil, causando perdas que variam de 30% a 100% na produtividade (CIAT, 1990 e Ferreira; Ávidos, 1998).

Sendo uma das culturas mais importantes do Brasil, ocupando o quarto lugar em área plantada e o sexto em valor de produção agrícola (Agriannual, 2004) com Minas Gerais destacando-se entre os maiores produtores dessa leguminosa, juntamente com Paraná, Bahia e São Paulo. Entre as doenças que ocorrem na cultura, o mosaico dourado é uma das mais importantes. Para o controle desta doença se faz necessário o

uso de medidas mais racional, incluindo o uso de cultivares resistentes (Bianchini, 1999).

Dentre algumas medidas sugeridas por Ferreira & Ávidos (1998) para o controle preventivo de doenças causadas pela mosca branca, está a utilização de variedades resistentes. Bianchini (1994) lançou as linhagens IAPAR 57 e IAPAR 72 (grão carioca) e a linhagem IAPAR 65 (grão preto) como resistentes ao BGMV, sendo todas recomendadas para o plantio em regiões do Paraná, sul do Brasil.

Segundo Bianchini (1999), a cv. IAPAR 57, grão tipo carioca, originou-se do cruzamento, realizado no IAPAR, entre os genótipos: MD 632 (Porriolo Sintético/Aeté 1-38 // Turrialba 1/TMD-1) / BAC 32. Após vários ciclos de seleção, obteve-se a linhagem IAPAR MD 806 em 1988. Esta foi testada e aprovada para recomendação em 1992 (IAPAR,

1995). A cv. IAPAR 72, grão tipo carioca, originou-se do cruzamento, realizado no IAPAR, entre os genótipos: Carioca / *Phaseolus coccineus* L. Após vários ciclos de seleção obteve-se a linhagem IAPAR MD 820. Esta foi testada e aprovada para recomendação no Estado do Paraná. A cv. IAPAR 65, grão tipo preto, originou-se do cruzamento realizado no IAPAR, entre os genótipos, BAC 38/MD 648 (seleção DOR 0014). Após vários ciclos de seleção, obteve-se a linhagem IAPAR MD 821 em 1987. Esta foi testada e aprovada para recomendação em 1993 (IAPAR, 1994).

Populações segregantes promissoras, em relação à resistência ao BGMV, podem ser obtidas através de cruzamentos entre variedades resistentes e susceptíveis. Os cruzamentos dialélicos podem nos orientar na escolha de parentais, na condução das populações segregantes, e na seleção de progênies promissoras (Ramalho *et al.*, 1993). O dialelo é definido como a combinação de todos os cruzamentos possíveis entre vários genótipos (Ramalho *et al.*, 1993).

O objetivo deste trabalho foi o de identificar progênies resistentes na geração F<sub>4</sub> provenientes de um cruzamento dialélico completo entre as cultivares Carioca-MG, IAPAR 57, IAPAR 72, e IAPAR 65.

Foram avaliadas 480 progênies F<sub>4</sub> provenientes de cruzamentos em dialelo completo n<sup>2</sup> envolvendo as cvs. Carioca-MG, IAPAR 57, IAPAR 65 e IAPAR 72 na Área Experimental do Instituto de Ciências Agrárias da UFU, Uberlândia – MG. Em abril de 1998, considerando-se as seguintes características: 1) índice de doença (I.D.) variando em notas de 1 a 6; 2) número de vagens por planta (N.V.); e 3) peso de grãos por planta em gramas (P.G.).

Para aumentar as possibilidades de atração da mosca branca, foi semeada uma bordadura de soja [*Glycine max* (L.) Merrill], 15 dias antes do plantio do experimento, com o intuito de aumentar a população de insetos vetores e reduzir as chances de escape. O nível de infecção ao BGMV foi avaliado por notas empregadas de 1 a 6, com base na incidência de plantas doentes na parcela (Tabela 1), durante o período de formação de vagens (etapa fenológica R7, segundo Santos & Gavilanes, 1998). As parcelas experimentais de uma linha/família (progênie) e submetidas aos tratamentos culturais usuais para a cultura, foram colhidas individualmente e avaliadas também quanto ao número de vagens/planta e peso de sementes (gramas/planta).

Cem amostras de folhas de plantas individuais, pertencentes a 25 progênies (famílias), com índices de doença variados foram colhidas ao acaso na época de formação de vagens e avaliadas por “polymerase chain reaction” (PCR) para constatação da presença do vírus. Tecidos jovens infetados e aparentemente sadios de feijoeiro foram coletados e encaminhados ao laboratório de Genética Molecular – UFU, Uberlândia – MG, onde foi processado. O DNA genômico do BGMV foi extraído juntamente com o DNA genômico do feijoeiro para análise em PCR e em eletroforese. O procedimento de extração do DNA foi o descrito por Doyle & Doyle (1987) com algumas modificações.

Os ácidos nucleicos precipitados foram ressuspensos em tampão TE para serem estocados a –80 °C e a sua quantificação foi determinada conforme Sambrook *et al.* (1989). O genoma do BGMV do Brasil foi amplificado com primers degenerados (Rojas *et al.*, 1993). PAR 1: PAL1v1978 e PAR1c496; PAR 2: PBL1v2040 e PCRc1. O par de primers no. 1 amplifica um fragmento de 1,1 Kb do DNA-A, e o par de primers no. 2 amplifica um fragmento de 0,6 Kb do DNA-B.

A reação do PCR para amplificação do genoma viral, com os respectivos procedimentos de desnaturação, pareamento do primer e extensão da fita nascente, foi feita no Laboratório de Biologia Molecular da UFU, em fevereiro de 1999, em um termociclador MJ Research, com tubos de 0,2 ml, em 40 ciclos (94 °C/40 s, 55 °C/1 min e 72 °C/5 min).

A mistura da reação do PCR consistiu de: 30 ng da amostra de DNA de cada tecido infetado e sadio de feijoeiro, 15 µM de cada primer, 20 µM de cada nucleotídeo, 1,5 mM de MgCl<sub>2</sub>, duas unidades de Taq polimerase. Os produtos foram detectados em gel de agarose a 1,4%, corados com brometo de etídio e visualizados em UV.

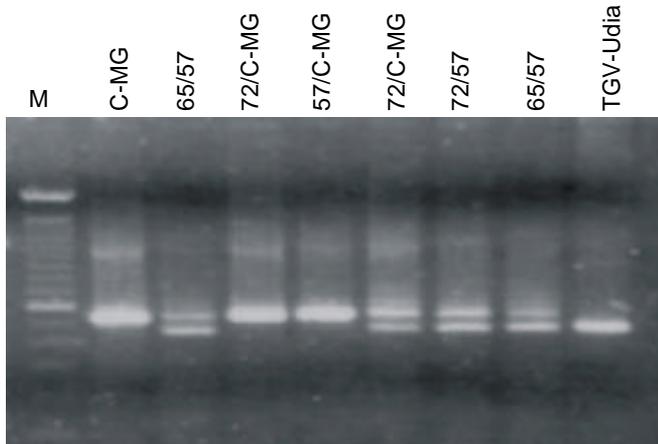
O BGMV foi detectado em todas as amostras. Também foi detectado o BGMV e o *Tomato golden mosaic virus* (TGMV) família *Geminiviridae* e gênero *Begomovirus* em infecção mista em grande parte das progênies. Contudo, não há evidências de proteção cruzada entre o TGMV e o BGMV uma vez que parte das progênies com infecção mista apresentaram susceptibilidade (Figura 1)

Verificou-se, também, que a largura da banda foi inversamente proporcional ao índice de doença (plantas mais resistentes apresentaram menor quantidade do vírus em seus tecidos), indicando que a resistência ao BGMV pode estar

**TABELA 1** - Escala de Índice de Doença de Sintomas em parcelas experimentais para BGMV. UFU, Uberlândia – MG, 1998

Nota	Pl / Pc % *	Descrição
1	0	Todas as plantas sem sintomas aparentes
2	0 < x ≤ 20	Até 20% de plantas com sintomas de mosaico nas folhas e/ou deformação de folhas e vagens
3	20 < x ≤ 40	Mais de 20% até 40% de plantas com sintomas de mosaico nas folhas e/ou deformação de folhas e vagens
4	40 < x ≤ 60	Mais de 40% até 60% de plantas com sintomas de mosaico nas folhas e/ou deformação de folhas e vagens
5	60 < x ≤ 80	Mais de 60% até 80% de plantas com sintomas de mosaico nas folhas e/ou deformação de folhas e vagens
6	80 < x ≤ 100	Mais de 80% até 100% de plantas com sintomas de mosaico nas folhas e/ou deformação de folhas e vagens

x = Pl / Pc % = número de plantas susceptíveis / número de plantas total da parcela x 100%



**FIG. 1** - Diagnóstico por PCR de sete plantas de feijoeiro (*Phaseolus vulgaris*) individuais F<sub>4</sub> infetadas com *Bean golden mosaic virus* (BGMV) com primers degenerados específicos para o DNA-B. As amostras são: M = Marcador Molecular (banda superior 1500 pb e inferior 600 pb); 1) C-MG = cv. Carioca-MG; 2 e 7) 65/57 = progênie IAPAR65 x IAPAR57 pl# 209; 3 e 5) 72/C-MG = progênie IAPAR72 x Carioca-MG pl# 175; 4) 57/C-MG = progênie IAPAR57 x Carioca-MG pl# 162; 6) 72/57 = progênie IAPAR72 x IAPAR57 pl# 95; e 8) TGV-Udia = amostra de TGV de Uberlândia. UFU, Uberlândia – MG, 1999.

interferindo na reprodução do vírus no feijoeiro.

Possivelmente, o mecanismo de resistência age interferindo na reprodutibilidade do vírus no tecido vegetal, já que, conforme diagnóstico molecular, plantas assintomáticas apresentaram vírus conforme a reação de resistência (Figura 1).

Para avaliar a reação das progênies em relação ao BGMV em campo utilizou-se o delineamento experimental em Blocos Incompletos Aumentados com três repetições, no qual os tratamentos adicionais constituíram-se dos quatro genitores (Carioca-MG, IAPAR 57, IAPAR 65 e IAPAR 72) que foram adicionados a cada bloco incompleto.

O modelo estatístico para a análise foi:

$$Y_{ik(j)} = \mu + t_i + r_j + (b/r)_{k(j)} + e_{ik(j)}$$

No qual:

- $Y_{ik(j)}$  é o valor observado do tratamento  $i$  ( $i = 1, 2, \dots, v' = 484$ ); no bloco incompleto  $k$  ( $k = 1, 2, \dots, k' = 20$ ), da repetição  $j$  ( $j = 1, 2, 3$ );
- $\mu$  é uma constante inerente a todas as observações (média geral);
- $t_i$  é o efeito do tratamento  $i$ , (480 progênies e quatro genitores);
- $r_j$  é o efeito da repetição  $j$ ;
- $(b/r)_{k(j)}$  é o efeito do bloco incompleto  $k$  dentro da repetição  $j$ ;
- $e_{ik(j)}$  é o erro aleatório associado à observação  $Y_{ik(j)}$ .

Onde se supõe que os  $e_{ik(j)}$ 's são independentes, identicamente distribuídos, com uma distribuição normal de

média zero e variância  $\sigma^2$ :

$$e_{ik(j)} \sim N(0, \sigma^2).$$

O esquema de análise de variância intrablocos com tratamentos ajustados para este modelo, obtido de acordo com as indicações de Oliveira & Barbin (1988). Utilizou-se metodologia semelhante à apresentada por Viana & Silva (1978) e Silva (1997). Para tanto, recompôs-se uma soma de quadrados de tratamentos a partir das médias ajustadas e utilizou-se como quadrado médio do resíduo o quadrado médio do resíduo da análise como blocos incompletos aumentados. Montando-se posteriormente um quadro de análise de variância como se o delineamento fosse o de blocos casualizados completos, adotando-se todas as pressuposições inerentes ao mesmo, e cujo esquema da análise de variância com as respectivas esperanças matemáticas dos quadrados médios. A partir das esperanças matemáticas dos quadrados médios (QM) apresentados foram obtidos os estimadores dos componentes de variância (Silva, 1997), dados por:

$$\hat{\sigma}^2 = Q_1$$

$$\hat{\sigma}_g^2 = \frac{Q_2 - Q_1}{r}$$

$$\hat{\sigma}_f^2 = \frac{\hat{\sigma}^2}{r} + \hat{\sigma}_g^2 = \frac{Q_2}{r}$$

$$h_a^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_f^2}$$

Nas quais:

$\sigma^2$  é a variância do resíduo;

$\sigma_g^2$  é a variância genética entre as progênies;

$\sigma_f^2$  é a variância fenotípica entre as progênies;

$h_a^2$  é a herdabilidade no sentido amplo das progênies.

As expressões usadas para obter o progresso esperado com a seleção foram as seguintes:

$$GS = h^2 \times \Delta S, \text{ onde } \Delta S = (\bar{X}_S - \bar{X}_0)$$

$$GS \% = \frac{GS}{\bar{X}_0} \times 100$$

Nas quais:

GS é o progresso esperado com a seleção, ou ganho de seleção;

$h^2$  é a herdabilidade;

$\Delta S$  é o diferencial de seleção;

$\bar{X}_S$  é a média das progênies selecionadas;

$\bar{X}_0$  é a média da população de progênies ( $n = 480$ ).

Esta fórmula mostra que o ganho da seleção é função da herdabilidade na geração em que as progênies foram avaliadas.

Na análise de PCR foi confirmada presença do BGMV

em plantas sintomáticas e assintomáticas dos sintomas típicos de BGMV (Figura 1). Estes resultados demonstram que possivelmente a redução nos danos para a virose foi do tipo parcial e que possivelmente ocorra uma redução na replicação e concentração viral na planta.

Observou-se que as progênies mostraram-se em média mais resistentes do que seus progenitores (Tabela 2), havendo diferença significativa entre os tratamentos regulares (progênies) e os tratamentos comuns (Carioca-MG, IAPAR 57, IAPAR 65 e IAPAR 72) quanto ao índice de doença médio (2,62 e 2,87, respectivamente) (Tabela 3). Experimentos realizados para determinar a herdabilidade da resistência de algumas linhagens demonstraram que a resistência ao BGMV é controlada por fatores poligênicos com efeitos aditivos; havendo uma tendência à dominância visando reduzir o número de vagens mal formadas e nanismo nas plantas (Bianchini *et al.*, 1994). De acordo com Bianchini (1999), o melhoramento gradual nos níveis de resistência das progênies em relação aos seus parentais indica que a resistência ao BGMV nas progênies provavelmente é devido à combinação de diferentes caracteres de resistência herdados das diferentes fontes usadas.

Observou-se também uma diferença significativa entre as progênies, indicando a existência de uma grande variabilidade entre as mesmas (Tabelas 4 e 6).

Entre os genitores, foi observada uma diferença significativa quanto ao índice de doença (Tabela 3), o que já era esperado, pois entre eles existem materiais susceptíveis (cv. Carioca-MG) e resistentes (IAPAR 57, IAPAR 65 e IAPAR 72). Dentre as cultivares resistentes, IAPAR 65 apresentou melhor desempenho com a média de 2,28. Vale ressaltar que os genitores que são considerados resistentes apresentaram um índice de doença mais alto que o desejado. Isto já era esperado, já que estas cultivares, ao serem lançadas para plantio no Estado do Paraná, foram consideradas como

resistentes mesmo apresentando sintomas leves como clorose e enrugamento de folhas jovens (Bianchini, 1999), e também devido ao efeito ambiental sofrido por estes, já que foram desenvolvidos no sul do Brasil.

Observa-se que para número de vagens por planta (N.V.) e peso de grãos por planta em gramas (P.G.) (Tabela 3), que houve diferença significativa entre os tratamentos regulares (progênies) e os tratamentos comuns (Carioca-MG, IAPAR 57, IAPAR 65 e IAPAR 72). Portanto, as progênies mostraram-se em média mais produtivas do que seus genitores (N.V. = 5,59 e 5,44; e P.G. = 5,13 e 4,82, respectivamente).

Nota-se ainda que, para ambas as características, existem diferenças significativas entre as médias das progênies (Tabela 3), indicando a existência de uma grande variabilidade entre as mesmas. A possibilidade de o melhorista estimar o progresso esperado com a seleção antes mesmo que ela seja realizada é, sem dúvida, uma das principais contribuições da genética quantitativa (Ramalho *et al.*, 1993).

Com base na variância genética significativamente diferente de zero ( $p < 0,01$ ) ( $\sigma_g^2 = 0,2729$ ) e na estimativa da herdabilidade no sentido amplo ( $h_a^2 = 0,3953$ ) (Tabela 4), o processo de seleção foi realizado pelo índice de doença (I.D.). Deste modo estimou-se o ganho com a seleção (Tabela 6) com base nas notas médias de progênies (Tabela 5), considerando as intensidades de seleção 5%, 10%, 15%, 20% e 25%.

Para I.D., a diferença de ganho entre as intensidades 15%, 20% e 25% foram em torno de 1,3%, sendo menores que as verificadas para 5% e 10% ( $\cong 3\%$  e  $2\%$ , respectivamente) (Tabela 6). Estas diferenças podem ser melhor visualizadas através da formação de uma curva bem mais acentuada para as intensidades de seleção de 5% e 10% (Figura 2). Não havendo grande discrepância a partir das intensidades 15%,

**TABELA 2** - Médias estimadas de tratamentos regulares (progênies), tratamentos comuns (pais) e tratamentos ajustados (média geral), através do delineamento em blocos incompletos aumentados, para Índice de Doença (I.D.), número de vagens por planta (N.V.), e peso de grãos por planta (P.G.) de feijoeiro (*Phaseolus vulgaris*), em relação às médias estimadas de cada parental do dialeto. UFU, Uberlândia – MG, 1998

Tratamento		Média*		
		I.D.	N.V.	P.G.(g)
Progênies	480	2,6204	5,6010	5,1331
Pais	4)	(2,8791)	(5,4407)	(4,8280)
Carioca-MG	60	4,4250	5,1238	4,4968
IAPAR 57	60	2,3666	5,9116	5,6710
IAPAR 72	60	2,4416	5,1562	4,6525
IAPAR 65	60	2,2833	5,5543	4,4851
Média Geral	484	2,6226	5,5997	5,1306

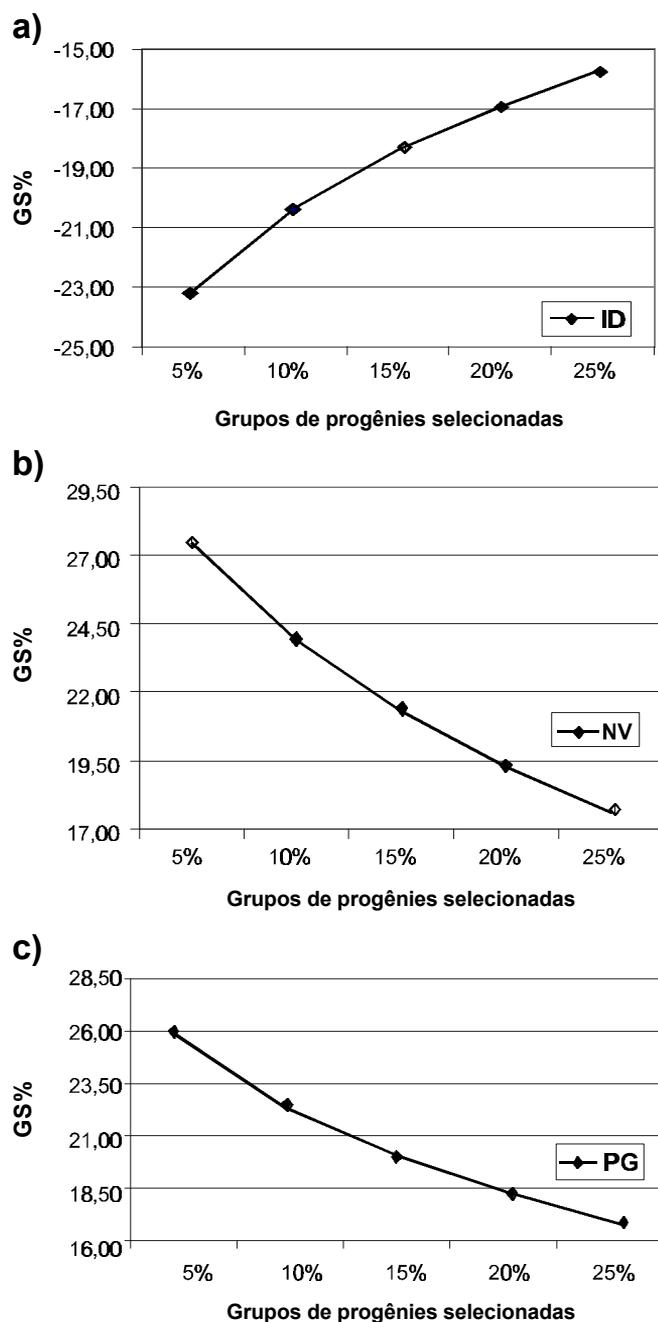
\*Médias de índice de doença (I.D.), número de vagens (N.V.) e peso de grãos por planta (P.G.).

**TABELA 3** - Resumo das análises de variâncias intrablocos para o delineamento em blocos incompletos aumentados, ao nível de médias, para Índice de Doença (I.D.), número de vagens por planta (N.V.), e peso de grãos por planta (P.G.) de feijoeiro (*Phaseolus vulgaris*). UFU, Uberlândia – MG, 1998

Fonte de variação	G.L.	QM		
		I.D.	N.V.	P.G.(g)
Repetições	2	22,3287**	35,6784**	103,0730**
Bl/Rep.(n aj.)	57	8,7003**	20,9197**	32,3397**
Trat.(ajust.)	(483)	(2,2131)**	(6,4426)**	(6,6860)**
Tipos Trat.	1	18,4286**	7,3190**	25,5929*
Trat. Reg. (aj.)	479	1,7925**	6,4295**	6,5673**
Trat. Comuns	3	63,9736**	8,1849	19,9473*
Resíduo	1137	1,2525	5,1332	5,5377
Total	1679			
CV%		42,67	40,46	45,86
		2,62	5,59	5,13

\* Teste F significativo ao nível de 5% de probabilidade.

\*\* Teste F significativo ao nível de 1% de probabilidade;



**FIG. 2** - Ganho de seleção (GS) dos grupos de progênies de feijoeiro (*Phaseolus vulgaris*) selecionados para: a) Índice de Doença (I.D.); b) Número de Vagens por planta (N.V.); e c) Peso de Grãos por planta (P.G.). UFU, Uberlândia – MG, 1998.

20% e 25% (curvas bem menos sinuosas), pode-se inferir que não será necessário um número elevado de progênies para se fazer a seleção.

As 90 progênies mais resistentes ao BGMV (Tabela 6) tiveram índices médios de doenças que variaram de 0,4 a 1,7, consideradas bastante promissoras em relação à resistência ao BGMV. Segundo Faria *et al.* (2000) o manejo das geminiviroses é difícil. Por isto, práticas que visam reduzir a

**TABELA 4** - Resumo da análise de variância e estimativas dos componentes de variância das progênies no delineamento de blocos casualizados completos, ao nível de médias, para Índice de Doença (I.D.), número de vagens por planta (N.V.), e peso de grãos por planta (P.G.) de feijoeiro (*Phaseolus vulgaris*). UFU, Uberlândia – MG, 1998

F.V.	G.L.	QM		
		I.D.	N.V.	P.G.(g)
Repetições	2			
Progênies	479	2,0714*	8,5294*	8,5345*
Resíduo	958	1,2525	5,1332	5,5377
$\sigma_R^2$		0,2729	1,1320	0,9989
$\sigma_f^2$		1,2525	5,1332	5,5377
$\sigma_2^2$		0,6904	2,8431	2,8448
$h_a$		0,3953	0,3981	0,3511

\* Teste F significativo ao nível de 1% de probabilidade.

**TABELA 5** - Média dos grupos de progênies selecionadas (5%, 10%, 15%, 20%, 25%) para Índice de Doença (I.D.), Número de Vagens por planta (N.V.) e Peso de Grãos por planta (P.G.) de feijoeiro (*Phaseolus vulgaris*), baseados nas médias estimadas do delineamento em blocos incompletos aumentados. UFU, Uberlândia – MG, 1998

Variável	Média				
	5%	10%	15%	20%	25%
I.D.	1,0892	1,2751	1,4044	1,4974	1,5820
N.V.	9,4674	8,9617	8,5951	8,3103	8,0783
P.G.	8,8761	8,3903	8,0685	7,8214	7,6158

incidência de vírus devem ser adotadas como parte de um manejo integrado. Neste caso, a resistência genética dos hospedeiro é fundamental. Nenhuma estratégia de controle, quando utilizada isoladamente, tem demonstrado ser efetiva para as doenças causadas por geminivírus. A herança da resistência ao BGMV do Brasil mostrou-se complexa (Personi *et al.*, 1999), ao contrário do de Porto Rico, onde a resistência é controlada por um gene recessivo denominado *bgm1* (Blair, 1992). Isto pode dificultar trabalhos de seleção em campo se a pressão de doença em campo não for adequada. Resultados obtidos por Singh *et al* 1991 demonstraram que para a seleção de importantes caracteres do feijoeiro vinculados a resistência ao à doença apresentam baixas herdabilidades, semelhantes as encontradas no presente trabalho.

Cabe ressaltar que das 90 progênies selecionadas quanto ao índice de doença e peso de grãos (Tabela 7), mais de 50% (50 progênies) envolveram o parental IAPAR 72 que na geração F<sub>2</sub>, já configurava-se como um parental superior na obtenção de progênies de maior resistência (Moraes *et al.*, 1999). Estudos realizados por Morales & Singh (1993) demonstram que a variância aditiva foi mais significativa que a variância genética não aditiva na redução

**TABELA 6** - Médias estimadas de 90 progêneses F<sub>4</sub> do cruzamento dialélico completo entre de cultivares de feijoeiro (*Phaseolus vulgaris*) IAPAR 57, IAPAR 72, IAPAR 65 e Carioca-MG, selecionadas de acordo com Índice de Doença (I.D.) de BGMV e Peso de Grãos por planta em gramas (P.G.), respectivamente. UFU, Uberlândia – MG, 1998

No.	Progênte	Número Ordem	I.D.	P.G.	No.	Progênte	pl	I.D.	P.G.
1	C-MG x I 65	196	0,4	6,32	46	I 57 x I 65	15	1,5	6,32
2	I 57 x I 72	2	0,8	5,81	47	I 65 x I 72	99	1,5	5,76
3	I 65 x I 57	192	0,8	5,46	48	C-MG x I 57	152	1,5	5,59
4	I 65 x I 72	120	0,8	5,10	49	I 65 x I 72	150	1,5	5,19
5	I 65 x I 72	1	0,9	5,58	50	I 57 x I 65	149	1,5	4,47
6	I 57 x I 72	106	0,9	4,80	51	I 65 x I 57	193	1,5	4,11
7	I 72 x I 65	64	1,0	6,49	52	I 57 x I 65	96	1,5	3,89
8	I 65 x I 72	127	1,0	3,81	53	I 72 x I 57	150	1,5	3,41
9	I 72 x C-MG	157	1,1	9,52	54	I 65 x C-MG	102	1,6	8,47
10	I 57 x I 72	202	1,1	4,95	55	I 57 x C-MG	202	1,6	7,48
11	I 72 x I 65	194	1,1	1,90	56	I 72 x I 57	43	1,6	6,49
12	I 72 x I 57	107	1,2	5,69	57	C-MG x I 57	112	1,6	5,76
13	I 72 x I 57	145	1,2	5,25	58	I 57 x I 72	43	1,6	5,59
14	C-MG x I 72	97	1,2	4,90	59	C-MG x I 65	95	1,6	5,05
15	I 65 x I 72	61	1,2	3,12	60	I 57 x I 72	96	1,6	4,96
16	I 65 x I 72	98	1,3	10,34	61	I 57 x I 65	104	1,6	4,81
17	I 72 x C-MG	142	1,3	7,99	62	I 57 x I 65	17	1,6	4,61
18	I 65 x I 57	69	1,3	6,96	63	C-MG x I 57	33	1,6	3,99
19	I 65 x I 72	80	1,3	6,95	64	C-MG x I 72	129	1,6	3,97
20	I 57 x I 72	81	1,3	6,84	65	I 72 x I 65	58	1,6	3,69
21	I 57 x I 72	187	1,3	6,63	66	I 72 x I 65	29	1,6	3,21
22	C-MG x I 57	115	1,3	6,54	67	I 57 x I 65	125	1,7	7,34
23	I 65 x I 57	191	1,3	6,41	68	I 65 x I 72	83	1,7	7,06
24	I 65 x I 72	72	1,3	6,22	69	I 65 x I 57	186	1,7	6,83
25	I 65 x I 72	96	1,3	5,63	70	I 57 x I 65	74	1,7	6,58
26	I 65 x I 72	82	1,3	4,91	71	I 57 x I 72	165	1,7	6,07
27	I 57 x I 72	157	1,3	4,08	72	I 57 x I 72	38	1,7	5,89
28	I 65 x I 57	198	1,3	3,49	73	I 57 x C-MG	64	1,7	5,86
29	I 65 x I 57	199	1,3	3,21	74	C-MG x I 57	57	1,7	5,39
30	I 57 x I 65	111	1,3	3,04	75	I 65 x C-MG	71	1,7	5,12
31	I 65 x I 57	48	1,4	7,81	76	I 72 x I 65	65	1,7	4,92
32	I 57 x I 65	11	1,4	7,23	77	I 57 x C-MG	91	1,7	4,58
33	I 65 x C-MG	117	1,4	6,89	78	I 72 x I 57	35	1,7	4,40
34	I 72 x I 65	111	1,4	6,65	79	I 65 x I 72	56	1,7	4,35
35	I 65 x I 57	73	1,4	6,19	80	I 72 x I 57	34	1,7	4,10
36	I 57 x I 65	112	1,4	5,90	81	I 65 x I 57	38	1,7	4,03
37	I 57 x I 65	61	1,4	5,34	82	I 57 x I 72	140	1,7	3,81
38	I 57 x I 65	131	1,4	5,02	83	C-MG x I 65	152	1,7	3,81
39	I 72 x I 57	186	1,4	4,81	84	I 65 x C-MG	90	1,7	3,75
40	I 57 x I 72	25	1,4	4,35	85	I 57 x I 65	76	1,7	3,56
41	C-MG x I 65	143	1,4	4,01	86	I 72 x I 57	20	1,7	3,01
42	I 72 x I 65	16	1,5	8,39	87	C-MG x I 72	145	1,7	2,56
43	I 72 x I 65	178	1,5	6,96	88	I 65 x C-MG	2	1,7	2,22
44	C-MG x I 72	99	1,5	6,78	89	I 72 x I 65	121	1,7	1,57
45	I 65 x I 72	41	1,5	6,41	90	I 72 x C-MG	27	1,7	1,32

Onde: C-MG = Carioca-MG, e I = IAPAR.

**TABELA 7** - Ganho de seleção (GS %) previsto para as intensidades de 5, 10, 15, 20 e 25% para Índice de Doença (I.D.), Número de Vagens por planta (N.V.) e Peso de Grãos por planta (P.G.) de cultivares de feijoeiro (*Phaseolus vulgaris*). UFU, Uberlândia – MG, 1998

Variável	Média				
	5%	10%	15%	20%	25%
I.D.	1,0892	1,2751	1,4044	1,4974	1,5820
N.V.	9,4674	8,9617	8,5951	8,3103	8,0783
P.G.	8,8761	8,3903	8,0685	7,8214	7,6158

de danos da virose em plantas do feijoeiro. Assim, a resistência ao BGMV pode ser controlada pela adição de genes em linhagens suscetíveis por cruzamentos dialélicos ou não, seguido de sucessivas gerações de autofecundação e presença do vírus. Devemos lembrar que outras características de mercado como: tamanho, aparência da semente, paladar, porte, precocidade da planta, também devem ser levados em consideração e poderão alterar a classificação das progêneses selecionadas na condução de experimentos futuros.

## AGRADECIMENTOS

Os autores agradecem ao Dr. Jonas Jager Fernandes da Universidade Federal de Uberlândia pela revisão criteriosa deste manuscrito. Ao Laboratório de Biologia Molecular da UFU (Dr. Luis Ricardo Goulart) pela realização das análises.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AGRIANUAL. Anuário da agricultura brasileira. São Paulo. FNP Consultoria e Comércio. 1999.
- BIANCHINI, A. Novas linhagens de feijoeiro resistentes ao vírus do mosaico dourado e cultivares recomendadas para o controle da virose. *Fitopatologia Brasileira* 19:329. 1994 (Resumo).
- BIANCHINI, A., MODA-CIRINO, V., FONSECA Jr., N.S. & TOLEDO, F.F. Genética da resistência ao vírus do mosaico dourado do feijoeiro. *Fitopatologia Brasileira* 19:329. 1994 (Resumo).
- BIANCHINI, A. Resistance to Bean Golden Mosaic Virus in Bean Genotypes. *Plant Disease* 83:615-619. 1999.
- BLAIR, M.W. heritability of field resistance to bean golden mosaic virus and the sweetpotato whitefly (*Bemisia tabaci* Genn.) in dry bean *Phaseolus vulgaris* L.) (M.Sc. Thesis). Puerto Rico. University of Puerto Rico. 1992.
- CIAT. Research constraints provisionally identified by CIAT. In: Workshop on advanced *Phaseolus* beans. Research Network 11-14 de setembro, 1990. Cali, Colômbia, 1990.
- DOYLE, J.J. & DOYLE, J.L. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. *Phytochemical Bulletin* 19:11-15. 1987.
- FARIA, J.C., BEZERRA, I.C., ZERBINI, M.O., RIBEIRO, S.G. & LIMA, M.F. Situação atual das geminiviroses no Brasil. *Fitopatologia Brasileira* 25:125-137. 2000.
- FERREIRA, L.T. & ÁVIDOS, M.F.D. Mosca branca: presença indesejável no Brasil. Uberlândia, MG. Biotecnologia: ciência e desenvolvimento 4:22-26. 1998.
- Instituto Agrônomo do Paraná (IAPAR). Feijoeiro IAPAR 65. Folheto demonstrativo, 1ª tiragem, Cx. Postal 1331, CEP 86.001-970, Londrina - PR, Dezembro de 1994.
- Instituto Agrônomo do Paraná (IAPAR). Feijoeiro IAPAR 57. Folheto demonstrativo, 3ª tiragem, Cx. Postal 1331, CEP 86.001-970, Londrina - PR, março de 1995.
- MORAES, S.A., JULIATTI, F.C. & GOULART, L.R. Controle Genético Da Resistência Ao Vírus Do Mosaico Dourado (VMDF) No Feijoeiro-Comum (*Phaseolus vulgaris* L.). Anais, 8º Encontro Latino-americano e do Caribe sobre Moscas Brancas e Geminivirus. Fortaleza, CE. 1999. p.4.
- MORALES, F.J. & SINGH, S.P. Breeding for resistance to Bean Gold Mosaic Virus in an interracial population of *Phaseolus vulgaris* L. *Euphytica* 67:59-63. 1993.
- OLIVEIRA, A.C. & BARBIN, D. Experimentos em reticulado quadrado com alguns tratamentos comuns adicionados em cada bloco: Análise intrablocos. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 23:717-723. 1988.
- PESSONI, L.A., ZIMMERMANN, M.J.O. & FATIA, J.C. Genetic control of characters associated with bean gold mosaic geminivirus resistance in *Phaseolus vulgaris* L. *Brazilian Journal of Genetics*, 20:51-58, 1997.
- RAMALHO, M.A.P., SANTOS, J.B. & ZIMMERMANN, M.J.O. Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicações ao melhoramento do feijoeiro. Goiânia. Ed. UFG. 1993.
- ROJAS, M.R., GILBERTSON, R.L. & RUSSEL, D.R.. Use of degenerate primers in the polymerase chain reaction to detect whitefly-transmitted geminiviruses. *Plant disease* 77:340-347, 1993.
- SAMBROOK, J., FRITSCH, E.F. & MANIATIS, T. Molecular cloning: a laboratory manual. 2ª ed. CSH Laboratory Press. Vol I, II e III. 1989.
- SANTOS, J.B. & GAVILANTES, M.L. Botânica. In: Vieira, C., Paula Jr., T. J. & Borém, A. (Eds.). Feijão: Aspectos gerais e cultura no Estado de Minas Gerais. Viçosa-MG. Editora UFV. 1998. pp.55-81.
- SINGH, S.P., TERÁN, H., MOLINA, A. & GUTIÉRREZ, J.A. Genetics of seed yield and its components in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) of andean origin. *Plant Breeding* 107:254-257. 1991.
- SILVA, H.D. Análise de experimentos em látice quadrado (Square Lattice) com ênfase em componentes de variância e aplicações no melhoramento genético vegetal (Tese Mestrado). Viçosa. Universidade Federal de Viçosa. 1997.
- VIANNA, R.T. & SILVA, J.C. Comparação de três métodos estatísticos de análise de experimentos em Látice em milho (*Zea mays* L.). *Experimentia* 24:21-41. 1978.