

SELEÇÃO DE FAMÍLIAS DE FEIJÃO COM RESISTÊNCIA À ANTRACNOSE, PRODUTIVIDADE E TIPO DE GRÃO CARIOCA

Selection of common bean families for resistance to anthracnose, grain yield and carioca grain type

Nádia Nardely Lacerda Durães Parrella¹, João Bosco dos Santos², Rafael Augusto da Costa Parrella³

RESUMO

Na obtenção de cultivares de feijão com resistência à antracnose, outros atributos agrônômicos também devem ser considerados para atender a preferência do consumidor e do produtor. Neste trabalho, objetivou-se identificar famílias de feijão que reúnam, além da resistência à antracnose, alta produtividade, grãos tipo Carioca e porte ereto. Foram cruzados os genitores CNFC 10706, B1 portador do alelo de resistência à antracnose *Co-4* e H147 portador do alelo de resistência *Co-5*. Os três possuem grãos semelhantes ao Carioca. Inicialmente foram avaliadas 224 famílias $F_{2,3}$, derivadas dos três cruzamentos, mais a cultivar Talismã como testemunha, no inverno/primavera de 2004, em Lavras, com base no tipo de grão. Foram selecionadas 99 famílias $F_{2,4}$ e avaliadas com a testemunha Talismã, na seca de 2005 em Lavras e Lambari. Essas 99 famílias foram também inoculadas com as raças 593 e 337 de *C. lindemuthianum*, para auxiliar na seleção daquelas portadoras dos alelos de resistência *Co-4* e *Co-5*. As 35 famílias $F_{2,5}$ remanescentes foram avaliadas no inverno/primavera de 2005, em Ijaci, MG. Em todos os experimentos foi utilizado, o delineamento látice quadrado. As 35 famílias foram novamente inoculadas com as raças 65 e 321. Por meio das inoculações e também com o uso de um marcador molecular SCAR ligado ao alelo *Co-4*, foi possível identificar a constituição genética da maioria das 35 famílias quanto à reação antracnose e selecionar quatro que reúnem, simultaneamente, tipo de grãos semelhante ao Carioca, porte ereto e boa produtividade, além de serem portadoras dos alelos *Co-4* e *Co-5* de resistência à antracnose.

Termos para indexação: *Phaseolus vulgaris*, piramidação, *Colletotrichum lindemuthianum*, SCAR.

ABSTRACT

In the common bean breeding, besides anthracnose resistance other agronomical traits need to be considered for achieving the producer and consumer requirements. So the aims of this research were to select common bean families resistant to anthracnose, high grain yield, Carioca grain type and upright plant type. The lines CNFC 10706, B1 and H147 were crossed. All of them have Carioca grain type. The B1 line is resistant to anthracnose due to the *Co-4* allele, and the H147 due to the *Co-5* allele. From the CNFC 10706 x H147, CNFC 10706 x B1 and H147 x B1, 224 $F_{2,3}$ families plus the check Talismã were evaluated in the winter/spring of 2004, in Lavras county, based on grain type. Ninety nine families were selected and evaluated, plus the check, in the "seca" of 2005 at Lavras and Lambari county. The families were also inoculated with the 337 and 593 races of *C. lindemuthianum* for selecting those with the *Co-4* and *Co-5* resistant alleles. The 35 selected families ($F_{2,5}$) were evaluated in the winter/spring of 2005, in Ijaci county. The square lattice design was used in all experiments. Those 35 families were also inoculated with the 65 and 321 races of *C. lindemuthianum*. Through the inoculations and the *Co-4* SCAR marker the genetic constitutions of most of the 35 families were identified. Four families were selected with Carioca grain type, upright plant type, high grain yield and besides bearing the *Co-4* and *Co-5* alleles for anthracnose resistance.

Index terms: *Phaseolus vulgaris*, pyramid, *Colletotrichum lindemuthianum*, SCAR.

(Recebido em 6 de junho de 2006 e aprovado em 24 de maio de 2007)

INTRODUÇÃO

A preferência do mercado consumidor é por cultivares de feijão com grãos semelhantes ao da cultivar Carioca, embora a maioria delas sejam suscetíveis à vários patógenos e apresentem plantas prostradas, favorecendo o contato das vagens com o solo, o que ocasiona danos às sementes (RAMALHO & ABREU, 2006). A antracnose é uma das mais importantes doenças do feijoeiro

(*Phaseolus vulgaris* L.) causada pelo *Colletotrichum lindemuthianum* (Sacc. E Magnus) Scrib. e apresenta ampla distribuição no Brasil. Em plantas suscetíveis os sintomas podem aparecer em toda parte aérea e em especial nas vagens.

O emprego da resistência genética tem merecido especial destaque dentro de um sistema integrado de controle a doenças. Porém, em consequência da alta variabilidade do patógeno as cultivares resistentes tornam-se suscetíveis, o

¹Engenheira Agrônoma, Doutoranda em Fitotecnia – Departamento de Ciências Biológicas/FCBS – Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri/UFVJM – Rodovia Br 367 – Diamantina – 39100-000 – Itamarandiba, MG – nadiadurães@bol.com.br

²Engenheiro Agrônomo, Doutor em Genética e Melhoramento de Plantas – Departamento de Biologia/DBI – Universidade Federal de Lavras/UFLA – Cx. P. 3037 – 37200-000 – Lavras, MG – jbsantos@ufla.br

³Engenheiro Agrônomo, Doutor em Genética e Melhoramento de Plantas – Departamento de Zootecnia/DZO – Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri/UFVJM – Rodovia Br 367 – Diamantina – 39100-000 – Itamarandiba, MG –rafaelparrella@bol.com.br

que implica na necessidade de introdução de novos alelos de resistência (PASTOR-CORRALES et al., 1995; YOUNG & KELLY, 1996). É de suma importância obter cultivares que possuam mais de um alelo de resistência, isto é, uma pirâmide de alelos para que elas fiquem protegidas de um grande número de raças e possuam resistência mais duradoura (MENDONÇA, 1996). No entanto, para a construção da pirâmide de alelos de resistência, uma dificuldade é identificar todos os alelos que venham a ser piramidados em uma única linhagem. Através do uso de marcadores moleculares, essa dificuldade pode ser contornada, haja vista a existência de vários marcadores dos alelos de resistência para a antracnose (QUEIROZ et al., 2004). Entre os alelos de resistência, o *Co-4* e *Co-5* conferem proteção contra a maioria das raças vigentes nas principais regiões produtoras brasileiras que são a 65, 73 e 81 (ISHIKAWA et al., 2005).

Conduziu-se este trabalho, com o objetivo de relacionar famílias que reúnam, além da resistência a antracnose, outros fenótipos de interesse agrônomo como o tipo de grãos semelhante ao da cultivar Carioca, o hábito de crescimento preferencialmente arbustivo e alta produtividade.

MATERIAL E MÉTODOS

Os experimentos foram conduzidos na área experimental do Departamento de Biologia da Universidade Federal de Lavras (UFLA), Lavras-MG, a 910 m de altitude, 21° 14' S de latitude e 45° 00' W de longitude; na fazenda experimental da Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais, Lambari, também na região sul do estado a 845 m de altitude, 21° 31' S de latitude e 45° 22' W de longitude; e no município de Ijaci, localizado a oito quilômetros de Lavras e com 832 m de altitude, 21° 10' S de latitude e 44° 55' W de longitude. As inoculações e o preparo do inóculo de *C. lindemuthianum* foram realizadas no laboratório de resistência a doenças de plantas e a análise molecular de DNA foram realizadas no laboratório de genética molecular (DBI – UFLA).

Foram utilizadas 224 famílias, provenientes de cruzamentos entre os genitores CNFC 10706, B1 portadora do alelo de resistência à antracnose *Co-4* e H147 portadora do alelo de resistência *Co-5*. As três possuem grãos semelhantes ao Carioca.

Na safra de inverno de 2004, foram utilizadas as 224 famílias $F_{2,3}$, e como testemunha foi utilizada a cultivar Talismã. O delineamento experimental foi o látice simples 15 x 15, sendo as parcelas experimentais constituídas por 1 linha de 1m, em que foram avaliados o tipo e produção de

grãos, para proceder a escolha das mais promissoras. Para a avaliação de tipo de grão adotou-se uma escala de notas semelhante à utilizada por Santos (2001). A produção de grãos foi mensurada em g/parcela e, posteriormente, transformada para kg/ha.

Na safra da seca de 2005, avaliaram-se, em Lavras e Lambari, as 99 famílias mais promissoras na safra de inverno de 2004, e também a cultivar Talismã. O delineamento experimental utilizado foi o látice triplo 10x10 com parcelas constituídas de duas linhas de 2 m. As famílias foram avaliadas com base na produtividade e tipo de grãos, e também quanto ao porte das plantas. Para a avaliação do porte foi utilizado uma escala de notas semelhante à de Collicchio (1995). Procedeu-se também à inoculação de 12 plantas de cada famílias com as raças de *C. lindemuthianum* 337 e 593. O inóculo foi obtido a partir de uma suspensão de conídios, adicionando-se água destilada que, em seguida, foi coada através de tecido de filó e armazenada em um becker esterilizado. A concentração dos conídios presentes na suspensão foi determinada em um hemacitômetro e ajustada para $1,2 \times 10^6$ conídios ml^{-1} . Para avaliar a reação de cada raça adotou-se o procedimento utilizado por Couto (2005). Foi avaliada a reação ao patógeno, visualmente, por meio dos sintomas da doença, considerando as famílias com resistência completa, as segregantes e as suscetíveis.

Já para a safra de inverno/2005, foram avaliadas 35 famílias previamente selecionadas na safra da seca/2005 com base na reação ao *C. lindemuthianum* (resistentes ou segregantes), com melhores notas para porte, tipo de grão e boa produtividade, juntamente com a testemunha Talismã. Foi utilizado o delineamento látice 6x6 com três repetições e parcelas constituídas de duas linhas de dois metros, no município de Ijaci –MG. Essas famílias foram novamente inoculadas, com a raça 65 de *C. lindemuthianum* para identificar famílias resistentes a essa raça e portadoras do alelo *Co-4* e 321 para verificar as famílias portadoras do alelo *Co-5*.

Foi utilizado também o marcador SCAR para verificar a presença do alelo *Co-4* de resistência à antracnose nas famílias. O marcador SCAR está ligado a esse alelo (0,39cM) e amplificado pelo *primer* SAS 13 (AWALE & KELLY, 2001; YOUNG et al., 1998). Na extração de DNA de 10 plantas por família, utilizou-se o procedimento de Rogers & Bendich (1988). Para a análise PCR, cada reação foi realizada com uma mistura equitativa de DNA das plantas da família (NIENHUIS et al., 1995). As reações de amplificação foram realizadas num termociclador Eppendorf, seguindo recomendações do fabricante. Os fragmentos de DNA amplificados foram separados em gel

de agarose a 1,0% em tampão TBE (Tris, ácido Bórico e EDTA) e em uma corrente de 40-50V. Os fragmentos de DNA foram tratados com brometo de etídeo (0,5µg/ml) por 30-50 minutos e foi retirado o excesso de corante por 15-30 minutos com água destilada, sob agitação. A visualização foi feita em transiluminador de luz ultravioleta e as imagens foram capturadas na câmara digital KODAK EDA 290 e arquivadas através do software KODAK 1D Image©.

As características avaliadas nos experimentos de campo foram submetidas à análise individual de variância e posteriormente foi realizada a análise conjunta nos ambientes, considerando as médias ajustadas dos tratamentos comuns, seguindo as recomendações de Ramalho et al. (2000). Considerando o efeito de tratamento como fixo estimou-se o coeficiente de determinação genotípico (h^2), que indica quanto da variação fenotípica observada entre as médias dos tratamentos é devida a causas genéticas. Esta estimativa, embora restrita ao conjunto de famílias utilizadas nesse trabalho, será referida como herdabilidade (h^2). Estimaram-se, também, intervalos de confiança de h^2 segundo Knapp et al. (1985) para cada caráter, considerando as análises individuais e conjuntas. O ganho esperado com a seleção com as médias da análise conjunta foi estimado segundo Ramalho et al. (1993). Foram estimadas as correlações fenotípicas para os caracteres avaliados.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Para a seleção das famílias mais promissoras, ênfase foi dada inicialmente no tipo de grãos e, posteriormente, também foram considerados o porte e a produtividade de grãos. Além desses caracteres, especial atenção foi dada à seleção para a resistência à antracnose, principalmente às famílias que reunissem os alelos *Co-4* e *Co-5*. Das 99 famílias $F_{2,4}$ foram inoculadas 79 famílias que vieram dos cruzamentos onde se utilizou o genitor H147 e foram observadas, 13 famílias resistentes: 44 segregantes: 22 suscetíveis ($\chi^2= 2,9$; $P_u= 0,2345$), indicando que a herança do alelo *Co-5* é monogênica.

Foram então selecionadas 35 famílias com base não somente na resistência à antracnose, mas também quanto aos fenótipos desejáveis da produtividade e tipo de grãos e porte. Essas famílias foram novamente inoculadas com as raças 321 e 65. A identificação das raças utilizadas no trabalho foi realizada segundo o método binário proposto por Habgood (1970).

Para confirmar a presença do alelo *Co-4* nas famílias foi utilizado o marcador SCAR, por meio do *primer* SAS13, que identifica diferentes alelos dominantes do gene *Co-4*, porque o segmento amplificado possivelmente é parte desses alelos (AWALE & KELLY, 2001). Conforme pode ser

visualizado na Figura 1, o marcador foi amplificado em 30 famílias que também foram resistentes ou segregantes à raça 321 do patógeno, indicando serem portadoras dos alelos *Co-4* e *Co-5*. Em razão do SCAR ser um marcador dominante não há a possibilidade de distinguir as famílias completamente resistentes das segregantes, devidas ao alelo *Co-4*.

As famílias 8, 10 e 11, apesar de descenderem da linhagem B1, portadora do alelo de resistência *Co-4*, não amplificaram o marcador, em razão talvez da seleção com base nas inoculações ter sido de famílias não só resistentes, mas também segregantes quanto à reação ao patógeno. O fato das 35 famílias e a testemunha terem sido resistentes ou segregantes a raça 65, deduz-se que ela não era a variante patogênica intra-raça observada em algumas oportunidades (DAVIDE, 2006). Outro fato relevante é a possibilidade de recombinação intragênica que ocorre no loco *Co-4* (0,39 cM), gerando assim recombinantes suscetíveis, mesmo que numa taxa reduzida, porém, que amplificam o marcador (MELOTTO & KELLY, 2000). Já as famílias 2, 3, 4, 26, 27, 28 e 35 que não possuíam como genitores linhagens com alelo *Co-4* de resistência, amplificaram o marcador. Porém, um de seus genitores, o CNFC 10706, apresenta alguma resistência à antracnose, sugerindo assim que possa ser portador de algum alelo do gene *Co-4*, porém diferente do alelo *Co-4*. É importante mencionar que o outro genitor dessas famílias foi à linhagem H147, descendente da diferenciadora G2333 e não possui o alelo *Co-4*, como previsto por Pereira et al. (2004). Portanto, a presença do fragmento de DNA naquelas famílias só pode ter sido herdado do CNFC 10706. Os resultados do marcador e das inoculações permitiram inferir as constituições genéticas das famílias (Tabela 1). Na cultivar BRSMG – Talismã (36), o marcador foi amplificado, sugerindo a presença de resistência em consequência de um ou mais alelos do loco *Co-4*, entretanto, a evidência de ser portadora do alelo *Co-5*, a partir da inoculação com a raça 321, discorda do resultado observado por Arruda et al. (2005) indicando, possivelmente, falha na inoculação.

Para a produção de grãos, observaram-se diferenças genéticas significativas ($P \leq 0,01$) entre as famílias apenas na safra de seca/2005 em Lavras. As estimativas de herdabilidade para as safras de inverno/2004 em Lavras, seca/2005 em Lambari e inverno/2005 em Ijaci, podem ser consideradas nulas, uma vez que obtiveram valores para limite inferior negativo nos dois primeiros casos. Já no inverno de 2005, possivelmente, a variação genética entre as famílias tenha sido reduzida. Já para a safra da seca/2005 em Lavras, em que as famílias foram geneticamente diferentes entre si, a estimativa de herdabilidade pode ser considerada alta ($h^2= 55,86\%$) entre limites positivos já que a produção de grãos é muito influenciada pelo ambiente (COUTO, 2005; RAMALHO et al., 1993).

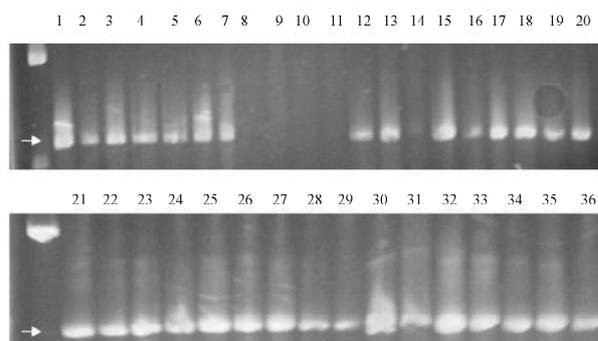


Figura 1 – Perfil da banda de 950 pb, amplificada pelo marcador SAS13, nas 35 famílias selecionadas (1-35) e na cultivar Talismã (36).

Visando a conhecer melhor a produtividade de grãos das 35 famílias selecionadas, utilizaram-se as médias ajustadas das safras inverno/2004 e seca/2005 ambas em Lavras e inverno/2005 em Ijaci, para realização da análise conjunta. Verificou-se efeito significativo para as safras, evidenciando diferenças entre os ambientes avaliados e para as famílias, evidenciando diferenças genéticas entre elas ($P \leq 0,01$). Não houve interação famílias x safras, mostrando um comportamento coincidente das famílias nas safras avaliadas. A estimativa da herdabilidade ($h^2 = 50,15\%$) foi semelhante à relatada por outros autores (COUTO, 2005; SILVA, 2005).

As famílias também apresentaram diferenças significativas ($P \leq 0,01$) em relação ao porte da planta nas safras da seca/2005 em Lavras e inverno/2005 em Ijaci. As estimativas de herdabilidade apresentaram valores de 73,37% para a safra da seca/2005 e 82,90% para a safra de inverno/2005, semelhantes aos valores obtidos por Couto (2005) e superiores aos obtidos por Silva (2005). Os valores da herdabilidade apresentaram um intervalo de confiança pequeno e sempre positivo, dando mais confiabilidade às estimativas. Nota-se, pela média das notas atribuídas ao porte nessas duas safras, que há possibilidade de seleção de famílias de porte ereto (Tabela 1). Em todas as avaliações o porte da testemunha Talismã foi inferior à média das famílias. Na análise de variância conjunta, verificaram-se diferenças significativas para safras ($P \leq 0,01$), sugerindo heterogeneidade ambiental. O mesmo ocorreu para famílias como evidenciado nas análises individuais. A interação não significativa das famílias x safras possivelmente ocorreu, porque nessas duas épocas houve deficiência de chuvas e o fornecimento de água foi complementado com irrigação. Assim, nessas safras não ocorreram excessos de umidade, como na safra das águas, que mais contribuiu para alteração do porte. A estimativa de herdabilidade foi alta (87,92%), com um intervalo de confiança pequeno, sobretudo pelo caráter ser influenciado pelo ambiente.

As famílias também foram geneticamente diferentes em relação ao tipo de grão, em todas as safras avaliadas, indicando a possibilidade de seleção de algumas famílias superiores. Neste caso, a superioridade do tipo de grãos corresponde àqueles com peso de 100 grãos de 23 a 25g, formato semelhante ao da cultivar Carioca e cores de fundo e das listras as mais claras possíveis (RAMALHO & ABREU, 2006).

As estimativas de herdabilidade em todas as safras variaram de 65,52% a 94,52%, indicando que o caráter é pouco influenciado pelo ambiente, ocorrendo assim uma situação favorável para a seleção do tipo de grão comercial favorável. Um aspecto a ser considerado é que, apesar da seleção em todas as safras, a variação genética entre as famílias foi observada. Isso mostra que, embora esse caráter seja pouco influenciado pelo ambiente, muitos genes estão envolvidos no seu controle (RAMALHO & ABREU, 2006).

Com relação à média, percebe-se certa melhoria nas notas ao longo das safras, embora, na safra da seca/2005, ela tenha sido superior a da safra de inverno/2004, mesmo tendo sido feita seleção nessa safra para esse caráter e isso pode ter acontecido em consequência do maior rigor do avaliador. Um fato importante é que, em todas as safras, exceto seca/2005, foram obtidas famílias que superaram a cultivar testemunha Talismã, que é sabidamente uma cultivar de excelente tipo de grão. Portanto, foi possível obter famílias com tipo de grão semelhante a ela e com vários atributos superiores, principalmente resistência à antracnose.

Utilizando-se as médias ajustadas das safras de inverno/2004 e seca/2005 em Lavras e inverno/2005 em Ijaci, realizou-se análise de variância conjunta para tipo de grão. Diferenças significativas ($P \leq 0,01$) ocorreram apenas para safras, confirmando a influência do ambiente na expressão desse caráter, porém a interação de famílias por safras não foi significativa. A estimativa de herdabilidade foi nula, ao contrário de Silva (2005), que obteve alto valor de herdabilidade na análise conjunta para este caráter.

Considerando a seleção das cinco melhores famílias com base nas médias ajustadas das análises conjuntas para tipo de grão, porte e produção de grãos, separadamente (seleção direta), observaram-se ganhos para todos os caracteres (Tabela 2). A seleção simultânea de um conjunto de caracteres tende a aumentar a chance de êxito de um programa de melhoramento (CRUZ & CARNEIRO, 2003). Utilizando-se esse procedimento, observou-se que, para o porte, manteve-se praticamente o mesmo ganho obtido na seleção direta e uma redução do ganho para os demais caracteres. Quando foram considerados todos os caracteres em conjunto, adotaram-se, como critério para seleção das famílias, aquelas que apresentaram valores diferentes da estimativa da média em um desvio padrão, para os caracteres tipo de grão e produção e média mais 1,2 desvios padrão para porte (Tabela 2). As cinco melhores famílias selecionadas foram 2, 3, 9, 12 e 14.

Tabela 1 – Médias ajustadas de porte, tipo de grão, produção e alelos de resistência.

Família	Porte nota (1-5)	Grão nota (1-5)	Produção (kg/ha)	Alelos de Resistência
1	2.72b	2.124a	2691.08b	Co-4?, Co-5?
2	2.00a	2.041a	2838.11b	Co-5?
3	2.26a	2.033a	3416.82a	Co-5?
4	2.47b	2.123a	3289.46a	Co-5?
5	2.56b	2.298a	3365.79a	Co-4, Co-5?
6	3.07b	2.265a	2785.25b	Co-4, Co-5
7	2.86b	2.149a	3131.45a	Co-4, Co-5?
8	2.85b	2.292a	2633.29b	Co-5?
9	1.82a	2.200a	3240.39a	Co-5?
10	3.65b	2.235a	2734.79b	Co-5?
11	2.68b	2.278a	3829.05a	Co-5?
12	2.18a	2.173a	2944.10a	Co-4, Co-5?
13	3.26b	2.317a	2560.18b	Co-4, Co-5?
14	1.89a	2.295a	3620.48a	Co-5?
15	2.68b	2.168a	2911.13b	Co-4?, Co-5?
16	2.52b	2.188a	3104.64a	Co-4?, Co-5?
17	2.69b	2.153a	3670.30a	Co-4
18	2.53b	2.097a	2971.99a	Co-4, Co-5?
19	2.65b	2.442a	2195.25b	Co-4, Co-5
20	2.84b	2.258a	3148.75a	Co-4?, Co-5?
21	2.81b	2.249a	2793.14b	Co-4?, Co-5?
22	2.69b	2.325a	2470.77b	Co-4?, Co-5?
23	2.99b	2.223a	2299.38b	Co-4?
24	2.74b	2.341a	2746.75b	Co-4?, Co-5?
25	3.15b	2.463a	2581.08b	Co-4?, Co-5?
26	2.10a	2.276a	3086.71a	Co-5?
27	2.51b	2.121a	3131.16a	Co-5
28	2.24a	2.277a	2784.47b	Co-5?
29	2.93b	2.363a	2564.48b	Co-4, Co-5
30	2.92b	2.326a	3038.56a	Co-4
31	2.69b	2.487a	2254.18b	Co-4, Co-5?
32	3.03b	2.409a	3112.62a	Co-4?, Co-5?
33	2.59b	2.308a	3271.93a	Co-4, Co-5
34	2.67b	2.198a	3126.13a	Co-4?, Co-5?
35	2.08a	2.413a	2953.39a	Co-5?

Médias seguidas de letras diferentes nas colunas diferem estatisticamente entre si pelo teste de Scott-Knot com 5% de probabilidade.

[?] Famílias segregantes.

Tabela 2 – Estimativa de ganho esperado com a seleção das cinco famílias de maior expressão para produção, porte de planta e tipo de grão.

Estimativa	Produção	Porte	Tipo de Grão
GS ¹	315,52	-0,57	-0,026
	(10,69%)	(21,80%)	(1,18%)
GS ²	130,70	-0,53	-0,02
	(4,43%)	(20,06%)	(0,74%)
GS ³	-98,23	0,109	0,007
	(3,33%)	(4,14%)	(0,31%)

^{1/} Ganho com a seleção considerando cinco famílias mais promissoras, para cada caráter separadamente. ^{2/} Ganho com a seleção considerando todas as características em conjunto. ^{3/} Ganho com seleção considerando as quatro famílias com presença da pirâmide de alelos de resistência à antracnose (*Co-4* e *Co-5*).

Considerando as quatro famílias (6, 19, 29 e 33) que apresentaram a pirâmide de alelos de resistência à antracnose *Co-4* e *Co-5*, não se verificou ganho com a seleção para os caracteres considerados, e sim, uma tendência de leve piora, provavelmente influenciado por alguns alelos desfavoráveis ainda ligados aos alelos de resistência, especialmente ao *Co-4*.

Ao considerar vários caracteres no processo de seleção, os ganhos para cada um isoladamente são menores, como pode ser observado na Tabela 2. Uma das causas da redução do ganho nos caracteres individuais com a seleção em múltiplos caracteres, pode ser por causa da correlação desfavorável entre os caracteres. Verificou-se correlação significativa e negativa, porém baixa, entre produção e tipo de grão e entre produção e porte, ou seja, as famílias que apresentaram melhor tipo de grão e porte são também as mais produtivas, nesse caso favorecendo a seleção. Contudo, os baixos valores das correlações, não interferiram significativamente na seleção de famílias que sejam superiores em todos os caracteres. Uma melhor caracterização do desempenho médio das 35 famílias está representada na Tabela 1.

CONCLUSÕES

Foi possível selecionar famílias que reuniram alta produtividade, tipo de grão semelhante ao da cultivar Carioca, porte mais ereto e resistência à antracnose devido à pirâmide de alelos *Co-4* e *Co-5*, bem como algumas famílias portadoras dos alelos individuais *Co-4* e *Co-5*. O marcador SCAR foi eficiente para identificar genótipos portadores do alelo *Co-4*, dentro do conjunto de famílias avaliado. As inoculações com as raças 321 e 337 foram eficientes para seleção de famílias portadoras do alelo *Co-5*.

AGRADECIMENTOS

Ao CNPq pela bolsa da primeira autora e à FAPEMIG, pelo apoio financeiro.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ARRUDA, K. M. A.; MELO, C. L. P.; SOUZA, T. L. P. O.; CARNEIRO, J. E. S.; MOREIRA, M. A.; BARROS, E. G. Caracterização fenotípica e molecular de linhagens de feijão tipo “Carioca” quanto à resistência a patógenos. In: CONGRESSO NACIONAL DE PESQUISA DE FEIJÃO, 8., 2005, Goiânia, GO. **Anais...** Goiânia: UFG, 2005.
- AWALE, H. E.; KELLY, J. D. Development of SCAR markers linked to *Co-4* gene in common bean. **Annual Report of Bean Improvement Cooperative**, Fort Collins, v. 44, p. 119-120, 2001.
- COLLICHIO, E. **Associação entre o porte da planta do feijoeiro e o tamanho dos grãos**. 1995. 98 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 1995.
- COUTO, M. A. **Seleção de linhagens de feijão tipo Carioca com resistência à antracnose e à mancha angular**. 2005. 74 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade de Lavras, Lavras, 2005.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2003. v. 2, 585 p.
- DAVIDE, L. M. C. **Comparação da variedade patogênica dentro da raça 65 de *Colletotrichum lindemuthianum***. 2006. 65 p. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2006.

- HABGOOD, H. Designation of physiological races of plant pathogens. **Nature**, London, v. 227, n. 5264, p. 1267-126, Sept. 1970.
- ISHIKAWA, F. H.; SILVA, K. J. D.; SOUZA, E. A.; DAVIDE, L. M. C.; FREIRE, C. N. S. Levantamento de raças de *Colletotrichum lindemuthianum* de regiões produtoras de feijão. In: CONGRESSO NACIONAL DE PESQUISA DE FEIJÃO, 7., 2005, Goiânia, GO. **Anais...** Goiânia: UFG, 2005.
- KNAPP, S. J.; STOUP, W. W.; ROSS, W. M. Exact intervals for heritability on a progeny mean basis. **Crop Science**, Madison, v. 25, n. 1, p. 192-194, Jan./Feb. 1985.
- MELOTTO, M.; KELLY, J. D. An allelic series at the Co-1 locus conditioning resistance to anthracnose in common bean of Andean origin. **Euphytica**, Wageningen, v. 116, n. 2, p. 143-149, 2000.
- MENDONÇA, H. A. de. **Controle genético ao fungo *Colletotrichum lindemuthianum* e da cor de halo em feijão (*Phaseolus vulgaris*)**. 1996. 60 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 1996.
- NIENHUIS, J.; TIVANG, J.; SCKROCH, P.; SANTOS, J. B. dos. Genetic relationships among cultivars and lines of lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) as measured by RAPD marker. **Journal of American society for Horticultural Science**, Alexandria, v. 120, n. 9, p. 300-306, Mar. 1995.
- PASTOR-CORRALES, M. A.; OTAYA, 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**, Saint Paul, v. 79, n. 1, p. 63-67, Jan. 1995.
- PEREIRA, H. S.; SANTOS, J. B.; ABREU, A. F. B. Linhagens de feijoeiro com resistência à antracnose selecionadas quanto a características agronômicas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 39, n. 3, p. 209-215, mar. 2004.
- QUEIROZ, V. T.; SOUZA, C. S.; COSTA, M. R.; SANGLARD, D. A.; ARRUDA, K. M.; SOUZA, T. L. P. O.; REGAGNIN, V. A.; BARROS, E. G.; MOREIRA, M. A. Development of SCAR markers linked to common bean anthracnose resistance gene Co-4. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, Fort Collins, v. 47, p. 249-250, 2004.
- RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Cultivares. In: VIEIRA, C.; PAULA JÚNIOR, T. J.; BORÉM, A. **Feijão: aspectos gerais e cultura no Estado de Minas**. 2. ed. Viçosa: UFV, 2006. p. 415-436.
- RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA A. C. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. Lavras: UFLA, 2000. 303 p.
- RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; ZIMMERMANN, M. J. O. **Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicação ao melhoramento do feijoeiro**. Goiânia: UFG, 1993. 271 p.
- ROGERS, S. O.; BENDICH, A. J. Extraction of DNA from plant tissues. **Plant Molecular Biology**, Dordrecht, v. 5, n. 2, p. 69-76, 1988.
- SANTOS, V. S. **Implicações da seleção precoce para tipo de grão no melhoramento genético do feijoeiro comum**. 2001. 57 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2001.
- SILVA, M. G. M. **Seleção de famílias superiores de feijoeiro com resistência a antracnose e mancha angular**. 2005. 80 p. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2005.
- YOUNG, R. A.; KELLY, J. D. Characterization of genetic resistance to *Colletotrichum lindemuthianum* in common bean differential cultivars. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 80, n. 6, p. 650-654, June 1996.
- YOUNG, R. A.; MELOTTO, M.; NODARI, R. O.; KELLY, J. D. Marker-assisted dissection of the oligogenic anthracnose resistance in the common bean cultivar, "G2333". **Theoretical Applied Genetics**, Berlin, v. 96, n. 1, p. 97-94, Jan. 1998.