



UFG

**UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS
ESCOLA DE AGRONOMIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA E
MELHORAMENTO DE PLANTAS**

**MELHORAMENTO DE FEIJÃO PRETO PARA
RESISTÊNCIA À MURCHA DE FUSÁRIO:
IDENTIFICAÇÃO DE MARCADORES
MOLECULARES E SELEÇÃO DE
POPULAÇÕES SEGREGANTES E LINHAGENS**

MÁRIO HENRIQUE RODRIGUES MENDES TORRES

Orientador:
Dr. Helton Santos Pereira



UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS
ESCOLA DE AGRONOMIA

TERMO DE CIÊNCIA E DE AUTORIZAÇÃO (TECA) PARA DISPONIBILIZAR VERSÕES ELETRÔNICAS DE TESES

E DISSERTAÇÕES NA BIBLIOTECA DIGITAL DA UFG

Na qualidade de titular dos direitos de autor, autorizo a Universidade Federal de Goiás (UFG) a disponibilizar, gratuitamente, por meio da Biblioteca Digital de Teses e Dissertações (BDTD/UFG), regulamentada pela Resolução CEPEC nº 832/2007, sem ressarcimento dos direitos autorais, de acordo com a [Lei 9.610/98](#), o documento conforme permissões assinaladas abaixo, para fins de leitura, impressão e/ou download, a título de divulgação da produção científica brasileira, a partir desta data.

O conteúdo das Teses e Dissertações disponibilizado na BDTD/UFG é de responsabilidade exclusiva do autor. Ao encaminhar o produto final, o autor(a) e o(a) orientador(a) firmam o compromisso de que o trabalho não contém nenhuma violação de quaisquer direitos autorais ou outro direito de terceiros.

1. Identificação do material bibliográfico

Dissertação Tese

2. Nome completo do autor

Mário Henrique Rodrigues Mendes Torres

3. Título do trabalho

MELHORAMENTO DE FEIJÃO PRETO PARA RESISTÊNCIA À MURCHA DE FUSÁRIO: IDENTIFICAÇÃO DE MARCADORES MOLECULARES E SELEÇÃO DE POPULAÇÕES SEGREGANTES E LINHAGENS

4. Informações de acesso ao documento (este campo deve ser preenchido pelo orientador)

Concorda com a liberação total do documento SIM NÃO¹

[1] Neste caso o documento será embargado por até um ano a partir da data de defesa. Após esse período, a possível disponibilização ocorrerá apenas mediante:

a) consulta ao(à) autor(a) e ao(à) orientador(a);

b) novo Termo de Ciência e de Autorização (TECA) assinado e inserido no arquivo da tese ou dissertação.

O documento não será disponibilizado durante o período de embargo.

Casos de embargo:

- Solicitação de registro de patente;
- Submissão de artigo em revista científica;
- Publicação como capítulo de livro;
- Publicação da dissertação/tese em livro.

Obs. Este termo deverá ser assinado no SEI pelo orientador e pelo autor.



Documento assinado eletronicamente por **MÁRIO HENRIQUE RODRIGUES MENDES TORRES, Discente**, em 18/12/2020, às 10:41, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **Helton Santos Pereira, Usuário Externo**, em 21/12/2020, às 09:18, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



A autenticidade deste documento pode ser conferida no site https://sei.ufg.br/sei/controlador_externo.php?acao=documento_conferir&id_orgao_acesso_externo=0, informando o código verificador **1763011** e o código CRC **B29A0B93**.

Referência: Processo nº 23070.051623/2020-74

SEI nº 1763011

MÁRIO HENRIQUE RODRIGUES MENDES TORRES

**MELHORAMENTO DE FEIJÃO PRETO PARA RESISTÊNCIA À
MURCHA DE FUSÁRIO: IDENTIFICAÇÃO DE MARCADORES
MOLECULARES E SELEÇÃO DE POPULAÇÕES SEGREGANTES E
LINHAGENS**

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, da Universidade Federal de Goiás, como requisito parcial à obtenção do título de Doutor em Genética e Melhoramento de Plantas.

Orientador:

Dr. Helton Santos Pereira

Coorientador:

Dr. Thiago Lívio Pessoa Oliveira de Souza

Goiânia, GO – Brasil

2020

Ficha de identificação da obra elaborada pelo autor, através do Programa de Geração Automática do Sistema de Bibliotecas da UFG.

Torres, Mário Henrique Rodrigues Mendes
Melhoramento de feijão preto para resistência à murcha de fusário: [manuscrito] : identificação de marcadores moleculares e seleção de populações segregantes e linhagens / Mário Henrique Rodrigues Mendes Torres. - 2020.
CIII, 103 f.

Orientador: Prof. Dr. Helton Santos Pereira; co-orientador Dr. Thiago Lívio Pessoa Oliveira de Souza.
Tese (Doutorado) - Universidade Federal de Goiás, Escola de Agronomia (EA), Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, Goiânia, 2020.
Bibliografia. Apêndice.
Inclui tabelas.

1. Phaseolus vulgaris L.. 2. Dialelo. 3. Interação de genótipos com ambientes. 4. Mapeamento de QTL. 5. Fusarium oxysporum f sp. phaseoli.. I. Pereira, Helton Santos, orient. II. Título.

CDU 633



UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS

ESCOLA DE AGRONOMIA

ATA DE DEFESA DE TESE

Ata Nº **214/2020** da sessão de Defesa de Tese de **Mário Henrique Rodrigues Mendes Torres** que confere o título de Doutor em **Genética e Melhoramento de Plantas**, na área de concentração em **Genética e Melhoramento de Plantas**.

Ao/s **10/12/2020** - dez dias do mês de dezembro do ano de dois mil e vinte, a partir das 08:00 horas, **Exame por vídeo conferência - Google Meets**, realizou-se a sessão pública de Defesa de Tese intitulada “**MELHORAMENTO DE FEIJÃO PRETO PARA RESISTÊNCIA À MURCHA DE FUSÁRIO: IDENTIFICAÇÃO DE MARCADORES MOLECULARES E SELEÇÃO DE POPULAÇÕES SEGREGANTES E LINHAGENS**”. Os trabalhos foram instalados pelo Orientador, Doutor **Helton Santos Pereira - Embrapa Arroz e Feijão** com a participação dos demais membros da Banca Examinadora: Professora Doutora **Patrícia Guimarães Santos Melo PPGMP/EA/UFG**, membro titular interno; **Dr.ª Rosana Pereira Vianello - Embrapa Arroz e Feijão**, membro titular externo; **Dr. Leonardo Cunha Melo - Embrapa Arroz e Feijão**, membro titular externo; Professor Doutor **Adriano Teodoro Bruzi - UFLA/MG**, membro titular externo. Durante a argüição os membros da banca **NÃO FIZERAM** sugestão de alteração do título do **trabalho**. A Banca Examinadora reuniu-se em sessão secreta a fim de concluir o julgamento da Tese tendo sido o candidato **APROVADO** pelos seus membros. Proclamados os resultados pelo Doutor **Helton Santos Pereira - Embrapa Arroz e Feijão**, Presidente da Banca Examinadora, foram encerrados os trabalhos e, para constar, lavrou-se a presente ata que é assinada pelos Membros da Banca Examinadora, aos **10/12/2020 - dez dias do mês de dezembro do ano de dois mil e vinte**.

TÍTULO SUGERIDO PELA BANCA



Documento assinado eletronicamente por **Rosana Pereira Vianello, Usuário Externo**, em 10/12/2020, às 12:08, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **Patrícia Guimarães Santos Melo, Professor do Magistério Superior**, em 10/12/2020, às 12:08, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **Helton Santos Pereira, Usuário Externo**, em 10/12/2020, às 12:11, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **Sergio Tadeu Sibov, Coordenador de Pós-graduação**, em 10/12/2020, às 14:42, conforme horário oficial de



Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **Leonardo Cunha Melo, Usuário Externo**, em 10/12/2020, às 15:01, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



A autenticidade deste documento pode ser conferida no site https://sei.ufg.br/sei/controlador_externo.php?acao=documento_conferir&id_orgao_acesso_externo=0, informando o código verificador **1673396** e o código CRC **D932F9C9**.

Referência: Processo nº 23070.051623/2020-74

SEI nº 1673396

Ao Meu Deus, pelo amor incondicional!

DEDICO

Aos meus pais Luiz e Socorro e as minhas irmãs

Alzira, Juliana e Rafaela, por todo o apoio

OFEREÇO

“Nesse campo chamado Vida, em que a casualização não é feita por nós, a única forma de diminuir o erro, é aprender com as repetições das situações, e fazer um controle bem rígido de emoções e decisões”.

- Mário Henrique

AGRADECIMENTOS

À Ti Senhor Meu Deus, pois Tua Graça, misericórdia, justiça, proteção e amor sempre me acompanharam. Aos meus pais, Luiz e Socorro por todo o esforço e dedicação que despenderam na minha educação. As minhas irmãs Alzira, Juliana e Rafaela pelo apoio. E a minha namorada Indiamara por sempre me apoiar e incentivar a ser uma pessoa melhor. Ao primo Artur por todas as discussões sobre estatística, genética e melhoramento e pelas palavras de incentivo.

Aos professores do PGMP, Alexandre Coelho, por todo conhecimento transmitido de forma paciente e humilde, Patricia Melo, pelo conhecimento transmitido, conselhos, puxões de orelha e pela oportunidade de estágio em docência, Sibov por deixar as disciplinas de seminários mais leves.

Aos amigos das turmas de mestrado e doutorado do PGMP Rodrigo, Ludivina, Samara, Gabriel, Flávio, Ailton, Érica por todo o companheirismo nas horas de aperreio.

Aos meus coorientadores Dr. Thiago Lívio e Dra. Rosana Pereira, por todo o conhecimento e tempo que disponibilizaram para esclarecer minhas dúvidas.

Meu orientador Dr. Helton, pela paciência e dedicação na construção gradual deste trabalho, pela confiança que me concedeu na condução deste trabalho, por todo o tempo que disponibilizou para tirar minhas dúvidas de forma paciente e por todo conhecimento transmitido no campo e durante as reuniões.

A todos os profissionais da Embrapa Arroz e Feijão que foram fundamentais na realização deste trabalho, dos experimentos de campo até as análises laboratoriais. Ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas da Universidade Federal de Goiás, pela oportunidade. E à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior pela bolsa concedida.

SUMÁRIO

RESUMO GERAL	13
GENERAL ABSTRACT.....	15
1 INTRODUÇÃO GERAL	17
2 SELEÇÃO DE GENITORES E POPULAÇÕES SEGREGANTES DE FEIJÃO PRETO PARA RESISTÊNCIA À MURCHA DE FUSÁRIO, ALTA PRODUTIVIDADE E TAMANHO DE GRÃOS	20
RESUMO	20
ABSTRACT	20
2.1 INTRODUÇÃO.....	21
2.2 MATERIAL E MÉTODOS	24
2.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	26
2.4 CONCLUSÕES	37
2.5 REFERÊNCIAS	38
APÊNDICE A.	42
APÊNDICE B.....	42
APÊNDICE C.....	43
APÊNDICE D	44
APÊNDICE E.....	45
APÊNDICE F	46
3 PARÂMETROS GENÉTICOS E SELEÇÃO DE LINHAGENS DE FEIJÃO PRETO RESISTENTES À MURCHA DE FUSÁRIO, COM ALTA PRODUTIVIDADE E TAMANHO DE GRÃOS	47
RESUMO	47
ABSTRACT	47
3.1 INTRODUÇÃO.....	48
3.2 MATERIAL E MÉTODOS	51
3.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	53
3.4 CONCLUSÕES	62
3.5 REFERÊNCIAS	63
APÊNDICE A	69
4 MAPEAMENTO DE QTLs PARA A REAÇÃO À MURCHA DO FUSÁRIO EM FEIJÃO	70
RESUMO	70
ABSTRACT	70
4.1 INTRODUÇÃO.....	71

4.2	MATERIAL E METODOS	74
4.2.1	Obtenção da população segregante e das progênies	74
4.2.2	Avaliações fenotípicas.....	74
4.2.3	Análise dos dados fenotípicos	75
4.2.4	Genotipagem dos marcadores	75
4.2.5	Mapa genético e análise de QTL	76
4.2.6	Identificação de genes nos intervalos de QTLs	76
4.3	RESULTADO E DISCUSSÃO	77
4.3.1	Análises Fenotípicas.....	77
4.3.2	Mapas de ligação	79
4.3.3	Mapeamento de QTLs e Anotação Gênica	81
4.4	CONCLUSÃO	89
4.5	REFERÊNCIAS	90
	APÊNDICE A	98
	APÊNDICE B.....	98
	APÊNDICE C.....	99
	APÊNDICE D	100
	APÊNDICE E.....	100
5	CONCLUSÕES GERAIS	101
6	REFERÊNCIAS	102

RESUMO GERAL

TORRES M. H. R. M. **Melhoramento de feijão preto para resistência à murcha de fusário: identificação de marcadores moleculares e seleção de populações segregantes e linhagens**. 2020. 98 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2020. ¹

A murcha de fusário, causada pelo fungo (*Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*) é uma das doenças mais importantes que afetam a cultura do feijão (*Phaseolus vulgaris* L.). Dentre os métodos de controle desta doença a resistência genética é a mais eficiente. Entretanto, existe pouca informação sobre a genética da reação à murcha de fusário (FOP). Foram realizados três estudos com os objetivos de: i) selecionar genitores e populações segregantes promissoras para reação à murcha de fusário, produtividade de grãos e massa de 100 grãos; ii) estimar parâmetros genéticos e selecionar linhagens resistentes à murcha de fusário, com alta produtividade e maior massa de 100 grãos; iii) verificar se existe relação genética entre estes caracteres; iv) estudar o controle genético e identificar marcadores moleculares SNPs ligados a QTLs para reação à murcha de fusário na cultivar de feijão BRS FP403. No primeiro estudo, foram avaliadas 25 populações segregantes obtidas a partir de cruzamentos no esquema de dialelo parcial entre dois grupos de cinco genitores: o grupo I com linhagens resistentes à murcha de fusário e o grupo II com linhagens suscetíveis, mas com características agronômicas superiores. As populações foram avaliadas em Santo Antônio de Goiás-GO em área com infestação natural do patógeno, nas safras de inverno/2016 (geração F₂), inverno/2017 (geração F₃) e inverno/2018 (geração F₄). Os caracteres avaliados foram a reação à murcha de fusário, produtividade e massa de 100 grãos. Foram detectadas diferenças significativas entre as populações para todos os caracteres. A análise dialélica conjunta mostrou a existência de efeitos aditivos e não-aditivos, com predominância de efeitos aditivos, para os três caracteres estudados. As estimativas de *gi* revelaram que os genitores BRS Esplendor (-0,13) e CNFP 15207 (-0,76) são indicados para formar populações com maior resistência à murcha de fusário. A linhagem CNFP 15194 é indicada para formar populações com maior resistência a murcha de fusário (-0,59) e maior massa de 100 grãos (0,69). Já a cultivar BRS FP403 é indicada como genitor para aumento da produtividade (218) e massa de 100 grãos (1,46). Entre os genitores suscetíveis, a CNFP 11995 destacou-se por formar populações com alta produtividade e massa de 100 grãos, simultaneamente. As populações BRS FP403 / CNFP 11995, CNFP 15194 / CNFP 11995 e CNFP 15194 / CNFP 11976 são as mais promissoras para a extração de linhagens superiores para os três caracteres simultaneamente. No segundo estudo, foram avaliadas linhagens oriundas de duas populações (BRS Esplendor / BRS Expedito e BRS Expedito / CNFP 15867), selecionadas pela alta resistência à murcha de fusário, alta produtividade e maior massa de 100 grãos. Foram conduzidos dois experimentos nas safras de inverno de 2015 e

¹ Orientador: Dr. Helton Santos Pereira. Embrapa Arroz e Feijão.

Coorientadores: Dr. Thiago Lívio Pessoa Oliveira de Souza. Embrapa Arroz e Feijão.

2016, em Santo Antônio de Goiás- GO, com 116 linhagens destas duas populações e cinco testemunhas em um delineamento experimental látice 11x11 triplo, em área infestada com o patógeno. Foram avaliadas a reação à murcha de fusário, produtividade e massa de 100 grãos. Foram realizadas análises de variância e estimados parâmetros genéticos. Foram identificadas diferenças entre as linhagens em todos os ambientes para todos os caracteres. As estimativas de herdabilidade e de ganho esperado com a seleção direta indicaram a possibilidade de obtenção de ganhos genéticos para cada caráter isoladamente. Na seleção simultânea das linhagens para os quatro caracteres, com base na análise conjunta, os ganhos esperados com a seleção das 31 melhores linhagens foram de 22,1% para reação à murcha de fusário, 6,6% para produtividade e 7,7% para massa de 100 grãos. Cinco linhagens apresentam alto potencial para serem indicadas como novas cultivares, pois mostraram resistência à murcha de fusário, alta produtividade e massa de 100 grãos, sendo superiores às cultivares disponíveis no mercado atualmente. No terceiro estudo foi realizada a genotipagem de marcadores SNPs e SilicoDArT utilizando a tecnologia DArTseq de uma população de mapeamento na geração F₂ obtida a partir do cruzamento entre as cultivares BRS FP403 (resistente) x BRS Horizonte (suscetível). Foram obtidas 165 progênies que foram avaliadas nas gerações F_{2:4} e F_{2:5}, juntamente com quatro testemunhas. Os experimentos foram instalados em delineamento experimental látice triplo 13x13, em área infestada com o patógeno, na safra de inverno/2016 (F_{2:4}) e inverno/2017 (F_{2:5}) em Santo Antônio de Goiás - GO. Foi realizada a avaliação da reação à murcha de fusário. Foi obtido um mapa genético compreendendo 702 marcadores com comprimento total de 3069 cM e distância média entre marcas de 4,9 cM. A análise dos dados fenotípicos mostrou presença de variabilidade entre as progênies e possibilidade de sucesso com a seleção, com altas estimativas de variância genética, herdabilidade (90%) e ganho esperado com a seleção (37%). Considerando os dois anos e a análise conjunta foram identificados 6 QTLs diferentes associados a reação à murcha do fusário e houve interação entre os QTLs e os anos. Com base na análise conjunta foram identificados quatro QTLs nos cromossomos 1, 2, 3 e 4, explicando de 5,8 a 40,5% da variação, indicando que a herança da reação à murcha de fusário é complexa. O QTL FOP2.3^{403H} destacou-se por explicar a maior proporção da variação fenotípica (40,5%) e ser estável nos diferentes anos. O QTL FOP3.2^{403H} explicou 6,3% da variação fenotípica e também foi estável nos anos. Esses marcadores apresentam grande potencial para utilização em seleção assistida.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L., dialelo, interação de genótipos com ambientes, mapeamento de QTL, *Fusarium oxysporum* f sp. *phaseoli*.

GENERAL ABSTRACT

TORRES, M. H. R. M. **Improvement of black beans for resistance to fusarium wilt: identification of molecular markers and selection of segregating populations and breeding lines.** 2020. 98 f. Thesis (Doctor of Science in Genetics and Plant Breeding) - Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2020. ²

Fusarium wilt, caused by the fungus (*Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*) is one of the most important diseases affecting bean culture (*Phaseolus vulgaris* L.). Among the methods of controlling this disease, genetic resistance is the most efficient. However, there is little information on the genetics of the fusarium wilt reaction (FOP). Three studies were carried out with the objectives of: i) selecting promising parents and the segregating populations for reaction to fusarium wilt, grain productivity and 100 grain mass; ii) estimate genetic parameters and select breeding lines resistant to fusarium wilt, with high productivity and greater mass of 100 grains; iii) check if there is a genetic relationship between these traits; iv) study genetic control and identify SNP molecular markers linked to QTLs for reaction to fusarium wilt in the bean cultivar BRS FP403. In the first study, 25 segregating populations obtained from crosses in the partial diallel scheme between two groups of the five parents were evaluated: group I with breeding lines resistant to fusarium wilt and group II with susceptible breeding lines, but with superior agronomic characteristics. The populations were evaluated in Santo Antônio de Goiás-GO in an area with natural infestation of the pathogen, in the winter / 2016 (generation F₂), winter / 2017 (generation F₃) and winter / 2018 (generation F₄). The evaluated traits were the reaction to fusarium wilt, productivity and mass of 100 grains. Significant differences between populations were detected for all traits. The joint diallel analysis showed the existence of additive and non-additive effects, with a predominance of additive effects, for the three traits studied. The *gi* estimates revealed that the parents BRS Esplendor (-0.13) and CNFP 15207 (-0.76) are indicated to form populations with greater resistance to fusarium wilt. The CNFP breeding lines 15194 is indicated to form populations with greater resistance to fusarium wilt (-0.59) and greater mass of 100 grains (0.69). The cultivar BRS FP403 is indicated as the parents for increasing productivity (218) and mass of 100 grains (1.46). Among the susceptible parents, CNFP 11995 stood out for forming populations with high productivity and a mass of 100 grains, simultaneously. The populations BRS FP403 / CNFP 11995, CNFP 15194 / CNFP 11995 and CNFP 15194 / CNFP 11976 are the most promising for the extraction of superior breeding lines for the three traits simultaneously. In the second study, breeding lines from two populations were evaluated (BRS Esplendor / BRS Expedito and BRS Expedito / CNFP 15867), selected for their high resistance to fusarium wilt, high productivity and greater mass of 100 grains. Two experiments were conducted in the winter crops of 2015 and 2016, in Santo Antônio de Goiás-GO, with 116 breeding lines from these two populations and five witnesses in a triple 11x11 latex experimental design, in an area infested with the pathogen. Reaction to fusarium wilt, yield and mass of 100 grains were evaluated. Analysis of variance and estimated genetic parameters were performed. Differences between lineages were identified in all environments for all traits. The estimates of heritability and expected gain with direct selection indicated the possibility of obtaining genetic gains for each traits in

² Advisor: Dr. Helton Santos Pereira. Embrapa Arroz e Feijão.

Co-Advisor: Dr. Thiago Livio Pessoa Oliveira de Souza. Embrapa Arroz e Feijão.

isolation. In the simultaneous selection of the breeding lines for the four traits, based on the joint analysis, the expected gains with the selection of the 31 best breeding lines were 22.1% for reaction to fusarium wilt, 6.6% for productivity and 7.7% for mass of 100 grains. Five breeding lines have high potential to be indicated as new cultivars, as they showed resistance to fusarium wilt, high productivity and a mass of 100 grains, being superior to the cultivars available on the market today. In the third study, genotyping of SNPs and SilicoDArT markers was performed using the DArTseq technology of a population mapping in the F₂ generation obtained from the crossing between the cultivars BRS FP403 (resistant) x BRS Horizonte (susceptible). 165 progenies were obtained and evaluated in generations F_{2:4} and F_{2:5}, together with four controls. The experiments were installed in a 13x13 triple lattice design, in an area infested with the pathogen, in the winter/2016 (F_{2:4}) and winter/2017 (F_{2:5}) harvest in Santo Antônio de Goiás - GO. Evaluation of the reaction to fusarium wilt was performed. A genetic map was obtained comprising 702 markers with a total length of 3069 cM and an average distance between marks of 4.9 cM. The analysis of phenotypic data showed the presence of variability between the progenies and the possibility of success with the selection, with high estimates of genetic variance, heritability (90%) and expected gain with the selection (37%). Considering the two years and the joint analysis, 6 different QTLs were identified associated with the reaction to the fusarium wilt and there was an interaction between the QTLs and the years. Based on the joint analysis, four QTLs were identified on chromosomes 1, 2, 3 and 4, explaining from 5.8 to 40.5% of the variation, indicating that the inheritance of the reaction to fusarium wilt is complex. The QTL FOP2.3^{403H} stood out for explaining the greater proportion of the phenotypic variation (40.5%) and being stable in the different years. The QTL FOP3.2^{403H} explained 6.3% of the phenotypic variation and was also stable over the years. These markers have great potential for use in assisted selection.

Key words: *Phaseolus vulgaris* L., diallel, genotypes by environments interaction, mapping QTL, *Fusarium oxysporum* f sp. *phaseoli*.

1 INTRODUÇÃO GERAL

O feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma espécie amplamente cultivada e um componente básico na alimentação brasileira. Essa cultura tem grande importância socioeconômica, atuando como fonte geradora de emprego e renda, e nutricional, constituindo a principal fonte de proteínas de origem vegetal para a população mais pobre. O Brasil tem se destacado nos últimos anos entre os principais produtores de feijão do mundo, com produção de 2,9 milhões de toneladas no ano de 2018 (FAO, 2020; Embrapa Arroz e Feijão, 2020). Embora a produtividade de feijão no Brasil tenha praticamente dobrado nos últimos 20 anos (810 kg/ha no ano de 2000), ainda apresenta produtividade média baixa (1500 kg/ha), em relação ao seu potencial produtivo (Embrapa Arroz e Feijão, 2020).

Entre os diversos fatores que afetam a produção de feijão no Brasil, destaca-se o ataque de vários fitopatógenos à cultura, principalmente fungos. A murcha de fusário é uma das principais doenças vasculares em feijão, que ocasiona perda total ou parcial de produtividade. É ocasionada pelo fungo *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli* e tem grande importância, principalmente em regiões que produzem feijão de terceira safra, ou safra de inverno, com uso do pivô-central, onde normalmente ocorrem cultivos sucessivos dessa cultura.

Dentre os métodos de controle desse patógeno, destacam-se o uso de sementes livre do patógeno, evitar a movimentação de solos entre áreas infectadas e não infectadas, rotação de culturas e a resistência genética. A resistência genética demonstra ser a forma mais econômica, de menor impacto ambiental e eficiente no controle deste patógeno.

A resistência genética a *F. oxysporum* f. sp. *phaseoli* ainda é pouco estudada, de forma que poucos trabalhos estão disponíveis na literatura quanto a informações relacionadas ao controle genético (Ribeiro & Hagedorn, 1979; Salgado et al., 1995; Cross et al., 2000; Cândida et al., 2009; Pereira et al., 2009; 2019; Musoni et al., 2010), uso de marcadores moleculares associados a genes de resistência (Fall et al., 2001; Xue et al., 2014; Xue et al., 2015), e obtenção de cultivares resistentes a esta doença.

Atualmente, das cultivares de feijão disponíveis aos produtores, poucas apresentam nível de resistência adequado a essa doença. Assim, o conhecimento das lacunas científicas sobre resistência à murcha de fusário em feijão, são de essencial importância para auxiliar e aumentar as chances dos programas de melhoramento genético de feijão em desenvolver cultivares que apresentem nível satisfatório de resistência a essa doença, associado ainda a outros caracteres de interesse.

O processo de melhoramento genético para obtenção de novas cultivares é composto de várias etapas. Na etapa inicial é necessário escolher os genitores que participarão dos cruzamentos visando a obtenção de variabilidade para posterior seleção. Nesta etapa os cruzamentos dialélicos têm sido bastante utilizados, pois geram informações que permitem conhecer os tipos de ações gênicas envolvidas e auxiliar na seleção dos melhores genitores e populações mais promissoras.

Na etapa intermediária o melhorista deve escolher o método de condução da população segregante de modo a promover ganhos graduais até que se obtenha a nova cultivar. Nessa etapa as estimativas de parâmetros genéticos como os componentes da variância, herdabilidade e correlações ganham importância pois permitem ao melhorista estimar o ganho genético e verificar se o método de condução das populações e a intensidade de seleção utilizada tem sido aplicada de forma correta.

No processo de obtenção de uma nova cultivar um dos maiores desafios é reduzir o tempo de obtenção da cultivar. Esse fator é ainda mais expressivo no melhoramento para resistência à murcha de fusário, em que avaliações em campo ocorrem apenas uma vez ao ano, na época de inverno. Além disso, no melhoramento a existência de mais de uma raça é outro fator que pode demandar mais tempo, quando o objetivo é a obtenção de cultivares resistentes a mais de uma raça. Nesse sentido caso sejam identificados e validados marcadores ligados a genes ou QTLs (*Quantitative Trait Loci*) de resistência a murcha de fusário, uma grande economia de tempo e recursos será obtida através do uso da seleção assistida por marcadores (SAM).

Diante do exposto, os objetivos deste trabalho foram: i) selecionar genitores e populações segregantes promissoras para reação à murcha de fusário, produtividade e massa de 100 grãos; ii) estimar parâmetros genéticos e selecionar linhagens resistentes à murcha de fusário, com alta produtividade e maior massa de 100 grãos; iii) verificar se existe relação genética entre estes caracteres; iv) estudar o controle genético e identificar marcadores

moleculares SNPs ligados a QTLs para reação à murcha de fusário na cultivar de feijão BRS FP403.

2 SELEÇÃO DE GENITORES E POPULAÇÕES SEGREGANTES DE FEIJÃO PRETO PARA RESISTÊNCIA À MURCHA DE FUSÁRIO, ALTA PRODUTIVIDADE E MASSA DE 100 GRÃOS

RESUMO

Este estudo foi realizado com o objetivo de selecionar genitores e populações segregantes que apresentem resistência à murcha de fusário, alta produtividade e maior massa de 100 grãos, e também para estudar o controle genético destes caracteres. Foram obtidas 25 populações segregantes, por meio de cruzamentos em esquema de dialelo parcial entre dois grupos de cinco genitores. O grupo I foi constituído por linhagens resistentes à murcha de fusário e o grupo II por linhagens suscetíveis, mas com alto potencial para produtividade de grãos e elevada massa de 100 grãos. As populações segregantes foram avaliadas nos anos/gerações F₂/2016, F₃/2017 e F₄/2018, juntamente com testemunhas, em campo infestado naturalmente com o patógeno, em Santo Antônio de Goiás - GO, usando delineamento de blocos casualizados com quatro repetições. Foram avaliadas a reação à murcha de fusário, produtividade e massa de 100 grãos. A análise dialélica conjunta mostrou a existência de efeitos aditivos e não-aditivos, com predominância de efeitos aditivos, para os três caracteres estudados. As estimativas de *gi* dos genitores revelaram que os genitores BRS Esplendor (-0,13) e CNFP 15207 (-0,76) são indicados para formar populações com maior resistência à murcha de fusário. A linhagem CNFP 15194 é indicada para formar populações com maior resistência à murcha de fusário (-0,59) e maior massa de 100 grãos (0,69). A cultivar BRS FP403 é indicada como genitor para aumento da produtividade (218) e massa de 100 grãos (1,46). Entre os genitores suscetíveis, a CNFP 11995 destacou-se por ajudar a formar populações com alta produtividade e massa de 100 grãos, simultaneamente. As populações BRS FP403 / CNFP 11995, CNFP 15194 / CNFP 11995 e CNFP 15194 / CNFP 11976 são as mais promissoras para a extração de linhagens superiores para os três caracteres simultaneamente.

Palavras-chaves: *Phaseolus vulgaris* L, *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*, capacidade combinatória, dialelo parcial, melhoramento genético.

ABSTRACT

SELECTION OF GENITORS AND SECREGING POPULATIONS OF BLACK BEANS FOR RESISTANCE TO FUSARIUM WILT, HIGH PRODUCTIVITY AND GRAIN SIZE

This study was carried out with the objective of selecting parents and populations that show resistance to fusarium wilt, high grain yield and greater mass of 100 grains, and also to study the genetic control of these traits. Were obtained 25 segregating populations by means of

crosses in a partial diallel scheme between two groups of five parents. Group I consisted of breeding lines resistant to fusarium wilt and group II of breeding lines susceptible to fusarium wilt, but with high potential for grain productivity and high mass of 100 grains. The segregating populations were evaluated in the years/generations F₂/2016, F₃/2017 and F₄/2018, together with controls, in a field naturally infested with the pathogen, in Santo Antônio de Goiás - GO, using a randomized block design with four replications. Reaction to fusarium wilt, productivity and mass of 100 grains were evaluated. The joint diallel analysis showed the existence of additive and non-additive effects, with a predominance of additive effects, for the three traits studied. The *gi* estimates of the parents revealed that the parents BRS Esplendor (-0.13) and CNFP 15207 (-0.76) are indicated to form populations with greater resistance to fusarium wilt. The breeding line CNFP 15194 is indicated to form populations with greater resistance (-0.59) to fusarium wilt and greater mass of 100 grains (0.69). The cultivar BRS FP 403 is indicated as the parent for increasing productivity (218) and mass of 100 grains (1.46). Among susceptible parents, CNFP 11995 stood out for helping to form populations with resistance to fusarium wilt, high productivity and mass of 100 grains, simultaneously. The populations BRS FP403 / CNFP 11995, CNFP 15194 / CNFP 11995 and CNFP 15194 / CNFP 11976 are the most promising for the extraction of superior breeding line for the three traits simultaneously.

Key words: *Phaseolus vulgaris* L, *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*, combining ability, partial diallel, plant breeding, selection of parents.

2.1 INTRODUÇÃO

O feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma espécie amplamente cultivada no mundo, e praticamente em todo território brasileiro (Pereira et al., 2009; Barbosa & Gonzaga, 2012). É uma fonte alimentar rica em proteína vegetal, carboidratos, minerais e vitaminas e um componente básico na alimentação brasileira (Silva et al., 2013), com consumo estimado de 17kg/habitante/ano no Brasil (Embrapa Arroz e Feijão, 2018).

Embora o Brasil seja um dos principais produtores de feijão do mundo, com produção anual de 2,9 milhões de toneladas (Embrapa Arroz e Feijão, 2020; FAO, 2020), 70% da sua produção é voltada para o tipo comercial carioca (Pereira et al., 2012). O grupo comercial preto é o segundo mais consumido, representando cerca de 15%. Entretanto, o Brasil importa aproximadamente 120 mil toneladas de feijão preto anualmente (CONAB, 2018).

O feijão preto, diferente do carioca, é apreciado pela culinária internacional, fazendo deste um produto potencial de exportação. Entre as vantagens do consumo de feijão preto, e que tem promovido seu consumo em outros países (Cichy et al., 2014), estão os benefícios a saúde devido as propriedades antioxidantes das antocianinas, que ajudam a

diminuir o dano oxidativo, que resulta em doenças relacionadas ao envelhecimento, incluindo câncer e doenças cardiovasculares (Hu et al., 2014).

As principais regiões produtoras de feijão preto são a Sul e Sudeste. Nessas regiões os grandes produtores de feijão realizam cultivos sucessivos da cultura e irrigação do tipo pivô-central, isso somado as temperaturas mais amenas da região Sul, favorece a proliferação de doenças como a murcha de fusário, ocasionada pelo fungo de solo *Fusarium oxysporum* f. sp. *Phaseoli* (Pereira et al., 2018). Essa doença pode causar perdas de até 100% quando são utilizadas cultivares suscetíveis e quando as condições ambientais são favoráveis a ocorrência da doença. Não existe controle químico eficiente para essa doença e, por isso, o controle dos danos na produção causados pela murcha de fusário pode ser obtido por meio de técnicas adequadas de manejo e também pelo uso de resistência genética de cultivares, sendo essa a forma mais eficiente, econômica e de menor impacto negativo ao homem e ao meio ambiente (Pereira et al., 2019).

Existem poucas cultivares de feijão preto que apresentam resistência genética à murcha de fusário (Pereira et al., 2018, 2019), o que indica que é necessário identificar genótipos que apresentem resistência, para que estes possam ser usados como genitores na obtenção de populações segregantes e linhagens, posteriormente. Nesse sentido a utilização do delineamento genético conhecido como dialelo se torna de grande importância. A análise dialélica fornece estimativas de parâmetros úteis na seleção de genitores para hibridação, como a capacidade geral de combinação (CGC), que reflete a frequência de alelos favoráveis e aditivos dos genitores presentes no dialelo, e capacidade específica de combinação (CEC), que reflete o desvio da combinação em relação ao comportamento médio que é esperado com base na CGC do genitor (Cruz et al., 2012).

Segundo Do Vale et al. (2015), o uso dos dialelos, em especial, os dialelos parciais, tem se destacado como ferramenta na seleção de genitores por parte dos programas de melhoramento. Além disso, esse tipo de delineamento genético consegue reunir fenótipos favoráveis que se encontram em grupos distintos de genitores, pois, nesse caso, não são de interesse as combinações dentro de cada grupo.

O uso dos cruzamentos dialélicos para seleção de genitores e para o estudo do controle genético da reação à murcha de fusário tem sido realizado em alguns estudos (Batista et al., 2016; 2017; Pereira et al., 2019). Estes estudos são essenciais em programas de melhoramento, uma vez que fornecem informações sobre o número de genes e o tipo de

interação alélica e gênica que estão envolvidos no controle genético da doença, informações importantes que devem ser consideradas nas etapas do programa de melhoramento.

Os estudos realizados para a determinação da herança da reação à murcha de fusário indicam resultados controversos, como a existência de herança monogênica (Cross et al., 2000; Ribeiro e Hagedorn 1979; Salgado et al., 1995), oligogênica (Batista et al., 2016; Batista et al., 2017; Ribeiro e Hagedorn 1979; Salgado et al., 1995), e poligênica (Batista et al., 2017; Cross et al. 2000; Salgado et al. 1995). No entanto, a maioria destes estudos foi realizado apenas em casa de vegetação, com condições controladas de inoculação e/ou em apenas um ambiente.

A avaliação em condições naturais de infestação, em múltiplos ambientes, é necessária, pois permite a estimação da interação entre genótipos e ambientes e usar essa informação para selecionar genitores e populações geneticamente superiores, de forma mais consistente. Além da resistência a doenças, uma nova cultivar deve atender as necessidades do mercado, como apresentar alta produtividade e qualidade de grãos, incluindo-se grãos maiores, (Carbonell et al., 2010).

Assim este trabalho objetivou estudar o controle genético da reação à murcha de fusário, selecionar genitores e populações segregantes para obtenção de linhagens de feijão preto com resistência à murcha de fusário, alta produtividade e maior massa de 100 grãos, utilizando um dialelo.

2.2 MATERIAL E MÉTODOS

Foram realizados cruzamentos biparentais em esquema de dialelo parcial entre genótipos elite de feijão com grãos pretos, separados em dois grupos, com relação à reação à murcha de fusário (Pereira et al., 2016; 2019): grupo I – cinco cultivares ou linhagens elite que apresentam diferentes níveis de resistência à murcha de fusário (BRS Campeiro, BRS Esplendor, BRS FP403, CNFP 15207, CNFP 15194); grupo II - cinco cultivares ou linhagens elite que não apresentam resistência à murcha de fusário (BRS Esteio, BRS Supremo, VP-22, CNFP 11976, CNFP 11995), que apresentam outros fenótipos desejáveis.

Os cruzamentos foram realizados no ano de 2015 em casa de vegetação na estação experimental da Embrapa Arroz e Feijão, localizada no município de Santo Antônio de Goiás, GO, a 819 m de altitude, latitude 16°30'17" S e longitude 49°16'53" °. As sementes F₁ das 25 populações obtidas foram semeadas em vasos, em casa de vegetação, também em 2015, visando a obtenção de sementes F₂. As sementes colhidas foram utilizadas para montagem de um experimento na época de inverno, em 2016, em uma área com alta incidência natural do patógeno. Este experimento foi composto pelas 25 populações, juntamente com três testemunhas (BRS FP403, BRS Esteio, BRS Supremo) e instalado em delineamento de blocos casualizados, com quatro repetições e parcelas de duas linhas de quatro metros. Uma amostra aleatória das sementes F₃ colhidas, de cada população, nesse experimento, foi utilizada para montagem de outro experimento semelhante, na safra de inverno/2017, na mesma área infestada pelo patógeno. Na geração F₄ o processo descrito anteriormente foi repetido, na safra de inverno/2018.

Todos os experimentos foram conduzidos no município de Santo Antônio de Goiás – GO, no campo experimental da Embrapa Arroz e Feijão. De acordo com a classificação de Köppen, o município de Santo Antônio de Goiás-GO apresenta clima Aw, tropical de savana, megatérmico e solo predominante Latossolo Vermelho-Escuro, textura argilosa, fase cerradão subperenifólio, relevo plano. A área onde foram instalados os experimentos apresenta alta infestação natural do patógeno e tem sido utilizada em outros trabalhos para avaliação da reação à murcha de fusário (Moller et al., 2011; Pereira et al., 2014; 2016; 2019; 2020). O suprimento de água em todos os experimentos foi mantido por sistema de irrigação do tipo pivô central.

Os caracteres avaliados nos três experimentos foram a reação à murcha de fusário, a produtividade e a massa de 100 grãos. Para a avaliação da reação à murcha de

fusário foi utilizada a escala de notas variando de 1 (completamente resistente) a 9 (completamente suscetível) (Pastor-Corrales & Abawi, 1987). Para a avaliação da produtividade foram colhidas todas as plantas das linhas e obteve-se o peso em g parcela⁻¹, que posteriormente foi convertido para kg ha⁻¹. A massa de 100 grãos foi determinada pela pesagem de uma amostra aleatória de 100 grãos em cada parcela, em gramas.

Os dados foram submetidos a análises de variância individuais para cada caráter avaliado em cada ano/geração. As análises conjuntas envolvendo os três anos/gerações foram realizadas considerando os efeitos de genótipos e anos/gerações como fixos (Cruz et al., 2013), após verificada a homogeneidade das variâncias residuais pelo teste de Hartley (Ramalho et al., 2005). As médias foram agrupadas pelo procedimento de Scott Knott (1974), a 10% de probabilidade. Também foi estimado o coeficiente de variação experimental (CV) e a acurácia seletiva (AS), para a avaliação da precisão experimental.

As análises dialélicas para cada ano/geração, bem como as análises dialélicas conjuntas foram realizadas mediante uma extensão do modelo IV de Griffing adaptado por Geraldi & Miranda Filho (1988) que utiliza somente as populações, como descrito por Cruz (2006), em que são estimados os efeitos da capacidade geral de combinação dos pais (g_i) e a capacidade específica de combinação das populações (s_{ij}). Os erros associados a essas estimativas foram obtidos conforme descrito por Cruz et al. (2012). Também foi estimado o coeficiente de determinação (R^2), por meio da contribuição relativa da soma de quadrado da capacidade específica de combinação (CEC) e capacidade geral de combinação (CGC), em relação à soma de quadrados total. Todas as análises estatísticas foram realizadas com o auxílio do programa computacional GENES (CRUZ, 2013).

2.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Para a reação à murcha de fusário, as estimativas de CV variaram de 20,8% a 29,0% (Apêndice A), sendo consideradas aceitáveis, e indicam boa precisão experimental para o caráter, uma vez que são esperados valores altos devido a distribuição heterogênea do fungo no solo (Cardoso et al., 1996), ocorrência natural da doença e a média baixa do caráter. As estimativas de acurácia seletiva foram consideradas muito altas (Cargnelutti Filho et al. 2009), aproximaram-se de 1, indicando boa informatividade dos experimentos para a seleção de genótipos superiores (Resende & Duarte, 2007).

As estimativas de CV variaram de 15,6% a 16,9% para produtividade de grãos (Apêndice B), e de, 4,6% a 5,1%, para massa de 100 grãos (Apêndice C), indicando também precisão experimental boa. A acurácia seletiva foi considerada alta ($\geq 0,70$ e $< 0,90$) para a produtividade de grãos e muito alta ($\geq 0,90$) para a massa de 100 grãos em todos os anos/gerações avaliados (Cargnelutti Filho et al. 2009), indicando eficiência na seleção de genótipos superiores com base na boa informatividade dos experimentos (Resende & Duarte, 2007).

Foram detectadas diferenças significativas entre as populações para todos os caracteres, em todos os anos/gerações avaliados (Apêndices A, B e C) e também nas análises conjuntas, confirmando a existência de variabilidade entre as populações e a possibilidade de seleção das melhores (Tabela 2.1). Houve efeito de anos/gerações para os três caracteres (Tabela 2.1), indicando que embora os experimentos tenham sido instalados no mesmo local e época, os fatores relacionados aos anos e ou gerações, como por exemplo, a temperatura média, que influencia diretamente no desenvolvimento do patógeno (Pastor-Corrales & Abawi, 1987; Awbawi & Pastor-Corrales, 1990; Rava et al., 1996), ou o efeito da seleção natural dentro das populações foram suficientes para detectar diferenças estatísticas entre os anos/gerações, no caso da reação à murcha de fusário.

As médias de produtividade e massa de 100 grãos apresentaram grande variação entre os anos/gerações, de 1401 kg ha⁻¹ a 3245 kg ha⁻¹ (Apêndice B) e 21,4 g a 25,6 g (Apêndice C), respectivamente, confirmando que esses caracteres foram influenciados pelos anos/gerações, (Tabela 2.1), corroborando com os resultados obtidos por Fernandes et al. (2015). Como consequência do confundimento de efeitos nos anos/gerações esses resultados podem ser explicados pelo controle quantitativos desses caracteres, que proporciona maior ação dos anos e/ou pelo efeito genético da mudança das gerações nas diferentes avaliações.

Tabela 2.1. Resumo das análises de variância conjuntas para reação à murcha de fusário, produtividade de grãos (kg ha⁻¹) e massa de 100 grãos (gramas).

Fonte de Variação	GL ¹	Murcha de fusário			Produtividade			Massa de 100 grãos		
		QM ²	P-valor	R% ³	QM ²	P-valor	R% ³	QM ²	P-valor	R% ³
Blocos/Anos	9	1,8	-	-	335454	-	-	0,90	-	-
Genótipos	27	21,9	0,001	-	646888	0,001	-	30,84	0,001	-
Testemunhas (T)	2	49,8	0,001	-	2402536	0,001	-	118,16	0,001	-
Populações (P)	24	16,9	0,001	-	488758	0,001	-	24,85	0,001	-
CGC I	4	42,6	0,001	42	1088615	0,001	49	87,43	0,001	62
CGC II	4	50,5	0,001	50	907581	0,001	41	49,91	0,001	36
CEC	16	2,1	0,010	8	234088	0,025	10	2,94	0,003	2
T vs P	1	86,4	0,001	-	930690	0,001	-	0,01	1,000	-
Anos e Gerações (A)	2	52,1	0,001	-	103919699	0,001	-	491,85	0,001	-
Genótipos x A	57	2,5	0,001	-	340966	0,001	-	2,59	0,001	-
Testemunhas x A	4	2,3	0,064	-	926701	0,001	-	1,53	0,328	-
Populações x A	48	2,5	0,001	-	300997	0,001	-	2,18	0,004	-
CGC I x A	8	5,2	0,001	-	474353	0,001	-	2,12	0,103	-
CGC II x A	8	1,9	0,067	-	444336	0,001	-	3,13	0,013	-
CGE x A	32	2,0	0,003	-	221823	0,009	-	1,95	0,036	-
(T vs P) x A	2	2,8	0,067	-	128755	1,000	-	14,68	0,001	-
Resíduo	243	1,0	-	-	133571	-	-	1,32	-	-
Média das (P)	-		3,77			2146			23,21	
CV ⁴ (%)	-		25,75			17,17			4,95	

¹ Graus de liberdade; ² Quadrados médios; ³ Contribuição relativa; ⁴ Coeficiente de variação.

O efeito da interação entre populações e anos/gerações foi significativo para os três caracteres, indicando que houve resposta média diferencial de pelo menos duas populações entre os anos/gerações avaliados. No caso da reação à murcha de fusário, essa interação poderia ser consequência da presença de mais de uma raça na área infestada e/ou a prevalência de raças diferentes nos diferentes anos. No entanto, as estimativas de correlações genéticas entre os anos/gerações dois a dois foram significativas e consideradas altas, variando entre 0,80 e 0,88, indicando que a interação entre os anos/gerações avaliados é predominantemente simples, o que sugere a existência ou predominância de uma única raça na área experimental. Pereira et al., (2019), avaliando populações segregantes para reação à murcha de fusário nessa mesma área, não identificaram significância da interação entre genótipos e ambientes, corroborando com o relatado anteriormente.

Houve significância dos quadrados médios de CGC dos grupos I e II para todos os caracteres em todos os anos/gerações (Apêndice A), e para os quadrados médios de CEC nos anos/gerações 2016/ F₂ e 2018/F₄, para reação à murcha de fusário e, 2017/ F₃ e 2018/F₄, para produtividade e massa de 100 grãos (Apêndice A). Quanto a análise conjunta, houve significância para todos os caracteres tanto para CGC como para CEC (Tabela 2.1). Esses resultados indicam a existência de ação gênica aditiva e não aditiva para a reação à murcha de fusário (Batista et al., 2016; 2017) assim como para os caracteres produtividade e massa de 100 grãos (do Vale et al., 2015; Gonçalves et al., 2015; Moura et al., 2018).

Contudo, a análise conjunta demonstrou que a contribuição relativa (R²) de CGC I e CGC II foram maiores do que a CEC para todos os caracteres avaliados, indicando que embora existam efeitos genéticos não-aditivos na expressão, houve predominância dos efeitos genéticos aditivos (Tabela 2.1) para os três caracteres. Batista et al. (2016), ao conduzir experimentos em condições controladas, e Pereira et al. (2019), ao conduzir experimentos em condições de campo, também observaram contribuições e efeitos genéticos aditivos e não aditivos para expressão da reação à murcha de fusário, porém os efeitos aditivos e não aditivos tiveram igual contribuição na expressão da reação à murcha de fusário.

Segundo Bhering et al. (2017), efeitos genéticos aditivos elevados indicam ganhos genéticos previstos de maior magnitude; além disso, os efeitos aditivos dos genes são acumulados ao longo das gerações, e dentro dos programas de melhoramento de autógamias, são as principais fontes de variação genética a serem exploradas, uma vez que a seleção destes promove a fixação da característica de interesse (Ramalho et al., 2012). Dessa

forma, a seleção de populações para elevada produtividade, maior massa de 100 grãos, e reação à murcha de fusário, pode ser realizada nas gerações iniciais, uma vez que houve predominância de efeitos genéticos aditivos. No entanto, como as populações encontram-se nas gerações iniciais, a distinção entre efeitos genéticos epistáticos e de dominância dentro de cada população se torna mais difícil, e evidencia a necessidade de avaliar e estudar as populações em gerações mais avançadas, tanto para melhor compreensão do controle genético como para definir estratégias de seleção mais eficientes.

A significância do quadrado médio de CGC do grupo I e II na análise conjunta para todos os caracteres indica a existência de pelo menos um genitor, em cada grupo, que apresenta maior frequência de alelos favoráveis, e, portanto, maior contribuição no desempenho médio de populações resultantes destes genitores (Tabela 2.1). A significância de CEC indica a existência de pelo menos uma população com desempenho médio diferente do que era esperado com base na CGC dos genitores (Cruz et al., 2012). Nesse sentido, destacam-se as estimativas dos efeitos de g_i e s_{ij} , que permitem, respectivamente, conhecer o efeito individual da CGC dos genitores de cada grupo e da CEC das populações, possibilitando identificar genitores e populações segregantes superiores.

Para a reação à murcha de fusário são desejáveis genótipos com valores de média baixa, que refletem maior resistência à murcha de fusário. Portanto para as estimativas de g_i , destacam-se os genitores que apresentam estimativas negativas e significativas. A linhagem CNFP 15207 foi a única, do grupo I, que apresentou estimativas negativas e significativas na análise conjunta (-0,76) (Tabela 2.2) e em todos os anos/gerações, ou seja, apresenta alelos que contribuíram para aumento da resistência nos cruzamentos que fez parte.

A linhagem CNFP 15194 também apresentou estimativa de g_i negativa e significativa na análise conjunta (-0,59) e no ano/geração F₃/2017 (Tabela 2.2). A cultivar BRS Esplendor também se destacou com estimativas de g_i negativas e significativas tanto na análise conjunta (-0,13), como nos anos/gerações F₂/2016 e F₄/2018 (Tabela 2.2). Esses resultados indicam que estes genótipos apresentam concentração de alelos que contribuem para o aumento da resistência à murcha de fusário, quando em cruzamentos com o segundo grupo de genótipos e são diferentes do obtido por Pereira et al. (2019), que não obteve estimativas significativas para essa cultivar em um dialelo completo sem recíprocos. No entanto vale destacar que a linhagem CNFP 15194 apresentou g_i estatisticamente superior a cultivar BRS Esplendor, indicando apresentar maior potencial para formar populações mais resistentes.

Tabela 2.2. Estimativas dos efeitos da capacidade geral de combinação do grupo I (CGCI) e do grupo II (CGCII) de linhagens genitoras de feijão, para à reação à murcha de fusário, produtividade de grãos e maior massa de 100 grãos em Santo Antônio de Goiás, GO, na safra de inverno de 2016 a 2018 e para análise conjunta.

Genitor	Reação à murcha de fusário				Produtividade de grãos				Massa de 100 grãos			
	F ₂ /2016	F ₃ /2017	F ₄ /2018	Conj	F ₂ /2016	F ₃ /2017	F ₄ /2018	Conj	F ₂ /2016	F ₃ /2017	F ₄ /2018	Conj
BRS Esplendor ¹	-0,24*	0,06	-0,20*	-0,13*	12	-31	-59	-26	-1,87*	-1,78*	-1,65*	-1,77*
BRS FP403 ¹	0,41*	0,21	-0,30*	0,11	-6	160*	500*	218*	1,34*	1,95*	1,09*	1,46*
CNFP 15207 ¹	-0,94*	-0,69*	-0,65*	-0,76*	72*	26	-47	17	-0,16	-0,79*	-0,05	-0,33*
CNFP 15194 ¹	-0,14	-1,49*	-0,15	-0,59*	-76*	-46	-95	-72*	0,79*	0,48*	0,78*	0,69*
BRS Campeiro ¹	0,91*	1,91*	1,30*	1,37*	-2	-110*	-300*	-137*	-0,11	0,15	-0,17	-0,04
BRS Esteio ²	0,66*	0,81*	1,20*	0,89*	113*	79*	90	94*	-0,36*	-0,18	-0,05	-0,19*
BRS Supremo ²	0,36*	0,61*	0,85*	0,61*	-158*	23	-392*	-176*	-1,52*	-1,36*	-1,47*	-1,45*
VP – 22 ²	0,71*	0,36*	0,35*	0,47*	-135*	25	-62	-57*	0,29*	0,92*	0,71*	0,64*
CNFP 11995 ²	-0,44*	-0,99*	-1,10*	-0,84*	86*	55*	255*	132*	1,44*	0,19	0,99*	0,87*
CNFP 11976 ²	-1,30*	-0,79*	-1,30*	-1,13*	95*	-183*	110*	7	0,14	0,42*	-0,18*	0,13
$\sigma(g_i) = \sigma(g_j)^3$	0,18	0,24	0,19	0,12	52,5	47,0	100,1	41,0	0,24	0,23	0,20	0,13
$\sigma(g_i - g_j)^4$	0,29	0,38	0,30	0,19	83,0	74,0	159,6	65,0	0,39	0,37	0,31	0,20

¹Genitor do grupo 1; ²Genitor do grupo 2; ³Erro associado à capacidade geral de combinação; ⁴Erro associado à diferença de g_i do genitor i com o genitor j .

Dentre as linhagens do grupo II, que são suscetíveis à murcha de fusário, duas linhagens demonstraram ser menos sensíveis ao patógeno, a CNFP 11976 e a CNFP 11995, apresentaram estimativas de g_i negativas e significativas de -1,13 e -0,84 na análise conjunta, respectivamente (Tabela 2.2), e também se destacaram em todos os anos/gerações. Vale destacar que o desempenho superior que essas linhagens demonstraram em relação as demais linhagens do mesmo grupo, pode ser consequência do próprio modelo matemático utilizado, onde o somatório do g_i de cada grupo sempre é zero. Outra explicação é a ocorrência de epistasia nessas linhagens, impedindo a expressão da resistência à murcha de fusário, e/ou de dominância nas populações em que essas linhagens são genitoras, reduzindo a média destas populações e, portanto, as estimativas de g_i de cada linhagem.

Assim, com base nas estimativas de capacidade geral de combinação (Tabela 2.2), é possível afirmar que as linhagens CNFP 15207, CNFP 15194 e BRS Esplendor são, potencialmente, os melhores genitores, para utilização em cruzamentos para redução da nota de severidade da doença. Quando o interesse é diminuir a média do caráter na população, é necessário que pelo menos um dos genitores apresente estimativas de g_i negativa e significativa (Krause et al., 2012; Cruz et al., 2012).

As estimativas dos efeitos da capacidade específica de combinação (s_{ij}) auxiliam o melhorista na escolha das melhores combinações que devem ser selecionadas (Ribeiro Gonçalves et al., 2015). As combinações que apresentarem maior magnitude de s_{ij} indicam maior dissimilaridade nas frequências dos genes dominantes entre os genitores (Rocha et al., 2014). Assim quanto maior a estimativa de CEC maior será a variabilidade genética liberada dessas populações nas gerações subsequentes, o que é indispensável para o melhoramento.

Para reação à murcha de fusário as médias das populações na análise conjunta variaram de 1,9 a 6,8 (Tabela 2.3), formando quatro grupos pelo teste de Scott Knott. Foram agrupados no primeiro grupo, sete populações e a testemunha resistente BRS FP403, evidenciando que estas populações apresentam maior resistência à murcha de fusário que as dos demais grupos. Além disso, 13 populações foram agrupadas no segundo grupo pelo teste de Scott Knott, e suas médias foram consideradas aceitáveis para a reação à murcha de fusário (Tabela 2.3).

Quanto às estimativas de s_{ij} para a reação à murcha de fusário, o que interessa ao melhorista é verificar se há estimativas negativas e significativas, associadas a médias inferiores, que envolvam pelo menos um dos genitores que apresentou estimativas de g_i mais favorável, uma vez que estas estimativas de s_{ij} são desvios do comportamento da população ao que é esperado em relação a CGC dos genitores, e são importante indicação de efeitos genéticos de dominância e epistasia (Cruz et al., 2012), bem como para a seleção das populações geneticamente superiores.

Foram encontradas estimativas negativas e significativas de s_{ij} associadas às médias inferiores em algumas combinações no ano/geração 2016. No entanto, na análise conjunta apenas a população BRS FP403/CNFP 11995 apresentou estimativas negativas e significativas de s_{ij} (-0,71) associada a baixa média (2,33) (Tabela 2.3), indicando que essa população apresentou o comportamento mais estável ao longo dos anos/gerações.

Além da resistência à murcha de fusário, a obtenção de linhagens mais produtivas e com grãos com maior massa de 100 grãos também é importante no processo de obtenção de novas linhagens. Para produtividade de grãos, a cultivar BRS FP403 foi o único genitor do grupo I que contribuiu com alelos favoráveis para o aumento da produtividade, apresentando estimativa de g_i alta e significativa na análise conjunta (218), e também nos anos/gerações F₃/2017 e F₄/2018 (Tabela 2.2). Entre os genitores do grupo II destacaram-se a linhagem CNFP 11995, que apresentou estimativa positiva e significativa na análise conjunta (132) e em todos os anos/gerações, e a cultivar BRS Esteio, com estimativa positiva e significativa na análise conjunta (94) e nos anos/gerações F₂/2016 e F₃/2017, o que evidencia o potencial destas linhagens para gerar populações com alta produtividade.

As médias para produtividade de grãos, na análise conjunta, variaram de 1574 kg ha⁻¹ para a cultivar BRS Supremo a 2553 kg ha⁻¹ para a população BRS FP403/CNFP 11995 (Tabela 2.3). Os genótipos avaliados foram agrupados em quatro grupos. Todas as populações foram superiores a cultivar BRS Supremo, que é suscetível a murcha de fusário e, conseqüentemente, teve a produtividade comprometida pela ocorrência da doença. Oitenta e oito por cento das populações foram superiores a cultivar BRS Esteio, que também é suscetível, mas com maior potencial produtivo em relação a BRS Supremo. Ficaram agrupadas no primeiro grupo de médias as populações BRS FP403 / CNFP 11995, BRS FP403 / VP22 e BRS FP403 / BRS Esteio, que não diferiram significativamente da cultivar BRS FP403, indicando que essas populações apresentam desempenho médio para produtividade de grãos superior as demais populações. Outras 14 populações ficaram

agrupadas no segundo grupo, com desempenho médio superior ao das cultivares BRS Supremo (1574 kg ha⁻¹) e BRS Esteio (1897 kg ha⁻¹), e, portanto, foram consideradas com bom potencial.

Tabela 2.3. Médias e estimativas dos efeitos da capacidade específica de combinação (S_{ij}), da reação à murcha de fusário (FOP, notas), produtividade (PROD, kg ha⁻¹) e massa de 100 grãos (M100G, gramas) com base na análise conjunta, para as populações e testemunhas avaliadas.

População	FOP	s_{ij}	PROD	s_{ij}	M100G	s_{ij}
CNFP 15194 / CNFP 11976	1,9a	-0,14	2134b	53	24,2c	0,18
CNFP 15207 / CNFP 11976	2,2a	0,36*	2221b	50	23,0e	-0,02
BRS FP403 / CNFP 11995	2,3a	-0,71*	2553a	56	25,7b	0,17
CNFP 15194 / CNFP 11995	2,3a	-0,01	2222b	16	25,0c	0,21
BRS Esplendor / CNFP 11976	2,4a	-0,11	2251b	123*	21,6g	0,06
CNFP 15207 / CNFP 11995	2,4a	0,24	2246b	-50	23,1e	-0,62*
BRS FP403 / CNFP11976	2,8a	0,08	2143b	-229*	24,4c	-0,41*
BRS FP403	3,1a	-	2458a	-	26,8a	-
CNFP 15207 / BRS Supremo	3,2b	-0,37*	2013c	26	21,8f	0,36*
CNFP 15207 / BRS Esteio	3,6b	-0,32*	2120b	-138*	22,4f	-0,31*
CNFP 15207 / VP22	3,6b	0,09	2218b	112*	24,1c	0,59*
CNFP 15194 / BRS Supremo	3,6b	-0,21	1884c	-15	22,2f	-0,25
BRS Esplendor / CNFP 11995	3,7b	0,86*	2185b	-68	22,0f	-0,30*
BRS Esplendor / VP22	3,8b	-0,29*	2026c	-37	22,0f	-0,12
BRS Campeiro / CNFP 11976	3,8b	-0,19	2020c	4	23,5d	0,19
CNFP15194 / VP22	3,9b	0,26*	1869c	-148*	24,5c	0,01
BRS Campeiro / CNFP 11995	3,9b	-0,39*	2186b	45	24,6c	0,54*
BRS Esplendor / BRS Supremo	4,0b	-0,26*	2087b	143*	20,2h	0,21
BRS FP403 / VP22	4,1b	-0,27*	2532a	225*	25,8b	0,52*
CNFP 15194 / BRS Esteio	4,2b	0,09	2261b	93*	23,5d	-0,14
BRS Esplendor / BRS Esteio	4,3b	-0,21	2054c	-160*	21,4g	0,15
BRS FP403 / BRS Supremo	5,0c	0,51*	2105b	-84*	23,3d	0,11
BRS FP403 / BRS Esteio	5,2c	0,39*	2490a	32	24,1c	-0,39*
BRS Campeiro / VP22	5,8d	0,21	1800d	-151	22,8e	-1,00*
BRS Campeiro / BRS Esteio	6,1d	0,04	2276b	173*	23,7d	0,70*
BRS Campeiro / BRS Supremo	6,1d	0,33*	1763d	-70	21,2g	-0,43*
BRS Supremo	6,3d	-	1574d	-	20,9h	-
BRS Esteio	6,8d	-	1897c	-	21,9f	-
$\sigma (s_{ij})^1$	-	0,24	-	82	-	0,26

Tabela 2.3. Continuação.

$\sigma (s_{ij} - s_{ik})^2$	-	0,37	-	130	-	0,41
$\sigma (s_{ij} - s_{kl})^3$	-	0,32	-	112	-	0,36

Médias seguidas da mesma letra não diferem estatisticamente entre si, pelo teste de médias de Scott Knott (10% de probabilidade). ¹ Erro associado à s_{ij} ; ² Erro associado à diferença na capacidade específica de combinação para $i \neq k$ e $j \neq k$; ³ Erro associado à diferença na capacidade específica de combinação para $i \neq k$, l e $j \neq k$, l .

Para produtividade de grãos as combinações que apresentaram efeitos positivos e significativos de s_{ij} associados a médias superiores, na análise conjunta (Tabela 2.3), foram: BRS Esplendor / CNFP 11976, CNFP 15207 / VP22, BRS Esplendor / BRS Supremo, BRS FP403 / VP22, CNFP 15194 / BRS Esteio e BRS Campeiro / BRS Esteio. Esse resultado indica que estas populações apresentam incremento na produtividade em kg/ha^{-1} que não pode ser explicado apenas pela média dos pais e suas capacidades gerais de combinação, uma vez que pelo menos um dos genitores apresentou estimativas positivas e significativas de g_i para este caráter.

Em relação as estimativas de g_i dos genitores do grupo I para a massa de 100 grãos destacaram-se a cultivar BRS FP403 e a linhagem CNFP 15194, com estimativas positivas e significativas na análise conjunta (1,46 e 0,69, respectivamente) e em todos os anos/gerações (Tabela 2.2), o que é uma indicação da superioridade destas linhagens quanto à frequência de alelos para o aumento da massa de 100 grãos. No grupo II as linhagens VP22 e CNFP 11995 apresentaram estimativas de g_i positivas e significativas na análise conjunta, 0,64 e 0,87 (Tabela 2.2), respectivamente, e em todos os anos/gerações que foram avaliadas, exceto o ano/geração F3/2017 para a linhagem CNFP 11995 (Tabela 2.2), evidenciando que essas linhagens possuem alelos que promovem o aumento da média da população para massa de 100 grãos.

Para a massa de 100 grãos também foram encontradas diferenças significativas entre as médias dos genótipos avaliados, na análise conjunta, sendo a cultivar BRS FP403 a que apresentou a maior massa de 100 grãos, ficando isolada no primeiro grupo de médias (Tabela 2.3). O segundo grupo foi composto por BRS FP403 / VP22 e BRS FP403 / CNFP11995. Noventa e seis por cento das populações superaram a cultivar BRS Supremo para este caráter e 80% superaram a cultivar BRS Esteio, indicando potencial de extração de linhagens que superem essas testemunhas. As populações que apresentaram grãos maiores do que os da BRS Esteio foram consideradas com bom desempenho.

As populações CNFP 15207 / VP22, BRS Campeiro / CNFP 11995, BRS FP403 / VP22 e BRS Campeiro / BRS Esteio destacaram-se na análise conjunta para massa de 100 grãos (Tabela 2.3), apresentando estimativas positivas e significativas de s_{ij} associadas a médias altas e, exceto a última, com um dos genitores com estimativas positivas e significativas de g_i , indicando que essas populações apresentam concentração de alelos para o aumento dessa característica.

Considerando os três caracteres, nenhuma população foi superior a cultivar BRS FP403, que se destacou para todos os caracteres. No entanto é válido lembrar que essa cultivar é o resultado final do trabalho de melhoramento e, portanto, já passou pelo processo de seleção necessário para a fixação de alelos dos locos que controlam os caracteres de interesse, promovendo a homozigose deste genótipo, que tem como consequência o desempenho similar entre as plantas. Por outro lado, as populações aqui avaliadas ainda estão na fase inicial deste processo de melhoramento, etapa em que ocorre a segregação de alelos. Assim as plantas que apresentam desempenho superior decorrente da concentração de alelos favoráveis necessitam passar pelas etapas de seleção do programa de melhoramento para promoção da homozigose e aumento da média dos caracteres em questão.

A população BRS FP403 / CNFP 11995 se destacou, ficando agrupada no primeiro grupo de médias para reação à murcha de fusário e produtividade e no segundo grupo para massa de 100 grãos. Além disso, ela é formada por pelo menos um genitor com estimativas de g_i significativas e favoráveis para todos os caracteres avaliados e também apresenta estimativa de s_{ij} negativa e significativa para reação à murcha de fusário (Tabela 2.3).

Além desta população, também se destacaram as populações CNFP 15194 / CNFP 11976, CNFP 15194 / CNFP 11995, CNFP 15207 / CNFP 11976, CNFP 15207 / CNFP 11995 e BRS FP403 / CNFP 11976, que embora não tenham sido agrupadas simultaneamente nos melhores grupos para produtividade de grãos e massa de 100 grãos, apresentam médias altas para estes caracteres, associadas a presença no melhor agrupamento para a reação à murcha de fusário, estimativas de s_{ij} significativas e favoráveis para pelo menos um caráter avaliado e também com pelo menos um genitor com estimativas de g_i favoráveis (Tabela 2.3).

Nesse sentido também se destacaram as populações CNFP 15207 / V.P.22, BRS Campeiro / CNFP 11995, BRS FP403 / V.P.22 e CNFP 15194 / BRS Esteio, que ficaram agrupadas no segundo melhor grupo para a reação à murcha de fusário, e demonstraram ser

estatisticamente superiores a cultivar BRS Esteio, ficando melhor agrupadas que esta cultivar, para a produtividade de grãos e massa de 100 grãos e, com pelo menos um genitor com estimativas de g_i e estimativas de s_{ij} da população significativas e favoráveis para um ou mais caracteres avaliados (Tabela 2.3).

Nenhuma das dez populações citadas apresentou simultaneamente média alta associada a estimativas de s_{ij} de alta magnitude e pelo menos um dos genitores com estimativas de g_i significativas para todos os caracteres em conjunto. Vale lembrar que estimativas de s_{ij} estatisticamente não significativas não são fatores determinantes de desempenho inferior, indicam apenas que as populações em questão apresentam desempenho esperado com base nas estimativas de g_i dos genitores, devendo o melhorista atentar-se a média da população para a característica em questão.

Assim, essas dez populações são indicadas para extração de linhagens superiores para resistência à murcha de fusário, produtividade de grãos elevada e maior massa de 100 grãos, simultaneamente, apresentando médias altas para todos os caracteres, estimativas significativas de g_i de pelo menos um dos genitores e favoráveis para um ou mais caracteres avaliados e estimativas de s_{ij} significativas e a favor para um ou mais caracteres avaliados.

2.4 CONCLUSÕES

Há predominância de efeitos aditivos no controle genético da reação à murcha de fusário, produtividade de grãos e massa de 100 grãos.

Os genitores BRS Esplendor e CNFP 15207 são indicados para formar populações que associam maior resistência à murcha de fusário.

A linhagem CNFP 15194 é indicada para formar populações que buscam com maior resistência à murcha de fusário e maior massa de 100 grãos.

A cultivar BRS FP403 é indicada como genitor em programas que busquem aumento da produtividade e massa de 100 grãos simultaneamente.

Entre os genitores suscetíveis, o genitor CNFP 11995 é promissor para compor programas de melhoramento que visam reunir simultaneamente maior produtividade e massa de 100 grãos.

As populações BRS FP403/CNFP 11995, CNFP 15194/CNFP 11995 e CNFP 15194/ CNFP 11976 são as mais promissoras para extração de linhagens superiores para os três caracteres avaliados, simultaneamente.

As estimativas de *gi* dos genitores BRS Esplendor, CNFP 15207 e CNFP 15194 indicam que os cruzamentos entre esses genitores podem promover a obtenção de populações com maior resistência a murcha de fusário, e são indicados para programas de melhoramento com esse objetivo.

2.5 REFERÊNCIAS

- AWBAWI, G. S.; PASTOR-CORRALES, M. A. **Root rots of beans in Latin America and Africa: Diagnosis, research methodologies, and management strategies**. Ciat, 1990. 114 p.
- BARBOSA, F.; GONZAGA, A. Informações técnicas para o cultivo do feijoeiro-comum na Região Central-Brasileira. **Embrapa Arroz e Feijão. Santo Antônio de Goiás, Brasil**, 2012.
- BATISTA, R. O.; SILVA, J. L. O.; NICOLI, A.; CARNEIRO, P. C. S.; CARNEIRO, J. E. D. S.; JÚNIOR, P.; QUEIROZ, M. V. D. Resistance to Fusarium wilt in common bean. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 16, n. 3, p. 226-233, 2016.
- BATISTA, R. O., SILVA, L. C., MOURA, L. M., SOUZA, M. H., CARNEIRO, P. C. S., CARVALHO FILHO, J. L. S., & DE SOUZA CARNEIRO, J. E. Inheritance of resistance to fusarium wilt in common bean. **Euphytica**, v. 213, n. 7, p. 133, 2017.
- CARBONELL, S. A. M; CHIORATO, A. F.; GONÇALVES, J. G. R.; PERINA, E. F.; CARVALHO, C. R. L. Tamanho de grão comercial em cultivares de feijoeiro. **Ciência Rural**, v. 40, n. 10, p. 2067-2073, 2010.
- CARDOSO, C. O. N.; KIMATI, N. H.; FERNANDES, N. G. Nota sobre a ocorrência de *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli* Kendrick e Snyder, causando murcha vascular em feijoeiro. **Anais da Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”**. v. 23, p. 273-276, 1966.
- CARGNELUTTI FILHO A.; STORCK L.; RIBEIRO N. D. Medidas da precisão experimental em ensaios com genótipos de feijão e de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. v. 44, p.1225–1231, 2009.
- CICHY, K. A.; FERNANDEZ, A.; KILIAN, A.; KELLY, J. D.; GALEANO, C. H.; SHAW, S.; BRICK, M.; HODKINSON, D.; TROXTELL, E. QTL analysis of canning quality and color retention in black beans (*Phaseolus vulgaris* L.). **Molecular breeding**. V. 33, no. 1 p. 139-154, 2014.

CROSS, H., BRICK, M.A., SCHWARTZ, H. F., PANELLA, L. W., BYRNE, P. F. Inheritance of resistance to fusarium wilt in two common beans races. **Crop Science**, v. 40, p. 954-958, 2000.

CRUZ, C. D. **Programa GENES**: Biometria. Editora UFV. Viçosa, MG. 2006. 382p

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4 ed., v. 1, Viçosa: Editora UFV, 2012. 514p.

CRUZ, C.D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**. v.35, n.3, p.271-276, 2013.

CUTRIM, V.A. et al. Eficiência da seleção visual na produtividade de arroz (*Oryza sativa* L.) irrigado. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v.32, p 601-606, 1997.

DO VALE, N. M.; BARILI, L. D.; DE OLIVEIRA, H. M.; DE SOUZA CARNEIRO, J. E.; CARNEIRO, P. C. S.; DA SILVA, F. L. Escolha de genitores quanto à precocidade e produtividade de feijão tipo carioca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 50, n. 2, p. 141-148, 2015.

Embrapa Arroz e Feijão. Home Page, 2018. Disponível em: < <http://www.cnpaf.embrapa.br/socioeconomia/index.htm> >. Acesso em: 05/01/2019.

FAOESTAT. Home Page, 2018. Disponível em: < <http://faostat3.fao.org> >. Acesso em: 05/01/2019.

FERNANDES, R. C.; GUERRA, J. G. M.; DE ARAÚJO, A. P. Desempenho de cultivares de feijoeiro-comum em sistema orgânico de produção. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 50, n. 9, p. 797-806, 2015.

GERALDI, I.O.; MIRANDA FILHO, J.B. Adapted models for the analysis of combining ability of varieties in partial diallel crosses. **Revista Brasileira de Genética**, v.11, p. 419-430, 1988.

HU, N.; ZHENG, J.; LI, W.; SUO, Y. Isolation, stability, and antioxidant activity of anthocyanins from *Lycium ruthenicum* Murray and *Nitraria tangutorum* Bobr of Qinghai-Tibetan plateau. **Separation Science and Technology**. v. 49, no. 18, p. 2897-2906, 2014.

MOURA, L. M.; DOS ANJOS, R. S. R.; BATISTA, R. O.; DO VALE, N. M.; CRUZ, C. D.; DE SOUZA CARNEIRO J. C.; MACHADO, J. C.; CARNEIRO, P. C. S. Combining ability of common bean parents in different seasons, locations and generations. **Euphytica**, v. 214, n. 10, p. 181, 2018.

MUSONI, A.; KIMANI, P.; NARLA, R. D.; BURUCHARA, R. Inheritance of fusarium wilts (*Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*) resistance in climbing beans. **African Journal of Agricultural Research**, v. 5, n. 5, p. 399-404, 2010.

PASTOR-CORRALES, M.A.; ABAWI, G.S. Reactions of selected bean germplasms to infection by *Fusarium oxysporum* f.sp. *phaseoli*. **Plant Disease**, v.71, p.990-993, 1987.

PEREIRA, M. J. Z.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, Â. D. F. B. Inheritance of resistance to *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli* Brazilian race 2 in common bean. **Scientia Agricola**, v. 66, n. 6, p. 788-792, 2009.

PEREIRA, H. S.; ALMEIDA, V. M.; MELO, L. C; WENDLAND, A.; FARIA, L. C.; DEL PELOSO, M. J.; MAGALDI, M. C. S. Influência do ambiente em cultivares de feijoeiro-comum em cerrado com baixa altitude. **Bragantia**, Campinas, v. 71, n. 2, p. 165-172, abr. 2012.

PEREIRA, H. S.; MELO, L. C.; SOUZA, T. L. P. O. de; FARIA, L. C. de; WENDLAND, A.; MAGALDI, M. C. de S. Resistance to Fusarium wilt in common bean cultivars and lines in pre-commercial stage. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative, Prosser**, v. 59, p. 103-104, Apr. 2016.

PEREIRA, H. S.; FARIA, L. C.; WENDLAND, A.; COSTA, J. G. C.; SOUZA, T. L. P.; MELO, L. C. Genotype by environment interaction for disease resistance and other important agronomic traits supporting the indication of common bean cultivars. **Euphytica**, v. 214, n. 1, p. 12, 2018.

PEREIRA, M. G.; RIBEIRO, E. H.; SANTA-CATARINA, R.; MIRANDA, J. M. D. 'UENF Rioparaíba': a new common bean cultivar. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 18, n. 4, p. 437-439, 2018.

PEREIRA, D. G.; FARIA, L. C.; SOUZA, T. L. P. O.; MELO, L. C.; PEREIRA, H. S. Selection of parents and segregating populations of black bean resistant to fusarium wilt with high yield and seed weight. **Gene Conserve**, v. 18, n. 71, 2019.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. D. F.; SANTOS, J. D.; NUNES, J. A. R. Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas. **Lavras: UFLA**, 2012

RAVA, C.A.; SARTORATO, A.; COSTA, J.G.C. Reação de genótipos de feijoeiro comum ao *Fusarium oxysporum* f.sp. *phaseoli* em casa de vegetação. **Fitopatologia Brasileira**, v.21, p.296-300, 1996.

RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, n. 3, p. 182-194, 2007.

RIBEIRO R. L. D & HAGEDORN D. J. Inheritance and nature of resistance in beans to *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*. **Phytopathology**, v.69, n. 8, p. 859-861, 1979.

RIBEIRO GONÇALVES, J. G.; CHIORATO, A. F.; ALVES DA SILVA, D.; DE FÁTIMA ESTEVES, J. A.; BOSETTI, F.; MORAIS CARBONELL, S. A. Análise da capacidade combinatória em feijoeiro comum submetido ao déficit hídrico. **Bragantia**, v. 74, n. 2, 2015.

SALGADO, M. O.; SCHWARTZ, H. F. Physiological specialization and effects of inoculum concentration of *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli* on common beans. **Plant Disease**, St. Paul, v. 77, n. 5, p. 492-496, 1993.

Apêndice A. Resumo das análises de variância para reação à murcha de fusário (notas), avaliadas nos anos/gerações F₂ (inverno/2016), F₃ (inverno/2017) e F₄ (inverno/2013), no município de Santo Antônio de Goiás - GO.

Fonte de Variação	GL ¹	F ₂ /2016			F ₃ /2017			F ₄ /2018		
		QM	P-valor	R%	QM	P-valor	R%	QM	P-valor	R%
Blocos	3	2,3	-	-	2,3	-	-	0,9	-	-
Genótipos	27	6,7	0,001	-	9,9	0,001	-	10,4	0,001	-
Testemunhas (T)	2	17,6	0,001	-	20,2	0,001	-	16,6	0,001	-
Populações (P)	24	5,3	0,001	-	8,6	0,001	-	8,1	0,001	-
CGC I	4	9,8	0,001	30	32,0	0,001	62	11,3	0,001	23
CGC II	4	14,6	0,001	46	13,8	0,001	27	25,9	0,001	54
CEC	16	1,9	0,009	24	1,4	0,465	11	2,8	0,001	23
T vs P	1	18,8	0,001	-	19,8	0,001	-	53,4	0,001	-
Resíduo	81	0,8	-	-	1,4	-	-	0,9	-	-
Média geral		3,09			3,89			4,35		
CVe% ²		28,2			29,0			20,8		
AS ³		0,93			0,93			0,95		

¹Graus de liberdade; ²Coeficiente de variação experimental; ³Acurácia Seletiva.

Apêndice B. Resumo das análises de variância para produtividade de grãos (kg ha⁻¹), avaliadas nos anos/gerações F₂ (inverno/2016), F₃ (inverno/2017) e F₄ (inverno/2013), no município de Santo Antônio de Goiás - GO.

Fonte de Variação	GL ¹	F ₂ /2016			F ₃ /2017			F ₄ /2018		
		QM	P-valor	R%	QM	P-valor	R%	QM	P-valor	R%
Blocos	3	23425	-	-	81557	-	-	620978	-	-
Genótipos	27	17459	0,001	-	15848	0,001	-	995736	0,001	-
Testemunhas (T)	2	66350	0,001	-	40604	0,001	-	3186396	0,002	-
Populações (P)	24	11863	0,041	-	14359	0,001	-	828518	0,001	-
CGC I	4	56195	1,000	8	20702	0,008	24	1774103	0,001	36
CGC II	4	36193	0,001	51	21892	0,006	25	1215393	0,002	24
CEC	16	73420	0,404	41	10891	0,027	51	495403	0,029	40
T vs P	1	53982	0,011	-	20730	1,000	-	627644	0,127	-
Resíduo	81	79850	-	-	55807	-	-	265055	-	-
Média geral		1792			1401			3245		

Apêndice B. Continuação

CVe% ²	15,97	16,91	16,00
AS ³	0,74	0,80	0,85

¹ Graus de liberdade; ² Coeficiente de variação experimental; ³ Acurácia Seletiva.

Apêndice C. Resumo das análises de variância para massa de 100 grãos (gramas), avaliadas nos anos/gerações F₂ (inverno/2016), F₃ (inverno/2017) e F₄ (inverno/2018), no município de Santo Antônio de Goiás - GO.

Fonte de Variação	GL ¹	F ₂ /2016			F ₃ /2017			F ₄ /2018		
		QM	P-valor	R%	QM	P-valor	R%	QM	P-valor	R%
Blocos	3	1,38	0,001	-	0,17	-	-	1,13	0,001	-
Genótipos	27	12,29	0,001	-	12,72	0,001	-	11,02	0,001	-
Testemunhas (T)	2	43,75	0,001	-	25,69	0,001	-	51,78	0,001	-
Populações (P)	24	9,63	0,001	-	11,50	0,001	-	8,07	0,001	-
CGC I	4	29,86	0,001	52	39,13	0,001	57	22,69	0,001	47
CGC II	4	23,16	0,001	40	14,62	0,001	21	18,40	0,001	38
CEC	16	1,19	1,000	8	3,81	0,002	22	1,83	0,032	15
T vs P	1	13,12	0,001	-	15,94	0,001	-	0,31	1,000	-
Resíduo	81	1,65	-	-	1,33	-	-	0,98	-	-
Média geral		25,60			22,63			21,38		
CVe% ²		5,03			5,07			4,63		
AS ³		0,93			0,94			0,95		

¹ Graus de liberdade; ² Coeficiente de variação experimental; ³ Acurácia Seletiva.

Apêndice D. Médias da reação à murcha de fusário (notas) e estimativas dos efeitos da capacidade específica de combinação (s_{ij}), avaliadas nos anos/gerações F₂ (inverno/2016), F₃ (inverno/2017) e F₄ (inverno/2018), no município de Santo Antônio de Goiás - GO.

População	F ₂ /2016		F ₃ /2017		F ₄ /2018	
	Média	s_{ij}	Média	s_{ij}	Média	s_{ij}
CNFP 15194 / CNFP 11976	1,5d	-0,16	1,7c	0,14	2,5d	-0,40*
CNFP 15207 /CNFP 11976	1,5d	0,64*	2,2c	-0,16	3,0d	0,60*
BRS FP403 / CNFP 11995	2,2d	-0,81*	2,5c	-0,61	2,2d	-0,70*
CNFP 15194 / CNFP 11995	2,7c	0,24	1,7c	0,34	2,5d	-0,60*
BRS Esplendor / CNFP 11976	1,7d	0,19	2,7c	-0,41	2,7d	-0,10
CNFP 15207 / CNFP 11995	1,5d	-0,21	3,0c	0,79*	2,7d	0,15
BRS FP403 / CNFP11976	2,2d	0,04	3,0c	-0,31	3,2d	0,50
BRS FP403	2,0d	-	3,0c	-	4,2c	-
CNFP 15207 / BRS Supremo	2,5c	-0,01	3,5c	-0,31	3,7c	-0,80*
CNFP 15207 / BRS Esteio	2,0d	-0,81*	4,0c	-0,01	4,7c	-0,15
CNFP 15207 / V.P.22	3,2c	0,39*	3,2c	-0,31	4,2c	0,20
CNFP 15194 / BRS Supremo	3,2c	-0,06	2,5c	-0,51*	5,0b	-0,05
BRS Esplendor / CNFP 11995	3,7b	1,34*	3,0c	0,04	4,2c	1,20*
BRS Esplendor / V.P.22	2,7c	-0,81*	4,2c	-0,06	4,5c	0,00
BRS Campeiro / CNFP 11976	2,0d	-0,71*	5,7b	0,74*	3,7c	-0,60*
CNFP15194 / V.P.22	3,5c	-0,16	2,7c	-0,01	5,5b	0,95*
BRS Campeiro / CNFP 11995	3,0c	-0,56*	4,2c	-0,56	4,5c	-0,05
BRS Esplendor / BRS Supremo	3,2c	0,04	5,2b	0,69*	3,5c	-1,5*
BRS FP403 / V.P.22	4,7b	0,54	4,0c	-0,46	3,5c	-0,9*
CNFP 15194 / BRS Esteio	3,7b	0,14	3,2c	0,04	5,5b	0,10
BRS Esplendor / BRS Esteio	2,7c	-0,76*	4,5b	-0,26	5,7b	0,40*
BRS FP403 / BRS Supremo	3,7b	-0,11	5,2b	0,54	6,0b	1,10*
BRS FP403 / BRS Esteio	4,5b	0,34	5,7b	0,84*	5,2b	0,00
BRS Campeiro / V.P.22	4,7b	0,04	7,0a	0,84*	5,7b	-0,25
BRS Campeiro / BRS Esteio	5,7a	1,09*	6,0b	-0,61*	6,5b	-0,35
BRS Campeiro / BRS Supremo	4,5b	0,14	6,0b	-0,41	7,7a	1,25*
BRS Supremo	5,7a	-	5,2b	-	8,0a	-
BRS Esteio	5,5a	-	7,5a	-	7,5a	-
$\sigma (s_{ij})^1$		0,36		0,48		0,38
$\sigma (s_{ij} - s_{ik})^2$		0,57		0,76		0,60
$\sigma (s_{ij} - s_{kl})^3$		0,50		0,65		0,52

Médias seguidas da mesma letra não diferem estatisticamente entre si, pelo teste de médias de Scott Knott (10% de probabilidade). ¹ Erro associado à s_{ij} ; ² Erro associado à diferença na capacidade específica de combinação para $i \neq k$ e $j \neq k$; ³ Erro associado à diferença na capacidade específica de combinação para $i \neq k$, l e $j \neq k$, l .

Apêndice E. Médias de produtividade de grãos (kg ha⁻¹) e estimativas dos efeitos da capacidade específica de combinação (s_{ij}), avaliadas nos anos/gerações F₂ (inverno/2016), F₃ (inverno/2017) e F₄ (inverno/2013), no município de Santo Antônio de Goiás - GO.

População	F ₂ /2016		F ₃ /2017		F ₄ /2018	
	Média	s_{ij}	Média	s_{ij}	Média	s_{ij}
CNFP 15194 / CNFP 11976	1691b	-120*	1242b	69	3470b	210*
CNFP 15207 /CNFP 11976	2006a	47	1415a	170*	3241b	-68
BRS FP403 / CNFP 11995	2072a	200*	1609a	-7	3976a	-24
CNFP 15194 / CNFP 11995	1703b	-99	1482a	71	3481b	77
BRS Esplendor / CNFP 11976	1920a	21	1385a	196*	3448b	151
CNFP 15207 / CNFP 11995	2076a	126*	1438a	-44	3223b	-230*
BRS FP403 / CNFP11976	1912a	31	1129b	-249*	3387b	-469*
BRS FP403	1749b	-	1651a	-	3974a	-
CNFP 15207 / BRS Supremo	1572b	-135*	1468a	18	3000c	194
CNFP 15207 / BRS Esteio	1891a	-87	1246b	-260*	3222b	-67
CNFP 15207 / V.P.22	1778a	48	1568a	116*	3308b	172
CNFP 15194 / BRS Supremo	1652b	94	1254b	-125*	2745c	-13
BRS Esplendor / CNFP 11995	1633b	-256*	1401a	-25	3521b	79
BRS Esplendor / V.P.22	1726b	57	1370a	-26	2981c	-143
BRS Campeiro / CNFP 11976	1906a	22	922b	-187*	3232b	176
CNFP15194 / V.P.22	1743b	162*	1226b	-155*	2637c	-451*
BRS Campeiro / CNFP 11995	1905a	29	1353a	6	3300b	99
BRS Esplendor / BRS Supremo	1726b	79	1357a	-36	3179b	385*
BRS FP403 / V.P.22	1413c	-238*	1778a	191*	4404a	721*
CNFP 15194 / BRS Esteio	1792a	-37	1574a	140*	3417b	177
BRS Esplendor / BRS Esteio	2018a	101	1339a	-110*	2805c	-475*
BRS FP403 / BRS Supremo	1617b	-11	1596a	11	3102b	-251*
BRS FP403 / BRS Esteio	1916a	18	1695a	54	3858a	23
BRS Campeiro / V.P.22	1626b	-29	1190b	-127*	2584c	-299*
BRS Campeiro / BRS Esteio	1908a	6	1546a	176*	3374b	338*
BRS Campeiro / BRS Supremo	1604b	-27	1446a	132*	2238c	-315*
BRS Supremo	1101c	-	1402a	-	2218c	-
BRS Esteio	1853a	-	1019b	-	2818c	-
$\sigma (s_{ij})^1$		105		94		202
$\sigma (s_{ij} - s_{ik})^2$		166		149		319
$\sigma (s_{ij} - s_{kl})^3$		144		129		276

Médias seguidas da mesma letra não diferem estatisticamente entre si, pelo teste de médias de Scott Knott (10% de probabilidade). ¹ Erro associado à s_{ij} ; ² Erro associado à diferença na capacidade específica de combinação para $i \neq k$ e $j \neq k$; ³ Erro associado à diferença na capacidade específica de combinação para $i \neq k$, l e $j \neq k$, l .

Apêndice F. Médias de massa de 100 grãos (gramas) e estimativas dos efeitos da capacidade específica de combinação (s_{ij}), avaliadas nos anos/gerações F₂ (inverno/2016), F₃ (inverno/2017) e F₄ (inverno/2013), no município de Santo Antônio de Goiás - GO.

População	F ₂ /2016		F ₃ /2017		F ₄ /2018	
	Média	s_{ij}	Média	s_{ij}	Média	s_{ij}
CNFP 15194 / CNFP 11976	26,2b	-0,29	23,8b	0,30	22,5b	0,53*
CNFP 15207 /CNFP 11976	26,0b	0,41	21,9c	-0,31	21,0c	-0,15
BRS FP403 / CNFP 11995	28,7a	0,36	25,1a	0,39	23,2b	-0,25
CNFP 15194 / CNFP 11995	28,2a	0,41	23,6b	0,30	23,1b	-0,09
BRS Esplendor / CNFP 11976	23,7d	-0,13	21,9c	0,61*	19,2d	-0,30
CNFP 15207 / CNFP 11995	26,2b	-0,64*	20,5d	-1,61*	22,7b	0,39
BRS FP403 / CNFP11976	27,7a	0,66*	23,5b	-1,52*	21,9b	-0,36
BRS FP403	28,2a	-	26,7a	-	25,3a	-
CNFP 15207 / BRS Supremo	23,7d	-0,18	21,5c	0,99*	20,1c	0,27
CNFP 15207 / BRS Esteio	24,7c	-0,34	21,6c	-0,07	20,7c	-0,53*
CNFP 15207 / V.P.22	26,5b	0,76*	23,6b	0,99*	22,1b	0,02
CNFP 15194 / BRS Supremo	25,0c	0,12	21,1d	-0,68*	20,5c	-0,18
BRS Esplendor / CNFP 11995	24,5c	-0,68*	21,7c	0,66*	19,8d	-0,88*
BRS Esplendor / V.P.22	24,2c	0,22	20,9d	-0,82*	20,7c	0,25
BRS Campeiro / CNFP 11976	25,0c	-0,64*	24,1b	0,93*	21,3c	0,28
CNFP15194 / V.P.22	26,2b	-0,43	24,7b	0,67*	22,7b	-0,21
BRS Campeiro / CNFP 11995	27,5a	0,56*	23,2b	0,26	23,0b	0,82*
BRS Esplendor / BRS Supremo	22,6d	0,46	19,1d	-0,40	18,8d	0,55*
BRS FP403 / V.P.22	27,0b	-0,24	26,0a	0,53*	24,5a	1,29*
CNFP 15194 / BRS Esteio	26,2b	0,21	22,3c	-0,59*	22,1b	-0,06
BRS Esplendor / BRS Esteio	23,5d	0,12	20,6d	-0,05	20,1c	0,38
BRS FP403 / BRS Supremo	25,2c	-0,18	24,0b	0,81*	20,7c	-0,30
BRS FP403 / BRS Esteio	26,0b	-0,59*	24,2b	-0,20	22,0b	-0,38
BRS Campeiro / V.P.22	25,5b	-0,29	22,3c	-1,37*	20,6c	-1,35*
BRS Campeiro / BRS Esteio	25,7b	0,61*	23,5b	0,90*	21,7b	0,59*
BRS Campeiro / BRS Supremo	23,7d	-0,23	20,7d	-0,72*	19,4d	-0,34
BRS Supremo	22,0d	-	21,8c	-	18,8d	-
BRS Esteio	23,2d	-	23,1b	-	19,4d	-
$\sigma (s_{ij})^1$		0,49		0,47		0,39
$\sigma (s_{ij} - s_{ik})^2$		0,77		0,74		0,62
$\sigma (s_{ij} - s_{kl})^3$		0,67		0,64		0,54

Médias seguidas da mesma letra não diferem estatisticamente entre si, pelo teste de médias de Scott Knott (10% de probabilidade). ¹ Erro associado à s_{ij} ; ² Erro associado à diferença na capacidade específica de combinação para $i \neq k$ e $j \neq k$; ³ Erro associado à diferença na capacidade específica de combinação para $i \neq k$, l e $j \neq k$, l .

3 PARÂMETROS GENÉTICOS E SELEÇÃO DE LINHAGENS DE FEIJÃO PRETO RESISTENTES À MURCHA DE FUSÁRIO, COM ALTA PRODUTIVIDADE E MASSA DE 100 GRÃOS

RESUMO

Este trabalho objetivou estimar parâmetros genéticos e selecionar linhagens de feijão preto (*Phaseolus vulgaris*) com resistência à murcha de fusário (*Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*), alta produtividade e massa de 100 grãos, em condições naturais de incidência do patógeno. Foram conduzidos dois experimentos nas safras de inverno de 2015 e 2016, com 116 linhagens obtidas a partir de duas populações segregantes e cinco testemunhas. O delineamento experimental foi em látice 11x11 triplo com parcelas de duas linhas de três metros, em área com alta infestação natural do patógeno, em Santo Antônio de Goiás - GO. Foram avaliadas a reação à murcha de fusário, produtividade e massa de 100 grãos. As análises individuais e conjuntas de variância detectaram diferenças significativas entre as linhagens para todos os caracteres avaliados. As estimativas das herdabilidade nas análises conjuntas foram de 91%, 75% e 92% para a reação à murcha de fusário, produtividade e massa de 100 grãos, respectivamente, demonstrando que há grande possibilidade de sucesso com a seleção. Foram detectadas correlações genéticas entre a reação à murcha de fusário e a produtividade (-0,93) e entre a reação à murcha de fusário e a massa de 100 grãos (-0,28), indicando que tanto a produtividade como a massa de 100 grão apresentam uma relação inversa com a reação murcha de fusário. A seleção direta das 31 melhores linhagens para cada um dos caracteres isoladamente proporcionou incremento de 34% na resistência à murcha de fusário, 11% na produtividade e 9% para massa de 100 grãos. A seleção simultânea das 31 melhores linhagens para os três caracteres, com base na análise conjunta, proporcionou a obtenção de altos ganhos (22,1% para reação à murcha de fusário, 6,6% para produtividade e 7,7% para massa de 100 grãos), indicando a possibilidade de seleção de linhagens superiores para os três caracteres, simultaneamente. Cinco linhagens apresentam alto potencial para seguirem no processo de avaliação para indicação como cultivares, pois, mostraram resistência a murcha de fusário e produtividade de grãos, e massa de 100 grãos superior às cultivares disponíveis no mercado atualmente.

Palavras-chaves: *Phaseolus vulgaris* L, *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*, herdabilidade, ganho genético, produtividade, massa de 100 grãos.

ABSTRACT

GENETIC PARAMETERS AND LINES SELECTION RESISTANT TO FUSARIUM WILT IN COMMON BEAN

This work aimed to estimate genetic parameters and select breeding lines of black beans (*Phaseolus vulgaris*) with resistance to fusarium wilt (*Fusarium oxysporum* f. sp. *Phaseoli*), high productivity and mass of 100 grains, under natural conditions of incidence of the pathogen. Two experiments were conducted in the winter crops of 2015 and 2016, with 116 breeding lines obtained from two segregating populations and five witnesses. The experimental design was in 11x11 triple lattice with plots of two lines of three meters, in an area with high natural infestation of the pathogen, in Santo Antônio de Goiás - GO. Reaction to fusarium wilt, yield and mass of 100 grains were evaluated. Individual and joint analyzes of variance detected significant differences between breeding lines for all evaluated traits. The heritability estimates in the joint analyzes were 91%, 75% and 92% for the reaction to fusarium wilt, productivity and mass of 100 grains, respectively, showing that there is a great possibility of success with the selection. Genetic correlations were detected between the reaction to fusarium wilt and productivity (-0.93) and between the reaction to fusarium wilt and the mass of 100 grains (-0.28), indicating that both productivity and mass of 100 grains have an inverse relationship with the fusarium wilted reaction. The direct selection of the 31 best breeding lines for each of the traits alone provided an increase of 34% in the resistance to fusarium wilt, 11% in productivity and 9% for mass of 100 grains. The simultaneous selection of the 31 best breeding lines for the three traits, based on the joint analysis, provided high gains (22.1% for reaction to fusarium wilt, 6.6% for productivity and 7.7% for mass of 100 grains), indicating the possibility of selecting superior strains for the three traits, simultaneously. Five breeding lines have high potential to continue in the evaluation process for indication as cultivars, as they showed resistance to fusarium wilt and grain yield, and a mass of 100 grains higher than the cultivars available on the market today.

Key words: *Phaseolus vulgaris* L, *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*, heritability, genetic gain, yield, weight of 100 grains.

3.1 INTRODUÇÃO

O feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) é um alimento, com destacada importância nutricional, econômica e social no mundo. Seus grãos fornecem nutrientes essenciais ao ser humano e são a principal fonte de proteínas de origem vegetal da população mundial de baixa renda, e um dos alimentos mais tradicionais na dieta alimentar do brasileiro (Barbieri & Stumpf, 2008; Barbosa & Gonzaga, 2012; Borba et al., 2017). Segundo dados da CONAB (2018), o feijão-comum possui papel de destaque no agronegócio brasileiro sendo a leguminosa mais consumida diretamente e a segunda mais produzida no Brasil. No ano 2018 a produção nacional foi de 2,9 milhões de toneladas, fazendo do Brasil o maior produtor de feijão do mundo (Embrapa Arroz e Feijão, 2020; FAO, 2020).

No Brasil, 70% da produção de feijão é do tipo comercial carioca (Pereira et al., 2012). Já o feijão preto é o segundo mais produzido e consumido nacionalmente, correspondendo a aproximadamente 15% da produção nacional. Entretanto, ainda é

necessário importar cerca de 120.000 t anuais desse tipo de grão (CONAB, 2018), que também é produzido e consumido em outros países, o que deixa evidente a necessidade de aumento de produção deste tipo comercial tanto para consumo nacional como para exportação.

Embora o Brasil ocupe papel de destaque mundial como produtor de feijão, ainda apresenta produtividade média (1.500 kg/ha^{-1}) (Embrapa Arroz e Feijão, 2020), muito abaixo do potencial produtivo (Almeida et al., 2016). Dentre os diversos fatores que contribuem para a baixa produtividade do feijão destaca-se a alta incidência de pragas e doenças (Melo et al., 2006; Campos et. al., 2015). E dentre as doenças que acometem a cultura do feijão, destaca-se a murcha de fusário, causada pelo fungo *Fusarium oxysporum* Schelecht f. sp. *phaseoli* Kendrick & Snyder (Kendrick & Snyder, 1942).

A murcha de fusário ocorre em quase todo território brasileiro, mas tem maior importância onde o cultivo é feito em áreas irrigadas em pivô-central, que apresentam normalmente cultivos sucessivos com essa cultura (Pereira et al., 2002; 2008; Ramalho et al., 2012). O uso de resistência genética tem demonstrado ser a forma mais eficiente, econômica, segura e de menor impacto negativo ao homem e ao meio ambiente. Entretanto, poucas cultivares de feijão com grãos pretos apresentam resistência à murcha de fusário (Pereira et al., 2018, 2019), o que deixa evidente a necessidade de obtenção, por parte dos programas de melhoramento, de cultivares que apresentem resistência a esse patógeno. Diversos trabalhos relatam a existência de variabilidade genética para a resistência à murcha de fusário (Ribeiro & Hagedorn, 1979; Pastor-Corrales & Abawi, 1987; Pereira et al., 2011; Azevedo et al., 2015; Borba et al., 2017), indicando a possibilidade de seleção de genótipos resistentes e obtenção de ganho genético para essa característica.

No desenvolvimento de cultivares uma informação primordial para os programas de melhoramento genético é conhecer os parâmetros genéticos da população em estudo, pois estes permitem ao melhorista conhecer os aspectos genéticos da população e prever o sucesso com a seleção dos melhores genótipos. As estimativas de parâmetros genéticos para a resistência a murcha de fusário na literatura restringem-se a trabalhos conduzidos em ambientes com condições de infecção e crescimento da planta controlados (Cândida et al., 2009; Musoni et al., 2010; Pereira et al., 2008, 2011). Nessas situações os resultados têm indicado herdabilidade variando de 76 a 99%, com predominância de valores altos (Musoni et al., 2010; Pereira et al., 2009; 2011;). Segundo Resende & Duarte (2007)

os experimentos de campo são essenciais tanto na obtenção de parâmetros importantes para o processo de seleção, como na recomendação de cultivares.

Vale lembrar que, uma nova cultivar deve atender as necessidades do mercado, e, portanto, além da resistência a doenças também deve atender ao mercado com alta produtividade e qualidade de grãos, incluindo-se grãos maiores (Carbonell et al., 2010).

Nesse contexto o objetivo deste trabalho foi estimar parâmetros genéticos e fenotípicos, como variância genética, herdabilidade, ganho esperado com a seleção e correlação entre caracteres, para a reação à murcha de fusário, produtividade e massa de 100 grãos, utilizando linhagens de duas populações de feijão de grãos pretos, avaliadas em condições de campo naturalmente infestado por *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*.

3.2 MATERIAL E MÉTODOS

Os experimentos foram conduzidos no município de Santo Antônio de Goiás (Goiás), no campo experimental da Embrapa Arroz e Feijão, situado a 819 m de altitude, latitude 16°30'17" S e longitude 49°16'53". De acordo com a classificação de Köppen, o município de Santo Antônio de Goiás-GO apresenta clima Aw, tropical de savana, megatérmico. O solo predominante é o Latossolo Vermelho-Escuro, textura argilosa, fase cerradão subperenifólio, relevo plano. A área utilizada para a implantação dos experimentos apresenta alta infestação natural do patógeno, comprovada em outros trabalhos realizados para a avaliação da reação de linhagens de feijão a murcha de fusário (Pereira et al., 2016, 2018, 2019, 2020).

Para a obtenção das linhagens foram utilizadas duas populações segregantes com grãos pretos, na geração F₅, selecionadas com base nos resultados obtidos previamente por Pereira et al. (2019): BRS Esplendor / BRS Expedito e BRS Expedito / CNFP 15867. Essas populações foram obtidas a partir de cruzamentos em esquema de dialelo completo, e selecionadas entre as 28 populações obtidas, por apresentarem alta resistência à murcha de fusário, alta produtividade e maior massa de 100 grãos, durante a avaliação em experimentos em área com alta ocorrência natural do patógeno, da geração F₃ até a F₅.

Na geração F₅, na safra de inverno em 2014, foram colhidas 58 plantas individuais, aleatoriamente, de cada população selecionada. As plantas colhidas compuseram um experimento com 116 linhagens que foi conduzido na safra de inverno/2015, junto com cinco cultivares de grão preto, utilizadas como testemunhas. As sementes colhidas nesse experimento foram utilizadas para montagem de outro experimento semelhante, na safra de inverno em 2016, também em área infestada pelo patógeno. As cultivares BRS FP403, BRS Esplendor e BRS Expedito foram utilizadas como testemunhas resistentes à murcha de fusário e BRS Esteio e BRS Supremo como testemunhas suscetíveis (Pereira et al., 2016). Ambos os experimentos foram instalados em delineamento látice 11 x 11 triplo com parcelas de duas linhas de três metros de comprimento, espaçadas por 0,5m, em área infestada pelo patógeno.

Os caracteres avaliados foram a reação à murcha de fusário (FOP), produtividade e massa de 100 grãos (M100). A avaliação da reação à murcha de fusário foi realizada aos 80 dias após a emergência, utilizando-se uma escala de notas variando de 1 (completamente resistente) a 9 (completamente suscetível) (Pastor-Corrales & Abawi, 1987). Para a

avaliação da produtividade todas as plantas das linhas foram colhidas e obteve-se o peso, em g parcela⁻¹, que posteriormente foi convertido para kg ha⁻¹. Para avaliação da massa de 100 grãos, foi retirada uma amostra aleatória de 100 grãos de cada parcela e realizada a pesagem.

Os dados foram submetidos a análises de variância individuais para cada caráter, em cada ambiente. As variâncias residuais foram submetidas ao teste de Hartley a 5% e após verificada a homocedasticidade, foram realizadas análises conjuntas, considerando o efeito de tratamentos como aleatório e o de ambientes como fixo. Foi realizado o desdobramento dos graus de liberdade das fontes de variação tratamentos e interação entre linhagens e anos. A partir das análises de variância foram estimados os componentes da variância de acordo com o proposto por Cruz et al. (2012), tanto para as fontes de variação principais, como para os desdobramentos. Em seguida estimaram-se a variância genética (σ_g^2), a variância da interação entre linhagens e ambientes (σ_{gps}^2), herdabilidade (h^2), o ganho esperado com a seleção direta (GS%) para cada caráter, com intensidade de seleção de 26,7 %, e o ganho com a seleção simultânea para os caracteres avaliados (Vencovsky & BARRIGA, 1992; Cruz et al, 2012; Ramalho et al., 2012). Também foram obtidas estimativas de correlações genéticas e fenotípicas entre os caracteres avaliados, de acordo com o procedimento relatado por Cruz et al. (2012).

Para a seleção simultânea utilizou-se o método dos níveis independentes de eliminação (Hazel & Lush, 1942), que consiste no estabelecimento de valores máximos e/ou mínimos, que as linhagens deveriam apresentar, para cada um dos caracteres. Todas as linhagens que não atingiram esse nível, em pelo menos uma das características, foram eliminadas. Para reação à murcha de fusário foram selecionadas linhagens com notas de médias abaixo de 3; para produtividade de grãos o foram selecionas linhagens com média acima de 2614 kg ha⁻¹; e para a massa de 100 grãos médias acima de 21,9 g 100 sementes⁻¹. Todas as análises estatísticas foram realizadas com o auxílio do programa computacional GENES (CRUZ, 2013).

3.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

As estimativas dos coeficientes de variação ambiental variaram entre 15,8 e 19,5%, para a produtividade de grãos e entre 4,4 e 5,9%, para a massa de 100 grãos, indicando boa precisão experimental (Okii et al., 2017; Pereira et al., 2018) (Apêndice A). Já para a reação à murcha de fusário, as estimativas foram mais altas (28,9 e 36,8%), o que provavelmente decorre da avaliação ter sido realizada em campo, em condições de ocorrência natural da doença, nas quais a distribuição do fungo não é homogênea (Cardoso et al., 1996) e também, das médias baixas obtidas, o que, embora eleve o coeficiente de variação, indica que as linhagens são promissoras.

As estimativas de acurácia seletiva (Apêndice A) foram consideradas altas ($\geq 0,70$ e $< 0,90$) para produtividade de grãos e muito altas ($\geq 0,90$) para massa de 100 grãos e reação à murcha de fusário (Cargnelutti Filho et al., 2009). Como a acurácia seletiva não é influenciada pela média, permite ao melhorista saber se há correlação entre o valor genotípico verdadeiro do tratamento e o predito a partir das informações do experimento (Resende & Duarte, 2007). Assim, embora o coeficiente de variação tenha sido alto para a reação à murcha de fusário, a acurácia apresentou-se próxima de 1 para todos os caracteres, indicando boa informatividade dos experimentos e que a seleção dos genótipos superiores nestas linhagens será eficiente.

Foram detectadas diferenças significativas entre as linhagens para todos os caracteres, com base nas análises conjuntas (Tabela 3.1), indicando que existe variabilidade entre as linhagens das duas populações. Isso também foi observado considerando-se cada uma das populações separadamente e, portanto, existe a possibilidade de seleção de genótipos superiores para os três caracteres em cada população. Além disso, esse resultado confirma a alta infestação da área experimental com o patógeno, como relatado em outros trabalhos (Pereira et al., 2016; 2018; 2019; 2020).

Houve diferença entre os anos para todos os caracteres (Tabela 3.1), o que indica que os anos influenciaram de forma diferencial os caracteres avaliados. Isso é comum e relatado por alguns autores para massa de 100 grãos (Ribeiro et al., 2013) e produtividade (Ribeiro et al., 2013; Kargiotidou et al., 2018), para a reação à murcha de fusário, não existem informações, para essa fonte de variação, na literatura.

O efeito da interação entre linhagens e anos foi significativo para produtividade e massa de 100 grãos (Tabela 3.1), indicando que as linhagens responderam de forma

diferencial aos anos avaliados. A produtividade de grãos é um caráter de herança quantitativa, de baixa herdabilidade (Singh et al., 1991), o que a torna bastante influenciada pelo ambiente (Torga et al., 2013). O desdobramento da interação das linhagens de cada população com os anos foi significativo para massa de 100 grãos nas duas populações e para produtividade apenas na população BRS Esplendor / BRS Expedito.

Tabela 3.1. Resumo das análises de variância conjuntas para reação à murcha de fusário produtividade (kg ha⁻¹) e massa de 100 grãos (gramas), avaliadas em Santo Antônio de Goiás, na época do inverno, em 2015 e 2016.

Fonte de Variação	GL	Murcha de fusário		Produtividade		Massa de 100 grãos	
		QM	P-valor	QM	P-valor	QM	P-valor
Genótipos	120	10,5	0,001	897985	0,001	17,5	0,001
Testemunhas (T)	4	35,7	0,001	474727	0,100	38,0	0,001
Linhagens (L)	115	8,8	0,001	926429	0,001	16,8	0,001
L1 ¹	57	5,8	0,001	634156	0,001	20,4	0,001
L2 ²	57	11,9	0,001	1234861	0,001	13,0	0,001
L1 vs L2	1	2,79	0,068	5307	1,000	25,2	0,001
T vs L	1	93,4	0,001	1756484	0,007	23,6	0,002
Anos (A)	1	66,0	0,001	151191447	0,001	367,6	0,001
Genótipos x A	120	0,9	0,113	322229	0,006	2,9	0,001
T x A	4	3,9	0,001	357825	0,208	1,4	0,364
L x A	115	1,0	0,178	336487	0,001	3,3	0,001
L1 x A	57	1,1	0,056	345510	0,027	3,7	0,001
L2 x A	57	0,8	1,000	326649	0,053	2,8	0,001
(L1 vs L2) x A	1	1,7	0,158	382957	0,209	8,1	0,013
(T vs L) x A	1	0,1	1,000	359	1,000	10,6	0,001
Resíduo	420	0,8	-	226844	-	1,3	-
Média geral	-	-	2,8	-	2743	-	21,8
Média 2015	-	-	2,5	-	2287	-	22,5
Média 2016	-	-	3,1	-	3199	-	21,1
CV ⁴ (%)	-	-	31,8	-	17,4	-	5,2

¹BRS Esplendor / BRS Expedito; ²BRS Expedito / CNFP 15867; ³Coefficiente de variação experimental;

⁴Acurácia seletiva.

Para reação à murcha de fusário, não houve efeito significativo da interação entre linhagens e anos, assim como nos seus desdobramentos (Tabela 3.1). Isso indica que as linhagens se comportaram de forma semelhante nos anos estudados, o que permite o sucesso na seleção das linhagens resistentes, pois apesar do efeito de anos influenciar a expressão média do caráter, não foram observados efeitos diferenciais dos anos sobre as linhagens. Esse resultado foi corroborado pela correlação de Pearson entre as linhagens nos dois anos avaliados, que foi alta e significativa (0,84), e é indicativo que há prevalência de apenas uma raça, na área utilizada, pois na presença de mais de uma raça, provavelmente as linhagens avaliadas apresentariam reação à murcha de fusário diferenciada de um ano para o outro, com consequente significância da interação. Isso também pode indicar que a expressão do caráter é controlada por poucos genes ou por QTLs de grande efeito, corroborando o relatado por Cândida et al. (2009) e Batista et al. (2016, 2017), em trabalhos realizados em condições controladas.

As estimativas de variância genética e de herdabilidade foram consideradas altas para todos os caracteres avaliados (Tabela 3.2). Adicionalmente, as estimativas de variância genética foram sempre superiores às da interação, em todos os caracteres, o que confirma que as linhagens foram pouco afetadas pela interação com o ambiente. A herdabilidade para a reação à murcha de fusário indicou que 90% da variação é de natureza genética. Esse alto valor foi semelhante ao encontrado por Musoni et al. (2010) e Pereira et al. (2011) e superior ao encontrado por Pereira et al. (2009, 2011), ambos em condições controladas. Isso indica que a seleção fenotípica para este caráter será eficiente, pois confirma alta correlação entre o fenótipo e o genótipo. A herdabilidade em cada população variou de 86,2% (BRS Esplendor / BRS Expedito) a 93,3% (BRS Expedito / CNFP 15867), indicando que as duas populações apresentam potencial para seleção de linhagens resistentes à murcha de fusário.

A estimativa de herdabilidade para produtividade de grãos com base na análise conjunta foi de 75,5%, variando de 64,2% (BRS Esplendor / BRS Expedito) a 81,6% (BRS Expedito / CNFP 15867) nas duas populações. Esses valores são considerados altos, tendo em vista que este caráter é controlado por diversos genes o que em geral o torna bastante influenciado pelo ambiente (Moreto et al, 2007; Torga et al., 2013). Para massa de 100 grãos a estimativa de herdabilidade conjunta foi de 92,3%, variando de 90,0% (BRS Expedito / CNFP 15867) a 93,6% (BRS Esplendor / BRS Expedito), confirmando que os componentes genéticos apresentaram valores altos e que a seleção de genótipos superiores com base no fenótipo observado será eficiente (Alvares et al., 2016; Okii et al., 2017).

Tabela 3.2. Estimativas de variância genética (σ_g^2), herdabilidade (h^2) e variância da interação linhagens x anos (σ_{Gps}^2), referentes a reação à murcha de fusário, produtividade e massa de 100 grãos, com base na análise conjunta.

Genótipo	Murcha de fusário			Produtividade			Massa de 100 grãos		
	σ_g^2	h^2	σ_{Gps}^2	σ_g^2	h^2	σ_{Gps}^2	σ_g^2	h^2	σ_{Gps}^2
Linhagens	1,33	90,9	0,03	116597	75,5	18274	2,58	92,3	0,33
L. Pop1 ¹	0,83	86,2	0,05	67885	64,2	19778	3,18	93,6	0,40
L. Pop2 ²	1,85	93,3	0,00	168003	81,6	16634	1,95	90,0	0,25

¹BRS Esplendor / BRS Expedito; ²BRS Expedito / CNFP 15867.

A variação conjunta de caracteres, também conhecida como correlação fenotípica, pode ocorrer por fatores ambientais e genéticos. Quando ocasionada por este último fator é denominada de correlação genética e é explicada pela ocorrência de ligação gênica e/ou pleiotropia, sendo a única herdável. O conhecimento das estimativas de correlação genética entre caracteres de interesse econômico é de fundamental importância em programas de melhoramento que buscam a seleção simultânea destes. As estimativas de correlação genética (r_g) e fenotípica (r_f) entre a reação à murcha de fusário e a produtividade de grãos foram significativas, negativas e de forte magnitude (-0,93 e -0,72, respectivamente) (Tabela 3.3), indicando que quanto menor a nota para a resistência à murcha de fusário, que indica maior resistência, maior será a produtividade.

Entre a reação à murcha de fusário e a massa de 100 grãos as estimativas de correlação genética (-0,28) e fenotípica (-0,26) foram significativas (Tabela 3.3), negativas e de baixa magnitude, indicando uma associação inversa entre esses caracteres. Esse resultado é um indicativo de que as plantas que não morreram pela infecção do patógeno, apresentam as fases fisiológicas vegetativas e reprodutivas alteradas, inclusive a fase fisiológica reprodutiva R8, ocasionando a redução de enchimento de vagens e do peso das sementes, que pode ser consequência do comprometimento dos vasos xilemáticos, perda de turgescência, amarelecimento e queda precoce das folhas.

Não foi detectada correlação genética entre os caracteres produtividade de grãos e massa de 100 grãos (Tabela 3.3), contradizendo o encontrado por Coelho et al. (2002), que encontraram correlações genéticas negativas e significativas.

Tabela 3.3. Estimativas de correlações genéticas (r_g) e fenotípicas (r_f) entre a reação à murcha de fusário, produtividade e massa de 100 grãos.

Variáveis	r_g	r_f
Murcha de fusário x Produtividade	-0,93 ⁺⁺	-0,72 ^{**}
Murcha de fusário x Massa de 100 grãos	-0,28 ⁺	-0,26 ^{**}
Produtividade x Massa de 100 grãos	0,24	0,17

* e ** Significativo a 5 e 1% pelo teste t, respectivamente. ⁺ e ⁺⁺ Significativo a 5 e 1% pelo método de reamostragem de bootstrap com 10.000 simulações.

A seleção direta das 31 linhagens mais resistentes à murcha de fusário proporcionou ganhos de 33,7% (Tabela 3.4), confirmando a possibilidade de aumento da frequência de alelos favoráveis que controlam esse caráter, para a próxima geração. Dentre essas linhagens, 22 são originadas da população BRS Expedito / CNFP 15867, indicando que esta população tem maior potencial para a extração de linhagens resistentes à murcha de fusário. Isso pode ser confirmado pela estimativa superior de ganho esperado com a seleção das 16 melhores linhagens nessa população, que foi de 34,6%. Estes resultados são semelhantes aos obtidos por Cândida et al. (2009), que estimaram o ganho genético em duas populações F_{2:3} (Milionário 1732 x Macanudo e FT Tarumã x Macanudo), conduzidas em condições controladas, e obtiveram ganhos esperados de 26,8% e 35,5%, respectivamente.

O ganho esperado com a seleção das 31 melhores linhagens para a massa de 100 grãos considerando as duas populações foi de 8,8% (Tabela 3.4). Doze dessas linhagens são oriundas da população BRS Esplendor / BRS Expedito e 19 da população BRS Expedito / CNFP 15867. No entanto, houve maior ganho esperado com a seleção para a população BRS Esplendor / BRS Expedito (9,7%). Isso pode ser explicado pelas altas estimativas de variância genética e herdabilidade desta população, indicando que existem linhagens superiores e que essa superioridade é devida a fatores genéticos, e, portanto, herdáveis, e que a seleção destes genótipos elevará a média da população na próxima geração. Segundo Faria et al. (2014), os ganhos genéticos anuais para essa característica, em feijões do tipo comercial preto, têm sido de 0,65%, dessa forma os resultados obtidos nesse trabalho indicam grande potencial das linhagens avaliadas para gerar cultivares com maior massa de 100 grãos.

Tabela 3.4. Médias das 31 linhagens selecionadas independentemente da população de origem, e das 16 linhagens selecionadas de cada população, ganho esperado com a seleção direta e simultânea (GS%) e número de linhagens selecionadas de cada população (NL) entre as 31 melhores no geral, para reação à murcha de fusário (notas), produtividade (kg ha⁻¹) e massa de 100 grãos (gramas), com base na análise conjunta.

Ganho direto geral e por população												
Genótipos	Murcha de fusário				Produtividade				Massa de 100 grãos			
	Média	GS (%)	NL1 ¹	NL2 ²	Média	GS (%)	NL1 ¹	NL2 ²	Média	GS (%)	NL1 ¹	NL2 ²
Linhagens	1,70	33,7	9	22	3145	10,8	15	16	23,8	8,8	12	19
L1 ¹	1,84	29,3	16	0	3259	4,8	16	0	23,8	9,7	16	0
L2 ²	1,64	34,6	0	16	2770	9,9	0	16	23,8	7,5	0	16
Ganho Simultâneo												
Genótipos	Murcha de fusário		Produtividade		Massa de 100 grãos							
	Média	GS (%)	Média	GS (%)	Média	GS (%)						
Linhagens	2,0	22,1	2994	6,6	23,6	7,7						
Média Geral	2,7		2752		21,7							

¹ BRS Esplendor / BRS Expedito; ² BRS Expedito / CNFP 15867.

Para a produtividade de grãos a seleção direta das 31 melhores linhagens considerando as duas populações proporcionou ganho genético de 10,8% (Tabela 3.4). Dentre essas, 16 são oriundas da população BRS Expedito / CNFP 15867, que também apresentou maior ganho com a seleção das 16 melhores linhagens (9,9%). Faria et al. (2017) afirmam que o ganho genético anual para produtividade de feijão do tipo comercial preto tem sido de 1,23% ao ano, o que indica o potencial das populações avaliadas no presente trabalho para obtenção de cultivares mais produtivas.

Considerando as estimativas de ganho esperado com a seleção para os três caracteres isoladamente, observou-se que a população BRS Expedito / CNFP 15867 se destacou para reação à murcha de fusário e produtividade de grãos, enquanto que a BRS Esplendor / BRS Expedito foi melhor para massa de 100 grãos. Entretanto, em termos de seleção de linhagens com o objetivo de indicação de novas cultivares, o desempenho superior somente para um dos caracteres não é o suficiente. O ganho esperado com a seleção simultânea, para os três caracteres, das 31 melhores linhagens foi de 22,1% para resistência a murcha de fusário, 6,6% para produtividade e de 7,7 % para massa de 100 grãos (Tabela 3.4), indicando que a seleção simultânea foi eficiente para o aumento da frequência dos alelos favoráveis dos genes que controlam estes caracteres.

Das 31 linhagens selecionadas, 14 são oriundas da população BRS Esplendor / BRS Expedito e 17 da população BRS Expedito / CNFP 15867 (Tabela 3.5), indicando que ambas as populações apresentam potencial para extração de linhagens que apresentem simultaneamente resistência a murcha de fusário, alta produtividade e maior massa de 100 grãos. As 31 linhagens selecionadas apresentaram maior resistência à murcha de fusário do que a cultivar BRS FP403 (3,5) (Tabela 3.5), que é considerada resistente (Pereira et al., 2016). Além disso, 19 linhagens foram superiores à testemunha mais resistente (BRS Expedito), confirmando o alto nível de resistência à murcha de fusário.

Para a produtividade de grãos, as 31 linhagens apresentaram desempenho médio superior as cultivares BRS Supremo (2185 kg ha⁻¹), BRS Esteio (2374 kg ha⁻¹) e BRS Expedito (2483 kg ha⁻¹) (Tabela 3.5). Vinte nove linhagens obtiveram produtividade superior a cultivar BRS FP 403 (2721 kg ha⁻¹), e vinte e duas delas também foram superiores a testemunha de maior produtividade, BRS Esplendor (2898 kg ha⁻¹), mostrando seu alto potencial produtivo e a possibilidade de se tornarem cultivares.

Tabela 3.5. Médias com base na análise conjunta das testemunhas e das 31 linhagens selecionadas simultaneamente para reação à murcha de fusário (notas de 1 a 9), produtividade de grãos (kg/ha-1) e massa de 100 grãos (g).

Linhagens	Murcha de fusário	Produtividade	Massa de 100 grãos
CNFP 19347 ²	1,4	3101	22,2
CNFP 19322 ²	1,4	2924	22,7
CNFP 19319 ²	1,5	2666	25,5
CNFP 19318 ²	1,5	2828	23,4
CNFP 19346 ²	1,5	2965	24,8
CNFP 19296 ²	1,6	2847	22,8
CNFP 19311 ²	1,7	2887	23,9
CNFP 19248 ¹	1,7	2795	26,7
CNFP 19307 ²	1,7	2614	24,4
CNFP 19286 ¹	1,7	2818	22,5
CNFP 19237 ¹	1,8	3057	26,1
CNFP 19324 ²	1,8	3385	21,9
CNFP 19320 ²	1,8	3066	23,6
CNFP 19266 ¹	1,9	3035	22,8
CNFP 19310 ²	1,9	2943	22,9
CNFP 19334 ²	2,0	3237	22,4
CNFP 19331 ²	2,0	2967	22,6
CNFP 19253 ¹	2,0	2934	22,5
CNFP 19288 ¹	2,1	2772	26,3
CNFP 19291 ¹	2,2	2944	23,2
CNFP 19306 ²	2,2	3057	23,5
BRS Expedito	2,2	2483	23,8
CNFP 19349 ²	2,3	3373	24,8
CNFP 19263 ¹	2,3	3168	24,6
CNFP 19236 ¹	2,4	2956	24,5
CNFP 19325 ²	2,5	3468	23,1
CNFP 19271 ¹	2,5	3050	23,8
CNFP 19245 ¹	2,5	2968	22,8
CNFP 19290 ¹	2,6	3037	22,4
CNFP 19278 ¹	2,7	3040	22,5
BRS Esplendor	2,7	2898	19,6
CNFP 19339 ²	2,8	3062	22,3
CNFP 19249 ¹	2,9	2858	23,2
BRS FP403	3,5	2721	25,9
BRS Supremo	6,4	2185	20,6
BRS Esteio	7,6	2374	23,2

¹ BRS Esplendor / BRS Expedito; ² BRS Expedito / CNFP 15867.

As 31 linhagens apresentaram massa de 100 grãos maior que as cultivares BRS Esplendor (19,6g) e BRS Supremo (20,6g) (Tabela 3.5). A BRS FP403, que apresentou a maior massa de 100 grãos, é uma nova cultivar de feijão preto que tem como um de seus

destaques, a maior massa de 100 grãos entre as cultivares disponíveis com esse tipo de grão. Quinze linhagens apresentaram grãos maiores do que BRS Esteio, que é uma cultivar reconhecida pelo ótimo tamanho de grãos. Portanto, essas linhagens apresentam grãos com padrão comercial.

Considerando o desempenho das linhagens em relação ao desempenho das testemunhas para os três caracteres, as linhagens CNFP 19237, CNFP 19346, CNFP 19320, CNFP 19291 e CNFP 19306 mostraram-se superiores, uma vez que apresentaram, simultaneamente: nota de reação à murcha de fusário inferior a nota da reação da testemunha mais resistente, BRS Expedito (2,2); produtividade de grãos maior que a cultivar mais produtiva, BRS Esplendor (2898 kg ha⁻¹); e massa de 100 grãos maior que a cultivar BRS Esteio (23,2 g), demonstrando, assim, alto potencial para novas avaliações visando a futura indicação como novas cultivares.

3.4 CONCLUSÕES

Existe variabilidade genética e alta possibilidade de sucesso com a seleção entre as linhagens de feijão com grãos pretos para reação à murcha de fusário, produtividade e massa de 100 grãos, demonstradas pelas altas estimativas de herdabilidade e ganho esperado com a seleção.

Os caracteres produtividade de grão e massa de 100 grãos apresentam correlação genética negativa com a reação à murcha de fusário.

Foram selecionadas 31 linhagens que mostraram resistência à murcha de fusário, produtividade e massa de 100 grãos. Entre essas, cinco merecem destaque por serem superiores às cultivares disponíveis no mercado atualmente.

3.5 REFERÊNCIAS

ALMEIDA, P. R. V.; WANDER, A. E.; FIGUEIREDO, R. S. Panorama do mercado internacional de feijões: análise dos principais players mundiais com a competitividade do setor de exportações brasileira. **Revista Gestão, Inovação e Negócios**, v. 1, n. 2, p. 01-23, 2016.

ALVARES, R. C.; SILVA, F. C.; MELO, L. C.; MELO, P. G. S.; PEREIRA, H. S. Estimation of genetic parameters and selection of high-yielding, upright common bean lines with slow seed-coat darkening. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 4, n. 15, p. 1-10, nov. 2016.

AZEVEDO, C. V. G.; RIBEIRO, T.; DA SILVA, D. A.; CARBONELL, S. A. M.; CHIORATO, A. F. Adaptabilidade, estabilidade e resistência a patógenos em genótipos de feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília**, v. 50, n. 10, p. 912-922, 2015.

BARBIERI, R.L.; STUMPF, E.R.T. (Org.). **Origem e evolução de plantas cultivadas**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2008. p. 909. BARBIERI, R.; CARVALHO, F. Coevolução de plantas e fungos patogênicos. **Current Agricultural Science and Technology**, v. 7, n. 2, p. 79-83. 2001.

BARBOSA, F.; GONZAGA, A. Informações técnicas para o cultivo do feijoeiro-comum na Região Central-Brasileira. **Embrapa Arroz e Feijão. Santo Antônio de Goiás, Brasil**, 2012.

BARILI, L. D.; VALE, N. M. D.; CARNEIRO, J. E. D. S.; SILVA, F. F.; SILVA, F. L. D. Five decades of black common bean genetic breeding in Brazil. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 46, n. 3, p. 259-266, 2016.

BATISTA, R. O.; SILVA, J. L. O.; NICOLI, A.; CARNEIRO, P. C. S.; CARNEIRO, J. E. D. S.; JÚNIOR, P.; QUEIROZ, M. V. D. Resistance to Fusarium wilt in common bean. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 16, n. 3, p. 226-233, 2016.

BATISTA, R. O., SILVA, L. C., MOURA, L. M., SOUZA, M. H., CARNEIRO, P. C. S., CARVALHO FILHO, J. L. S., & DE SOUZA CARNEIRO, J. E. Inheritance of resistance to fusarium wilt in common bean. **Euphytica**, v. 213, n. 7, p. 133, 2017.

BORBA, M.C.; GARCÉS-FIALLOS, F.R.; STADNIK, M.J. Reactions of black bean seedlings and adult plants to infection by *Fusarium oxysporum* f. sp. *Phaseoli*. **Crop Protection**, v. 96, 221-227, 2017.

CAMPOS, A. A.; SCOTTON, J. C.; COSTA, W. L.; GIASSI, V.; PINTO, D. F.; HOMMA, S. K. Seleção de fungicidas visando à preservação de fungos micorrízicos arbusculares nativos no cultivo do feijoeiro. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, v. 19, n. 9, p. 898-902, 2015.

CÂNDIDA, D. V.; COSTA, J. G. C.; RAVA, C. A.; CARNEIRO, M. S. Controle genético da murcha do fusário (*Fusarium oxysporum*) em feijoeiro comum. **Tropical Plant Pathology, Brasília**, v. 34, n. 6, p. 379-384, 2009.

CARDOSO, C. O. N.; KIMATI, N. H.; FERNANDES, N. G. Nota sobre a ocorrência de *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli* Kendrick e Snyder, causando murcha vascular em feijoeiro. **Anais da Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”**. v. 23, p. 273-276, 1966.

CARGNELUTTI FILHO A.; STORCK L.; RIBEIRO N. D. Medidas da precisão experimental em ensaios com genótipos de feijão e de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. v. 44, p.1225–1231, 2009.

COELHO, A. D. F.; CARDOSO, A. A.; CRUZ, C. D.; ARAÚJO, G. D. A.; FURTADO, M. R.; AMARAL, C. L. F. Herdabilidades e correlações da produção do feijão e dos seus componentes primários, nas épocas de cultivo da primavera-verão e do verão-outono. **Ciência Rural**, v. 32, n. 2, p. 211-216, 2002.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO – CONAB. **Indicadores da Agropecuária**. Disponível em <<https://www.conab.gov.br/info-agro/precos/revista-indicadores-da-agropecuaria/item/10565-indicadores-da-agropecuaria-n-12-2018>>. Acesso em 07 jan. 2019.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4 ed., v. 1, Viçosa: Editora UFV, 2012. 514p.

CRUZ, C.D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**. v.35, n.3, p.271-276, 2013.

DHINGRA, O. D.; NETTO, R. A. Reservoir and Non-reservoir Hosts of Bean-Wilt Pathogen, *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*. **Journal of Phytopathology**, v. 149, n. 7-8, p. 463-467, 2001.

Embrapa Arroz e Feijão. Home Page, 2018. Disponível em: < <http://www.cnpaf.embrapa.br/socioeconomia/index.htm> >. Acesso em: 05/01/2019.

FAOESTAT. Home Page, 2018. Disponível em: < <http://faostat3.fao.org>>. Acesso em: 05/01/2019.

FARIA, L. C.; MELO, P. G. S.; PEREIRA, H. S.; WENDLAND, A.; BORGES, S. F.; PEREIRA FILHO, I. A.; DIAZ, J. L. C.; CALGARO, M.; MELO, L. C. Genetic progress during 22 years of black bean improvement. **Euphytica**, v. 199, n. 3, p. 261-272, 2014.

FARIA, L. C.; MELO, S.; GUIMARÃES, P.; PEREIRA, H. S.; MELO, L. C. Genetic Gain in Common Bean with Black Grain by Indirect Estimation Methods. **Crop Science**, v. 57, n. 3, p. 1308-1314, 2017.

HAZEL, L.N. & LUSH, J.L. The efficiency of three methods of selection. **Journal of Hered**, 33:393399, 1942.

KARGIOTIDOU, A.; PAPATHANASIOU, F.; BAXEVANOS, D.; VLACHOSTERGIOS, D. N.; STEFANOPOULOS, S.; PAPADOPOULOS, I. Yield and Stability for agronomic and seed quality traits of common bean genotypes under Mediterranean conditions. **Legume Research**, v. 437, p. 1-6, 2018.

KENDRICK, J. B.; SNYDER W. C. Fusarium yellows of beans. **Phytopathology**, v. 32, n. 11, 1942.

MELO, C. L. P. D.; CARNEIRO, J. E. D. S.; CARNEIRO, P. C. S.; CRUZ, C. D.; BARROS, E. G. D.; MOREIRA, M. A. Linhagens de feijão do cruzamento 'Ouro Negro' x 'Pérola' com características agronômicas favoráveis. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 41, n. 11, p. 1593-1598, 2006.

MORETO, A. L. et al. Estimação dos componentes da variância fenotípica em feijoeiro utilizando o método genealógico. **Ciência e agrotecnologia**, v. 31, n. 4, p. 1035-1042, 2007.

MUSONI, A.; KIMANI, P.; NARLA, R. D.; BURUCHARA, R. Inheritance of fusarium wilts (*Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*) resistance in climbing beans. **African Journal of Agricultural Research**, v. 5, n. 5, p. 399-404, 2010.

OKII, D.; MUKANKUSI, C.; SEBULIBA, S.; TUKAMUHABWA, P.; TUSIIME, G.; TALWANA, H., ODONG, T.; NAMAYANJA, A.; PAPARU, P.; NKALUBO, S.; OTIM, M.; UGEN, M.; BUAH, S.; GEPTS, P. Genetic variation, Heritability estimates and GXE effects on yield traits of Mesoamerican common bean (*Phaseolus vulgaris* L) germplasm in Uganda. **Plant Genetic Resources**, v. 1, p. 12, 2017.

PASTOR-CORRALES, M.A.; ABAWI, G.S. Reactions of selected bean germplasms to infection by *Fusarium oxysporum* f.sp. *phaseoli*. **Plant Disease**, v.71, p.990-993, 1987.

PEREIRA, J. M.; VIEIRA, R. F.; MARRARA, L. O. REAÇÃO DE CULTIVARES E LINHAGENS DE FEIJÃO A MURCHA-DE-FUSARIUM. **Ceres**, v. 49, n. 281, p. 71-74, 2002.

PEREIRA, M. J. Z.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Estratégias para eficiência da seleção de feijoeiro quanto à resistência à murcha de fusário. **Pesquisa agropecuária brasileira**, v. 43, p. 721-728, 2008.

PEREIRA, M. J. Z.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, Â. D. F. B. Inheritance of resistance to *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli* Brazilian race 2 in common bean. **Scientia Agricola**, v. 66, n. 6, p. 788-792, 2009.

PEREIRA, H. S.; MELO, L. C.; DE FARIA, L. C.; DEL PELOSO, M. J.; DÍAZ, J. L. C.; WENDLAND, A. Indicação de cultivares de feijoeiro-comum baseada na avaliação conjunta de diferentes épocas de semeadura. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 45, n. 6, p. 571-578, 2011.

PEREIRA, M. J. Z.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, Â. D. F. B. Reação de linhagens de feijoeiro ao fungo *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli* em condições controladas. **Ciência e Agrotecnologia, Lavras, MG**, v. 35, p. 940-947, 2011.

PEREIRA, H. S.; ALMEIDA, V. M.; MELO, L. C; WENDLAND, A.; FARIA, L. C.; DEL PELOSO, M. J.;MAGALDI, M. C. S. Influência do ambiente em cultivares de

feijoeiro-comum em cerrado com baixa altitude. **Bragantia**, Campinas, v. 71, n. 2, p. 165-172, abr. 2012.

PEREIRA, H. S.; MELO, L. C.; SOUZA, T. L. P. O. de; FARIA, L. C. de; WENDLAND, A.; MAGALDI, M. C. de S. Resistance to Fusarium wilt in common bean cultivars and lines in pre-commercial stage. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative, Prosser**, v. 59, p. 103-104, Apr. 2016.

PEREIRA, H. S.; FARIA, L. C.; WENDLAND, A.; COSTA, J. G. C.; SOUZA, T. L. P.; MELO, L. C. Genotype by environment interaction for disease resistance and other important agronomic traits supporting the indication of common bean cultivars. **Euphytica**, v. 214, n. 1, p. 12, 2018.

PEREIRA, D. G.; FARIA, L. C.; SOUZA, T. L. P. O.; MELO, L. C.; PEREIRA, H. S. Selection of parents and segregating populations of black bean resistant to fusarium wilt with high yield and seed weight. **Gene Conserve**, v. 18, n. 71, 2019.

PEREIRA, D. G.; FARIA, L. C.; TORGA P. P.; SOUZA, T. L. P. O.; MELO, L. C.; PEREIRA, H. S. Genetic potential of fusarium wilt-resistant elite common bean lines assessed in multiple environments. **Genetics and Molecular Research**, v. 19, n. 2, gmr18617, 2020.

RAMALHO M. A. P.; ABREU A. F. B.; CARNEIRO J. E. S.; WENDLAND A.; PAULA JUNIOR T. J.; VIEIRA R. F.; DEL PELOSO M.J.; LOBO JUNIOR M.; PEREIRA A. C. Murcha-de-fusário. In PAULA JUNIOR T.J. & WENDLAND A. (ed) **Melhoramento genético do feijoeiro-comum e prevenção de doenças**. Epamig, Viçosa, p. 127-138, 2012.

RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, n. 3, p. 182-194, 2007.

RIBEIRO R. L. D & HAGEDORN D. J. Inheritance and nature of resistance in beans to *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*. **Phytopathology**, v.69, n. 8, p. 859-861, 1979.

RIBEIRO, N. D.; MAMBRIN, R. B.; STORCK, L.; PRIGOL, M.; NOGUEIRA, C. W. Combined selection for grain yield, cooking quality and minerals in the common bean. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 44, n. 4, p. 869-877, 2013.

SINGH, S. P.; TÉRAN, H.; MOLINA, A.; GUTIÉRREZ, J. A. Genetics of seed yield and its components in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) of andean origin. **Plant Breeding**, Berlin, v. 107, p. 254-257, 1991.

TORGA, P. P.; MELO, P. G. S.; PEREIRA, H. S.; DE FARIA, L. C.; DEL PELOSO, M. J.; MELO, L. C. Interaction of common beans cultivars of the black group with years, locations and sowing seasons. **Euphytica**, v. 189, n. 2, p. 239-248, 2013.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 492p.

Apêndice A. Resumo das análises de variância individuais para produtividade (kg ha⁻¹) e massa de 100 grãos (gramas), e reação à murcha de fusário (notas), avaliadas no município de Santo Antônio de Goiás em 2015 e 2016, na safra de inverno.

Inverno 2015							
Fonte de Variação	GL	Produtividade		Massa de 100 grãos		Murcha de Fusário	
		QM	P-valor	QM	P-valor	QM	P-valor
Tratamentos	120	492878	0,001	12,1	0,001	6,6	0,001
Testemunhas (T)	4	696884	0,010	20,1	0,001	30,0	0,001
Linhagens (L)	115	499431	0,001	12,2	0,001	5,5	0,001
L1 ¹	57	411610	0,001	15,4	0,001	3,8	0,001
L2 ²	57	591817	0,001	9,1	0,001	7,3	0,001
L1 vs L2	1	239216	0,282	2,3	0,133	0,1	1,000
T vs L	1	903526	0,037	1,3	0,267	50,4	0,001
Resíduo	210	199331	-	1,0	-	0,8	-
Média geral	-	-	2286	-	22,5	-	2,5
Média Linhagens	-	-	2297	-	22,5	-	2,4
CV ⁴ (%)	-	-	19,5	-	4,4	-	36,8
AS ⁵	-	-	0,77	-	0,96	-	0,94
Inverno 2016							
Fonte de Variação	GL	Produtividade		Massa de 100 grãos		Murcha de Fusário	
		QM	P-valor	QM	P-valor	QM	P-valor
Tratamentos	120	727337	0,001	8,3	0,001	4,8	0,001
Testemunhas (T)	4	135667	1,000	19,4	0,001	9,5	0,001
Linhagens (L)	115	763484	0,001	7,9	0,001	4,2	0,001
L1 ¹	57	568056	0,010	8,7	0,001	3,1	0,001
L2 ²	57	969692	0,001	6,6	0,001	5,2	0,001
L1 vs L2	1	149048	1,000	30,9	0,001	4,4	0,019
T vs L	1	853316	0,081	33,0	0,001	43,1	0,001
Resíduo	210	254355	-	1,6	-	0,8	-
Média geral	-	-	3199	-	21,1	-	3,0
Média Linhagens	-	-	3208	-	21,0	-	3,0
CV ³ (%)	-	-	15,8	-	5,9	-	28,9
AS ⁴	-	-	0,80	-	0,90	-	0,91

¹BRS Esplendor / BRS Expedito; ²BRS Expedito / CNFP 15867; ³Coefficiente de variação experimental; ⁴Acurácia seletiva.

4 MAPEAMENTO DE QTLs PARA A REAÇÃO À MURCHA DO FUSÁRIO EM FEIJÃO

RESUMO

A murcha de fusário, causada pelo fungo (*Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*) é uma das doenças mais importantes que afetam a cultura do feijão (*Phaseolus vulgaris* L.). Entretanto, existe pouca informação sobre a genética da reação a essa doença. Este estudo teve por objetivo estudar o controle genético, estimar parâmetros genéticos e fenotípicos e identificar QTLs associados a reação à murcha de fusário em feijão. Foram utilizadas 165 progênies obtidas da população obtida entre as cultivares BRS FP403 (resistente) x BRS Horizonte (suscetível). A avaliação da murcha de fusário foi realizada em experimentos de campo, em área infestada com o patógeno, em dois anos/gerações (2016/F_{2:4} e 2017/F_{2:5}) na safra de inverno, em Santo Antônio de Goiás - GO. A genotipagem de marcadores SNPs e SilicoDArT utilizando a tecnologia DArTseq foi realizada na geração F₂. Foi obtido um mapa genético compreendendo 702 marcadores com comprimento total de 3069 cM e distância média entre marcas de 4,9 cM. As análises dos dados fenotípicos indicaram presença de grande variabilidade entre as progênies e grande possibilidade de sucesso com a seleção, com altas estimativas de variância genética, herdabilidade (90%) e ganho esperado com a seleção (37%), com base na análise conjunta. Considerando os dois ambientes e a análise conjunta foram identificados 6 QTLs diferentes associados a reação à murcha do fusário nos cromossomos 1, 2, 3, 4 e 11. Houve interação entre os QTLs e os anos, já que alguns QTLs foram identificados em apenas um dos anos. Com base na análise conjunta foram identificados quatro QTLs nos cromossomos 1, 2, 3 e 4, explicando de 5,8 a 40,5 % da variação, indicando que a herança da reação à murcha de fusário é complexa. O QTL FOP2.3^{403H} destacou-se por explicar a maior proporção da variação fenotípica (40,5%) e ser estável nos diferentes anos. O QTL FOP3.2^{403H} explicou 6,3% da variação fenotípica e também foi estável nos anos.

Palavras-chaves: *Phaseolus vulgaris* L., *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*, DArTSeq, Seleção assistida por marcadores.

ABSTRACT

MAPPING OF QTLs FOR THE REACTION TO THE FUSARIUM WILT IN BEAN

The fusarium wilt, caused by the fungus (*Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*) is one of the most important diseases affecting bean production (*Phaseolus vulgaris* L.). However, there is little information on the genetics of the reaction to this disease. This study aimed to study genetic control, estimate genetic and phenotypic parameters and identify QTLs associated with the reaction to fusarium wilt in beans. Were used 165 progenies obtained from the population BRS FP403 (resistant) x BRS Horizonte (susceptible) were used. The evaluation of fusarium wilt was carried out in field experiments, in an area infested with the pathogen,

in two years/generations (2016/F_{2:4} and 2017/F_{2:5}) in the winter harvest, in Santo Antônio de Goiás - GO. The genotyping of SNPs and SilicoDArT markers using DArTseq technology was performed in the F₂ generation. A genetic map was obtained comprising 702 markers with a total length of 3069 cM and an average distance between marks of 4.9 cM. The analysis of the phenotypic data indicated the presence of great variability between the progenies and great possibility of success with the selection, with high estimates of genetic variance, heritability of 90%, in the joint analysis, and expected gain with the selection (37%). Considering the two environments and the joint analysis, 6 different QTLs were identified associated with the reaction to fusarium wilt on chromosomes 1, 2, 3, 4 and 11. There was interaction between the QTLs and the years, since some QTLs were identified in only one of the years. Based on the joint analysis, four QTLs were identified on chromosomes 1, 2, 3 and 4, explaining from 5.8 to 40.5% of the variation, indicating that the inheritance of the reaction to fusarium wilt is complex. The QTL FOP2.3^{403H} stood out for explaining the greater proportion of the phenotypic variation (40.5%) and being stable in the different years. The QTL FOP3.2^{403H} explained 6.3% of the phenotypic variation and was also stable over the years.

Key words: *Phaseolus vulgaris* L, *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*, DArTSeq, QTL, Marker-Assisted Selection.

4.1 INTRODUÇÃO

O feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) é um importante componente da alimentação e segurança alimentar humana (Mukankusi et al., 2019), sendo a segunda leguminosa mais produzida e consumida no mundo. O Brasil é um dos maiores produtores mundiais dessa leguminosa, com produção anual de aproximadamente 2,9 milhões de toneladas (Embrapa Arroz e Feijão, 2020).

Vários patógenos acometem a cultura do feijão, reduzindo a produtividade que poderia ser alcançada. Dentre estes patógenos o fungo de solo *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*, causador da murcha de fusário, tem promovido grandes perdas de produtividade, principalmente nas regiões onde é realizada a safra de inverno, que ocorre com o cultivo intensivo de feijão ao longos dos anos utilizando-se irrigação via pivô central (Niño-Sánchez et al., 2015; Borba et al., 2017). A murcha de fusário se caracteriza pela perda de turgescência, amarelecimento e seca das folhas, começando pelas inferiores, e pode levar a planta a morte (Awbawi & Pastor-Corrales, 1990). Os sintomas podem surgir em qualquer estágio de desenvolvimento da planta, e dependendo do nível de infestação e da cultivar utilizada podem causar perdas de 80 a 100% da produção (Arf et al., 2015). A principal forma de controle desta doença é a utilização do manejo integrado e dentro desse sistema, a

adoção de cultivares resistentes é essencial (Pereira et al., 2019). No entanto, existem poucas cultivares de feijão que apresentam resistência à murcha de fusário (Pereira et al., 2016).

Os estudos realizados, majoritariamente em condições controladas, não elucidaram totalmente o controle genético da reação à murcha de fusário, relatando-a como monogênica, oligogênica ou poligênica (Ribeiro & Hagedorn, 1979; Salgado et al., 1995; Cross et al., 2000; Fall et al., 2001; Batista et al., 2016; 2017). Essa disparidade de informações indica controle genético complexo, afetado pela fonte de resistência, interações epistáticas e condições ambientais. Dessa forma, estudos relacionados a murcha de fusário em condições de campo, onde as interações entre patógeno e hospedeiro ocorrem de forma natural, são necessários.

O avanço no desenvolvimento e implementação de ferramentas moleculares permitiu o mapeamento dos loci quantitativos (QTL) associados a reação à *Fusarium oxysporum* em outras culturas como grão-de-bico (Gowda et al., 2009), ervilha (Mc Phee et al., 2012) e feijão-caupi (Pottorff et al., 2014). Para *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli* foi realizado apenas um estudo, utilizando marcadores RAPD, que tem limitada informatividade genética (Fall et al., 2001) em uma população com genitores de origem mesoamericana (Belneb RR-1 x A55). Os autores identificaram um QTL explicando 63,5% da variação fenotípica no cromossomo Chr10, entretanto, não houve determinação da posição física. Além disso, não foram encontrados relatos de estudos adicionais de validação dos marcadores ligados a esse QTL, o que é essencial para a incorporação em rotinas de seleção assistida por marcadores (SAM).

Considerando o gênero *Fusarium*, que é extremamente diverso, já foram identificados QTLs que conferem resistência à outras fusarioses em feijão. Schneider et al. (2001), identificaram 16 QTLs de resistência a *Fusarium solani* f. sp. *phaseoli* (Burk.), a maioria presentes nos cromossomos 02 e 03, localizados próximos a regiões do genoma associados a genes de resposta a defesa e genes de proteínas relacionadas à patogênese. Posteriormente, QTLs foram identificados nos cromossomos 02, 03 e 05 (Román-Avilés & Kelly 2005; Kamfwa et al. 2013), sendo alguns deles comuns aos previamente identificados por Schneider et al. (2001). Mais recentemente, Hagerty et al. (2015) identificaram dois QTLs nos cromossomos 03 e 07, associados a reação a *Fusarium solani*.

A SAM para a resistência à murcha de fusário permitiria a realização de seleção precoce nas gerações iniciais, além da realização de mais de uma geração de seleção por ano, visto que a época de inverno é a ideal para ocorrência da doença. Além disso, marcadores

associados a alelos de resistência à murcha de fusário, utilizados conjuntamente com marcadores associados a alelos de interesse para outros caracteres como escurecimento lento do grão (Alvares et al., 2019), resistência a antracnose (Vieira et al., 2018) entre outros, seriam úteis na seleção para múltiplos caracteres, resultando em enorme ganho de tempo e diminuição de custos no processo de desenvolvimento de novas linhagens.

Diante do exposto, os objetivos deste estudo foram: 1) estudar o controle genético da reação à murcha de fusário em campo, a partir de uma população derivada do cruzamento entre cultivares de feijão de origem e estimar parâmetros genéticos e fenotípicos ; 2) construir um mapa genético baseado em SNPs e SilicoDArTs assegurando uma adequada densidade e distribuição dos marcadores ao longo do genoma e 3) identificar QTLs associados à reação à murcha de fusário, visando sua utilização na SAM.

4.2 MATERIAL E MÉTODOS

4.2.1 Obtenção da população segregante e das progênies

Foram utilizadas progênies derivadas do cruzamento entre as cultivares BRS FP403 e BRS Horizonte. A BRS FP403 é uma cultivar de grãos pretos desenvolvida pela Embrapa Arroz e Feijão, que apresenta alta produtividade, plantas eretas, grãos grandes e resistência à murcha de fusário em campo (Pereira et al., 2016; 2019; Souza et al., 2019). A cultivar de grãos carioca BRS Horizonte, também desenvolvida pela Embrapa Arroz e Feijão, apresenta alta suscetibilidade à murcha de fusário (Melo et al., 2005; Pereira et al. 2016).

Os cruzamentos foram realizados no ano de 2014, em casa de vegetação, em Santo Antônio de Goiás (GO), bem como as demais etapas de obtenção e avaliação de progênies. A cultivar BRS Horizonte foi utilizada como genitor feminino. As sementes F_1 oriundas dos cruzamentos foram semeadas em casa de vegetação, em 2014, e a natureza híbrida das plantas foi confirmada fenotipicamente com auxílio do marcador morfológico cor da flor. Plantas com flores brancas foram consideradas autofecundações e foram descartadas. A partir das plantas com flores roxas foram colhidas as sementes F_2 . Foram semeadas 165 sementes F_2 em vasos em casa de vegetação no ano de 2015. Cada planta foi colhida individualmente, constituindo as progênies $F_{2:3}$. Essas progênies foram multiplicadas em vasos, também em casa de vegetação, no ano de 2015, para obtenção do volume de sementes necessário para realização de experimentos em campo.

4.2.2 Avaliações fenotípicas

Os experimentos para a avaliação da reação à murcha de fusário foram conduzidos em ambiente de campo na Embrapa Arroz e Feijão, situada a 819 m de altitude, latitude 16°30'17" S e longitude 49°16'53". A área de cultivo apresenta alta infestação do patógeno e tem sido utilizada em outros trabalhos para avaliação da reação à murcha de fusário em feijão (Pereira et al, 2016, 2019, 2020). As progênies, nas gerações $F_{2:4}$ e $F_{2:5}$, foram avaliadas na época do inverno nos anos de 2016 e 2017, respectivamente. Cada experimento foi instalado em delineamento látice triplo 13 x 13, com parcelas de uma linha de três metros. Foram utilizados 169 tratamentos, sendo 165 progênies, os dois genitores (BRS FP403 e BRS Horizonte) e duas testemunhas adicionais (BRS Esplendor, resistente à murcha de fusário e BRS Cometa, suscetível). A avaliação da reação à murcha de fusário foi

realizada 80 dias após a emergência e baseada no índice de severidade da doença, utilizando-se uma escala de 9 graus (Pastor-Corrales & Abawi, 1987), em que as notas variam de 1 (completamente resistente) a 9 (completamente suscetível).

4.2.3 Análise dos dados fenotípicos

Os dados fenotípicos foram submetidos a análises de variância individuais em cada ambiente e, após verificada a homocedasticidade para as variâncias residuais pelo teste de Hartley a 5%, foi realizada a análise conjunta, considerando o efeito de tratamentos aleatório e o de ambientes fixo. Foi realizado o desdobramento dos graus de liberdade da fonte de variação tratamentos. Também foi estimada a acurácia seletiva (AS) para verificar a informatividade dos experimentos (Resende & Duarte, 2007) e o coeficiente de variação experimental (CV), que informa a precisão experimental. Foram estimados ainda os seguintes parâmetros genéticos: variância genética (σ^2_g); variância fenotípica (σ^2_f); variância da interação entre progênies e anos (σ^2_{GpS}); herdabilidade (h^2) com base nas médias dos tratamentos; e ganho esperado com a seleção direta (GS%) (Vencovsky & Barriga, 1992; Ramalho et al., 2012). As análises estatísticas dos dados fenotípicos foram realizadas pelo programa GENES (CRUZ, 2013).

4.2.4 Genotipagem dos marcadores

A extração de DNA foi realizada a partir de tecido foliar das plantas F₂ e dos genitores utilizando o protocolo descrito por Doyle & Doyle (1990), com modificações. As amostras de DNA (165 plantas F₂ e 4 réplicas dos genitores) foram avaliadas quanto à qualidade e quantidade, seguido pelo envio para a empresa DArT Pty® (Canberra, Austrália) onde foram genotipadas utilizando a tecnologia DArTSeq, conforme descrito por Kilian et al. (2012). Os marcadores codominantes do tipo SNPs e dominantes do tipo SilicoDArT identificados foram inicialmente filtrados com base nos parâmetros de reprodutibilidade $\geq 95\%$ e *Call Rate* $\geq 80\%$, que reflete a porcentagem tolerada de dados perdidos. Posteriormente, os marcadores foram avaliados quanto à segregação, utilizando o teste qui-quadrado, testando as hipóteses de segregação de 1:2:1 (SNPs) e 3:1 (SilicoDArT), ao nível de significância de 5%.

4.2.5 Mapa genético e análise de QTL

Um mapa de ligação genético único, integrando os marcadores codominantes SNPs e dominantes SilicoDArT foi desenvolvido usando o programa Onemap (Margarido et al., 2007), implementado no R (R Core Team, 2019). O agrupamento dos marcadores foi estabelecido utilizando os parâmetros de $LOD \geq 6,0$, fração de recombinação de 30% e utilizando a função de mapeamento Kosambi (Kosambi, 1944). A representação gráfica do mapa de ligação foi gerada através do programa MapChart 2.32 (Voorrips, 2002). A análise de QTLs foi realizada, com as médias obtidas em cada experimento e também com as médias da análise conjunta, usando o método de mapeamento por intervalo composto (MIC) utilizando o modelo 6 do programa *Windows QTL Cartographer vs. 2.5 – WinQTLCart* (Wang et al., 2012). A hipótese de presença do QTL foi avaliada a cada 1 cM, com uma distância de 10 cM, por meio dos modelos de regressão “*Forward e Backward*”. Foi realizado o teste de permutação (Doerge e Churchill, 1996) para análise de QTLs utilizando os dados individuais e conjuntos, com 1000 permutações, para determinar o LOD de significância. Para determinar o intervalo de localização dos QTLs, foi utilizada a metodologia de intervalo de suporte de LOD, usando como critério o LOD máximo menos uma unidade (Broman & Sen, 2009).

4.2.6 Identificação de genes nos intervalos de QTLs

Os genes anotados na atual versão do genoma de feijão (Schmutz et al. 2014) foram extraídos a partir das sequências compreendidas nos intervalos dos QTLs identificados nesse estudo utilizando a plataforma Phytozome (<http://www.phytozome.net/>).

4.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.3.1 Análises Fenotípicas

As estimativas dos coeficientes de variação (CV) para reação à murcha de fusário dos dois experimentos foram de 20,4% e 24,6% (Apêndice A), semelhantes aos relatados na literatura para esse caráter (Pereira et al., 2016; 2018; 2019; 2020) e consideradas satisfatórias, considerando que a ocorrência da doença foi natural e que, no campo, patógenos de solo não tem distribuição homogênea (Cardoso et al., 1996). As estimativas de acurácia seletiva (AS) foram consideradas muito altas ($\geq 0,90$) nos dois anos/gerações avaliados, indicando boa informatividade dos experimentos.

As análises de variância individuais para reação à murcha de fusário identificaram diferenças significativas entre as progênies nos dois anos/gerações avaliados (Apêndice A), o que ocorreu também na análise de variância conjunta (Tabela 4.1), confirmando a existência de variabilidade para o caráter em questão. As médias das progênies com base na análise conjunta variaram de 1,6 a 8,1, com distribuição conforme (Apêndice B), confirmando a variabilidade identificada. As médias dos genitores (2,7 para BRS FP403 e 7,2 para BRS Horizonte) confirmaram que os mesmos são contrastantes para a reação à murcha de fusário.

Não houve diferença entre os anos/gerações, o que pode ser confirmado pela semelhança das médias dos experimentos (5,2 e 5,3) (Apêndice A). Houve significância da interação entre progênies e anos/gerações (Tabela 4.1), indicando que as progênies apresentaram respostas diferenciadas nos anos/gerações. No entanto a correlação de Pearson para as progênies nos dois anos/gerações foi alta e significativa (0,73), indicando que esta interação é predominantemente simples, o que pode ser explicado pela existência ou predominância de uma única raça na área experimental, conforme relatado por Pereira et al. (2019).

As estimativas de parâmetros genéticos confirmam que a variabilidade fenotípica identificada apresenta componente de natureza genética, e que este foi superior ao componente de natureza ambiental, fator preponderante para que a seleção das progênies realmente resulte no aumento da resistência à murcha de fusário e para a realização de análises de mapeamento (Tabela 4.2). As estimativas de herdabilidade foram altas tanto nas análises individuais (83% e 84%) quanto na conjunta (90%), confirmando que a maior porcentagem da variação fenotípica observada é de natureza genética, o que possibilita o sucesso com a seleção de progênies com maior resistência. Essas estimativas são

semelhantes às obtidas por Cândida et al. (2009), avaliando progênies originadas de duas populações (Milionário 1732 x Macanudo e FT Tarumã x Macanudo, sendo a Macanudo do pool gênico Andino e as demais mesoamericanas).

Tabela 4.1 - Resumo da análise de variância conjunta para reação à murcha de fusário, avaliada em Santo Antônio de Goiás, na época do inverno, em 2016 e 2017, em progênies da população BRS FP403 x BRS Horizonte.

Fonte de Variação	GL	QM	P-valor
Tratamentos	168	15,55	0,001
Testemunhas (T)	3	52,81	0,001
Genitores (G)	1	56,33	0,001
Cultivares (C)	1	102,08	0,001
Genitores (G) vs. Cultivares (C)	1	0,41	1,000
Progênies (P)	164	13,08	0,001
Testemunhas (T) vs Progênies (P)	1	2,05	0,235
Anos/Gerações (A)	1	0,02	1,000
Tratamentos x A	168	3,19	0,001
Testemunhas (T) x Anos/Gerações (A)	3	0,71	1,000
Genitores (G) x Anos/Gerações (A)	1	1,33	1,000
Cultivares (C) x Anos/Gerações (A)	1	0,75	1,000
Genitores (G) vs Cultivares (C) x A	1	0,41	1,000
Progênies (P) x Ambientes (A)	164	3,51	0,001
(T vs P) x A	1	1,12	1,000
Resíduo	600	1,40	-
Média Progênies	-	-	5,3
CV (%)	-	-	22,6

¹Coeficiente de variação experimental;

O ganho genético médio foi de -1,9, representando aumento médio de 37% na resistência (Tabela 4.2), semelhante aos obtidos nos dois anos/gerações, indicando possibilidade de aumento da frequência de alelos favoráveis que controlam esse caráter, por meio da seleção. Esses resultados são decorrentes dos altos valores de herdabilidade obtidos e do grande diferencial de seleção das progênies selecionadas, uma vez que foi possível observar inclusive a ocorrência de segregação transgressiva (Apêndice B, D e E). Ganhos genéticos semelhantes foram obtidos por Cândida et al. (2009), que estimaram ganhos esperados ganhos de 26,8% e 35,5%, respectivamente nas populações, Milionário 1732 x Macanudo e FT Tarumã x Macanudo, respectivamente.

Tabela 4.2. Estimativas de variância genética (σ_g^2), variância fenotípica (σ_f^2), variância ambiental (σ_e^2), variância da interação progênie x anos (σ_{GpS}^2), herdabilidade (h^2) e ganho esperado com a seleção direta (GS%), referentes a reação à murcha de fusário com base nas análises individuais e conjunta, avaliadas em 165 progênie da população (BRS FP403 x BRS Horizonte).

Parâmetros	2016/F _{2:4}	2017/F _{2:5}	Conjunta
σ_g^2	2,7	2,0	2,0
σ_f^2	3,2	2,4	2,3
σ_e^2	1,7	1,1	1,4
σ_{GpS}^2	-	-	0,3
h^2 %	83,0	84,0	90,0
GS%	39,0	36,0	37,0

4.3.2 Mapas de ligação

Por meio da genotipagem DArTseq nas progênie F₂ e filtragens com base nos parâmetros de qualidade estabelecidos foram identificados 26.462 marcadores SNPs (codominante) e 26.692 SilicoDArTs (dominante), conforme apresentado no Apêndice C, totalizando 53.254 marcadores. Desses, 14.762 foram polimórficos (27,7%), sendo 2.649 do tipo SNP e 12.113 SilicoDArT. A partir do teste para o comportamento mendeliano dos marcadores, um conjunto de 3.546 (~24%), sendo 1.278 SNPs e 2.268 SilicoDArTs, se encaixaram nas proporções esperadas e foram mantidos na análise de mapeamento. A reduzida proporção de locos polimórficos certamente resulta do fato dos genitores serem cultivares pertencentes ao pool gênico Mesoamericano, diferenciando principalmente quanto ao tipo de grão. Estimativas reduzidas de polimorfismo a partir de genitores pertencentes ao mesmo pool gênico foram relatadas por Kamfwa et al. (2018) e Cichy et al. (2014), que obtiveram 760 (~14%) e 1449 (~31%), respectivamente. Por outro lado, estudos de mapeamento com populações originadas a partir de genitores de diferentes pools gênicos apresentam maior número de locos polimórficos, como observado nos trabalhos de Wang et al. (2018) e Silva et al. (2018), que obtiveram 2359 (~41%) e 3060 (~57%) marcadores polimórficos, respectivamente. Além disso, vale ressaltar que a tecnologia de genotipagem utilizada tem impacto sobre o número de marcadores que podem ser obtidos.

Dentre os 1.371 SNPs polimórficos que não se ajustaram a segregação esperada (52%), 410 apresentaram distorção de segregação para o genitor feminino BRS Horizonte e 363 SNPs para o genitor masculino BRS FP 403 (Apêndice C). Quanto aos marcadores SilicoDArTs, dos 9.845 distorcidos (81%), 6012 e 1452 apresentaram distorção de segregação para os genitores BRS Horizonte e BRS FP 403, respectivamente. Para os demais marcadores distorcidos (598 SNPs e 2381 SilicoDArTs), devido a falhas de genotipagem nos genitores, não foi possível identificar a tendência do desvio. A distorção de segregação pode resultar de uma série de fatores, dentre outros, o efeito amostral, problemas no cruzamento durante a geração da F₁, pode ter base biológica ou genética (Zao et al., 2005; Petroli, 2013; Gardner et al., 2016), não existindo consenso quanto ao uso das marcas distorcidas para a construção dos mapas genéticos (Li et al., 2014; Zuo et al., 2019). No presente estudo, essas marcas foram removidas da análise de ligação.

Entre os 3.546 marcadores incluídos na análise de ligação, 702 foram mapeados e ordenados, sendo 471 SNPs e 231 SilicoDArTs, distribuídos em 11 cromossomos e com comprimento total de 3068,8 cM (Tabela 4.3). A distância de mapa média entre os marcadores foi de ~ 4,9 cM, com uma distribuição heterogênea de marcas nos cromossomos, variando de 23 (Chr 09) a 100 (Chr 04).

Estudos de mapeamento de feijão têm obtido mapas com tamanhos médios entre 754 a 1081,9 cM (Silva et al., 2018; Wang. et al., 2018; Langat et al., 2020). Diversos são os fatores que podem interferir no tamanho dos mapas genéticos (Slate, 2008). Dentre os fatores que podem ter elevado o tamanho do mapa genético neste estudo, estão, o tamanho da população de mapeamento e a similaridade genética entre genitores utilizados para obtenção da população de mapeamento. Embora não haja consenso sobre o tamanho ideal da população de mapeamento, e alguns trabalhos de simulação venham sugerindo que o tamanho mínimo de 200 indivíduos proporciona uma adequada amostragem de gametas recombinantes, e conseqüente saturação do mapa (Bhering & Cruz, 2008; Ferreira, 2012), alguns trabalhos tem obtido mapas saturados e reduzidos com populações de feijão menores que 200 indivíduos (Cichy et al., 2014; Briñez et al., 2017; Erfatpour et al., 2018). Adicionalmente, o desenvolvimento de populações de mapeamento a partir de genótipos-elite tem demonstrado aumento no tamanho dos mapas genéticos, com maiores distâncias entre marcadores adjacentes, quando comparado a populações originadas de cruzamentos entre genótipos elites e genótipos menos melhorados, devido ao melhor pareamento entre os

cromossomos durante a meiose entre materiais elites, o que promove maior número de recombinações (Cichy et al., 2014; Borém & Caixeta, 2016).

Tabela 4.3. Distribuição dos marcadores no mapa genético de ligação, utilizando a população F₂ do cruzamento BRS FP403 × BRS Horizonte.

Crom ¹	Nº de marcas			Tamanho (cM)	Maior Distancia (cM)	Distancia Média (cM)	%Distância ≤ 5(cM)
	SNP	DArT	Total				
Chr01	28	13	41	226,8	21,7	5,7	60,9
Chr02	72	19	91	320,6	16,3	3,6	74,7
Chr03	36	37	73	442,3	137,8	6,1	64,3
Chr04	74	26	100	267,8	10,6	2,7	82,0
Chr05	22	27	49	305,2	33,4	6,4	59,2
Chr06	50	23	73	257,0	18,0	3,6	71,2
Chr07	39	20	59	333,2	73,7	5,7	59,3
Chr08	56	19	75	329,8	21,7	4,4	73,3
Chr09	7	16	23	172,8	34,7	7,8	47,8
Chr10	63	20	83	256,5	24,6	3,1	81,9
Chr11	24	11	35	156,6	67,9	4,6	77,1
Total	471	231	702	3069	-	4,90	-
Média	43	21	64	279	41,9	-	68,4

¹ Cromossomo.

Geralmente, o sucesso do mapeamento de QTL depende da densidade de marcadores, pois mapas saturados podem melhorar a precisão do mapeamento de QTL (Langat et al., 2020). No entanto, embora um mapa denso signifique maior número de marcadores e menor distância média entre marcadores, o ordenamento correto dos marcadores pode promover diminuição dos intervalos em posições físicas, o que influencia positivamente na detecção do número de genes presentes neste intervalo físico, e promove anotação gênica adequada.

4.3.3 Mapeamento de QTLs e Anotação Gênica

Os trabalhos realizados com linhagens do pool gênico Mesoamericano têm sugerido que a herança da resistência à murcha de fusário pode ser monogênica (Salgado et al., 1995), oligogênica (Cândida et al., 2009) ou poligênica (Cross et al., 2000). No entanto, estes trabalhos foram realizados em condições controladas, onde caracteres controlados por QTLs de grande efeito, podem ser interpretados como controlados por um ou pouco genes, uma vez que sofrem pouca influência ambiental. No presente trabalho as avaliações foram

realizadas em condições de campo, onde a influência ambiental não é controlada, e as interações entre hospedeiro e patógeno ocorrem naturalmente.

Ao todo, oito QTLs relacionados com a reação à murcha de fusário foram identificados e posicionados ao longo de cinco cromossomos em feijão (Tabela 4.4). Os $LOD_{críticos}$ definidos para identificação de QTLs com efeitos significativos para reação à murcha de fusário foram estimados em 6,1 no ano/geração 2016/F_{2:4}, 4,1 no ano/geração 2017/F_{2:5} e 3,9 para a análise conjunta (Figura 4.1).

O QTL mapeado no cromossomo Chr02 no ano/geração 2016/F_{2:4}, denominado FOP2.1^{403H}, explicou 34,5 % da variação fenotípica (Tabela 4.4). No ano/geração 2017/F_{2:5} foram mapeados três QTLs, FOP2.2^{403H}, FOP3.1^{403H} e FOP11.1^{403H}, explicando respectivamente, 19,6%, 8,7% e 7,6 % da variação fenotípica. Com base nos dados da análise conjunta foram identificados quatro QTLs (FOP1.1^{403H}, FOP2.3^{403H}, FOP3.2^{403H} e FOP4.1^{403H}), presentes nos cromossomos Chr01, Chr02, Chr03 e Chr04, que explicaram juntos 61% da variação fenotípica. Entre esses, destacou-se o QTL presente no cromossomo Chr02 (FOP2.3^{403H}), explicando 40,5% da variação fenotípica, valor esse considerado alto, indicando o potencial da utilização de marcadores associados a este QTL na obtenção de cultivares resistentes à murcha de fusário por meio da seleção assistida por marcadores.

Existem poucos estudos publicados relacionados a existências de QTLs no controle da reação à murcha de fusário em feijão. Fall et al. (2001), em condições controladas, identificaram através de mapeamento por intervalo composto um QTL no cromossomo 10, que explica 63,5% da resistência à raça 4, na população de mapeamento obtida a partir do cruzamento entre as linhagens Belneb RR-1 e A55 (Mesoamericanas), no entanto as informações importantes, para o entendimento a nível molecular da resistência, como o posicionamento físico do QTL, anotação gênica dos transcritos, e, para o uso prático dos marcadores, como validação para a seleção assistida não foram obtidas.

Tabela 4.4. QTLs identificados para reação à murcha de fusário em diferentes anos/gerações na população de feijão BRS FP403 x BRS Horizonte.

QTL	Chr ¹	Ano/geraç. ²	n° marc. Interv ³	Interv. (cM) ⁴	Interv. (Mb) ⁵	Marcador com maior potencial para SAM	Pos. (cM) ⁶	R ² (%) ⁷	LOD	Ef. adit. ⁸
FOP1.1 ^{403H}	Chr01	Conj	9	170-185	49,5 – 50,6	SNP_Ch01_50357244_M1653	180,7	8,2	5,9	-0,6
FOP2.1 ^{403H}	Chr02	2016/F _{2:4}	8	230-235	22,7 – 27,1	SNP_Ch02_26953819_M2554.	225,4	32,8	17,6	-1,5
FOP2.2 ^{403H}	Chr02	2017/F _{2:5}	4	209-216	28,0 – 30,5	SNP_Ch02_30053954_M2765..	209,7	19,6	10,2	-1,0
FOP2.3 ^{403H}	Chr02	Conj	13	222-233	25,2 – 29,0	SNP_Ch02_26953819_M2554.	225,4	40,5	23,0	-1,5
FOP3.1 ^{403H}	Chr03	2017/F _{2:5}	3	78-84	51,0 – 51,3	SNP_Ch03_51029755_M4252..	81,1	8,7	4,7	-0,6
FOP3.2 ^{403H}	Chr03	Conj	3	78-84	51,0 – 51,3	SNP_Ch03_51029755_M4252..	81,1	6,3	4,9	-0,4
FOP4.1 ^{403H}	Chr04	Conj	2	245-250	46,8 - 47,2	SNP_Conting_0_M6298	250,2	5,8	4,3	-0,5
FOP11.1 ^{403H}	Chr11	2017/F _{2:5}	2	2-8	2,2 – 2,9	DArT_Ch11_2934335_M16955	2,57	7,6	4,7	-0,3

¹Cromossomo; ²Ano/Geração; ³Número de marcadores no intervalo; ⁴Intervalo do QTL em cM; ⁵Intervalo do QTL em pares de base. ⁶Posição do QTL em cM; ⁷% de representação do QTL para a característica resistência a doença; ⁸Efeito aditivo do QTL

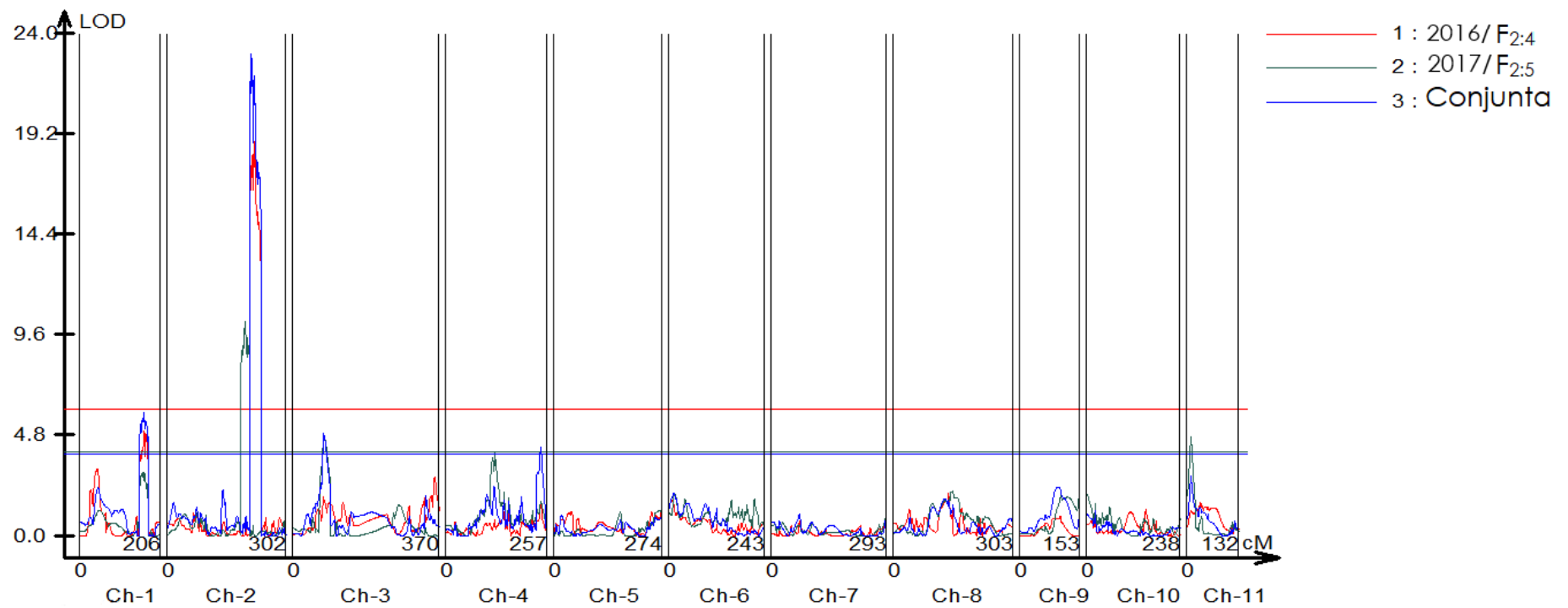


Figura 4.1. Resultado gráfico da análise de QTLs para reação à murcha de fusário da população BRS FP403 × BRS Horizonte, realizada pelo software *QTL Cartographer* utilizando o método de mapeamento por intervalo composto (CIM). Ch-1 a Ch-11 referem-se aos cromossomos de 1 a 11.

Os QTLs FOP2.1^{403H} e FOP2.3^{403H}, mapeados no cromossomo 02, no ano/geração 2016/F_{2:4} e na análise conjunta, respectivamente, apresentaram uma região de interseção em seus intervalos, demonstrando se tratar de um único QTL, que permaneceu estável (Tabela 4.4). Além disso foi possível perceber que embora o QTL do cromossomo Chr02 (FOP2.2^{403H}), mapeado no ano/geração 2016/ F_{2:5} não tenha se posicionado na mesma região que os outros dois, ficou muito próximo destes, indicando que esta região tem forte associação com o QTL. O pico deste QTL está localizado em 30,05 Mb no cromossomo Chr02. Wang et al. (2018) identificaram um QTL de resistência à fusariose, ocasionada por *Fusarium brasiliense*, no cromossomo Chr02 em 30,57 Mbp, próximo ao transcrito Phvul.002G152100 (30,58 Mbp), que codifica uma proteínas com domínio ricos em repetições de leucina (LRR), que reconhecem efetores de patógenos indiretamente ou por associação direta (Ellis et al., 2007; Caplan et al., 2008).

Os QTLs mapeados no cromossomo Chr03 no ano/geração 2016/F_{2:5} e na análise conjunta também estão dentro do mesmo intervalo, indicando se tratar de um QTL estável (Tabela 4.4). Os QTLs FOP1.1^{403H} e FOP4.1^{403H} provavelmente, são QTL estáveis, mas de menor efeito, o que fez com que estes fossem identificados somente na análise com as médias dos dados conjuntos, na qual tiveram seu efeito final amplificado (Melo et al., 2002). Assim, embora os QTLs detectados nos cromossomos Chr02 e Chr03 tenham sido presentes em mais anos/gerações, os QTLs FOP1.1^{403H} e FOP4.1^{403H} também podem ser aproveitados nos programas de melhoramento para a resistência à murcha de fusário.

Todos os alelos dos marcadores para os QTLs (Tabela 4.4) que contribuíram para redução da nota de reação, ou seja, para aumento da resistência, foram provenientes do genitor BRS FP403 (fonte de resistência) (Figura 4.2), como era esperado. Esses resultados corroboram com o efeito aditivo dos alelos de cada um destes locos provenientes do genitor BRS FP403, que variam de -0,40 a -1,44 (Tabela 4.4). Pelo teste de Wilcoxon foi possível observar que, para os marcadores “SNP_Chr02_26953819_M2554” ($p = 5,4e^{-11}$) e “SNP_Chr01_50357244_M1653” ($p = 1,5e^{-4}$), os indivíduos que possuem o alelo B apresentaram, significativamente, maior resistência que os que possuem o alelo A. Do ponto de vista do melhoramento genético esses resultados são importantes, pois indicam que estes marcadores tem potencial para serem convertidos em ferramentas moleculares e utilizados na SAM, e que diferentes programas de melhoramento podem utilizar a cultivar BRS FP403 como genitor resistente para desenvolver novas cultivares resistentes à murcha de fusário.

O posicionamento dos marcadores no mapa físico do genoma de feijão possibilita a condução de estudos comparativos a partir da identificação de marcas em regiões comuns, agregando valor e informatividade aos QTLs identificados a partir de diferentes estudos. Adicionalmente, a análise de co-localização de QTLs aos genes anotados, representa um importante passo para identificar regiões genômicas amplas que incluem vários genes e, conseqüentemente, caminhar rumo à identificação dos polimorfismos causal (Rao et al., 2014, Das et al., 2017). No caso do feijão, as informações geradas têm grande potencial de uso, tendo em vista que o parental doador do alelo que confere a resistência poderá ser incorporado em blocos de cruzamento e a presença do alelo monitorada através do marcador molecular. O sucesso dessa estratégia depende de vários fatores, dentre eles o número de genes-alvo, o efeito desses QTLs e a distância do marcador ao gene causal, de modo que a co-segregação gene/marcador seja mantida para seleção nas gerações subsequentes (Perumalsamy et al., 2010).

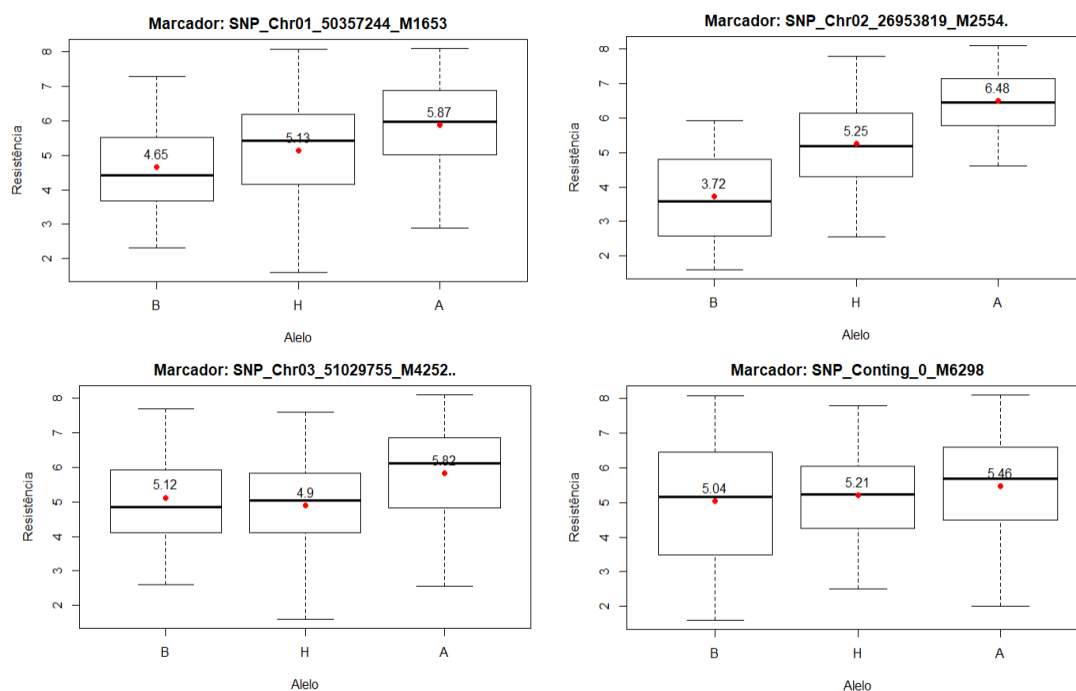


Figura 4.2. Gráficos de boxplot das médias das progênies na análise conjunta para os marcadores identificados na análise de QTL. Pontos em vermelho referem-se as médias de notas (sobrescrito). A e B são alelos em homozigose provenientes dos parentais BRS Horizonte e BRS FP403 respectivamente. H – indivíduos heterozigotos.

No total 766 transcritos foram identificados dentro dos intervalos genômicos compreendidos nas cinco regiões distintas contendo QTLs (Tabela 4.5). Do total de

transcritos, 626 (82%) tiveram função putativa atribuída favorecendo, principalmente, a identificação de genes de resistência à doenças em feijão associados a esses QTLs. Desses genes, 48 foram anotados como de resistência a doenças, com destaque para a classe MBS-LRR (Nucleotide Binding Site – Leucine Rich Repeats) (McHale et al., 2006) e proteínas ricas em receptores quinases (Serine/Threonine-Protein Kinase) envolvidos na defesa da planta contra patógeno (McHale et al., 2006; Afzal et al., 2008). Particularmente, o marcador “SNP_Chr02_26953819_M2554” ($R^2 = 40,5\%$, 26.95 Mbp), associado aos QTLs FOP 2.1^{403H} e FOP 2.3^{403H} está a uma distância de 215 kb do gene Leucine-Rich Repeat (LRR) (Phvul.002G129200; 27.16 Mbp) que integra um cluster contendo 40 genes de resistência em um intervalo de 5.5 kb (27.16 Mbp – 32.70 Mbp). Esse cluster está localizado abaixo da região centromérica no cromossomo 2 (5.4 – 10 Mbp) de feijão que tem extensão de 49,67Mpb (Schmutz et al., 2014; Meziadi et al., 2016). O QTL FOP 2.2^{403H}, associado ao marcador SNP_Chr02_30053954_M2765 ($R^2 = 19,6\%$, 30.05 Mbp), está posicionado a 572 kb do gene LRR (Phvul.002G145600; 29.46 Mbp). Em todos os intervalos de confiança dos QTLs foram identificados genes de resistência (variando de um a 37 genes), com exceção do FOP 4.1^{403H}.

Tabela 4.5. Conteúdo dos genes/transcritos nos intervalos dos QTLs associados à resistência à murcha de fusário em feijão.

QTL	Crom. ¹	Intervalo	Total transcritos no intervalo	Transcritos com função atribuída	Transcritos resistência	Posição (pb)	R ² (%) ²
FOP 1.1	1	49,5 – 50,6	141	121	7	49,5 - 50,3	8,2
FOP 2.1	2	22,7 – 27,1	191	158	35	25,2 - 27,9	32,8
FOP 2.2	2	28,0 – 30,5	133	112	3	28,0 - 29,5	19,6
FOP 2.3	2	25,2 – 29,0	262	215	37	25,2 - 28,4	40,5
FOP 3.1/3.2	3	51,0 – 51,3	55	31	2	50,9 - 51,1	8,7
FOP 4.1	4	46,8 - 47,2	44	23	-	-	5,8
FOP 11.1	11	2,2 – 2,9	74	63	1	27,2 - 27,3	7,6

¹Cromossomo; ² % de representação do QTL para a característica resistência a doença.

Dado que a variação fenotípica não foi totalmente explicada (32,8% no ano/geração 2016/F_{2:4}, 35,9% no ano/geração 2017/F_{2:5} e 53,6% na conjunta), fica evidente a participação de outras regiões ou genes de menor efeito no controle da reação à murcha de fusário. Esses resultados demonstram que o feijão em resposta à murcha de fusário utiliza diferentes e eficazes vias de defesa, compreendendo uma complexa rede de resistência de respostas estruturais, de sinalização e químicas (Chen et al., 2019). Os resultados obtidos

são de grande importância pois a identificação de marcadores associados a QTLs envolvidos no controle da reação à murcha de fusário podem facilitar a seleção de genótipos com resistência esse patógeno no estágio inicial do programa de desenvolvimento de cultivares por meio da seleção assistida por marcadores o que permitirá maior economia de tempo no desenvolvimento e lançamento de novas cultivares.

A próxima etapa deste estudo consistirá em validar estes marcadores, para tanto pode-se optar por realizar cruzamento entre o genitor resistente (BRS FP403) e outras cultivares para confirmar a associação entre os marcadores e os QTLs anteriormente identificados. Outra possibilidade é a conversão desses SNPs em ensaio TaqMan, validá-los e posteriormente incorporá-los à rotina de seleção assistida para a resistência à murcha de fusário no dia a dia do programa de melhoramento genético do feijão.

4.4 CONCLUSÃO

Existe ampla variabilidade genética para a reação à murcha de fusário na população de mapeamento BRS FP403 / BRS Horizonte, confirmada pelas altas estimativas de variância genética, herdabilidade e ganho esperado com a seleção.

Um mapa genético baseado em marcadores SNPs e SilicoDArT foi desenvolvido com uma ampla cobertura genômica e possibilitou a identificação de QTLs em cinco cromossomos de feijão, evidenciando uma herança quantitativa para a resistência a *F. oxysporum* f sp. *phaseoli*.

A herança da reação *Fusarium oxysporum* f sp. *phaseoli* em feijão é complexa, com vários locais do genoma agindo em conjunto, e apesar dos resultados serem sugestivos da ocorrência de interações de QTLs por locais, foram identificadas associações relevantes.

Foram detectados 5 QTLs controlando a reação à murcha de fusário, nos cromossomos 1, 2, 3, 4 e 11. Dentre os QTLs identificados, os mais promissores foram o FOP2.3^{403H}, que explicou 40,5% da variação na análise conjunta e o FOP3.2^{403H}, que explicou 6,3%.

O parental doador dos alelos (efeito aditivo) que conferem resistência à murcha de fusariose é uma importante cultivar do grupo preto (BRS FP403) com grande potencial de ser utilizada em blocos de cruzamento. A transferência desses alelos de resistência poderá ser identificada e monitorada pela SAM no programa de melhoramento genético de feijão.

4.5 REFERÊNCIAS

- AFZAL, A. J.; WOOD, A. J.; LIGHTFOOT, D. A. Plant receptor-like serine threonine kinases: roles in signaling and plant defense. **Molecular Plant-Microbe Interactions**, v. 21, n. 5, p.507–17, 2008.
- ALVARES, R. C.; STONEHOUSE, R.; SOUZA, T. L.; MELO, P. G.; MIKLAS, P. N.; BETT, K. E.; MELO, L. C.; RODRIGUES, L. A.; SOUZA, L. L.; PEREIRA, H. S. Generation and validation of genetic markers for the selection of carioca dry bean genotypes with the slow-darkening seed coat trait. **Euphytica**, v. 215, n. 8, p 141, 2019.
- ARF, O.; LEMOS, L. B.; SORATTO, R. P.; FERRARI, S. **Aspectos gerais da cultura do feijão Phaseolus vulgaris L.** Botucatu: FEPAF, 2015, 433p.
- BATISTA, R. O.; SILVA, J. L. O.; NICOLI, A.; CARNEIRO, P. C. S.; CARNEIRO, J. E. D. S.; JÚNIOR, P.; QUEIROZ, M. V. D. Resistance to Fusarium wilt in common bean. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 16, n. 3, p. 226-233, 2016.
- BATISTA, R. O., SILVA, L. C., MOURA, L. M., SOUZA, M. H., CARNEIRO, P. C. S., CARVALHO FILHO, J. L. S.; DE SOUZA CARNEIRO, J. E. Inheritance of resistance to fusarium wilt in common bean. **Euphytica**, v. 213, n. 7, p. 133, 2017.
- BHERING L. L.; CRUZ, C.D. Tamanho de população ideal para mapeamento genético em famílias de irmãos completos. **Pesquisa agropecuária brasileira**, v. 43, no. 3, p. 379-385, 2008.
- BORÉM, A.; CAIXETA, E. **Marcadores moleculares**. Viçosa: Editora UFV, 2016, 385 p.
- Briñez, B., Perseguini, J. M. K. C., Rosa, J. S., Bassi, D., Gonçalves, J. G. R., Almeida, C.; Paulino, J. F. C; Blair, M. W; Chioratto, A. L; Carbonell, S. A. M; Valdisser, P. A. M. R; Vianello, R. P; Benchimol-Reis, L. L. Mapping QTLs for drought tolerance in a SEA 5 x AND 277 common bean cross with SSRs and SNP markers. **Genetics and molecular biology**, v. 40, n. 4, p. 813-823, 2017.
- BROMAN, K. W., & SEN, S. A Guide to QTL Mapping with R/qtl. New York: **Springer**, 2009.

CÂNDIDA, D. V.; COSTA, J. G. C.; RAVA, C. A.; CARNEIRO, M. S. Controle genético da murcha do fusário (*Fusarium oxysporum*) em feijoeiro comum. **Tropical Plant Pathology, Brasília**, v. 34, n. 6, p. 379-384, 2009.

CAPLAN, J.; PADMANABHAN, M.; DINESH-KUMAR, S. P. Plant NB-LRR immune receptors: from recognition to transcriptional reprogramming. **Cell host & microbe**, no. 3, p. 126-135, 2008.

CARBONELL S. A.; CHIORATO, A. F.; BEZERRA, L. M.; GONÇALVES, J. G.; SILVA, D. A.; ESTEVES, J. A.; BENCHIMOL-REIS, L. L.; CARVALHO, C. R.; BARROS, V. L.; FREITAS, R. S.; TICELLI, M. IAC 1850: High yielding carioca common bean cultivar. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**. v. 19, no. 3, p. 378-381, 2019.

CARDOSO, C. O. N.; KIMATI, N. H.; FERNANDES, N. G. Nota sobre a ocorrência de *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli* Kendrick e Snyder, causando murcha vascular em feijoeiro. **Anais da Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”**. v. 23, p. 273-276, 1966.

CICHY, K. A.; FERNANDEZ, A.; KILIAN, A.; KELLY, J. D.; GALEANO, C. H.; SHAW, S.; BRICK, M.; HODKINSON, D.; TROXTELL, E. QTL analysis of canning quality and color retention in black beans (*Phaseolus vulgaris* L.). **Molecular breeding**. V. 33, no. 1 p. 139-154, 2014.

CROSS, H., BRICK, M.A., SCHWARTZ, H. F., PANELLA, L. W., BYRNE, P. F. Inheritance of resistance to fusarium wilt in two common beans races. **Crop Science**, v. 40, p. 954-958, 2000.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO – CONAB. **Indicadores da Agropecuária**. Disponível em <<https://www.conab.gov.br/info-agro/precos/revista-indicadores-da-agropecuaria/item/10565-indicadores-da-agropecuaria-n-12-2018>>. Acesso em 15 maio 2020.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4 ed., v. 1, Viçosa: Editora UFV, 2012. 514p.

- CRUZ, C.D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**. v.35, n.3, p.271-276, 2013.
- DAS, G.; PATRA, J. K.; BAEK, K. H. Insight into MAS: uma ferramenta molecular para o desenvolvimento de arroz de qualidade e resistente ao estresse por meio do empilhamento de genes. **Frontiers in Plant Science**. v.8, p.985, 2017.
- DE BORBA, M. C.; GARCÉS-FIALLOS, F. R.; STADNIK, M. J. Reactions of black bean seedlings and adult plants to infection by *Fusarium oxysporum* f. sp. phaseoli. **Crop Protection**, v.96, p. 221-227, 2017.
- DI PRADO, P. R. C.; FARIA, L. C.; SOUZA, T. L. P. O.; MELO, L. C.; MELO, P. G. S.; PEREIRA, H. S. Genetic control and selection of common bean parents and superior segregant populations based on high iron and zinc contents, seed yield and 100-seed weight. **Genetics and Molecular Research**. v.18, n.1, p. 1-12, 2019.
- DOERGE, R. W. & CHURCHILL, G. A. Permutation tests for multiple loci affecting a quantitative character. **Genetics**, v. 142, n. 1, p. 285-294, 1996.
- DOYLE, J. J.; DOYLE, J. L. Isolation of plant DNA from fresh tissue. **Focus**, Richmond, v. 12, n. 1, p. 13-15, 1990.
- Embrapa Arroz e Feijão. Home Page, 2019. Disponível em: <
<http://www.cnpaf.embrapa.br/socioeconomia/index.htm> >. Acesso em: 15/05/2020.
- ELLIS, J. G.; DODDS, P. N.; LAWRENCE, G. J. lax rust resistance gene specificity is based on direct resistance-avirulence protein interactions. **Annual Review of Phytopathology**, v.45, p.289-306, 2007.
- ERFATPOUR, M.; NAVABI, A.; PAULS, K. P. Mapping the non-darkening trait from ‘Wit-rood boontje’ in bean (*Phaseolus vulgaris*). **Theoretical and Applied Genetics**, v. 131, n. 6, p. 1331-1343, 2018.
- FALL, A. L.; BYRNE, P. F.; JUNG, G.; COYNE, D. P.; BRICK, M. A.; SCHWARTZ, H. F. Detection and mapping of a major locus for *Fusarium* wilt resistance in common bean. **Crop science**, v. 41, n. 5, p. 1494-1498, 2001.

FERREIRA, E. A. EFICIÊNCIA DO TAMANHO DE POPULAÇÕES F2 NA ANÁLISE DE QTL. 2012. 118 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2012.

GOWDA, S. J. M.; RADHIKA, P.; KADDOO, N. Y.; MHASE, L. B.; GUPTA, V. S. Molecular mapping of wilt resistance genes in chickpea. **Molecular breeding**, v. 24, n. 2, p. 177-183, 2009.

HAGERTY, C. H.; CUESTA-MARCOS, A.; CREGAN, P. B.; SONG, Q.; MCCLEAN, P.; NOFFSINGER, S.; MYERS, J. R. Mapping Fusarium solani and Aphanomyces euteiches root rot resistance and root architecture quantitative trait loci in common bean. **Crop science**, v. 55, n. 5, p. 1969-1977, 2015.

JANSEN, R.C. A general mixture model for mapping quantitative trait loci by using molecular marker. **Theoretical. Applied. Genetics**, v. 85, p. 252-260, 1992.

JANSEN, R.C. Interval mapping of multiple quantitative trait loci. **Genetics**. v. 135, p. 205-211, 1993.

KAMFWA, K.; MWALA, M.; OKORI, P.; GIBSON, P.; MUKANKUSI, C. Identification of QTL for Fusarium root rot resistance in common bean. **Journal of Crop Improvement**, v. 27, n. 4, p. 406-418, 2013.

KAMFWA, K.; BEAVER, J. S.; CICHY, K. A.; KELLY, J. D. QTL mapping of resistance to bean Weevil in common bean. **Crop Science**, v. 58, no. 6, p. 2370-2378, 2018.

KILIAN, A.; WENZL, P.; HUTTER, E.; CARLING, J.; XIA, L.; BLOIS, H.; CAIG, V.; HELLER-USZYNSKA, K.; JACCOUD, D.; HOPPER, C.; ASCHENBRENNERKILIAN, M.; EVERS, M.; PENG, K.; CAYLA, C.; HOK, P.; USZYNSKI, G. Diversity arrays technology: a genetic genome profiling technology on open platforms. In: POMPANON, F.; BONIN, A. **Data Production and Analysis in Population Genomics: Methods and Protocols**. 1ª ed. Totowa: Humana Press. 2012. cap 5. p. 67- 89.7

KOSAMBI, D.D. The estimation of map distance from recombination values. **Annuaire of Eugenetics**, v. 12, 172-175, 1944.

LANGAT, C. K.; OMBORI, O.; CHERUIYOT, R.; GATHAARA, M., KARANJA, D.; LELEY, P. Mapping of Quantitative Trait Loci (QTL) Related to Drought Tolerance in

Common Bean (*Phaseolus vulgaris* L.) Using F2 Population from (KATB1 X GLP2). **International Annals of Science**, v. 8, no. 1, p. 75-86, 2020.

MARGARIDO, G. R. A.; SOUZA, A. P.; GARCIA, A. A. F. OneMap: software for genetic map in outcrossing species. **Hereditas**, New Jersey, v. 144, p. 78-79, 2007.

MCHALE, L.; TAN, X.; KOEHL, P.; MICHELMORE, R. W. Plant NBS-LRR proteins: adaptable guards. **Genome biology**, v. 7, n. 4, p. 1-11, 2006.

MC PHEE, K. E.; INGLIS, D. A.; GUNDERSEN, B.; COYNE, C. J. Mapping QTL for Fusarium wilt Race 2 partial resistance in pea (*Pisum sativum*). **Plant breeding**, v. 131, no. 2, p. 300-306, 2012.

MELO, L. C.; DE FARIA, L. C.; RAVA, C. A.; DEL PELOSO, M. J.; DA COSTA, J. G.; DÍAZ, J. L.; DE FARIA, J. C.; DA SILVA, H. T.; SARTORATO, A.; BASSINELLO, P.Z.; ZIMMERMANN, F. J. "BRS Horizonte: new bean variety of the carioca grain type." **Crop Breeding and Applied Biotechnology** v. 5, n.4, p. 473-474, 2005.

MEZIADI, C.; RICHARD, M. M.; DERQUENNES, A.; THAREAU, V.; BLANCHET, S.; GRATIAS, A.; PFLIEGER, S.; GEFFROY, V. Development of molecular markers linked to disease resistance genes in common bean based on whole genome sequence. **Plant Science**, v. 242, p. 351-357, 2016.

MUKANKUSI, C.; RAATZ, B.; NKALUBO, S.; BERHANU, F.; BINAGWA, P.; KILANGO, M.; WILLIAMS, M.; ENID, K.; CHIRWA, R.; BEEBE, S. Genomics, genetics and breeding of common bean in Africa: a review of tropical legume project. **Plant Breeding** v.138, no. 4, p. 401-414, 2019.

NIÑO-SÁNCHEZ, J.; TELLO, V.; CASADO-DEL CASTILLO, V.; THON, M. R.; BENITO, E. P.; DÍAZ-MÍNGUEZ, J. M. Gene expression patterns and dynamics of the colonization of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) by highly virulent and weakly virulent strains of *Fusarium oxysporum*. **Frontiers in Microbiology**, v. 6, p. 234, 2015.

PASTOR-CORRALES, M.A.; ABAWI, G.S. Reactions of selected bean germplasms to infection by *Fusarium oxysporum* f.sp. *phaseoli*. **Plant Disease**, v.71, p.990-993, 1987.

PEREIRA, H. S.; MELO, L. C.; SOUZA, T. L. P. O. de; FARIA, L. C. de; WENDLAND, A.; MAGALDI, M. C. de S. Resistance to Fusarium wilt in common bean cultivars and

lines in pre-commercial stage. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative, Prosser**, v. 59, p. 103-104, Apr. 2016.

PEREIRA, D. G.; FARIA, L. C.; SOUZA, T. L. P. O.; MELO, L. C.; PEREIRA, H. S. Selection of parents and segregating populations of black bean resistant to fusarium wilt with high yield and seed weight. **Genetics and Molecular Research**, v. 18, n. 71, gmr18276, 2019.

PEREIRA, D. G.; FARIA, L. C.; TORGA P. P.; SOUZA, T. L. P. O.; MELO, L. C.; PEREIRA, H. S. Genetic potential of fusarium wilt-resistant elite common bean lines assessed in multiple environments. **Genetics and Molecular Research**, v. 19, n. 2, gmr18617, 2020.

PERUMALSAMY, S.; BHARANI, M.; SUDHA, M.; NAGARAJAN, P.; ARUL, L.; SARASWATHI, R.; BALASUBRAMANIAN, P.; RAMALINGAM, J. Functional marker-assisted selection for bacterial leaf blight resistance genes in rice (*Oryza sativa* L.). **Plant breeding**, v. 129, n.4, p. 400-406, 2010.

POTTORFF, M. O.; LI, G.; EHLERS, J. D.; CLOSE, T. J.; ROBERTS, P. A. Genetic mapping, synteny, and physical location of two loci for *Fusarium oxysporum* f. sp. *tracheiphilum* race 4 resistance in cowpea [*Vigna unguiculata* (L.) Walp]. **Molecular breeding**, v. 33, no. 4, p. 779-791, 2014.

PRIYAMEDHA, B. K.; SINGH, G.; SANGHA, M. K. K.; BANGA, S. S. RAPD, ISSR and SSR Based Integrated Linkage Map From an F2 Hybrid Population of Resynthesized and Natural *Brassica carinata*. **National Academy Science Letters**, v. 35, no. 4, p. 303–308, 2012.

RAO, Y.; LI, Y.; QIAN, Q. Recent progress on molecular breeding of rice in China. **Plant cell reports**, v. 33, n.4, p. 551-564, 2014.

REN, Y.; JIAO, D.; GONG, G.; ZHANG, H.; GUO, S.; ZHANG, J.; XU, Y. Genetic analysis and chromosome mapping of resistance to *Fusarium oxysporum* f. sp. *niveum* (FON) race 1 and race 2 in watermelon (*Citrullus lanatus* L.). **Molecular Breeding**, v. 35, no. 9, p. 183, 2015.

RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, n. 3, p. 182-194, 2007.

RIBEIRO R. L. D. & HAGEDORN D. J. Inheritance and nature of resistance in beans to *Fusarium oxysporum* f. sp. phaseoli. **Phytopathology**, v.69, n. 8, p. 859-861, 1979

R CORE TEAM. **R: a language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna. 2019.

ROMÁN-AVILÉS, B. & KELLY, J. D. Identificação de características quantitativas de condicionamento de locos de resistência à podridão radicular de *Fusarium* em feijoeiro. **Crop science**, v. 45, n. 5, p. 1881-1890, 2005.

SALGADO, M. O.; SCHWARTZ, HOWARD F.; BRICK, MARK A. Inheritance of resistance to a Colorado race of *Fusarium oxysporum* f. sp. phaseoli in common beans. **Plant Disease**, v. 79, n. 3, p. 279-281, 1995.

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. A reference genome for common bean and genome-wide analysis of dual domestications. **Nature genetics**. v. 46, n. 7, p. 707-13, 2014.

SCHNEIDER, K. A.; GRAFTON, K. F.; KELLY, J. D. QTL analysis of resistance to *Fusarium* root rot in bean. **Crop Science**, v. 41, n. 2, p. 535-542, 2001.

SILVA, L. D.; OMOTO, C.; BLEICHER, E.; DOURADO, P. M. Monitoramento de suscetibilidade a inseticidas em populações de *Bemisia tabaci* (Gennadius) (Hemiptera: Aleyrodidae) no Brasil. **Neotropical Entomology**, Santo Antônio de Goiás, v. 38, n. 1, pg. 116-125, 2009.

SILVA, O. F.; WANDER, A. E. O feijão-comum no Brasil passado, presente e futuro (Documento 287). **Embrapa Arroz e Feijão**, Santo Antônio de Goiás, p. 63, 2016. Disponível em: < <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/89747/1/seriedocumentos-287.pdf> > Acesso em : 16/05/2020.

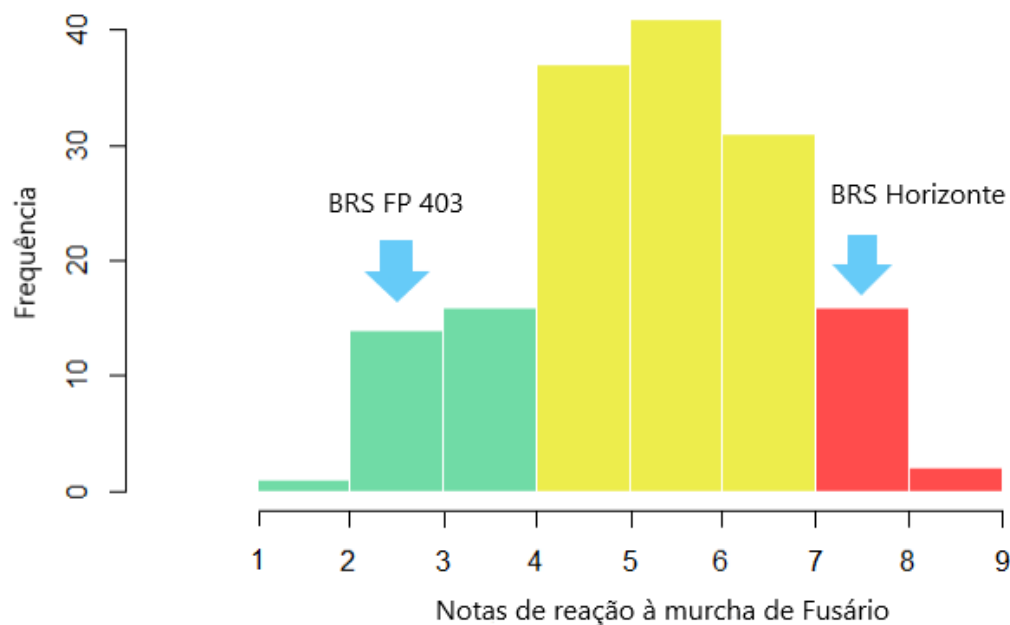
SILVA, L. C.; SOUZA, T. L. P. O.; CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C., SILVA, F.F.; BARROS, E. G.; VIANELLO, R. P.; FONSECA, C. E.; SONG, Q.; CREGAN, P. B.;

- CARNEIRO, J. E. S. Linkage fine-mapping and QTLs affecting morpho-agronomic traits of a Mesoamerican× Andean RIL common bean population. **Euphytica**. v.14, no. 12, p. 221, 2018.
- SLATE, J.; GRATTEN, J.; BERARDI, D.; STAPLEY, J.; HALE, M.; PEMBERTON, J. M. Gene mapping in the wild with SNPs: guidelines and future directions. **Genetica**, v. 136, n. 1, p. 97-107, 2009.
- SOUZA, T. L. P. O. D.; PEREIRA, H. S.; PELOSO, M. J. D.; FARIA, L. C. D.; COSTA, J. G. C. D.; WENDLAND, A.; DÍAZ, J. L. C.; MAGALDI, M. C. D. S.; AGUIAR, M. S.; CARVALHO, H. W. L. D.; SOUZA FILHO, B. F. D. BRS FP403: high-yielding black-seeded common bean cultivar with superior grain quality and moderate resistance to fusarium wilt. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**. 2019 Jul;19(2):240-4.
- VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 492p.
- VIEIRA, A. F.; ALMEIDA, L. C.; RODRIGUES, L. A.; COSTA, J. G.; MELO, L. C.; PEREIRA, H. S.; SANGLARD, D. A.; de SOUZA T. L. P. O. Selection of resistance sources to common bean anthracnose by field phenotyping and DNA marker-assisted screening. **Genetics and Molecular Research**. v. 17, p. gmr18066, 2018.
- VOORRIPS, R. E. MapChart: software for the graphical presentation of linkage maps and QTLs. *Journal Hereditare*, Oxford., v. 93, n. 1, p. 77-78, 2002.
- WANG, S. BASTEN, C.J.; ZENG, B. 2012. Windows QTL Cartographer 2.5. Dep. Stat., North Carolina State University. Home Page, 2020. Disponível em: < <http://statgen.ncsu.edu/qtlcart/WQTLCart.htm> >. Acesso em: 15/05/2020.
- WANG W.; JACOBS, J. L.; CHILVERS, M. I.; MUKANKUSI, C. M.; KELLY, J. D.; CICHY, K.A. QTL analysis of Fusarium root rot resistance in an Andean× middle American common bean RIL population. **Crop Science** v. 58, no. 3, p. 1166-1180, 2018.
- ZENG, Z.B. Theoretical basis of precision mapping of quantitative trait loci. **Proceedings of the National Academy of Science United States of America**, v. 90, p. 10972-10976, 1993.

Apêndice A. Resumo das análises de variância individuais para reação à murcha de fusário (notas de 1 a 9), avaliadas no município de Santo Antônio de Goiás em 2016 e 2017, na safra de inverno.

Fonte de Variação	GL	2016/F _{2:4}		2017/F _{2:5}	
		QM	P-valor	QM	P-valor
Tratamentos	168	9,64	0,001	7,10	0,001
Testemunhas (T)	3	26,75	0,001	26,78	0,001
Genitores (G)	1	37,5	0,001	20,16	0,001
Cultivares (C)	1	42,6	0,001	60,1	0,001
Progênes (P)	164	9,58	0,001	7,00	0,001
T vs P	1	3,10	0,176	0,07	1,000
Resíduo	300	1,67	-	1,14	-
Média das Progênes	-	-	5,3	-	5,2
Média das Testemunhas	-	-	4,7	-	5,1
CV ¹ (%)	-	-	24,6	-	20,4
AS ²	-	-	0,91	-	0,92

¹Coefficiente de variação experimental; ² Acurácia Seletiva.

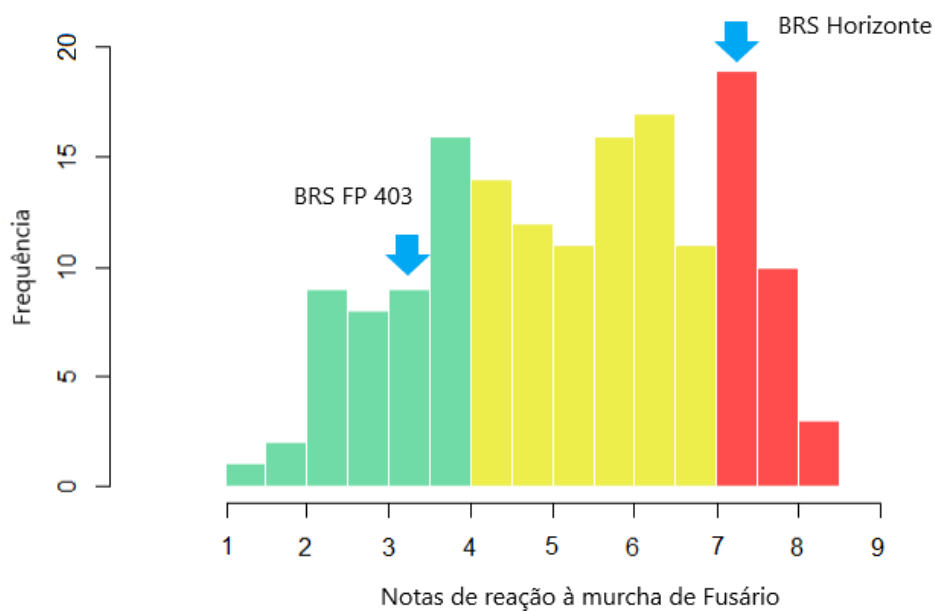


Apêndice B. Distribuição de frequência das médias das progênes da população de mapeamento (BRS Horizonte x BRS FP 403) para reação à murcha de fusário, com base na análise conjunta.

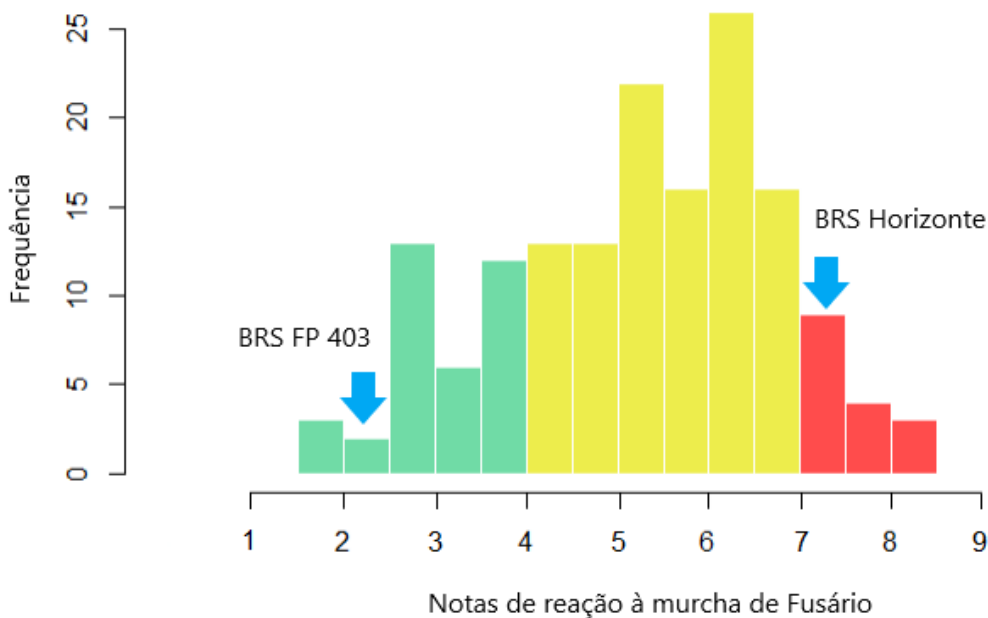
Apêndice C. Distribuição dos marcadores utilizados na construção inicial do mapa genético de ligação utilizando a população F₂ do cruzamento BRS FP403 x BRS Horizonte, antes e após análise de segregação e distorção.

Crom. ¹	SNP	DArT	Monomórficos		Distorção SNP			Distorção SilicoDArT			Polimórfico não	
			SNP	SilicoDArT	HZ ²	403 ³	Ind. ⁴	HZ ²	403 ³	Ind. ⁴	SNP	SilicoDArT
Chr01	1938	1730	1795	986	32	21	28	494	116	54	62	80
Chr02	2425	2213	2173	1231	18	10	45	612	68	119	179	183
Chr03	2261	2127	2055	1182	91	7	18	568	128	65	90	184
Chr04	1801	1590	1538	848	24	54	73	405	77	81	112	179
Chr05	1491	1304	1259	729	18	57	109	352	51	89	48	83
Chr06	1768	1502	1528	766	34	24	34	369	105	93	148	169
Chr07	1941	1767	1779	977	14	16	40	503	82	77	92	128
Chr08	2568	2312	2320	1313	59	22	37	533	162	102	130	202
Chr09	1851	1702	1736	988	12	29	38	532	96	44	36	42
Chr10	1693	1439	1424	730	36	36	46	371	79	101	151	158
Chr11	2588	1911	2463	1231	22	23	21	457	76	55	59	92
Scaff	742	371	683	206	6	16	28	84	380	34	9	15
Contig	3395	6724	3060	3392	44	48	81	732	32	1467	162	753
Total	26462	26692	23813	14579	410	363	598	6012	1452	2381	1278	2268

¹ Cromossomos relacionados a espécie *Phaseolus vulgaris* L.; ² BRS Horizonte; ³ BRS FP 403; ⁴ Marcadores com fase de ligação indeterminada nos genitores; ⁵ Marcadores polimórficos não distorcidos.



Apêndice D. Frequência e distribuição das médias com base na análise das progênes $F_{2:4}$ da população de mapeamento (BRS FP 403 \times BRS Horizonte) para reação à murcha de fusário. As setas indicam os valores fenotípicos dos genitores.



Apêndice E. Frequência e distribuição das médias com base na análise das progênes $F_{2:5}$ da população de mapeamento (BRS FP 403 \times BRS Horizonte) para reação à murcha de fusário. As setas indicam os valores fenotípicos dos genitores.

5 CONCLUSÕES GERAIS

- i) Os efeitos aditivos são mais importantes do que os efeitos não aditivos reação à murcha de fusário, produtividade de grãos e massa de 100 grãos em feijoeiro-comum.
- ii) O genitor CNFP 15194 destaca-se pela alta capacidade geral de combinação, sendo indicado para realização de novos cruzamentos para aumentar da resistência a murcha de fusário.
- iii) As populações BRS FP403 / CNFP 11995, CNFP 15194 / CNFP 11995 e CNFP 15194 / CNFP 11976, apresentam potencial para extração de linhagens resistentes, com alta produtividade e maior massa de 100 grãos, simultaneamente.
- iv) As estimativas de herdabilidade e de ganho esperado com a seleção das linhagens das duas populações foram elevadas, o que indica a possibilidade de sucesso na seleção de linhagens resistentes, produtividade e massa de 100 grãos.
- v) Foram selecionadas 5 linhagens que apresentaram alto potencial para reação à murcha de fusário, produtividade de grãos e massa de 100 grãos, simultaneamente.
- vi) Foram identificados quatro QTLs explicando de 5,8 a 40,5 % da variação, indicando que a herança da reação à murcha de fusário é complexa. O QTL FOP2.3^{403H} destacou-se por explicar a maior proporção da variação fenotípica (40,5%) e ser estável nos diferentes anos.

6 REFERÊNCIAS

CÂNDIDA, D. V.; COSTA, J. G. C.; RAVA, C. A.; CARNEIRO, M. S. Controle genético da murcha do fusário (*Fusarium oxysporum*) em feijoeiro comum. **Tropical Plant Pathology, Brasília**, v. 34, n. 6, p. 379-384, 2009.

CROSS, H., BRICK, M.A., SCHWARTZ, H. F., PANELLA, L. W., BYRNE, P. F. Inheritance of resistance to fusarium wilt in two common beans races. **Crop Science**, v. 40, p. 954-958, 2000.

Embrapa Arroz e Feijão. Home Page, 2020. Disponível em: < <http://www.cnpaf.embrapa.br/socioeconomia/index.htm> >. Acesso em: 20/10/2020.

FALL, A. L.; BYRNE, P. F.; JUNG, G.; COYNE, D. P.; BRICK, M. A.; SCHWARTZ, H. F. Detection and mapping of a major locus for Fusarium wilt resistance in common bean. **Crop science**, v. 41, n. 5, p. 1494-1498, 2001.

FAOESTAT. Home Page, 2020. Disponível em: < <http://faostat3.fao.org>>. Acesso em: 20/10/2020.

MUSONI, A.; KIMANI, P.; NARLA, R. D.; BURUCHARA, R. Inheritance of fusarium wilts (*Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*) resistance in climbing beans. **African Journal of Agricultural Research**, v. 5, n. 5, p. 399-404, 2010.

PEREIRA, M. J. Z.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, Â. D. F. B. Inheritance of resistance to *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli* Brazilian race 2 in common bean. **Scientia Agricola**, v. 66, n. 6, p. 788-792, 2009.

PEREIRA, D. G.; FARIA, L. C.; SOUZA, T. L. P. O.; MELO, L. C.; PEREIRA, H. S. Selection of parents and segregating populations of black bean resistant to fusarium wilt with high yield and seed weight. **Gene Conserve**, v. 18, n. 71, 2019.

RIBEIRO R. L. D & HAGEDORN D. J. Inheritance and nature of resistance in beans to *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*. **Phytopathology**, v.69, n. 8, p. 859-861, 1979.

SALGADO, M. O.; SCHWARTZ, HOWARD F.; BRICK, MARK A. Inheritance of resistance to a Colorado race of *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli* in common beans. **Plant Disease**, v. 79, n. 3, p. 279-281, 1995.