



UFG

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

**SELEÇÃO DE GENÓTIPOS E MAPEAMENTO
DE QTLs PARA RESISTÊNCIA À MURCHA DE
FUSÁRIO EM FEIJÃO CARIOCA**

SÂMELA BEUTINGER CAVALHEIRO

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 [X] Tese

2. Nome completo do autor

Sâmela Beutinger Cavalheiro

3. Título do trabalho

SELEÇÃO DE GENÓTIPOS E MAPEAMENTO DE QTLs PARA RESISTÊNCIA À MURCHA DE FUSÁRIO EM FEIJÃO CARIOCA

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

Concorda com a liberação total do documento [] SIM [X] 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 **Helton Santos Pereira, Usuário Externo**, em 10/11/2021, às 13:28, conforme horário oficial de Brasília, com



fundamento no § 3º do art. 4º do [Decreto nº 10.543, de 13 de novembro de 2020](#).



Documento assinado eletronicamente por **SÂMELA BEUTINGER CAVALHEIRO, Discente**, em 10/11/2021, às 23:03, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no § 3º do art. 4º do [Decreto nº 10.543, de 13 de novembro de 2020](#).



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 **2479419** e o código CRC **6B7785B0**.

Referência: Processo nº 23070.050492/2021-99

SEI nº 2479419



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 Outro*: _____

*No caso de mestrado/doutorado profissional, indique o formato do Trabalho de Conclusão de Curso, permitido no documento de área, correspondente ao programa de pós-graduação, orientado pela legislação vigente da CAPES.

Exemplos: Estudo de caso ou Revisão sistemática ou outros formatos.

2. Nome completo do autor

Sâmela Beutinger Cavalheiro

3. Título do trabalho

SELEÇÃO DE GENÓTIPOS E MAPEAMENTO DE QTLs PARA RESISTÊNCIA À MURCHA DE FUSÁRIO EM FEIJÃO CARIOCA

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 **SÂMELA BEUTINGER CAVALHEIRO, Discente**, em 24/03/2023, às 19:34, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no § 3º do art. 4º do [Decreto nº 10.543, de 13 de novembro de 2020](#).



Documento assinado eletronicamente por **Helton Santos Pereira, Usuário Externo**, em 27/03/2023, às 12:58, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no § 3º do art. 4º do [Decreto nº 10.543, de 13 de novembro de 2020](#).



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 **3622655** e o código CRC **726A1E8D**.

SÂMELA BEUTINGER CAVALHEIRO

**SELEÇÃO DE GENÓTIPOS E MAPEAMENTO DE QTLs PARA
RESISTÊNCIA À MURCHA DE FUSÁRIO EM FEIJÃO CARIOCA**

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, da Universidade Federal de Goiás (UFG), como requisito para obtenção do título de Doutora em Genética e Melhoramento de Plantas.

Área de concentração: Genética e
Melhoramento de Plantas

Linha de pesquisa: Melhoramento de Espécies
Cultivadas

Orientador:

Dr. Helton Santos Pereira

Goiânia, GO – Brasil

2021

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

Cavalheiro, Sâmela Beutinger

Seleção de genótipos e mapeamento de QTLs para resistência à murcha de fusário em feijão carioca [manuscrito] / Sâmela Beutinger Cavalheiro. - 2021.

104 f.

Orientador: Prof. Dr. Helton Santos Pereira.

Tese (Doutorado) - Universidade Federal de Goiás, Escola de Agronomia (EA), Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, Goiânia, 2021.

Bibliografia. Apêndice.

Inclui gráfico, tabelas.

1. Phaseolus vulgaris. 2. diallel. 3. genetic parameters. 4. selection assisted by molecular markers. 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 146/2021 da sessão de Defesa de Tese de Sâmela Beutinger Cavalheiro que confere o título de Doutora em Genética e Melhoramento de Plantas, na área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas.

Aos sete dias do mês de outubro de dois mil e vinte e um, a partir das oito horas, por meio de videoconferência, realizou-se a sessão pública de Defesa de Tese intitulada “SELEÇÃO DE GENÓTIPOS E MAPEAMENTO DE QTLs PARA RESISTÊNCIA À MURCHA DE FUSÁRIO EM FEIJÃO CARIOCA”. Os trabalhos foram instalados pelo Orientador, Doutor Helton Santos Pereira (Embrapa Arroz e Feijão) com a participação dos demais membros da Banca Examinadora: Doutora Paula Pereira Torga (Embrapa Arroz e Feijão), membro titular externo; Professora Francine Hiromi Ishikawa (UNIVASF), membro titular externo, Doutora Rosana Pereira Vianello (Embrapa Arroz e Feijão), membro titular externo; Doutor Cláudio Brondani (Embrapa Arroz e Feijão), membro titular interno. Durante a arguição 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 a candidata **aprovada** pelos seus membros. Proclamados os resultados pelo Doutor Helton Santos Pereira, 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 sete dias do mês de outubro de dois mil e vinte e um.

TÍTULO SUGERIDO PELA BANCA



Documento assinado eletronicamente por **Helton Santos Pereira, Usuário Externo**, em 13/10/2021, às 10:01, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no § 3º do art. 4º do [Decreto nº 10.543, de 13 de novembro de 2020](#).



Documento assinado eletronicamente por **Claudio Brondani, Usuário Externo**, em 13/10/2021, às 10:29, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no § 3º do art. 4º do [Decreto nº 10.543, de 13 de novembro de 2020](#).



Documento assinado eletronicamente por **Rosana Pereira Vianello, Usuário Externo**, em 13/10/2021, às 10:51, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no § 3º do art. 4º do [Decreto nº 10.543, de 13 de novembro de 2020](#).



Documento assinado eletronicamente por **Paula Pereira Torga, Usuário Externo**, em 20/10/2021, às 12:26, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no § 3º do art. 4º do [Decreto nº 10.543, de 13 de novembro de 2020](#).



Documento assinado eletronicamente por **Francine Hiromi Ishikawa, Usuário Externo**, em 12/11/2021, às 10:01, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no § 3º do art. 4º do [Decreto nº 10.543, de 13 de novembro de 2020](#).



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 **2410086** e o código CRC **32200781**.

Referência: Processo nº 23070.050492/2021-99

SEI nº 2410086

“Acreditei que poderia.”

(Sâmela B. Cavalheiro)

AGRADECIMENTOS

Primeiramente à Deus, que está presente em meu caminhar, dando força e luz para atingir os meus objetivos de vida. Aos meus pais, Elenice e Jocides, que permitiram que eu tivesse acesso ao ensino de qualidade. Agradeço em especial à minha mãe pelas palavras de fortalecimento, que me ajudaram a ficar de pé nas dificuldades.

Aos professores da Universidade Federal de Goiás/ UFG do Programa de Genética e Melhoramento de Plantas/ PPGGMP. Em especial, agradeço ao professor Alexandre S. G. Coelho, exemplo de profissional e pessoa, cujos ensinamentos em Estatística Genômica foram de extrema importância para que este trabalho pudesse ser realizado.

Aos colegas que estiveram presentes na construção do conhecimento: Mário Henrique e Pedro Henrique agradeço por suas sugestões e discussões a respeito de biometria, genética quantitativa e genômica.

Ao pesquisador Dr. Helton, melhorista genético na Embrapa Arroz e Feijão, pela orientação durante a elaboração deste trabalho, comprometimento, profissionalismo e confiança depositada em mim para o desenvolvimento do projeto. À pesquisadora Dra. Rosana, bióloga molecular na Embrapa Arroz e Feijão, pela parceria e contribuição.

À Embrapa Arroz e Feijão que foi de extrema importância na realização deste trabalho, pela disponibilidade do campo experimental, casa de vegetação, laboratório de fitopatologia e do laboratório de biotecnologia. Assim, pude acompanhar na prática as atividades pertinentes em um programa de melhoramento genético. Ao programa de Genética e Melhoramento de Plantas da Universidade Federal de Goiás pela oportunidade de me desenvolver como pesquisadora. E à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior pela bolsa concedida.

SUMÁRIO

RESUMO GERAL	12
GENERAL ABSTRACT.....	14
1 INTRODUÇÃO GERAL	16
2 SELEÇÃO DE GENITORES E DE POPULAÇÕES SEGREGANTES DE FEIJÃO CARIOCA RESISTENTES À MURCHA DE FUSÁRIO	19
RESUMO	19
ABSTRACT	20
2.1 INTRODUÇÃO	21
2.2 MATERIAL E MÉTODOS	23
2.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	24
2.4 CONCLUSÕES	33
2.5 REFERÊNCIAS	34
APÊNDICE A.	38
APÊNDICE B.....	39
APÊNDICE C.....	40
APÊNDICE D	41
APÊNDICE E.....	42
APÊNDICE F.....	44
APÊNDICE G	46
3 ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS E SELEÇÃO DE LINHAGENS DE FEIJÃO CARIOCA COM RESISTÊNCIA À MURCHA DE FUSÁRIO	48
RESUMO	48
ABSTRACT	49
3.1 INTRODUÇÃO	50
3.2 MATERIAL E MÉTODOS	51
3.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	53
3.4 CONCLUSÕES	61
3.5 REFERÊNCIAS	62
APÊNDICE A	65
APÊNDICE B.....	66
APÊNDICE C.....	67
4 MAPEAMENTO DE QTLs PARA REAÇÃO À MURCHA DE FUSÁRIO NA CULTIVAR DE FEIJÃO CARIOCA BRS NOTÁVEL	71

RESUMO	71
ABSTRACT	72
4.1 INTRODUÇÃO	73
4.2 MATERIAL E MÉTODOS	74
4.2.1 Obtenção da população de mapeamento	74
4.2.2 Fenotipagem	75
4.2.3 Análise dos dados da fenotipagem.....	76
4.2.4 Genotipagem de SNPs e SilicoDArTs	76
4.2.5 Construção do mapa de ligação.....	77
4.2.6 Mapeamento de QTLs.....	77
4.2.7 Anotação gênica	78
4.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	78
4.3.1 Análises fenotípicas.....	78
4.3.2 Mapa de ligação.....	81
4.3.3 Mapeamento de QTLs.....	84
4.3.4 Genes anotados.....	90
4.4 CONCLUSÕES	93
4.5 REFERÊNCIAS	94
APÊNDICE A	99
APÊNDICE B.....	100
APÊNDICE C.....	101
APÊNDICE D	102
APÊNDICE E.....	104
5 CONCLUSÕES GERAIS.....	105
6 REFERÊNCIAS	106

RESUMO GERAL

CAVALHEIRO, S. B. **Seleção de genótipos e mapeamento de QTLs para resistência à murcha de fusário em feijão carioca**. 2021. 108 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2021.¹

A murcha de fusário, causada pelo fungo de solo *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*, é uma doença de grande importância na cultura de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.). O controle químico não é eficiente e o uso de cultivares resistentes, dentro de uma estratégia de manejo integrado, é a forma mais eficiente de controle dessa doença. Entretanto, existem poucas informações sobre o controle genético da reação à murcha de fusário e poucas cultivares de feijão carioca com nível de resistência satisfatório. Assim, foram realizados três estudos, com os objetivos de: identificar genitores e populações segregantes de feijão carioca com resistência à murcha de fusário e outros caracteres importantes; estimar parâmetros genéticos e fenotípicos e selecionar linhagens de feijão carioca com resistência à murcha de fusário, alta produtividade e massa de 100 grãos e bom aspecto visual de grãos; estudar o controle genético e identificar marcadores moleculares ligados a QTLs que controlem a reação à murcha de fusário na cultivar de feijão carioca BRS Notável. Todas as avaliações foram realizadas em Santo Antônio de Goiás-GO, na safra de inverno (semeadura em maio), em área com alta infestação do patógeno, com irrigação com pivô central. No primeiro estudo, foram avaliadas 21 populações obtidas dos cruzamentos em esquema de dialelo completo entre sete genitores com grão carioca e algum grau de resistência à murcha de fusário, juntamente com duas testemunhas. As populações foram avaliadas nas gerações F₃, F₄ e F₅, nos anos de 2012, 2013 e 2014, em delineamento de blocos ao acaso, com três repetições. Foram avaliadas a reação à murcha de fusário, por meio de escala de notas, além da produtividade e massa de 100 grãos. Houve diferenças significativas entre as populações para todos os caracteres avaliados. Os efeitos aditivos e não aditivos foram importantes para reação à murcha de fusário, produtividade e massa de 100 grãos. A cultivar BRS Notável foi o genitor mais promissor para participar de novos cruzamentos, apresentando estimativas de capacidade geral de combinação (g_i) diferentes de zero, favorecendo o aumento da resistência à murcha de fusário (-0,51), produtividade (87,90) e massa de 100 grãos (0,23). As populações BRS Notável / CNFC 15872, BRS Ametista / BRS Notável, BRS Notável / BRSMG Talismã e BRS Ametista / BRSMG Talismã foram as mais promissoras para a obtenção de linhagens. No segundo estudo, foram avaliadas 114 linhagens obtidas das populações BRS Notável / BRS Ametista e BRS Notável / CNFC 15872, selecionadas por apresentarem alta resistência à murcha de fusário, produtividade e massa de 100 grãos. As 114 linhagens e sete testemunhas foram avaliadas em experimentos em delineamento látice triplo 11 x 11, nos anos de 2015 e 2016, para a reação à murcha de fusário e análise visual de grãos, ambas

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

por meio de escala de notas, além da produtividade e massa de 100 grãos. Foram realizadas análises de variância e estimados parâmetros genéticos e fenotípicos. Foi detectada variabilidade genética entre as linhagens para os quatro caracteres. As altas estimativas de herdabilidade, superiores a 63%, e de ganho esperado com a seleção direta indicaram a possibilidade de obtenção de ganhos genéticos para cada caráter isoladamente (23,0% para reação à murcha de fusário, 12,3% para produtividade, 9,6% para massa de 100 grãos e 10,5% para aspecto visual de grãos). A seleção simultânea de 24 linhagens (21%) para os quatro caracteres apresentou ganhos de 12,9% para reação à murcha de fusário, 5,6% para produtividade, 3,4% para massa de 100 grãos e 6,1% para aspecto visual de grãos. Três linhagens se destacaram (CNFC 19126, CNFC 19205 e CNFC 19131), sendo superiores à BRS Notável para todos os caracteres. No terceiro estudo foi realizada a genotipagem de marcadores SNPs e SilicoDArT utilizando a tecnologia DArTseq na geração F₂ de uma população de mapeamento obtida do cruzamento entre as cultivares de origem mesoamericana BRS Notável (resistente), de grão carioca, e BRS Supremo (suscetível), com grãos pretos. Setenta e três progênies foram avaliadas para a reação a murcha de fusário, por meio de escala de notas, nos anos/gerações 2018/F_{2.4} e 2019/F_{2.5}, juntamente com os genitores e cinco testemunhas, em delineamento de blocos ao acaso, com três repetições. Foram realizadas análises de variância e estimados parâmetros genéticos e fenotípicos. Foi obtido um mapa genético com 463 marcadores, com comprimento total de 1598,6 cM e distância média entre marcas de 3,5 cM. A análise dos dados fenotípicos mostrou variabilidade entre as progênies e possibilidade de sucesso com a seleção, com altas estimativas de variância genética, herdabilidade (90,6%) e ganho esperado com a seleção (28,5%), com base na análise conjunta. Foram identificados três QTLs explicando entre 25,1 e 50,4% da variação fenotípica, todos no cromossomo 7, sendo um em cada um dos anos/gerações avaliados (FOP7.2^{NS}/ 2018 e FOP7.3^{NS}/ 2019) e outro com base na análise conjunta (FOP7.1^{NS}). Esses três QTLs apresentaram intersecção entre seus intervalos, com alta estabilidade nos diferentes anos/gerações. Portanto, a herança da reação na cultivar BRS Notável é quantitativa, com a presença de alguns genes de efeito maior. O efeito aditivo para o QTL FOP7.1^{NS} foi de -1,24, indicando aumento da resistência na presença do alelo do genitor BRS Notável. O marcador SNP “SNP_Chr07_28294499_M12143”, presente em todos os QTLs, explicou 44,8% da variação com base na análise conjunta. Este marcador é indicado para obtenção de sondas para posterior validação.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris*. Dialelo. Parâmetros genéticos. Seleção assistida por Marcadores Moleculares. *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*.

GENERAL ABSTRACT

CAVALHEIRO, S. B. Genotype selection and QTLs mapping for resistance to fusarium wilt in carioca bean. 2021. 108 f. Thesis (Doctorate in Genetics and Plant Breeding) – Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2021.

Fusarium wilt, caused by the soil fungus *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*, is a disease of great importance in the bean crop (*Phaseolus vulgaris* L.). Chemical control is not efficient and the use of resistant cultivars, within an integrated management strategy, is the most efficient way to control this disease. However, there is little information about the genetic control of the Fusarium wilt reaction and few carioca bean cultivars with satisfactory resistance level. Thus, three studies were carried out, with the objectives of: identifying parents and segregating populations of carioca beans with resistance to Fusarium wilt and other important characters; estimate genetic and phenotypic parameters and select carioca bean lines with resistance to fusarium wilt, high yield and mass of 100 grains and good visual appearance of grains; to study genetic control and identify molecular markers linked to QTLs that control the reaction to Fusarium wilt in the carioca bean cultivar BRS Notável. All evaluations were carried out in Santo Antônio de Goiás-GO, in the winter crop (sowing in May), in an area with high pathogen infestation, with central pivot irrigation. In the first study, 21 populations obtained from crosses in a complete diallel scheme between seven parents with grain carioca and some degree of resistance to Fusarium wilt were evaluated, together with two controls. Populations were evaluated in the F₃, F₄ and F₅ generations, in 2012, 2013 and 2014, in a randomized block design, with three replications. The reaction to Fusarium wilt was evaluated using a grading scale, in addition to yield and mass of 100 grains. There were significant differences between populations for all traits evaluated. Additive and non-additive effects were important for Fusarium wilt reaction, yield and 100 grain mass. Cultivar BRS Notável was the most promising parent to participate in new crosses, presenting estimates of general combining ability (*g_i*) different from zero, favoring the increase in resistance to fusarium wilt (-0.51), yield (87.90) and mass of 100 grains (0.23). The populations BRS Notável / CNFC 15872, BRS Ametista / BRS Notável, BRS Notável / BRSMG Talismã and BRS Ametista / BRSMG Talismã were the most promising for obtaining lines. In the second study, 114 lines obtained from BRS Notável / BRS Ametista and BRS Notável / CNFC 15872 populations, selected for their high resistance to Fusarium wilt, yield and mass of 100 grains, were evaluated. The 114 lines and seven controls were evaluated in experiments in triple lattice design 11 x 11, in the years 2015 and 2016, for reaction to Fusarium wilt and visual grain analysis, both using a grading scale, in addition to yield and 100 grain mass. Analysis of variance and genetic and phenotypic parameters were estimated. Genetic variability was detected among lines for the four characters. The high

estimates of heritability, above 63%, and of expected gain with direct selection indicated the possibility of obtaining genetic gains for each character alone (23.0% for fusarium wilt reaction, 12.3% for yield, 9.6% for mass of 100 grains and 10.5% for visual appearance of grains). The simultaneous selection of 24 lines (21%) for the four characters showed gains of 12.9% for reaction to Fusarium wilt, 5.6% for yield, 3.4% for mass of 100 grains and 6.1% for visual aspect of grain. Three lines stood out (CNFC 19126, CNFC 19205 and CNFC 19131), being superior to BRS Notável for all characters. In the third study, the genotyping of SNPs and SilicoDArT markers was carried out using the DArTseq technology in the F₂ generation of a mapping population obtained from the cross between the cultivars of Mesoamerican origin BRS Notável (resistant), of carioca grain, and BRS Supremo (susceptible), with black grains. Seventy-three progenies were evaluated for reaction to Fusarium wilt, by means of a grading scale, in the years/generations 2018/F_{2:4} and 2019/F_{2:5}, together with the parents and five controls, in a block design at the random, with three repetitions. Analysis of variance and genetic and phenotypic parameters were estimated. A genetic map with 463 markers was obtained, with a total length of 1598.6 cM and average distance between markers of 3.5 cM. The analysis of phenotypic data showed variability between progenies and possibility of success with selection, with high estimates of genetic variance, heritability (90.6%) and expected gain with selection (28.5%), based on the joint analysis. Three QTLs were identified explaining between 25.1 and 50.4% of the phenotypic variation, all on chromosome 7, one in each of the evaluated years/generations (FOP7.2^{NS}/ 2018 and FOP7.3^{NS}/ 2019) and another based on in the joint analysis (FOP7.1^{NS}). These three QTLs intersected between their intervals, with high stability in different years/generations. Therefore, the inheritance of the reaction in cultivar BRS Notável is quantitative, with the presence of some genes with greater effect. The additive effect for QTL FOP7.1^{NS} was -1.24, indicating increased resistance in the presence of the BRS Notável parent allele. The SNP marker “SNP_Chr07_28294499_M12143”, present in all QTLs, explained 44.8% of the variation based on the pooled analysis. This marker is indicated to obtain probes for further validation.

Keywords: *Phaseolus vulgaris*. Diallel. Genetic parameters. Selection assisted by Molecular Markers. *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*.

1 INTRODUÇÃO GERAL

O feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) é a leguminosa mais importante mundialmente, entre as consumidas diretamente na alimentação humana. No Brasil, o feijão é alimento base, sendo a principal fonte de proteína vegetal, principalmente para a população de renda mais baixa. São produzidas aproximadamente 2,6 milhões de toneladas anuais, com produtividade média de 1.433 kg ha⁻¹ (Embrapa Arroz e Feijão, 2020). Aproximadamente 70% do feijão produzido no Brasil é do tipo carioca (Souza et al., 2013). Embora a produtividade de feijão tenha aumentado nos últimos anos (30,9% em 10 anos), ainda está muito abaixo do potencial produtivo da cultura e um dos fatores que leva a essa diferença é a ocorrência de doenças.

Entre as doenças, a murcha de fusário, causada pelo fungo *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*, que é um patógeno de solo, apresenta grande importância. Esse patógeno apresenta esporos com estrutura de resistência, os clamidósporos, que permitem que o fungo permaneça viável no solo por longos períodos, mesmo na ausência do hospedeiro (Sampaio et al., 2020).

Os sintomas de murcha de fusário no campo ocorrem inicialmente em reboleiras de plantas cloróticas e posteriormente alastram-se em toda área de cultivo, chegando a perdas de produtividade de 80% (Singh e Schwartz, 2010; Pereira et al., 2008). A murcha de fusário ocorre no Brasil principalmente nos plantios na safra de inverno (semeadura entre abril e junho) na Região Central, nos quais o cultivo é realizado com irrigação via pivô central, com plantios sucessivos de feijão, proporcionando condições favoráveis ao desenvolvimento do patógeno (Xue et al., 2015), como alta umidade no solo e temperaturas amenas. O controle químico para essa doença não é eficiente, sendo a utilização de cultivares resistentes em um sistema de manejo integrado, o meio de controle mais indicado.

Para a obtenção de cultivares resistentes a essa doença é fundamental conhecer a variabilidade e o controle genético. Vários relatos indicaram a existência de variabilidade genética entre genótipos de feijão (Alves-Santos et al., 2002; Cross et al., 2000; Woo et al., 1996; Salgado et al., 1995; Salgado e Schwartz, 1993; Ribeiro e Hagedorn, 1979). Com relação ao controle genético, Ribeiro e Hagedorn (1979)

sugeriram controle monogênico, já outros relatos mais recentes indicam mais de um gene estão envolvidos na resistência (Torres, 2020; Batista et al., 2017; Cândida et al., 2009; Pereira et al., 2009; Brick et al., 2004). Entretanto, ainda existem poucas cultivares de feijão carioca com nível adequado de resistência à murcha de fusário, como a BRS Notável (Pereira et al., 2012) e a BRS FC402 (Melo et al., 2017).

Atualmente, existem pelo menos sete raças do patógeno descritas (Henrique et al., 2015). Entretanto, existe variação nos sistemas de definição de raças, como diferentes formas de avaliação e diferentes grupos de cultivares diferenciadoras (Henrique et al., 2015), o que dificulta o entendimento da variabilidade patogênica do patógeno (Cruz et al., 2018). Conseqüentemente, existem poucos estudos sobre a prevalência das raças nas principais regiões produtoras, o que dificulta o desenvolvimento de novas cultivares com ampla resistência.

Uma das formas de conhecer o controle genético é a aplicação de delineamentos genéticos, como os cruzamentos dialélicos, com a combinação entre os genitores, além de permitirem conhecer a ação gênica de vários genótipos para os caracteres de interesse, auxiliam na seleção dos melhores genitores e das populações segregantes mais promissoras (Cruz et al., 2012). Na cultura do feijão, esse tipo de delineamento tem sido utilizado em estudos de vários caracteres, tais como produtividade de grãos (Pereira et al., 2019), reação ao mofo-branco (Ferreira et al., 2018), reação ao crestamento bacteriano comum (Trindade et al., 2015), incluindo alguns trabalhos para a reação à murcha de fusário (Torres, 2020; Pereira et al., 2019; Batista et al., 2016).

Além da resistência a doenças é de interesse dos programas de melhoramento genético a obtenção de genótipos com alto potencial produtivo, grãos com tamanho dentro do padrão comercial (Pereira et al., 2019) e coloração e formato característicos (Ribeiro et al., 2019). A seleção simultânea para vários caracteres é imprescindível no processo de seleção de novas cultivares. Alguns trabalhos têm mostrado a efetividade desse procedimento (Ribeiro et al., 2019; Alvares et al., 2016; Maziero et al., 2015) incluindo à reação à murcha de fusário (Rocha et al., 2019).

Para auxiliar no melhoramento genético, os marcadores moleculares permitem identificar os genótipos que apresentam alelos que contribuem para um determinado fenótipo. A integração de informações genótípicas e fenotípicas permitem a identificação de regiões cromossômicas associadas a genes com importância agrônômica, por meio do mapeamento de QTLs. O mapeamento de QTL é um método no qual marcadores

moleculares são utilizados para localizar regiões do genoma que estão relacionados ao controle dos caracteres de interesse.

Os marcadores de DNA ligados a estes genes podem ser usados como ferramenta na seleção assistida por marcador molecular (SAM) (Silva et al., 2018; Collard et al., 2005). Assim, a identificação e validação de marcadores de DNA ligados à genes de resistência pode permitir a seleção precoce de genótipos, seleção para múltiplos fenótipos favoráveis em uma só geração, além da piramidação de alelos de resistência à uma mesma doença (Vieira et al., 2018).

Existem poucos relatos sobre a identificação de marcadores ligados à reação à murcha de fusário. Fall et al. (2001) encontraram um QTL no cromossomo 10, explicando 63,5% da variação fenotípica em uma população obtida a partir dos genitores Belneb RR-1 (suscetível) e A55 (resistente, grãos pretos). Entretanto, não foram encontrados relatos de validação desse marcador, para uso em seleção assistida. Valdo (2017) identificou 104 QTLs nos cromossomos 1, 2, 5, 6, 7, 8, 9, 10 e 11, na população obtida de Ouro Branco (resistente) e CNFP 10132 (suscetível, grãos pretos). O marcador identificado no cromossomo 8, foi o que mais explicou da variação fenotípica nas duas avaliações realizadas em condições controladas de 21,5% e 20,2%, e de 10,3% em campo, na safra de inverno.

Recentemente, Torres (2020) mapeou quatro QTLs nos cromossomos 1, 2, 3 e 4, que explicaram isoladamente 5,8, 6,3, 8,2 e 40,5% da variação, totalizando 60,8%. Analisada em uma população obtida a partir das cultivares de feijão BRS FP403 (resistente, com grãos pretos) e BRS Horizonte (suscetível, com grão carioca), avaliadas em campo sob irrigação com pivô central, na safra de inverno. Os marcadores identificados estão em processo de validação para utilização nas rotinas da seleção assistida. A complexidade do controle genético desta doença, deixa claro a necessidade de mais estudos do controle genético da murcha de fusário.

Esta tese está estruturada em três trabalhos e tem como objetivos: identificar genitores e populações segregantes com bom grau de resistência à murcha de fusário, boa produtividade de grãos e massa de 100 grãos, por meio da estimação dos efeitos de capacidade geral e específica de combinação; estimar parâmetros genéticos, fenotípicos e ambientais e selecionar linhagens com bom grau de resistência à murcha de fusário, alta produtividade de grãos, maior massa de 100 grãos e bom aspecto visual de grãos; estudar a herança e mapear QTLs relacionados à resistência à murcha de fusário.

2 SELEÇÃO DE GENITORES E DE POPULAÇÕES SEGREGANTES DE FEIJÃO CARIOCA RESISTENTES À MURCHA DE FUSÁRIO

RESUMO

A murcha de fusário (*Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*) é uma das doenças mais importantes para a cultura do feijão e a alternativa mais viável para o seu controle é a utilização de cultivares resistentes. Para a obtenção de genótipos com maior grau de resistência, sete genitores com diferentes níveis de resistência à murcha de fusário e grãos do tipo carioca foram inter cruzados em esquema de dialelo completo. As 21 populações obtidas foram avaliadas nas gerações F₃, F₄ e F₅, em experimentos em Santo Antônio de Goiás - GO, nos anos de 2012, 2013 e 2014, respectivamente, na época do inverno (semeadura em maio), juntamente com as testemunhas BRS Notável (resistente) e BRS Cometa (suscetível), em área com solo infestado com *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*, sob irrigação com pivô central. Foram avaliadas a reação à murcha de fusário, produtividade e massa de 100 grãos. Houve variabilidade genética para os três caracteres. Os efeitos aditivos e não aditivos contribuíram para reação à murcha de fusário, produtividade e massa de 100 grãos. As estimativas da capacidade geral de combinação (\hat{g}_i) negativa e diferente de zero para BRS Notável ($\hat{g}_i=-0,51$), CNFC 15872 ($\hat{g}_i=-0,20$), IPR Juriti ($\hat{g}_i=-0,18$) e BRSMG Talismã ($\hat{g}_i=-0,13$), indicaram que estes genitores contribuíram na obtenção de populações mais resistentes à murcha de fusário (menor média). A capacidade geral de combinação positiva e diferente de zero para as cultivares BRS Notável ($\hat{g}_i=87,90$) e BRS Requite ($\hat{g}_i=72,01$) para produtividade de grãos, e IPR Juriti ($\hat{g}_i=0,99$), Pérola ($\hat{g}_i=0,39$) e BRS Notável ($\hat{g}_i=0,23$), para massa de 100 grãos, é indicativo que estes genitores contribuíram na obtenção de populações mais produtivas e com maior tamanho de grãos. A cultivar BRS Notável foi o genitor mais promissor para participar de novos blocos de cruzamentos, apresentando capacidade geral de combinação diferente de zero para todos os caracteres e favorecendo o incremento da resistência à murcha de fusário, produtividade e massa de 100 grãos. As populações BRS Notável / CNFC 15872, BRS Ametista / BRS Notável, BRS Notável / BRSMG Talismã e BRS Ametista / BRSMG Talismã, apresentaram boas médias para reação à murcha de fusário, produtividade e massa de 100 grãos, com pelo menos um genitor com boa estimativa da capacidade geral de combinação. Estas populações são promissoras na obtenção de linhagens superiores para resistência à murcha de fusário, produtividade e maior tamanho de grãos.

Palavras-chave: *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*; *Phaseolus vulgaris*; Dialelo completo.

2 SELECTION OF PARENTS AND SEGREGATING POPULATIONS OF CARIOCA BEAN RESISTANT TO FUSARIUM WILT

ABSTRACT

Fusarium wilt (*Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*) is one of the most important diseases for the bean crop and the most viable alternative for its control is the use of resistant cultivars. To obtain genotypes with a higher degree of resistance, seven parents with different levels of resistance to Fusarium wilt and carioca-type grains were intercrossed in a complete diallel scheme. The 21 populations obtained were evaluated in the F₃, F₄ and F₅ generations, in experiments in Santo Antônio de Goiás - GO, in 2012, 2013 and 2014, respectively, in the winter season (sowing in May), together with the controls BRS Notável (resistant) and BRS Cometa (susceptible), in an area with soil infested with *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*, under center pivot irrigation. The reaction to Fusarium wilt, yield and mass of 100 grains were evaluated. There was genetic variability for the three characters. Additive and non-additive effects contributed to Fusarium wilt reaction, yield and 100 grain mass. Estimates of general combining ability (\hat{g}_i) negative and non-zero for BRS Notável ($\hat{g}_i=-0.51$), CNFC 15872 ($\hat{g}_i=-0.20$), IPR Juriti ($\hat{g}_i=-0.18$) and BRSMG Talismã ($\hat{g}_i=-0.13$), indicated that these parents contributed to obtaining populations more resistant to Fusarium wilt (smallest mean). The general positive and non-zero combining ability for cultivars BRS Notável ($\hat{g}_i=87.90$) and BRS Requite ($\hat{g}_i=72.01$) for yield, and IPR Juriti ($\hat{g}_i=0.99$), Pérola ($\hat{g}_i=0.39$) and BRS Notável ($\hat{g}_i=0.23$), for a mass of 100 grains, indicates that these parents contributed to obtaining more productive populations with larger grain sizes. The cultivar BRS Notável was the most promising parent to participate in new blocks of crossings, showing a general combining ability different from zero for all traits and favoring the increase of resistance to fusarium wilt, yield and mass of 100 grains. The populations BRS Notável / CNFC 15872, BRS Ametista / BRS Notável, BRS Notável / BRSMG Talismã and BRS Ametista / BRSMG Talismã, presented good averages for reaction to fusarium wilt, yield and mass of 100 grains, with at least one parent with good estimation of overall combining ability. These populations are promising in obtaining superior lines for resistance to Fusarium wilt, yield and larger grain size.

Keywords: *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*; *Phaseolus vulgaris*; Complete diallel.

2.1 INTRODUÇÃO

O feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) é a principal leguminosa consumida no Brasil, de forma direta, sendo fonte primária de proteínas na dieta do ser humano (Broughton et al., 2003). A produção nacional de feijão no Brasil está em torno de 2,6 milhões de toneladas anuais (Embrapa Arroz e Feijão, 2020), distribuída em três diferentes épocas de plantio. Os grãos do tipo carioca representam cerca de 70% da produção nacional (Souza et al., 2013). No entanto, a ocorrência de doenças é um dos fatores que afetam o potencial produtivo da cultura. A murcha de fusário, causada pelo fungo de solo *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*, tem causado danos econômicos expressivos na cultura do feijão, podendo chegar a perdas de produtividade, em mais de 80% (Pereira et al., 2008; Singh e Schwartz, 2010).

A murcha de fusário ocorre no Brasil principalmente nos plantios na safra de inverno (semeadura entre abril e junho) na Região Central, nos quais o cultivo é realizado com irrigação via pivô central, com plantios sucessivos de feijão e condições climáticas favoráveis ao desenvolvimento do patógeno (Xue et al., 2015; Batista et al., 2017). Para o controle dessa doença o uso de fungicidas não tem sido eficiente, especialmente por este patógeno ter como habitat o solo e possuir estruturas de resistência que persistem por longos períodos no solo (Yadeta e Thomma, 2013; Leitão et al., 2020) e, por isso, a utilização de resistência genética é indicada como uma forma efetiva de controle.

Um dos fatores importantes para se obter genótipos mais resistentes é a existência de variabilidade genética para a reação à essa doença, que é evidenciada em vários trabalhos (Pereira et al., 2011, 2016, 2019, 2020; Batista et al., 2016). Entretanto, ainda hoje, a maioria das cultivares de grão carioca disponíveis é suscetível, especialmente as mais eretas e com grãos mais claros. Por isso, é necessário desenvolver novas cultivares com resistência à murcha de fusário. Além da resistência à murcha de fusário, outros caracteres são importantes para que uma cultivar de feijão seja amplamente utilizada pelos produtores, como o alto potencial produtivo e a presença de grãos com tamanho dentro do padrão comercial (Pereira et al., 2019).

O controle genético da reação à murcha de fusário ainda não é claramente descrito. Há relatos de que a resistência é monogênica (Ribeiro e Hagedorn, 1979). No entanto, também foram relatados mais de um gene (Brick et al., 2004; Pereira et al., 2009;

Cândida et al., 2009; Batista et al., 2017), e controle poligênico (Salgado et al., 1995; Cross et al., 2000; Fall et al., 2001).

Um dos procedimentos utilizados para selecionar genitores e populações segregantes promissoras, além de estudar o controle genético dos caracteres, é a utilização de cruzamentos dialélicos (Cruz et al., 2012). Na cultura do feijão, esse tipo de delineamento tem sido utilizado para vários caracteres, tais como produtividade de grãos (Pereira et al., 2019), precocidade (Vale et al., 2015), reação ao mofo-branco (Ferreira et al., 2018), reação ao crestamento bacteriano comum (Trindade et al., 2015), tolerância à seca (Gonçalves et al., 2015) e concentração de ferro e zinco nos grãos (Di Prado et al., 2019). Alguns trabalhos já foram realizados também para a reação à murcha de fusário (Pereira et al., 2011; Batista et al., 2016; Pereira et al., 2019; Torres, 2020).

Outra questão importante é que a maioria dos estudos de avaliação de linhagens e/ou de populações segregantes para essa doença têm sido realizados em condições controladas, com inoculação (Pereira et al., 2008; Cândida et al., 2009). Para a inoculação do fungo *F. oxysporum* f. sp. *phaseoli*, é importante que as raças estejam bem definidas. Na literatura são descritas pelo menos sete raças (Ribeiro e Hagedorn, 1979; Salgado e Schwartz, 1993; Salgado et al., 1995; Woo et al., 1996; Cross et al., 2000; Alves-Santos et al., 2002). No entanto, há variação nos sistemas que auxiliam na definição das raças, as séries de cultivares diferenciadoras propostas na literatura apresentam diferentes cultivares, e por não expressarem claramente o fenótipo de resistência ou suscetibilidade, alguns isolados não se enquadram nessas séries diferenciadoras demonstrando que o conjunto de cultivares diferenciadoras ainda são insuficientes para a classificação da variabilidade do patógeno (Ribeiro e Hagedorn, 1979; Pastor-Corrales e Abawi, 1987; Salgado e Schwartz, 1993; Woo et al., 1996; Alves-Santos et al., 2002; Henrique et al., 2015). Haja vista que a correta identificação da variabilidade genética facilita os estudos e inserção de resistência genética nas futuras cultivares, é importante a avaliação em condições normais de cultivo. Entretanto, os estudos realizados em campo são raros, o que é indispensável para a confirmação da resistência (Pereira et al., 2016; 2019).

O objetivo deste trabalho foi estudar o controle genético da reação à murcha de fusário e identificar genitores e populações segregantes de feijão com grãos tipo carioca que apresentem resistência à murcha de fusário, maior produtividade e massa de 100 grãos, com avaliações em campo infestado com o patógeno.

2.2 MATERIAL E MÉTODOS

Foram realizados cruzamentos em esquema de dialelo completo sem os recíprocos entre sete linhagens de feijão com grãos do tipo carioca e que apresentam algum nível de resistência à murcha de fusário, identificadas previamente: BRS Ametista (PR9115957 / LR720982CP), BRS Notável (A769 /5/ A774 /4/ A429 / XAN252 // V8025 / G4449 /// WAF2 / A55 // GN31 / XAN170), BRS Requite (Carioca MG // POT94 / AN910523), BRSMG Talismã (BAT477 / IAPAR14 / FT84-29 / Jalo EEP558 / A252 / A77 / Ojo de Liebre / ESAL645 / Pintado / Carioca / P85 / P103 / H4 / AN910522 / ESAL624 / Carioca MG), CNFC 15872 (São José / Goytacazes), IPR Juriti (Carioca 99 selections / Great Northern Nebraska 1 Selection # 27 // BAT93 // Aroana selections // A176 / A259 // II – 133 / XAN87) e Pérola (Seleção na cultivar Aporé) (Moda-Cirino et al., 2003; Abreu et al., 2004; Faria et al., 2004; Gonçalves-Vidigal et al., 2008; Melo et al., 2012; Pereira et al., 2012, 2016, 2018, 2020). Os cruzamentos foram realizados em casa de vegetação, em Santo Antônio de Goiás-GO, no ano de 2010. As sementes F₁ foram semeadas também em casa de vegetação para obtenção de sementes F₂, que por sua vez, foram semeadas em campo na safra de inverno/2011 (semeadura em maio), para multiplicação.

As 21 populações segregantes foram avaliadas nos anos de 2012, 2013 e 2014, nas gerações F₃, F₄ e F₅, respectivamente, com duas testemunhas, BRS Notável (resistente) e BRS Cometa (suscetível) (Pereira et al., 2016, 2018). Assim, o efeito de anos está confundido com o de gerações. Os ensaios foram conduzidos em delineamento de blocos ao acaso, com três repetições, na safra de inverno (semeadura em maio) com irrigação via pivô central, em Santo Antônio de Goiás. A área onde foram implantados os experimentos é rotineiramente utilizada para avaliação da reação de linhagens de feijão à murcha de fusário por ser altamente infestada pelo patógeno (Pereira et al. 2016, 2018, 2019, Torres, 2020). As parcelas foram compostas por duas linhas de 4 m de comprimento em 2012 e 2013 e por quatro linhas de 4 m em 2014. A densidade de semeadura foi de 12 sementes por metro, com espaçamento de 0,45 m entre fileiras. A adubação e os demais tratamentos culturais foram realizados de acordo com as recomendações para a cultura (Barbosa e Gonzaga, 2012).

Os caracteres avaliados foram a reação à murcha de fusário, produtividade de grãos e massa de 100 grãos. Para avaliar a reação à murcha de fusário, utilizou-se uma escala de notas variando de 1 (resistente, sem sintomas) a 9 (plantas mortas) (Melo, 2009). A avaliação foi realizada por dois avaliadores, na fase fenológica R8 (enchimento de grãos). A massa de 100 grãos (g) foi determinada a partir da pesagem de uma amostra aleatória de 100 grãos obtida de cada parcela. A produtividade de grãos foi obtida a partir do peso dos grãos colhidos em duas linhas da parcela, seguido da transformação para kg ha⁻¹.

Foram realizadas análises de variância individuais e conjuntas para cada caráter, considerando os efeitos de genótipos e anos/geração como fixos. Para realizar a análise conjunta dos experimentos foi verificada a homogeneidade das variâncias, observando-se a relação entre o maior e o menor quadrado médio do resíduo (Pimentel-Gomes, 2009). Também foi estimada a acurácia seletiva (AS) para auxiliar na avaliação da qualidade experimental (Resende e Duarte, 2007).

Foram realizadas análises dialélicas pelo método 4 de Griffing (1956) e estimados os efeitos da capacidade geral de combinação dos genitores (g_i) e da capacidade específica de combinação (s_{ij}) das populações para todos os caracteres avaliados. Os desvios (σ) associados a estas estimativas foram obtidos por meio da raiz quadrada das variâncias dos efeitos multiplicada pela variância do erro (Cruz et al., 2012) e do contraste do efeito da capacidade geral de combinação ($\hat{g}_i - \hat{g}_j$) e da capacidade específica de combinação ($\hat{s}_{ij} - \hat{s}_{ik}$, $\hat{s}_{ij} - \hat{s}_{kl}$), também multiplicada pela variância do erro.

A contribuição relativa dos efeitos aditivos e não aditivos foi analisada pelo coeficiente de determinação ($R^2\%$), estimado pela soma de quadrados da capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC), respectivamente, em relação à soma de quadrado das populações (Di Prado et al., 2019; Ferreira et al., 2018). As médias foram comparadas pelo teste de agrupamento de Scott-Knott ($p \leq 0,05$). As análises estatísticas foram realizadas com o auxílio do programa Genes (Cruz, 2013).

2.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

As estimativas do coeficiente de variação variaram de 11,2 a 16,7% (Apêndice B) para produtividade de grãos e de 4,1 a 6,4% para massa de 100 grãos (Apêndice C), com valores próximos aos obtidos por Pereira et al. (2019), indicando boa precisão

experimental, que foi confirmada pelas altas estimativas de acurácia seletiva (Cargnelutti Filho et al., 2009), superiores a 0,72 e consideradas altas ou muito altas (Resende e Duarte, 2007).

Já para a reação à murcha de fusário, as estimativas do coeficiente de variação foram superiores, variando de 17,6 a 26,6% (Apêndice A). Esses valores são semelhantes ao encontrado por Pereira et al. (2016, 2019) e podem ser explicados pelo fato do *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli* ser um patógeno de solo, que não necessariamente tem distribuição uniforme no solo, e pelo fato da doença ter sido avaliada em campo. As estimativas de acurácia seletiva foram todas maiores que 0,79, indicando alta correlação entre os valores genotípicos e fenotípicos.

Observou-se diferença entre as populações para os três caracteres nas análises individuais (Apêndices A, B e C) e na análise conjunta (Tabela 2.1), indicando a presença de variabilidade genética. Houve diferença entre as médias dos anos/gerações avaliados, o que pode ser explicado pelas diferenças climáticas entre os anos. Pereira et al. (2019), ao avaliar 28 populações obtidas do cruzamento entre oito linhagens/cultivares de feijão com grãos pretos, com diferentes níveis de resistência à murcha de fusário, na safra de inverno nos anos/gerações de 2012/F₃, 2013/F₄ e 2014/F₅, também detectaram efeitos de anos/gerações. Também houve interação das populações com anos/gerações, o que pode ser explicado devido ao feijão ser uma das culturas mais sensíveis às variações ambientais. A incidência de doenças é uma das principais causas de interação entre genótipos e ambientes, influenciada por condições climáticas de cada ano (Azevedo et al., 2015).

Houve diferença para os efeitos de capacidade geral de combinação (CGC) dos genitores nos três caracteres, indicativo de que houve genitores que diferiram das demais (Tabela 2.1). Também houve diferenças para os efeitos de capacidade específica de combinação (CEC), mostrando que as linhagens/cultivares apresentaram graus de complementação genética umas com as outras (Vencovsky e Barriga, 1992). A significância de CGC e da CEC indicaram que há variabilidade para os locos com efeito aditivo e dominância na expressão dos três caracteres analisados.

Para a reação à murcha de fusário o coeficiente de determinação (R^2) para CGC foi superior em relação à CEC (Tabela 2.1). Ambos os efeitos, aditivos (57%) e não aditivos (43%) contribuíram para a obtenção de plantas resistentes. Pereira et al. (2019), também em condições de campo, encontraram similaridade entre os valores do coeficiente de determinação para CGC e a CEC para reação à murcha de fusário. A maior variação

explicada pelo efeito aditivo nas populações, indicou que os alelos transmitidos pelos genitores, permitiram o aumento da resistência à murcha de fusário. O efeito não aditivo no controle da resistência à murcha de fusário tem sido descrito na literatura, indicando sua contribuição devido a interação entre os alelos (Ribeiro e Hagedorn, 1979; Salgado et al., 1995; Cross et al., 2000; Brick et al., 2004; Pereira et al., 2009; Batista et al., 2017).

Quatro genitores apresentaram estimativas de capacidade geral de combinação (\hat{g}_i) negativas e diferentes de zero: BRS Notável, CNFC 15872, IPR Juriti e BRSMG Talismã (Tabela 2.2), o que indica que esses genótipos formam as populações mais resistentes. Essas linhagens/cultivares, foram originadas de diferentes cruzamentos, o que pode ser um indicativo de que os alelos de resistência destas cultivares sejam diferentes. Em cruzamentos envolvendo genitores com alto efeito de CGC, são esperadas populações com melhores médias, efeitos genéticos aditivos e alta frequência de alelos favoráveis para os caracteres em questão (Moura et al., 2018). BRS Notável apresentou o maior efeito ($\hat{g}_i = -0,51$), sendo superior à CNFC 15872 ($\hat{g}_i = -0,20$), IPR Juriti ($\hat{g}_i = -0,18$) e à BRSMG Talismã ($\hat{g}_i = -0,13$). Portanto, essa cultivar é a que mais contribuiu na formação de populações mais resistentes. Essa tendência foi observada em dois dos três ambientes avaliados, o que confirma a BRS Notável como sendo uma das cultivares de grão carioca com maior nível de resistência à murcha de fusário (Pereira et al., 2016).

Tabela 2.1. Resumo das análises de variância conjuntas para reação à murcha de fusário (notas de 1 a 9), produtividade de grãos (kg ha⁻¹) e massa de 100 grãos (g), avaliadas em populações segregantes nas gerações F₃, F₄ e F₅ de feijão com grãos tipo carioca, na safra de inverno/2012, inverno/2013 e inverno/2014, respectivamente.

Fonte de variação	GL ¹	Reação à murcha de fusário			Produtividade de grãos			Massa de 100 grãos		
		QM ²	P-valor	R ² % ³	QM	P-valor	R ² %	QM	P-valor	R ² %
Blocos/Anos	6	1,2	-	-	555854	-	-	3,6	-	-
Tratamentos	22	6,4	0,001	-	317447	0,001	-	10,6	0,001	-
Testemunhas (T)	1	72,0	0,001	-	2361689	0,001	-	1,9	0,263	-
Populações (P)	20	3,5	0,001	-	179637	0,001	-	9,9	0,001	-
CGC	6	6,6	0,001	57	178947	0,016	30	21,8	0,001	66
CEC	14	2,1	0,003	43	179933	0,001	70	4,8	0,001	34
T vs P	1	0,6	0,414	-	1029393	0,001	-	33,8	0,563	-
Anos/Gerações (A)	2	9,9	0,019	-	32053684	0,001	-	137,8	0,001	-
Tratamentos x A	44	1,7	0,001	-	97706	0,046	-	2,8	0,003	-
Testemunhas x A	2	2,0	0,096	-	80716	0,297	-	7,4	0,008	-
Populações x A	40	1,7	0,002	-	97299	0,053	-	2,5	0,012	-
CGC x A	12	0,8	0,505	-	56556	0,591	-	4,7	0,001	-
CEC x A	28	2,1	0,001	-	114760	0,020	-	1,6	0,375	-
(T vs P) x A	2	0,8	0,385	-	122829	0,159	-	3,2	0,118	-
Resíduo	132	0,8	-	-	65880	-	-	1,5	-	-
Média geral		4,3			1879			23,3		
CVe (%) ⁴		21,4			13,7			5,2		

¹GL: graus de liberdade; ²QM: quadrado médio; ³R²%; coeficiente de determinação; ⁴CVe: coeficiente de variação.

Tabela 2.2. Estimativas dos efeitos da capacidade geral de combinação (g_i) com base na análise conjunta, dos genitores para reação à murcha de fusário (notas de 1 a 9), produtividade (kg ha^{-1}) e massa de 100 grãos (g), avaliadas em populações segregantes de feijão com grãos carioca, nas gerações F₃, F₄ e F₅, nas safras de inverno/2012, inverno/2013 e inverno/2014, respectivamente.

Genitores	Reação à murcha de fusário	Produtividade de grãos	Massa de 100 grãos
BRS Notável	-0,51*	87,90*	0,23*
CNFC 15872	-0,20*	-95,32*	-0,41*
IPR Juriti	-0,18*	-34,68	0,99*
BRSMG Talismã	-0,13*	-14,06	-0,02
BRS Requite	0,09	72,01*	-1,24*
BRS Ametista	0,27*	5,03	0,06
Pérola	0,67*	-20,88	0,39*
$\hat{\sigma}_{(\hat{g}_i)}$ ¹	0,13	35,42	0,17
$\hat{\sigma}_{(\hat{g}_i - \hat{g}_j)}$ ²	0,19	54,11	0,26

¹ $\hat{\sigma}_{(\hat{g}_i)}$: desvio-padrão associado ao efeito \hat{g}_i do genitor; ² $\hat{\sigma}_{(\hat{g}_i - \hat{g}_j)}$: desvio-padrão associado ao contraste entre os genitores.

A cultivar Pérola é considerada pelos agricultores um padrão de tolerância às doenças radiculares em feijão, como a murcha de fusário e as podridões radiculares (*Fusarium solani* e *Rhizoctonia solani*), visto que a cultivar alcança boa produtividade mesmo com a ocorrência de sintomas dessas doenças. As cultivares Pérola e BRS Ametista contribuíram para a formação de populações menos resistentes (Tabela 2.2), entretanto, algumas das populações obtidas com esses genitores apresentaram boa produtividade e massa de 100 grãos.

Considerando os efeitos de capacidade específica de combinação (CEC) para reação à murcha de fusário (Tabela 2.3), quatro populações apresentaram estimativas negativas e diferentes de zero, indicando que os quatro cruzamentos foram melhores que o esperado com base na CGC dos genitores: Pérola / IPR Juriti ($\hat{s}_{ij} = -1,06$), BRSMG Talismã / BRS Requite ($\hat{s}_{ij} = -0,44$), BRS Ametista / BRSMG Talismã ($\hat{s}_{ij} = -0,39$) e BRS Notável / BRS Requite ($\hat{s}_{ij} = -0,28$).

Considerando as médias, a cultivar BRS Notável apresentou a menor média (2,44) (Tabela 2.3), confirmando sua alta resistência (Pereira et al., 2016). Já a cultivar BRS Cometa confirmou sua alta suscetibilidade (6,44) (Pereira et al., 2016, 2018). Isso confirma a ocorrência da doença em níveis satisfatórios para a seleção das melhores populações. Nenhuma população apresentou nota média de resistência similar à da BRS Notável, o que é esperado, visto que elas ainda estão segregando. Entretanto, nove populações mostraram nível de resistência satisfatório, ficando agrupadas no segundo grupo de médias. Entre essas, as populações BRS Notável / CNFC 15872 (3,44b), BRS Notável / IPR Juriti (3,56b) e IPR Juriti / CNFC 15872 (3,78b) apresentaram alta resistência e ambos os genitores com estimativas de g_i altas, negativas e diferentes de zero. As populações BRS Notável / BRS Requite (3,56b), Pérola / IPR Juriti (3,67b), BRSMG Talismã / BRS Requite (3,78b) e BRS Ametista / BRSMG Talismã (4,00b) também mostraram serem promissoras para resistência à murcha de fusário, pois além de alta resistência, apresentaram estimativas de s_{ij} negativas e diferentes de zero e foram oriundas de pelo menos um genitor com estimativa de g_i negativa e diferente de zero.

Tabela 2.3. Médias e estimativas dos efeitos de capacidade específica de combinação (\hat{s}_{ij}) das populações segregantes de feijão carioca, obtidas a partir das análises de variância conjuntas para reação à murcha de fusário (FOP, notas de 1 a 9), produtividade de grãos (PROD, kg ha⁻¹) e massa de 100 grãos (M100, g).

Tratamentos	FOP		\hat{s}_{ij}	PROD		\hat{s}_{ij}	M100		\hat{s}_{ij}
BRS Notável	2,44	a	-	2013	a	-	22,3	c	-
BRS Notável / CNFC 15872	3,44	b	-0,13	1868	b	-86,16*	24,2	b	-0,41*
BRS Notável / BRS Requite	3,56	b	-0,28*	2016	a	-44,29	22,1	c	-0,27
BRS Notável / IPR Juriti	3,56	b	0,01	2093	a	199,49*	22,3	c	-0,90*
Pérola / IPR Juriti	3,67	b	-1,06*	1770	b	-14,40	23,0	c	-0,42*
BRS Ametista / BRS Notável	3,78	b	-0,24	2200	a	206,13*	24,1	b	0,36*
BRSMG Talismã / BRS Requite	3,78	b	-0,44*	1954	a	-4,44	21,7	c	-0,41*
IPR Juriti / CNFC 15872	3,78	b	-0,10	1647	c	-123,93*	24,7	a	0,74*
BRS Notável / BRSMG Talismã	3,89	b	0,27*	1788	b	-186,44*	23,7	b	0,10
BRS Ametista / BRSMG Talismã	4,00	b	-0,39*	2081	a	189,42*	23,6	b	0,18
BRS Ametista / CNFC 15872	4,11	c	-0,24	1820	b	-50,62	24,3	b	-0,12
BRSMG Talismã / CNFC 15872	4,22	c	0,27*	1854	b	2,13	24,1	b	-0,22
BRS Requite / CNFC 15872	4,44	c	0,27*	2059	a	120,96*	22,6	c	-0,58*
BRS Ametista / BRS Requite	4,44	c	-0,17	1817	b	-161,09*	23,2	c	0,95*
BRSMG Talismã / IPR Juriti	4,44	c	0,52*	1804	b	12,44	23,1	c	0,16

BRS Ametista / IPR Juriti	4,56	c	0,23	1655	c	-155,42*	23,2	c	0,11
BRS Requite / IPR Juriti	4,56	c	0,41*	1959	a	81,82*	22,1	c	0,31
Pérola / BRSMG Talismã	4,56	c	-0,24	1853	b	-13,11	24,0	b	0,20
Pérola / CNFC 15872	4,67	c	-0,08	1983	a	137,62*	25,4	a	0,59*
BRS Notável / Pérola	4,78	c	0,36*	1879	b	-88,73*	25,1	a	1,12*
Pérola / BRS Requite	5,22	d	0,21	1959	a	7,04	22,5	c	0,00
BRS Ametista / Pérola	6,00	e	0,81*	1856	b	-28,42	22,4	c	-1,49*
BRS Cometa	6,44	e	-	1288	d	-	21,6	c	-
$\hat{\sigma}_{(s_{ij})}^1$			0,25			69,86			0,33
$\hat{\sigma}_{(s_{ij}-s_{ik})}^2$			0,39			187,45			0,51
$\hat{\sigma}_{(s_{ij}-s_{kl})}^2$			0,33			93,72			0,44

¹ $\hat{\sigma}_{(s_{ij})}$: desvio-padrão associado ao efeito da s_{ij} da população segregante; ² $\hat{\sigma}_{(s_{ij}-s_{ik})}$, ² $\hat{\sigma}_{(s_{ij}-s_{kl})}$: desvio-padrão associado ao contraste entre as populações segregantes; Médias seguidas da mesma letra não diferem estatisticamente entre si pelo teste de Skott-Knott a 5% de probabilidade.

Além de resistência às doenças, a produtividade e a massa de 100 grãos são de extrema importância para a produção e comercialização. Houve diferença entre anos/gerações para produtividade e massa de 100 grãos, indicando diferença entre as médias dos ambientes para estes caracteres. Também foi observada diferença entre as populações e presença da interação entre as populações e anos/gerações, para estes caracteres (Tabela 2.1). Torres (2020), ao trabalhar com populações de feijão com grãos pretos também identificou a interação das populações com anos/gerações para reação à murcha de fusário, produtividade e massa de 100 grãos, indicando diferença no comportamento das populações entre os ambientes avaliados. Já Pereira et al. (2019) observaram presença da interação das populações com anos/gerações para a produtividade e não observaram interação significativa para reação à murcha de fusário e massa de 100 grãos.

Para a produtividade de grãos, foi observada contribuição da CEC e da CGC (Tabela 2.1). Os efeitos não aditivos foram observados também por Machado et al. (2002) e Pereira et al. (2007). A variação de CGC pode ser explicada pelo fato de os genitores serem cultivares ou linhagens que já passaram por processo de seleção prévia para produtividade (Cruz et al., 2012), apresentando menor variabilidade de alelos entre os genitores.

As cultivares BRS Notável ($\hat{g}_i = 87,90$) e BRS Requite ($\hat{g}_i = 72,01$) apresentaram efeitos de CGC superiores, positivos e diferentes de zero para produtividade de grãos (Tabela 2.2), indicando que as populações formadas por esses genitores serão superiores. Os genótipos mais produtivos apresentaram médias entre 1954 e 2200 kg ha⁻¹

(Tabela 2.3) incluindo a cultivar BRS Notável (2013a) e nove populações. A menor média de produtividade foi a da cultivar BRS Cometa (1288d), que é suscetível à murcha de fusário, como comentado anteriormente.

Seis populações apresentaram estimativas de s_{ij} positivas e diferentes de zero para produtividade: BRS Ametista / BRS Notável ($\hat{s}_{ij} = 206,13$), BRS Notável / IPR Juriti ($\hat{s}_{ij} = 199,49$), BRS Ametista / BRSMG Talismã ($\hat{s}_{ij} = 189,42$), Pérola / CNFC 15872 ($\hat{s}_{ij} = 137,62$), BRS Requite / CNFC 15872 ($\hat{s}_{ij} = 120,96$) e BRS Requite / IPR Juriti ($\hat{s}_{ij} = 81,82$) (Tabela 2.3), indicando que os desvios da dominância favoreceram o aumento da produtividade de grãos. Assim, permite inferir que as diferenças entre as médias dos cruzamentos não são somente provocadas pelo comportamento do genitor.

Dentre as populações que apresentaram médias altas, BRS Ametista / BRS Notável (2200a), BRS Notável / IPR Juriti (2093a), BRS Requite / CNFC 15872 (2059a) e BRS Requite / IPR Juriti (1959a) apresentaram pelo menos um dos genitores com estimativas dos efeitos de CGC positivas e diferentes de zero, além de estimativas dos efeitos de CEC positivas e diferentes de zero para produtividade de grãos. Os parâmetros estimados sugerem que estas populações apresentaram superioridade para produtividade de grãos em relação às demais populações.

Para massa de 100 grãos, foi evidenciada pelo coeficiente de determinação (R^2) a maior contribuição de CGC em relação a CEC (Tabela 2.1). Segundo as estimativas dos efeitos de CGC, três genitores apresentaram estimativas de g_i positivas e diferentes de zero: IPR Juriti ($\hat{g}_i = 0,99$), Pérola ($\hat{g}_i = 0,39$) e BRS Notável ($\hat{g}_i = 0,23$) (Tabela 2.2), com superioridade da IPR Juriti em relação às demais. Portanto, essa cultivar é a que mais contribui com a frequência de alelos favoráveis ao aumento do tamanho de grãos nas populações por ela formadas. Esses genitores podem ser utilizados em cruzamentos visando o aumento de uma das características mais relevantes comercialmente, o tamanho de grãos (Ribeiro et al., 2019).

Houve a formação de três grupos de médias para a massa de 100 grãos (Tabela 2.3). As maiores médias foram para as populações Pérola / CNFC 15872 (25,4a), BRS Notável / Pérola (25,1a) e IPR Juriti / CNFC 15872 (24,7a). Essas três populações, além da média alta, apresentaram estimativas de s_{ij} com valores altos e diferentes de zero, e pelo menos um genitor com estimativa de g_i positiva e diferente de zero. Além dessas, outras sete populações formaram o segundo grupo de médias, composto por BRS Ametista / CNFC

15872 (24,3b), BRS Notável / CNFC 15872 (24,2b), BRS Ametista / BRS Notável (24,1b), BRSMG Talismã / CNFC 15872 (24,1b), Pérola / BRSMG Talismã (24,0b), BRS Notável / BRSMG Talismã (23,7b) e BRS Ametista / BRSMG Talismã (23,6b). Aproximadamente 48% das populações superaram a média da BRS Notável (22,3c) que se apresentou no grupo de menores médias e, por isso, são promissoras para obtenção de linhagens com massa de 100 grãos dentro do padrão comercial. Entre elas, a população BRS Ametista / BRS Notável, além de apresentar estimativa de s_{ij} positiva e diferente de zero, também apresentou um dos genitores com estimativa de g_i superior, positiva e diferente de zero.

Assim, cinco populações apresentaram estimativas de s_{ij} positivas e diferentes de zero: BRS Notável / Pérola ($\hat{s}_{ij} = 1,12$), BRS Ametista / BRS Requite ($\hat{s}_{ij} = 0,95$), IPR Juriti / CNFC 15872 ($\hat{s}_{ij} = 0,74$), Pérola / CNFC 15872 ($\hat{s}_{ij} = 0,59$) e BRS Ametista / BRS Notável ($\hat{s}_{ij} = 0,36$) (Tabela 2.3), indicando que suas combinações alélicas favoreceram o aumento do tamanho de grãos.

Considerando os três caracteres, em relação a BRS Notável, testemunha resistente, nenhuma população foi superior para reação à murcha de fusário. Já para produtividade de grãos, nove populações apresentaram médias semelhantes. Já para massa de 100 grãos, 10 populações superaram a média de BRS Notável. As populações BRS Notável / CNFC 15872 e BRS Notável / BRSMG Talismã apresentaram-se entre as mais resistentes à murcha de fusário, com boa produtividade e massa de 100 grãos. BRS Ametista / BRS Notável e BRS Ametista / BRSMG Talismã apresentaram-se entre as mais resistentes à murcha de fusário, mais produtivas e com boa massa de 100 grãos (Tabela 2.3). Estas quatro populações são promissoras para a obtenção de linhagens superiores para resistência à murcha de fusário, produtividade e maior tamanho de grãos, pois além de boas médias, apresentaram pelo menos um genitor com boa estimativa da capacidade geral de combinação para os caracteres.

2.4 CONCLUSÕES

Ambos os efeitos aditivo e não aditivo foram importantes no controle genético da reação à murcha de fusário, produtividade e massa de 100 grãos.

A cultivar BRS Notável é indicada como genitor para formar populações de feijão carioca que associem maior resistência à murcha de fusário, produtividade e massa de 100 grãos. Já a cultivar IPR Juriti é indicada para formar populações com maior resistência à murcha de fusário e massa de 100 grãos.

As populações BRS Notável / CNFC 15872, BRS Ametista / BRS Notável, BRS Notável / BRSMG Talismã e BRS Ametista / BRSMG Talismã são as mais promissoras para a obtenção de linhagens de feijão carioca com alta resistência à murcha de fusário, alta produtividade e maior massa de 100 grãos.

2.5 REFERÊNCIAS

- ABREU, A. F. B. *et al.* BRSMG Talismã: common bean cultivar with Carioca grain type. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 4, p. 372-374, 2004.
- ALVES-SANTOS, F. M. *et al.* Pathogenicity and race characterization of *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli* isolates from Spain and Greece. **Plant Pathology**, v. 51, n. 5, p. 605-611, 2002.
- AZEVEDO, C. V. G. *et al.* Adaptabilidade, estabilidade e resistência a patógenos em genótipos de feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 50, n. 10, p. 912-922, 2015.
- CARGNELUTTI FILHO A. *et al.* Medidas da precisão experimental em ensaios com genótipos de feijão e de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 44, p.1225–1231, 2009.
- BARBOSA, F. R.; GONZAGA, A. C. O. **Informações técnicas para o cultivo de feijoeiro-comum na Região Central-Brasileira: 2012-2014**. Embrapa Arroz e Feijão – Documentos. 2012. (Documentos, 272).
- BATISTA, R. O. *et al.* Resistance to Fusarium wilt in common bean. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 16, n. 3, p. 226-233, 2016.
- BATISTA, R. O. *et al.* Inheritance of resistance to fusarium wilt in common bean. **Euphytica**, v. 213, n. 7, p. 1-12, 2017.
- BRICK, M. A. *et al.* Resistance to multiple races of fusarium wilt in common bean. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, v. 47, p. 131-132, 2004.
- BROUGHTON, W. J. *et al.* Bean (*Phaseolus* spp.) -model food legumes. **Plant and soil**, v. 252, n. 1, p. 55-128, 2003.
- CÂNDIDA, D. V. *et al.* Controle genético da murcha do fusário (*Fusarium oxysporum*) em feijoeiro comum. **Tropical plant pathology**, v. 34, n. 6, p. 379-384, 2009.
- CROSS, H. *et al.* Inheritance of resistance to Fusarium wilt in two common bean races. **Crop Science**, v. 40, n. 4, p. 954-958, 2000.
- CRUZ, C. D. Genes - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 35, n. 3, p. 271-276, 2013.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 5. ed. Viçosa: UFV, 2012.
- DI PRADO, P. R. C. *et al.* 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, gmr18146, 2019.

EMBRAPA ARROZ E FEIJÃO. **Dados conjunturais da produção de feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) e caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp) no Brasil (1985 a 2019): área, produção e rendimento.** Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2020. Disponível em: <<http://www.cnpaf.embrapa.br/socioeconomia/index.htm>>. Acesso em: mar. 2021.

FALL, A. L. *et al.* Detection and mapping of a major locus for Fusarium wilt resistance in common bean. **Crop science**, v. 41, n. 5, p. 1494-1498, 2001.

FARIA, L. C. *et al.* BRS Requite: new common bean Carioca cultivar with delayed grain darkness. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, n. 4, p. 366-368, 2004.

FERREIRA, L. U. *et al.* Combining ability as a strategy to selecting common bean parents and populations resistant to white mold. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 18, n. 3, p. 276-283, 2018.

GONÇALVES, J. G. R. *et al.* Combining ability in common bean cultivars under drought stress. **Bragantia**, v. 74, n. 2, p. 149-155, 2015.

GONÇALVES-VIDIGAL, M. C. *et al.* Combining ability and heterosis in common bean cultivars. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 43, n. 9, p. 1143-1150, 2008.

GRIFFING, B. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. **Australian journal of biological sciences**, v. 9, n. 4, p. 463-493, 1956.

HENRIQUE, F. H. *et al.* Classification of physiological races of *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli* in common bean. **Bragantia**, n. 1, v. 74, p. 84-92, 2015.

LEITÃO, S. T. *et al.* Natural variation in Portuguese common bean germplasm reveals new sources of resistance against *fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli* and resistance-associated candidate genes. **Phytopathology**, v. 110, n. 3, p. 633-647, 2020.

MACHADO, C. F. *et al.* Choice of common bean parents based on combining ability estimates. **Genetics and Molecular Biology**, v. 25, n. 2, p. 179-183, 2002.

MELO, L. C. ed. **Procedimentos para condução de experimentos de Valor de Cultivo e Uso em feijoeiro comum.** Embrapa Arroz e Feijão - Documentos. 2009. (Documentos, 239).

MELO, L. C. *et al.* Common bean cultivar BRS Ametista with large Carioca grains and disease resistance. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 12, n. 4, p. 293-296, 2012.

MODA-CIRINO, V. *et al.* IPR Juriti: common bean cultivar. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 3, n. 4, p. 303-306, 2003.

MOURA, L. M. *et al.* Combining ability of common bean parents in different seasons,

locations and generations. **Euphytica**, v. 214, n. 10, p. 1-13, 2018.

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, D. G. *et al.* Selection of parents and segregating populations of black bean resistant to fusarium wilt with high yield and seed weight. **Genetics Molecular Research**, v. 18, n. 3, gmr18276, 2019.

PEREIRA, D. G. *et al.* Genetic potencial of fusarium wilt-resistant elite common bean lines assessed in multiple environments. **Genetics and Molecular Research**, v. 19, n. 2, p. gmr18617, 2020.

PEREIRA, H. S. *et al.* Genotype by environment interaction for disease resistance and other important agronomic traits supporting the indication of common bean cultivars. **Euphytica**, v. 214, n. 12, p. 1-11, 2018.

PEREIRA, H. S. *et al.* Resistance to fusarium wilt in common bean cultivars and lines in pre-commercial stage. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, v. 59, p. 103-104, 2016.

PEREIRA, M. J. Z.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, Â. 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, M. J. Z.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, Â. F. B. Estratégias para eficiência da seleção de feijoeiro quanto à resistência à murcha-de-fusário. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 43, n. 6, p. 721-728, 2008.

PEREIRA, M. J. Z.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, Â. F. B. Reação de linhagens de feijoeiro ao fungo *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli* em condições controladas. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 35, n. 5, p. 940-947, 2011.

PEREIRA H. S. *et al.* Informações fenotípicas e marcadores microssatélites de QTL na escolha de populações segregantes de feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 42, n. 5, p. 707-713, 2007.

PEREIRA, H. S. *et al.* BRS Notável: a medium-early-maturing, disease-resistant Carioca common bean cultivar with high yield potential. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 12, n. 3, p. 220-223, 2012.

PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de Estatística Experimental**. 2009. Piracicaba: FEALQ-USP.

RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precision and quality control in variety trials. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, n. 3, p. 182-194, 2007.

RIBEIRO, N. D. *et al.* Consumer preference and the technological, cooking and nutritional quality of carioca beans. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 40, n. 2, p. 651-664, 2019.

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

SALGADO, M. O.; SCHWARTZ, H. F.; BRICK, M. 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.

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

SINGH, S. P.; SCHWARTZ, H. F. Breeding common bean for resistance to diseases: a review. **Crop Science**, v. 50, n. 6, p. 2199–2223, 2010.

SOUZA, T. L. P. O. *et al.* **Cultivares de feijão comum da Embrapa e parceiros disponíveis para 2013**. Embrapa Arroz e Feijão - Comunicado Técnico. 2013. (Comunicado Técnico, 211). Disponível em: <<https://www.embrapa.br/busca-de-publicacoes/-/publicacao/953722/cultivares-de-feijao-comum-da-embrapa-e-parceiros-disponiveis-para-2013>>. Acesso em: jul. 2019.

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.

TRINDADE, R. S. *et al.* Combining ability for common bacterial blight resistance in snap and dry bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 37, n. 1, p. 37-43, 2015.

VALE, N. M. *et al.* Choice of parents for earliness and yield of carioca-type bean. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 50, n. 2, p. 141-148, 2015.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Revista Brasileira de Genética, 1992. 496p.

WOO, S. L. *et al.* Characterization of *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli* by pathogenic races, VCGs, RFLPs, and RAPD. **Phytopathology**, v. 86, p. 966-973, 1996.

XUE, R. *et al.* Differentially expressed genes in resistant and susceptible common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) genotypes in response to *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*. **PLoS One**, v. 10, n. 6, e0127698, 2015.

YADETA, K.; THOMMA, B. The xylem as battleground for plant hosts and vascular wilt pathogens. **Frontiers in Plant Science**, v. 4, p. 97, 2013.

APÊNDICE

Apêndice A. Resumo das análises de variância individuais para reação à murcha de fusário das populações segregantes de feijão com grãos tipo carioca, avaliadas na safra de inverno/2012 (F₃), inverno/2013 (F₄) e inverno/2014 (F₅).

Fonte de variação	Reação à murcha de fusário									
	F ₃ /2012				F ₄ /2013			F ₅ /2014		
	GL ¹	QM ²	P-valor	R ² % ³	QM	P-valor	R ² %	QM	P-valor	R ² %
Blocos	2	0,4	-	-	1,6	-	-	1,6	-	-
Tratamentos	22	2,8	0,003	-	4,3	0,001	-	2,7	0,001	-
Testemunhas (T)	1	16,7	0,001	-	42,7	0,001	-	16,7	0,001	-
Populações (P)	20	2,1	0,025	-	2,6	0,001	-	2,1	0,006	-
CGC	6	2,1	0,090	29	2,6	0,002	30	3,5	0,003	49
CEC	14	2,1	0,035	71	2,6	0,001	70	1,6	0,068	51
T vs P	1	1,6	0,223	-	0,3	0,479	-	0,3	0,579	-
Resíduo	44	1,0	-	-	0,6	-	-	0,9	-	-
Média geral		3,8			4,4			4,5		
CVe (%) ⁴		26,6			17,6			20,5		
AS ⁵		0,79			0,93			0,83		

¹GL: graus de liberdade; ²QM: quadrado médio; ³R²%: coeficiente de determinação; ⁴CVe: coeficiente de variação; ⁵AS: acurácia seletiva.

Apêndice B. Resumo das análises de variância individuais para produtividade de grãos das populações segregantes de feijão com grãos tipo carioca, avaliadas na safra de inverno/2012 (F₃), inverno/2013 (F₄) e inverno/2014 (F₅).

Fonte de variação	Produtividade de grãos									
	F ₃ /2012				F ₄ /2013			F ₅ /2014		
	GL ¹	QM ²	P-valor	R ² % ³	QM	P-valor	R ² %	QM	P-valor	R ² %
Blocos	2	546343	-	-	275689	-	-	845532	-	-
Tratamentos	22	233838	0,001	-	103642	0,010	-	175378	0,021	-
Testemunhas (T)	1	357216	0,025	-	1358504	0,001	-	807400	0,004	-
Populações (P)	20	212143	0,001	-	44371	0,506	-	117721	0,185	-
CGC	6	153436	0,051	22	66632	0,212	45	71992	0,544	18
CEC	14	237303	0,001	78	34830	0,698	55	137320	0,115	82
T vs P	1	544348	0,007	-	34210	0,390	-	696493	0,007	-
Resíduo	44	66723	-	-	45471	-	-	85445	-	-
Média geral		1745			1274			2617		
CVe (%) ⁴		14,8			16,7			11,2		
AS ⁵		0,85			0,75			0,72		

¹GL: graus de liberdade; ²QM: quadrado médio; ³R²%: coeficiente de determinação; ⁴CVe: coeficiente de variação; ⁵AS: acurácia seletiva.

Apêndice C. Resumo da análise de variância individual para massa de 100 grãos das populações segregantes de feijão com grãos tipo carioca, avaliadas na safra de inverno/2012 (F₃), inverno/2013 (F₄) e inverno/2014 (F₅).

Fonte de variação	Massa de 100 grãos									
	F ₃ /2012				F ₄ /2013			F ₅ /2014		
	GL ¹	QM ²	P-valor	R ² % ³	QM	P-valor	R ² %	QM	P-valor	R ² %
Blocos	2	1,8	-	-	3,2	-	-	5,6	-	-
Tratamentos	22	4,9	0,001	-	5,3	0,002	-	6,0	0,001	-
Testemunhas (T)	1	1,1	0,407	-	15,4	0,007	-	0,2	0,613	-
Populações (P)	20	4,9	0,001	-	4,9	0,004	-	5,1	0,001	-
CGC	6	8,4	0,001	52	10,9	0,001	66	12,0	0,001	70
CEC	14	3,4	0,031	48	2,4	0,277	34	2,2	0,015	30
T vs P	1	7,8	0,032	-	3,6	0,175	-	28,7	0,001	-
Resíduo	44	1,6	-	-	1,9	-	-	0,9	-	-
Média geral		24,5			21,7			23,7		
CVe (%) ⁴		5,2			6,4			4,1		
AS ⁵		0,82			0,80			0,92		

¹GL: graus de liberdade; ²QM: quadrado médio; ³R²%: coeficiente de determinação; ⁴CVe: coeficiente de variação; ⁵AS: Acurácia seletiva.

Apêndice D. Estimativas dos efeitos da capacidade geral de combinação (\hat{g}_i) dos genitores, obtidas a partir das análises de variância individuais, para reação à murcha de fusário (FOP, notas de 1 a 9), massa de 100 grãos (M100, g) e produtividade de grãos (PROD, kg ha⁻¹), avaliadas em populações segregantes de feijão com grãos carioca, nas gerações F₃, F₄ e F₅, nas safras de inverno/2012, inverno/2013 e inverno/2014, respectivamente.

Genitores	FOP			PROD			M100		
	F ₃	F ₄	F ₅	F ₃	F ₄	F ₅	F ₃	F ₄	F ₅
BRS Notável	-0,49	-0,71*	-0,33*	73,00*	54,71	135,99	-0,22	0,82*	0,11
CNFC 15872	-0,09	-0,05	-0,47*	-158,07*	-31,10	-96,81	0,27	-0,58*	-0,92*
IPR Juriti	-0,09	0,09	-0,53*	-66,73*	-42,90	5,59	0,92*	1,46*	0,60*
BRSMG	-0,22	-0,18	0,00	-57,53	17,37	-2,01	-0,41*	-0,20	0,55*
Talismã									
BRS Requite	0,11	-0,11	0,27*	108,40*	117,44	-9,81	-1,33*	-0,84*	-1,57*
BRS Ametista	0,05	0,49*	0,27*	107,27*	-64,36	-27,81	0,09	-0,70*	0,79*
Pérola	0,71	0,49*	0,80*	-6,33	-51,16	-5,14	0,69*	0,04	0,46*
$\hat{\sigma}_{(\hat{g}_i)}^1$	0,24	0,19	0,22	61,75	50,97	69,88	0,30	0,33	0,23
$\hat{\sigma}_{(\hat{g}_i - \hat{g}_j)}^2$	0,37	0,29	0,34	94,32	77,86	106,74	0,46	0,50	0,35

¹ $\hat{\sigma}_{(\hat{g}_i)}$: desvio-padrão associado ao efeito \hat{g}_i do genitor; ² $\hat{\sigma}_{(\hat{g}_i - \hat{g}_j)}$: desvio-padrão associado ao contraste entre os genitores.

Apêndice E. Médias e estimativas dos efeitos de capacidade específica de combinação ($\hat{\sigma}_{ij}$) das populações segregantes de feijão carioca, obtidas a partir das análises de variância individuais para reação à murcha de fusário (FOP, notas de 1 a 9).

Tratamentos	Reação à murcha de fusário								
	$F_3/2012$		$\hat{\sigma}_{ij}$	$F_4/2013$		$\hat{\sigma}_{ij}$	$F_5/2014$		$\hat{\sigma}_{ij}$
BRS Notável	2,67	a	-	2,00	a	-	2,67	a	-
BRS Notável / CNFC 15872	3,67	a	0,44	3,67	a	-0,13	3,00	a	-0,69
BRS Notável / BRS Requite	3,00	a	-0,42	3,00	a	-0,60*	4,67	b	0,18
BRS Notável / IPR Juriti	3,00	a	-0,22	3,67	a	0,00	4,00	a	0,24
Pérola / IPR Juriti	4,00	a	-0,42	3,33	a	-1,53*	3,67	a	-1,22
BRS Ametista / BRS Notável	3,33	a	-0,02	4,00	a	-0,20	4,00	a	-0,49
BRSMG Talismã / BRS Requite	4,33	b	0,64*	3,33	a	-0,80*	3,67	a	-1,16
IPR Juriti / CNFC 15872	4,67	b	1,04*	3,00	a	-1,47*	3,67	a	0,11
BRS Notável / BRSMG Talismã	3,00	a	-0,09	3,67	a	0,13	5,00	b	0,78
BRS Ametista / BRSMG Talismã	3,00	a	-0,62*	4,67	b	-0,07	4,33	a	-0,49
BRS Ametista / CNFC 15872	3,67	a	-0,09	5,00	b	0,00	3,67	a	-0,62
BRSMG Talismã / CNFC 15872	3,33	a	-0,16	4,67	b	0,33	4,67	b	0,64
BRS Requite / CNFC 15872	3,67	a	-0,16	5,00	b	0,60*	4,67	b	0,38
BRS Ametista / BRS Requite	4,00	a	0,04	4,00	a	-0,80*	5,33	b	0,24
BRSMG Talismã / IPR Juriti	4,67	b	1,18*	5,00	b	0,80*	3,67	a	-0,42
BRS Ametista / IPR Juriti	3,00	a	-0,76*	5,33	b	0,47*	5,33	b	0,98
BRS Requite / IPR Juriti	3,00	a	-0,82*	6,00	c	1,73*	4,67	b	0,31

Pérola / BRSMG Talismã	3,33	a	-0,96*	4,33	a	-0,40*	6,00	b	0,64
Pérola / CNFC 15872	3,33	a	-1,09*	5,67	c	0,67*	5,00	b	0,18
BRS Notável / Pérola	4,33	b	0,31	5,00	b	0,80*	5,00	b	-0,02
Pérola / BRS Requite	5,33	b	0,71*	4,67	b	-0,13	5,67	b	0,04
BRS Ametista / Pérola	6,00	b	1,44*	6,00	c	0,60*	6,00	b	0,38
BRS Cometa	6,00	b	-	7,33	d	-	6,00	b	-
$\hat{\sigma}_{(\hat{s}_{ij})}^1$			0,48			0,37			0,44
$\hat{\sigma}_{(\hat{s}_{ij}-\hat{s}_{ik})}^2$			0,75			0,57			0,68
$\hat{\sigma}_{(\hat{s}_{ij}-\hat{s}_{kl})}^2$			0,65			0,49			0,59

¹ $\hat{\sigma}_{(\hat{s}_{ij})}$: desvio-padrão associado ao efeito da s_{ij} da população segregante; ² $\hat{\sigma}_{(\hat{s}_{ij}-\hat{s}_{ik})}$, ² $\hat{\sigma}_{(\hat{s}_{ij}-\hat{s}_{kl})}$: desvio-padrão associado ao contraste entre as populações segregantes; Médias seguidas da mesma letra não diferem estatisticamente entre si pelo teste de Skott-Knott a 5% de probabilidade.

Apêndice F. Médias e estimativas dos efeitos de capacidade específica de combinação (\hat{s}_{ij}) das populações segregantes de feijão carioca, obtidas a partir das análises de variância individuais para produtividade de grãos (PROD, kg ha⁻¹).

Tratamentos	Produtividade de grãos								
	$F_3/2012$		\hat{s}_{ij}	$F_4/2013$		\hat{s}_{ij}	$F_5/2014$		\hat{s}_{ij}
BRS Notável	1702	a	-	1678	a	-	2659	a	-
BRS Notável / CNFC 15872	1730	a	-49,5	1215	a	-77,3	2658	a	-131,6
BRS Notável / BRS Requite	1788	a	-166,0*	1467	a	13,7	2794	a	19,4
BRS Notável / IPR Juriti	2079	a	391,5*	1411	a	106,5	2788	a	100,4
Pérola / IPR Juriti	1485	b	-123,5*	1333	a	134,7	2492	a	-54,4
BRS Ametista / BRS Notável	2167	a	213,8*	1370	a	98,5	3063	a	306,1
BRSMG Talismã / BRS Requite	1868	a	43,9	1516	a	100,0	2479	a	-157,2
IPR Juriti / CNFC 15872	1504	b	-43,8	1186	a	-21,2	2250	a	-306,8
BRS Notável / BRSMG Talismã	1463	b	-325,0*	1322	a	-31,3	2579	a	-203,0
BRS Ametista / BRSMG Talismã	2374	a	551,4*	1361	a	127,1	2508	a	-110,2
BRS Ametista / CNFC 15872	1801	a	-12,1	1243	a	69,4	2417	a	-209,2
BRSMG Talismã / CNFC 15872	1563	b	-85,6	1153	a	-102,0	2846	a	194,0
BRS Requite / CNFC 15872	1971	a	156,4*	1376	a	20,9	2830	a	185,5
BRS Ametista / BRS Requite	1538	b	-450,9*	1250	a	-84,3	2663	a	51,9
BRSMG Talismã / IPR Juriti	1381	b	-176,3*	1188	a	-78,8	2842	a	292,4
BRS Ametista / IPR Juriti	1426	b	-296,4*	1131	a	-54,7	2409	a	-115,1
BRS Requite / IPR Juriti	1972	a	248,4*	1281	a	-86,5	2625	a	83,6

Pérola / BRSMG Talismã	1701	a	-8,4	1232	a	-15,1	2625	a	-15,9
Pérola / CNFC 15872	1734	a	34,5	1297	a	110,2	2917	a	268,2
BRS Notável / Pérola	1775	a	-64,9	1174	a	-110,1	2688	a	-91,2
Pérola / BRS Requite	2043	a	168,0*	1383	a	36,2	2450	a	-183,1
BRS Ametista / Pérola	1868	a	-5,8	1009	a	-156,0	2692	a	76,6
BRS Cometa	1214	b	-	726	a	-	1925	a	-
<hr/>									
$\hat{\sigma}_{(\hat{s}_{ij})}^1$			121,8			100,5			137,8
$\hat{\sigma}_{(\hat{s}_{ij}-\hat{s}_{ik})}^2$			188,6			155,7			213,5
$\hat{\sigma}_{(\hat{s}_{ij}-\hat{s}_{kl})}^2$			163,4			134,9			184,9

¹ $\hat{\sigma}_{(\hat{s}_{ij})}$: desvio-padrão associado ao efeito da s_{ij} da população segregante; ² $\hat{\sigma}_{(\hat{s}_{ij}-\hat{s}_{ik})}$, ² $\hat{\sigma}_{(\hat{s}_{ij}-\hat{s}_{kl})}$: desvio-padrão associado ao contraste entre as populações segregantes; Médias seguidas da mesma letra não diferem estatisticamente entre si pelo teste de Skott-Knott a 5% de probabilidade.

Apêndice G. Médias e estimativas dos efeitos de capacidade específica de combinação (\hat{s}_{ij}) das populações segregantes de feijão carioca, obtidas a partir das análises de variância individuais para massa de 100 grãos (M100, g).

Tratamentos	Massa de 100 grãos								
	$F_3/2012$	\hat{s}_{ij}		$F_4/2013$	\hat{s}_{ij}		$F_5/2014$	\hat{s}_{ij}	
BRS Notável	22,9	b	-	22,6	a	-	21,4	b	-
BRS Notável / CNFC 15872	25,0	a	-0,26	23,4	a	-0,62	24,2	a	-0,36
BRS Notável / BRS Requite	22,5	b	-0,55	21,9	a	0,14	22,0	b	-0,39
BRS Notável / IPR Juriti	22,9	b	-1,67*	22,1	a	0,08	21,9	b	-1,11*
Pérola / IPR Juriti	25,2	a	-0,31	21,3	b	0,03	22,4	b	-0,96*
BRS Ametista / BRS Notável	24,4	b	-0,07	22,9	a	0,97	24,9	a	0,19
BRSMG Talismã / BRS Requite	22,3	b	-0,49	20,9	b	0,19	21,9	b	-0,93*
IPR Juriti / CNFC 15872	26,5	a	0,72*	23,1	a	0,41	24,6	a	1,10*
BRS Notável / BRSMG Talismã	24,4	b	0,44	21,0	b	-1,37	25,7	a	1,23*
BRS Ametista / BRSMG Talismã	24,7	a	0,46	21,2	b	0,35	24,9	a	-0,25
BRS Ametista / CNFC 15872	25,0	a	-0,61*	22,9	a	0,39	25,1	a	-0,14
BRSMG Talismã / CNFC 15872	24,8	a	-0,23	23,4	a	0,33	24,2	a	-0,77*
BRS Requite / CNFC 15872	24,0	b	-0,15	21,2	b	-1,17	22,5	b	-0,42
BRS Ametista / BRS Requite	24,5	b	1,14*	21,1	b	0,82	24,0	a	0,89*
BRSMG Talismã / IPR Juriti	24,8	a	0,35	21,1	b	0,13	23,5	a	-0,01
BRS Ametista / IPR Juriti	25,9	a	0,95*	19,9	b	-0,61	23,7	a	-0,02

BRS Requite / IPR Juriti	23,5	b	-0,03	20,3	b	-0,03	22,4	b	1,00*
Pérola / BRSMG Talismã	24,3	b	-0,53	22,0	a	0,38	25,6	a	0,74*
Pérola / CNFC 15872	26,7	a	0,53	23,9	a	0,66	25,5	a	0,59*
BRS Notável / Pérola	27,1	a	2,11*	23,4	a	0,80	24,9	a	0,45ns
Pérola / BRS Requite	24,0	b	0,08	21,0	b	0,05	22,6	b	-0,15
BRS Ametista / Pérola	23,5	b	-1,87*	19,2	b	-1,92	24,4	a	-0,67*
BRS Cometa	23,8	b	-	19,4	b	-	21,8	b	-
$\hat{\sigma}_{(\hat{s}_{ij})}^1$			0,60			0,65			0,45
$\hat{\sigma}_{(\hat{s}_{ij}-\hat{s}_{ik})}^2$			0,93			1,01			0,70
$\hat{\sigma}_{(\hat{s}_{ij}-\hat{s}_{kl})}^2$			0,80			0,87			0,61

¹ $\hat{\sigma}_{(\hat{s}_{ij})}$: desvio-padrão associado ao efeito da s_{ij} da população segregante; ² $\hat{\sigma}_{(\hat{s}_{ij}-\hat{s}_{ik})}$, ² $\hat{\sigma}_{(\hat{s}_{ij}-\hat{s}_{kl})}$: desvio-padrão associado ao contraste entre as populações segregantes; Médias seguidas da mesma letra não diferem estatisticamente entre si pelo teste de Skott-Knott a 5% de probabilidade.

3 ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS E SELEÇÃO DE LINHAGENS DE FEIJÃO CARIOCA COM RESISTÊNCIA À MURCHA DE FUSÁRIO

RESUMO

A murcha de fusário, é uma doença de difícil controle, causada por *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*, que tem como habitat o solo, e uma das estratégias mais eficientes de controle é o uso de cultivares resistentes. O objetivo do trabalho foi estimar parâmetros genéticos e fenotípicos e selecionar linhagens de feijão carioca resistentes à murcha de fusário, com alta produtividade e massa de 100 grãos e com grãos de bom aspecto visual (cor creme e estrias marrom-claras). Foram avaliadas 114 linhagens, oriundas de duas populações, juntamente com sete testemunhas, em experimentos em campo com alta infestação do patógeno, nas safras de inverno/2015 e inverno/2016, nas gerações F_{5:7} e F_{5:8}, respectivamente, ambas com semeadura em maio, em Santo Antônio de Goiás, GO, em campo com alta infestação do patógeno. Foram avaliadas a reação à murcha de fusário, produtividade e massa de 100 grãos e avaliação visual de grãos. Foram realizadas análises de variância individuais e conjuntas e estimados parâmetros genéticos e fenotípicos. Foi detectada variabilidade genética e alta herdabilidade (> 63 %) entre as linhagens para os quatro caracteres, o que evidencia alta variação de natureza genética. Os ganhos esperados com a seleção direta foram altos para os quatro caracteres, indicando o sucesso com a seleção: 23,0% para reação à murcha de fusário, 12,3% para produtividade de grãos, 9,6% para massa de 100 grãos e 10,5% para avaliação visual de grãos. A seleção simultânea para os quatro caracteres também mostrou altas estimativas de ganhos (12,9% para reação à murcha de fusário, 5,6% para produtividade, 3,4% para massa de 100 grãos e 6,1% para avaliação visual de grãos), e identificou 24 linhagens que reuniram fenótipos desejáveis para os quatro caracteres. Entre essas, CNFC19126, CNFC19205 e CNFC19131 foram as mais promissoras, pois mostraram melhor desempenho melhor do que a testemunha com maior nível de resistência, para todos os caracteres. A correlação genética entre a reação à murcha de fusário e produtividade de grãos foi alta e negativa (-0,58*). Não houve correlação forte entre os demais caracteres. Assim, ao selecionar para maior resistência genética, maior será a produtividade de grãos, na condição de ocorrência da doença.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L. Seleção simultânea.

3 ESTIMATION OF GENETIC PARAMETERS AND SELECTION OF CARIOCA BEAN LINES WITH RESISTANCE TO FUSARIUM WILT

ABSTRACT

Fusarium wilt is a difficult to control disease caused by *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*, which has the soil as its habitat and one of the most efficient control strategies is the use of resistant cultivars. The objective of this work was to estimate genetic and phenotypic parameters and to select carioca bean lines resistant to fusarium wilt, with high yield and mass of 100 grain and with good visual appearance (cream color and light brown streaks). A total of 114 lines, from two populations, together with seven controls, were evaluated in field experiments with high pathogen infestation, in the winter/2015 and winter/2016 crops, in the F_{5:7} and F_{5:8} generations, respectively, both with sowing in May, in Santo Antônio de Goiás, GO, in a field with high pathogen infestation. Reaction to Fusarium wilt, yield and mass of 100 grains and visual evaluation of grains were evaluated. Individual and joint analyzes of variance were performed and genetic and phenotypic parameters were estimated. Genetic variability and high heritability (> 63 %) were detected among strains for the four characters, which shows high genetic variation. The expected gains with direct selection were high for the four characters, indicating success with the selection: 23.0% for reaction to fusarium wilt, 12.3% for yield, 9.6% for mass of 100 grain and 10.5% for visual grain evaluation. Simultaneous selection for the four characters also showed high estimates of gains (12.9% for Fusarium wilt reaction, 5.6% for yield, 3.4% for 100 grain mass and 6.1% for visual evaluation of grains), and identified 24 lines that gathered desirable phenotypes for the four characters. Among these, CNFC19126, CNFC19205 and CNFC19131 were the most promising, as they showed better performance than the control with the highest resistance level, for all traits. The genetic correlation between Fusarium wilt reaction and grain yield was high and negative (-0.58*). There was no strong correlation between the other characters. Thus, when selecting for greater genetic resistance, the higher yield will be, depending on the occurrence of the disease.

Keywords: *Phaseolus vulgaris* L. Simultaneous selection.

3.1 INTRODUÇÃO

O feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) tem como uma das principais características os grãos com alta porcentagem de proteína (Broughton et al., 2003), o que o torna importante na alimentação humana em nível mundial e particularmente no Brasil. Entre os tipos de grãos de feijão mais consumidos no Brasil, o carioca ocupa cerca de 70% do mercado nacional (Pereira et al., 2012). Os ganhos genéticos obtidos pelo melhoramento genético para essa espécie refletem o aumento da produtividade média brasileira (Faria et al., 2013), que praticamente triplicou nos últimos 34 anos, de 514 kg ha⁻¹ em 1985, para 1.520 kg ha⁻¹ em 2019 (Embrapa Arroz e Feijão, 2020). Uma das contribuições do melhoramento para o aumento da produtividade foi a inserção de resistência às principais doenças que acometem a cultura, nas cultivares modernas. Entretanto, para algumas doenças, ainda não se tem um grande número de cultivares com bom nível de resistência, como no caso da murcha de fusário, principalmente em feijão carioca (Pereira et al., 2018, 2016).

A murcha de fusário, causada pelo fungo de solo *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli* tem ganhado importância por causar grandes perdas na cultura do feijão, podendo chegar até 80% (Pereira et al., 2008a), principalmente em áreas irrigadas e de plantios sucessivos de feijão (Batista et al., 2017). Esse sistema de produção é comum na região Central do Brasil, com cultivos altamente tecnificados, com irrigação via pivô central, na época de semeadura do inverno (maio a junho), que apresenta clima fresco e úmido, favorável a ocorrência da doença. O cultivo da época de inverno representa 23,5% da produção nacional de feijão (594,452 toneladas) (Embrapa Arroz e Feijão, 2020).

O controle dessa doença se torna difícil, haja vista que o patógeno tem como habitat o solo e não existem produtos químicos eficientes para seu controle. Assim, a resistência genética nas plantas é uma alternativa eficaz. A presença de variabilidade genética para a reação à murcha de fusário tem sido relatada em trabalhos (Rocha et al., 2019; Pereira et al., 2016, 2011) e indica a possibilidade da seleção de genótipos mais resistentes. Para aumentar a probabilidade de sucesso na seleção de genótipos de feijão, é importante conhecer os parâmetros genéticos, como a variância genética e a herdabilidade, principalmente em condições de campo, onde o processo de seleção para resistência à doença pode sofrer grande influência ambiental. Estimativas de herdabilidade para reação à murcha de fusário obtidas em campo são escassas na literatura. Torres (2020) identificou herdabilidade superior a

86,2%, ao avaliar linhagens de feijão preto em condições de campo infestado com *F. oxysporum* f. sp. *phaseoli*, entretanto, a maioria dos trabalhos foi realizada em condições controladas, com herdabilidades variando entre 34,0 e 97,0% (Pereira et al., 2011; 2009; Cândida et al., 2009).

Além da resistência às doenças, é de interesse dos programas de melhoramento genético a obtenção de genótipos com alto potencial produtivo, massa de grãos no padrão comercial (Pereira et al., 2019), coloração e formato característicos (Ribeiro et al., 2019a). A seleção simultânea para vários caracteres é imprescindível no processo de seleção de novas cultivares, pois essas devem apresentar superioridade para um conjunto de caracteres importantes agronomicamente, aumentando a chance de sua adoção pelos agricultores. Alguns trabalhos têm mostrado a efetividade desse procedimento (Ribeiro et al., 2019b; Alvares et al., 2016; Maziero et al., 2015) incluindo a reação à murcha de fusário (Rocha et al., 2019).

Os objetivos do presente trabalho foram: estimar parâmetros genéticos e fenotípicos e selecionar linhagens de feijão carioca com resistência à murcha de fusário, aliada à alta produtividade, bom aspecto visual e maior massa de 100 grãos; e estimar a correlação genética entre os caracteres, em condições de infestação natural em campo.

3.2 MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizadas duas populações segregantes para a obtenção de linhagens: BRS Notável / BRS Ametista e BRS Notável / CNFC 15872. Essas populações foram selecionadas dentre 21 populações com grão carioca avaliadas em dialelo nas gerações/anos F₃/2012, F₄/2013 e F₅/2014 em área infestada pelo patógeno, na época do inverno, em Santo Antônio de Goiás (GO), por apresentarem alta resistência à murcha de fusário, alta produtividade e massa de 100 grãos (Capítulo 2). Foram coletadas 57 plantas individuais de cada população na geração F₅, no ano de 2014, para obtenção de linhagens. As sementes colhidas foram utilizadas para multiplicação na safra das águas/2014 (semeadura em dezembro). Essa etapa e as posteriores também foram realizadas em Santo Antônio de Goiás, GO.

As 114 linhagens foram avaliadas na safra de inverno/2015 e inverno/2016, ambas com semeadura em maio, juntamente com sete testemunhas: BRS Ametista, BRS Notável, CNFC 15872, e Pérola, apresentam diferentes níveis de resistência; e BRS Sublime, BRS Cometa e BRS Estilo, que são suscetíveis à murcha de fusário (Pereira et al., 2018, 2016, 2012; Batista et al., 2016; Melo et al., 2012). Os ensaios foram conduzidos em

delineamento látice triplo 11 x 11, com irrigação via pivô central. A área onde foram realizados os experimentos é rotineiramente utilizada para avaliação da reação de linhagens/cultivares de feijão à murcha de fusário por ser altamente infestada pelo patógeno (Pereira et al., 2020, 2019, 2018, 2016). As parcelas foram formadas por duas linhas de 3 m de comprimento. A densidade de semeadura utilizada foi de 12 sementes por metro, com espaçamento de 0,45 m entre fileiras. A adubação e os demais tratamentos culturais foram realizados de acordo com as recomendações para a cultura (Barbosa e Gonzaga, 2012).

Os caracteres avaliados foram a reação à murcha de fusário, produtividade e massa de 100 grãos, nos dois anos, e aspecto visual de grãos, apenas em 2015. Para avaliar a reação à murcha de fusário, utilizou-se uma escala de notas variando de 1 (resistente, sem sintomas) a 9 (plantas mortas) (Melo, 2009). A produtividade de grãos foi obtida a partir do peso dos grãos colhidos de cada parcela, seguido da transformação para kg ha^{-1} . Para a massa de 100 grãos (g) foi realizada a pesagem de uma amostra aleatória de 100 grãos obtida de cada parcela. A avaliação visual de grãos foi avaliada após a colheita por meio de uma escala de notas variando de 1 a 5, adaptada da escala proposta por Faria et al. (2013), na qual a nota 1 refere-se ao típico grão carioca (cor creme com estrias marrom-claras, fundo claro, sem halo, com grãos não achatados) e a nota 5 a cor creme, com estrias marrom-escuras, fundo escuro, com halo amarelo e com grãos achatados. A reação à murcha de fusário foi avaliada por dois avaliadores, na fase fenológica R8 (enchimento de grãos) do feijão.

Foram realizadas análises de variância individuais, para os quatro caracteres, e conjuntas para reação à murcha de fusário, produtividade e massa de 100 grãos. O efeito de genótipos foi considerado aleatório e o efeito de ambientes fixo. Para realizar a análise conjunta dos experimentos foi verificada a homogeneidade das variâncias, por meio da relação entre o maior e o menor quadrado médio do resíduo (Pimentel-Gomes, 2009). A acurácia seletiva (AS) foi estimada para auxiliar na avaliação da qualidade experimental (Resende e Duarte, 2007).

Foram estimados parâmetros genéticos, como variância genética (σ_g^2), variância fenotípica (σ_f^2), herdabilidade em nível de médias (h^2), ganho esperado com a seleção direta e simultânea, e correlações genéticas entre os caracteres (r_g) (Ramalho et al., 1993). O ganho esperado foi obtido pelo diferencial de seleção e herdabilidade, para a seleção das melhores linhagens para cada caráter com a intensidade de seleção de 21%. Assim, foram selecionadas 24 linhagens superiores considerando as duas populações em conjunto, e 12 linhagens superiores dentro de cada população.

Para a seleção simultânea considerando todos os caracteres foi utilizado o índice multiplicativo Livre de Pesos e Livre de Parâmetros proposto por Elston (1963), em que um valor mínimo ou máximo é pré-estabelecido para as variáveis. Para reação à murcha de fusário, o ponto de corte estabelecido foi a média geral dos genótipos de cada experimento e da análise conjunta. Para a produtividade de grãos foi utilizado 92% da média geral, para massa de 100 grãos 94% e para a avaliação visual de grãos foi utilizado 106% sobre a média geral. Os coeficientes de correlação genética foram estimados utilizando-se as médias das linhagens para cada caráter, avaliadas pelo teste de bootstrap. As análises estatísticas foram realizadas com o auxílio do programa Genes (Cruz, 2013).

3.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

A eficiência do látice foi superior a 100% para todos os caracteres estudados (Tabela 3.1) indicando que o delineamento látice foi mais eficiente em relação ao uso de delineamento em blocos ao acaso (Silva et al., 2000). Para reação à murcha de fusário, as estimativas de coeficiente de variação variaram de 26,3 e 30,8%, sendo semelhantes às observadas por Pereira et al. (2019, 2016) e Borba et al. (2017). Essas estimativas podem ser explicadas pelo fato de *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli* ser um patógeno de solo, que não necessariamente tem distribuição uniforme no solo e pela avaliação da doença ter sido em campo, em condições de ocorrência natural. Estimativas semelhantes foram observadas em trabalhos com o uso da inoculação do patógeno em condições controladas (Cândida et al., 2009; Pereira et al., 2008a). A alta contribuição da variação genotípica na expressão do fenótipo, observada pelas altas estimativas de acurácia seletiva ($>0,79$) (Resende e Duarte, 2007), indicam alta correlação entre os valores genotípicos e fenotípicos.

Para produtividade de grãos (16,1 e 17,4%) (Apêndice A), massa de 100 grãos (5,6 e 7,3%) e avaliação visual de grãos (14,5%) (Tabela 3.1) foi observada boa precisão experimental, determinada pelo coeficiente de variação, em comparação às estimativas relatadas na literatura (Pereira et al., 2019, 2018; Ribeiro et al., 2018; Alvares et al., 2016). As estimativas de acurácia seletiva confirmaram que os valores genotípicos obtidos são informativos.

As análises de variância individuais e conjuntas indicaram a presença de variabilidade entre os genótipos para os quatro caracteres (Apêndice A; Tabela 3.1). Também houve diferença entre as linhagens dentro de cada população para todos os caracteres, indicando a possibilidade de seleção de linhagens superiores com maior grau de resistência

à murcha de fusário, produtividade e massa de 100 grãos, além de melhor aspecto visual dos grãos.

Houve efeito dos anos para os três caracteres (Tabela 3.1), o que pode ser confirmado pelas diferenças nas médias dos dois anos nas análises individuais (Apêndice A). A interação entre genótipos e ambientes foi significativa para a produtividade de grãos (Tabela 3.1), como frequentemente relatado (Pereira et al., 2018; Azevedo et al., 2015; Faria et al., 2013). Para a massa de 100 grãos também foi observado efeito da interação, que está de acordo com alguns autores (Ribeiro et al., 2018; Pereira et al., 2017; Alvares et al., 2016), entretanto, nem sempre a interação entre genótipos e ambientes para massa de 100 grãos é detectada (Di Prado et al., 2019; Dalla Corte et al., 2003). Para reação à murcha de fusário, a interação dos genótipos com ambientes não foi significativa, indicando que o desempenho das linhagens foi semelhante nos dois anos, de modo semelhante ao observado por Pereira et al. (2019), ao avaliarem populações segregantes de grão preto na mesma área experimental, nos anos de 2012 a 2014. A não detecção da interação é um indicativo de que a área utilizada apresenta uma ou poucas raças do patógeno, ou que existe uma raça prevalente ao longo do tempo. A correlação genética das linhagens entre os ambientes foi alta e positiva ($r_g = 0,91^{++}$), o que corrobora com essa hipótese.

Tabela 3.1 Resumos das análises de variância conjuntas para reação à murcha de fusário (notas de 1 a 9), produtividade de grãos (kg ha⁻¹) e massa de 100 grãos (g) e da análise individual para avaliação visual de grãos (notas de 1 a 5), avaliadas em linhagens de feijão carioca nas épocas de semeadura de inverno de 2015 e 2016.

Fonte de variação	Reação à murcha de fusário			Produtividade de grãos		Massa de 100 grãos		Avaliação visual de grãos	
	GL ³	QM ⁴	P-valor	QM	P-valor	QM	P-valor	QM	P-valor
Genótipos aj.	120	6,47	0,001	589266	0,001	18,7	0,001	0,68	0,001
Testemunhas (T)	6	15,82	0,001	1497692	0,001	17,3	0,001	1,08	0,001
Linhagens (L)	113	5,54	0,001	514992	0,001	18,8	0,001	0,65	0,001
População 1 (P1) ¹	56	3,15	0,001	435144	0,001	11,8	0,001	0,62	0,001
População 2 (P2) ²	56	8,04	0,001	593664	0,001	26,0	0,001	0,63	0,001
P1 vs P2	1	0,01	0,921	580874	0,044	2,6	0,283	3,96	0,001
T vs L	1	54,71	0,001	3531663	0,001	24,3	0,001	1,76	0,007
Ambientes (A)	1	169,70	0,001	4355734	0,001	4541,5	0,001	-	-
Genótipos x A	120	1,58	0,082	318933	0,001	3,3	0,003	-	-
T x A	6	0,75	0,745	258087	0,097	2,0	0,499	-	-
L x A	113	1,62	0,060	322262	0,001	3,4	0,002	-	-
P1 x A	56	1,42	0,310	250830	0,001	3,4	0,012	-	-
P2 x A	56	1,83	0,033	360134	0,001	2,8	0,115	-	-
(P1 vs P2) x A	1	1,60	0,267	2201670	0,001	36,7	0,001	-	-
(T vs L) x A	1	1,40	0,299	307773	0,143	0,0	0,906	-	-
Erro efetivo médio	420	1,30		142950		2,2		0,24	
Eficiência do látice		107,4		114,7		109,2		107,9	
Média Geral		4,0		2249,3		23,6		3,4	
CVe (%) ⁵		28,3		16,8		6,3		14,5	

¹BRS Notável / BRS Ametista; ²BRS Notável / CNFC 15872; ³GL: graus de liberdade; ⁴QM: quadrado médio; ⁵CVe (%): coeficiente de variação.

As médias das linhagens para reação à murcha de fusário variaram de 2,4 a 6,9, sendo que 22% das linhagens apresentaram maior resistência que a testemunha mais resistente (BRS Notável = 3,2) (Apêndice C), o que comprova o mérito das populações selecionadas. Todas as linhagens foram mais resistentes quando comparadas às testemunhas mais suscetíveis (BRS Estilo = 6,9 e BRS Cometa = 7,7). A variância genética estimada das linhagens confirmou a existência de diferenças genéticas (Tabela 3.2) e as estimativas de herdabilidade foram altas nos dois ambientes ($h^2 = 50,9$ e $65,5\%$) (Apêndice B) e na análise conjunta ($76,6\%$) (Tabela 3.2), o que evidencia alta variação de natureza genética, de modo semelhante ao relatado na literatura. Essas estimativas são inferiores à obtida por Torres (2020) ($86,2\%$), ao avaliar linhagens de feijão preto em condições de campo infestado com *F. oxysporum* f. sp. *phaseoli*. As estimativas obtidas no presente trabalho são semelhantes às encontradas em trabalhos realizados em condições controladas ($76,0$ a $97,0\%$) (Pereira et al., 2011, 2009; Cândida et al., 2009). As linhagens da população BRS Notável / CNFC 15872 apresentaram maiores estimativas de herdabilidade ($83,9$) e variância genética ($1,1$). As altas estimativas desses parâmetros genéticos indicam a possibilidade de obtenção de altos ganhos genéticos com a seleção.

O ganho esperado com a seleção direta permitiu o aumento da resistência à murcha de fusário em $23,0\%$ (Tabela 3.3). A média das linhagens selecionadas foi semelhante à da BRS Notável, padrão de resistência à murcha de fusário em feijão com grão carioca (Pereira et al., 2016), indicando o bom nível de resistência das linhagens. Entre as 24 linhagens selecionadas, 15 foram oriundas da população BRS Notável / CNFC 15872, o que era esperado, pelas maiores estimativas dos parâmetros genéticos nessa população (Tabela 3.2). Considerando a seleção de 12 linhagens dentro de cada população, o ganho foi de 15% na população BRS Notável / BRS Ametista e de $28,1\%$ para BRS Notável / CNFC 15872.

Para a produtividade de grãos, as médias das linhagens variaram de 1545 a 2889 kg ha^{-1} , com 19% das linhagens sendo superiores à testemunha BRS Ametista (Apêndice C), cultivar que apresentou a maior produtividade, além de moderada resistência à murcha de fusário. A existência da variabilidade genética para produtividade de grãos nas linhagens foi confirmada pela estimativa da variância genética diferente de zero e pela alta herdabilidade ($72,2\%$) (Tabela 3.2), superior ao que normalmente é relatado na literatura. A produtividade é controlada por muitos genes e é muito influenciada pelo ambiente (Pereira et al., 2008b), mas esta alta estimativa indica que as linhagens apresentaram baixa interação com o ambiente. O ganho esperado com a seleção direta foi de $12,3\%$ para produtividade de grãos. Ganhos superiores foram observados por Maziero et al. (2015) na seleção de linhagens com grãos preto

e carioca, e por Pereira et al. (2008b) na seleção de famílias, possivelmente pela maior intensidade de seleção utilizada (2,5% e 10%, respectivamente) e ambos avaliados na ausência da doença. O número de linhagens entre as 24 selecionadas foi semelhante para as duas populações (Tabela 3.3). Considerando a seleção direta em cada população, o ganho foi maior na população BRS Notável / CNFC 15872 (14,4%), o que pode ser explicado pela maior herdabilidade, visto que as médias foram semelhantes (Apêndice C; Tabela 3.2).

Em relação à massa de 100 grãos, a média geral foi de 24g (Tabela 3.1), dentro do padrão comercial, com variação de 19,6 a 28,2g entre as linhagens (Apêndice C). 28,9% das linhagens foram superiores à testemunha Pérola, cultivar com ótimo tamanho de grão (Apêndice C) e referência comercial para esse caráter (Pereira et al., 2012). A herdabilidade foi alta (88,1%) (Tabela 3.2), condizente com o relatado na literatura (Ribeiro et al., 2018; Alvares et al., 2016) e confirmando a possibilidade de obtenção de ganhos com a seleção. O ganho esperado com a seleção direta das 24 linhagens foi de 9,6% (Tabela 3.3). Dentre as 24 linhagens selecionadas, 17 foram da população BRS Notável / CNFC 15872, indicando maior potencial desta população para tamanho de grãos (Tabela 3.3). Considerando cada população, o maior ganho obtido também foi para essa mesma população (11,4%). A seleção das 24 linhagens resultou em uma média superior (25,9g) a da cultivar Pérola (24,5g), indicando grande potencial das linhagens para esse caráter.

Com relação ao aspecto visual dos grãos, as médias das linhagens variaram de 2,35 a 5,0 (Apêndice C). Haja vista que a herdabilidade foi alta (63,1%) (Tabela 3.2), ganho genético pode ser obtido ao selecionar linhagens superiores para esse caráter. O ganho esperado com a seleção das 24 linhagens para aspecto visual de grãos foi de 10,5%. Dentre as 24 linhagens selecionadas, 18 linhagens foram da população BRS Notável / BRS Ametista (Tabela 3.3). Considerando a seleção em cada população, o ganho foi maior para a população BRS Notável / CNFC 15872 (11,3%), que pode ser explicado pela maior herdabilidade.

Com base na seleção das 24 melhores linhagens para cada caráter, a quantidade de linhagens selecionadas da população BRS Notável / CNFC 15872 foi superior para reação à murcha de fusário e massa de 100 grãos (Tabela 3.3). Para a produtividade de grãos as duas populações foram equivalentes. Já no aspecto visual de grãos, a população BRS Notável / BRS Ametista apresentou quantidade de linhagens três vezes maior que a população BRS Notável / CNFC 15872.

Tabela 3.2. Estimativas de variância genética (σ^2_g), variância fenotípica (σ^2_f), variação da interação dos genótipos com o ambiente (σ^2_{ga}) e da herdabilidade com base na média (h^2) para reação à murcha de fusário (notas de 1 a 9), produtividade de grãos (kg ha⁻¹) e massa de 100 grãos (g) e avaliação visual de grãos (notas de 1 a 5), com base nas análises conjuntas de linhagens de feijão carioca avaliadas no inverno de 2015 e 2016.

	Reação à murcha de fusário				Produtividade de grãos				Massa de 100 grãos				Avaliação visual de grãos			
	σ^2_g	σ^2_f	$h^2(\%)$	σ^2_{ga}	σ^2_g	σ^2_f	$h^2(\%)$	σ^2_{ga}	σ^2_g	σ^2_f	$h^2(\%)$	σ^2_{ga}	σ^2_g	σ^2_f	$h^2(\%)$	σ^2_{ga}
Linhagens ³	0,7	0,9	76,6	0,05	62007	85832	72,2	29885	2,8	3,1	88,1	0,19	0,14	0,22	63,1	-
Pop. 1 ¹	0,3	0,5	58,8	0,02	48699	72524	67,1	17980	1,6	2,0	81,1	0,19	0,13	0,21	60,9	-
Pop. 2 ²	1,1	1,3	83,9	0,09	75119	98944	75,9	36197	4,0	4,3	91,4	0,09	0,13	0,21	61,8	-

¹BRS Notável / BRS Ametista; ²BRS Notável / CNFC 15872; ³Linhagens: total de linhagens.

Tabela 3.3. Médias das linhagens selecionadas, estimativas do ganho esperado com a seleção direta e simultânea de linhagens e número de linhagens de cada população (NL), para reação à murcha de fusário (notas de 1 a 9), produtividade de grãos (kg ha⁻¹), massa de 100 grãos (g) e avaliação visual de grãos (notas de 1 a 5), com base nas análises conjuntas de linhagens de feijão carioca avaliadas no inverno de 2015 e 2016.

	Seleção Direta													
	Reação à murcha de fusário			Produtividade de grãos			Massa de 100 grãos			Avaliação visual de grãos				
	Média(s) ³	GS(%)	⁴ NL	Média(s)	GS(%)	NL	Média(s)	GS(%)	NL	Média(s)	GS(%)	NL	NL	
Linhagens	2,8	-23,0	24	2651	12,3	24	26,2	9,6	24	2,8	-10,5	24	-	
População 1 ¹	2,9	-15,0	9	2641	10,1	13	25,7	7,2	7	2,8	-8,2	18	-	
População 2 ²	2,6	-28,1	15	2660	14,4	11	26,7	11,4	17	2,9	-11,3	6	-	
	Seleção Simultânea													
	Reação à murcha de fusário			Produtividade de grãos			Massa de 100 grãos			Avaliação visual de grãos				
	Média(s)	GS(%)	NL	Média(s)	GS(%)	NL	Média(s)	GS(%)	NL	Média(s)	GS(%)	NL	NL	
Linhagens	3,3	-12,9	-	2443	5,6	-	24,6	3,4	-	3,1	-6,1	-	24	
População 1 ¹	3,2	-10,7	-	2485	5,5	-	24,0	1,5	-	3,0	-5,2	-	14	
População 2 ²	3,3	-14,7	-	2356	4,0	-	25,2	5,6	-	3,2	-5,5	-	10	
Média geral	4,0			2266,5			23,7			3,4				

¹BRS Notável / BRS Ametista; ²BRS Notável / CNFC 15872; ³Média(s): média dos genótipos selecionados; ⁴NL: número de linhagens contabilizadas da seleção das 24 linhagens.

O ganho esperado com a seleção por caráter mostrou a possibilidade de sucesso com a seleção, mas os programas de melhoramento buscam agrupar caracteres favoráveis em um mesmo genótipo (Alvares et al., 2016). Sendo assim, a seleção simultânea para os quatro caracteres foi aplicada e permitiu a obtenção de ganhos de 12,9% para reação à murcha de fusário, 5,6% para produtividade de grãos, 3,4% para massa de 100 grãos e de 6,1% para aspecto visual de grãos, com base na análise conjunta (Tabela 3.3). Embora o ganho tenha sido menor para cada caráter, em comparação com a seleção direta, esse método permite a escolha de linhagens com maiores probabilidades de se tornarem cultivares, por apresentarem fenótipos desejáveis para mais caracteres em uma mesma linhagem. Com base na seleção simultânea, 14 das 24 linhagens foram oriundas da população BRS Notável / BRS Ametista, o que pode ser explicado principalmente pelo critério para avaliação visual de grãos.

As linhagens CNFC19126, CNFC19205 e CNFC19131 foram as mais promissoras, pois superam a cultivar BRS Notável, testemunha mais resistente à murcha de fusário, para os quatro caracteres (Tabela 3.4). Essas linhagens devem ser testadas em múltiplos ambientes, para confirmação de seu alto potencial para se tornarem novas cultivares.

Tabela 3.4. Médias ajustadas com base na análise conjunta das 24 linhagens de grão carioca selecionadas pela seleção simultânea considerando a reação à murcha de fusário (notas 1 a 9), produtividade de grãos (kg ha^{-1}), massa de 100 grãos (g) e avaliação visual de grãos (notas 1 a 5) e testemunhas.

Linhagens/ cultivares	Murcha de fusário	Produtividade de grãos	Massa de 100 grãos	Avaliação visual dos grãos
CNFC19122 ¹	2,7	2394	22,4	2,7
CNFC19126 ^{1*}	2,7	2821	25,1	3,3
CNFC19235 ²	2,7	2154	28,2	3,4
CNFC19205 ^{2*}	2,8	2543	25,5	2,7
CNFC19131 ^{1*}	2,9	2715	22,6	3,3
CNFC19174 ¹	2,9	2364	23,8	3,0
CNFC19188 ²	3,0	2204	23,6	3,2
CNFC19165 ¹	3,0	2198	23,7	2,5
BRS Notável	3,2	2463	20,5	4,0
CNFC19183 ²	3,2	2395	27,7	3,0
CNFC19133 ¹	3,3	2120	25,6	2,9
CNFC19182 ²	3,3	2304	23,8	2,4
CNFC19173 ¹	3,3	2531	23,9	2,9
CNFC19156 ¹	3,4	2457	24,3	3,0
CNFC19198 ²	3,4	2772	25,3	3,5
CNFC19132 ¹	3,4	2826	22,9	3,4
CNFC19228 ²	3,5	2397	23,8	3,4
CNFC19193 ²	3,5	2269	25,2	3,5
CNFC19196 ²	3,6	2583	25,6	3,1
CNFC19144 ¹	3,7	2524	23,7	3,0

CNFC19129 ¹	3,8	2342	23,8	3,1
CNFC19234 ²	3,8	2344	26,2	3,4
CNFC19130 ¹	3,8	2507	23,0	3,0
CNFC19145 ¹	3,8	2498	24,7	3,0
CNFC19177 ¹	3,9	2369	25,5	3,0
CNFC15872	4,0	2164	23,7	2,3
BRS Ametista	4,2	2527	24,3	3,4
Pérola	4,6	2099	24,5	2,9
BRS Sublime	5,4	1853	21,9	2,4
BRS Estilo	6,9	1520	24,2	3,2
BRS Cometa	7,7	1149	21,0	3,4
Média Testemunhas	5,2	1954,4	23,6	3,0
Média Linhagens	3,3	2446,9	24,4	3,1

¹BRS Notável / BRS Ametista; ²BRS Notável / CNFC 15872. *Linhagens mais promissoras das 24 linhagens selecionadas para os quatro caracteres.

Outro parâmetro genético importante para a seleção de genótipos é a correlação entre os caracteres. A correlação genética identifica a relação genética entre dois caracteres, pois um gene pode estar influenciando em mais de um caráter ou os genes podem estar ligados (Ramalho et al., 1993). A correlação genética entre a reação à murcha de fusário e a produtividade de grãos foi intermediária e negativa ($r_g = -0,58^+$), indicando que quanto maior a resistência do genótipo, maior a produtividade de grãos, o que é esperado, já que a ocorrência dessa doença implica em altas perdas na produtividade (Pereira et al., 2008a).

A correlação genética da reação à murcha de fusário com massa de 100 grãos foi de baixa magnitude ($r_g = -0,36^+$), indicando que é possível aliar a resistência à murcha de fusário e grãos maiores. Já entre a produtividade e massa de 100 grãos e avaliação visual de grãos, não foi observada significância da correlação genética com nenhum dos caracteres avaliados, indicando independência entre os caracteres.

3.4 CONCLUSÕES

Existe variabilidade genética e os parâmetros genéticos indicaram a possibilidade de sucesso com a seleção de linhagens para reação à murcha de fusário, produtividade, massa de 100 grãos e aspecto visual dos grãos.

As linhagens CNFC19126, CNFC19205 e CNFC19131 reuniram alta resistência à murcha de fusário, produtividade de grãos, massa de 100 grãos e aspecto visual de grãos, sendo indicadas para serem avaliadas em múltiplos ambientes para obtenção de novas cultivares resistentes à murcha de fusário.

Há correlação genética entre reação à murcha de fusário e produtividade de grãos, no sentido de que ao selecionar maior resistência genética, maior será a produtividade de grãos na condição de ocorrência da doença.

3.5 REFERÊNCIAS

ALVARES, R. C. *et al.* Estimation of genetic parameters and selection of high-yielding, upright common bean lines with slow seed-coat darkening. **Genetics and Molecular Research**, v. 15, n. 4, gmr15049081, 2016.

AZEVEDO, C. V. G. *et al.* Adaptabilidade, estabilidade e resistência a patógenos em genótipos de feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 50, n. 10, p. 912-922, 2015

BARBOSA, F. R.; GONZAGA, A. C. O. **Informações técnicas para o cultivo de feijoeiro-comum na Região Central-Brasileira: 2012-2014**. Embrapa Arroz e Feijão - Documentos. 2012. (Documentos, 272).

BATISTA, R. O. *et al.* Resistance to Fusarium wilt in common bean. **Crop Breeding Applied Biotechnology**. v. 16, n. 3, p. 226-233, 2016.

BATISTA, R. O. *et al.* Inheritance of resistance to fusarium wilt in common bean. **Euphytica**. v. 213, n. 7, p. 213-133, 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, p. 221-227, 2017.

BROUGHTON, W. J. *et al.* Bean (*Phaseolus* spp.) - model food legumes. **Plant and Soil**. v. 252, n. 1, p. 55-128, 2003.

CÂNDIDA, D. V. *et al.* Controle genético da murcha do fusário (*Fusarium oxysporum*) em feijoeiro comum. **Tropical plant pathology**, v. 34, n. 6, p. 379-384, 2009.

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

DALLA CORTE, A. *et al.* Environment effect on grain quality in early common bean cultivars and lines. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 3, n. 3, p. 193-202, 2003.

DI PRADO, P. R. C. **Melhoramento genético para altos teores de ferro e zinco em feijoeiro-comum**. 2017. 131 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2017.

ELSTON, R. C. A weight-free index for the purpose of ranking of selection with respect to several traits at a time. **Biometrics**, v. 19, n. 1, p. 85-97, 1963.

EMBRAPA ARROZ E FEIJÃO. **Dados conjunturais da produção de feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) e caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp) no Brasil (1985 a 2019): área, produção e rendimento**. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2020. Disponível em: <<http://www.cnpaf.embrapa.br/socioeconomia/index.htm>>. Acesso em: mar. 2021.

FARIA, L. C. *et al.* Genetic progress during 22 years of improvement of carioca-type common bean in Brazil. **Field Crops Research**, v. 142, p. 68-74, 2013.

MAZIERO, S. M.; RIBEIRO, N. D.; STORCK, L. Simultaneous selection in beans for architecture, grain yield and minerals concentration. **Euphytica**, v. 205, n. 2, p. 369-380, 2015.

MELO, L. C. *et al.* Common bean cultivar BRS Ametista with large Carioca grains and disease resistance. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 12, n. 4, p. 293-296, 2012.

MELO, L. C. ed. **Procedimentos para condução de experimentos de Valor de Cultivo e Uso em feijoeiro comum**. Embrapa Arroz e Feijão - Documentos. 2009. (Documentos, 239).

PEREIRA, H. S. *et al.* Genetic, environmental and genotype x environment interaction effects on the common bean grain yield and commercial quality. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 38, n. 3, p. 1241-1250, 2017.

PEREIRA, D. G. *et al.* 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. 3, p. 1827-1836, 2019.

PEREIRA, H. S. *et al.* Genotype by environment interaction for disease resistance and other important agronomic traits supporting the indication of common bean cultivars. **Euphytica**, v. 214, n. 12, p. 1-12, 2018.

PEREIRA, H. S. *et al.* Resistance to Fusarium wilt in common bean cultivars and lines in pre-commercial stage. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, v. 59, p. 103-104, 2016.

PEREIRA, M. J. Z.; RAMALHO M. A. P.; ABREU, Â. 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, M. J. Z.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, Â. F. B. Reação de linhagens de feijoeiro ao fungo *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli* em condições controladas. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 35, n. 5, p. 940-947, 2011.

PEREIRA, M. J. Z.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, Â. F. B. Estratégias para eficiência da seleção de feijoeiro quanto à resistência à murcha-de-fusário. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 43, n. 6, p. 721-728, 2008a.

PEREIRA, H. S. *et al.* Seleção fenotípica e assistida por marcadores moleculares de famílias de feijoeiro-comum com alta produtividade. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 43, n. 11, p. 1551-1558, 2008b.

PEREIRA, H. S. *et al.* BRS Notável: a medium-early-maturing, disease-resistant Carioca common bean cultivar with high yield potential. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 12, n. 3, p. 220-223, 2012.

PEREIRA, H. S. *et al.* **BRS FC409: cultivar de feijoeiro-comum com alto valor comercial e nutricional, resistência à murcha de *Fusarium* e à murcha de *Curtobacterium***. Embrapa

Arroz e Feijão-Comunicado Técnico, 2020. (Comunicado Técnico, 255). Disponível em: <<https://www.embrapa.br/busca-de-publicacoes/-/publicacao/1124686/brs-fc409-cultivar-de-feijoeiro-comum-com-alto-valor-comercial-e-nutricional-resistencia-a-murcha-de-fusarium-e-a-murcha-de-curtobacterium>>. Acesso em: 10 de maio de 2021.

PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de Estatística Experimental**. 2009. Piracicaba: FEALQ-USP.

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

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

RIBEIRO, N. D. *et al.* Consumer preference and the technological, cooking and nutritional quality of carioca beans. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 40, n. 2, p. 651-664, 2019a.

RIBEIRO, N. D. *et al.* Phenological, plant architecture and grain yield traits on common bean lines selection. **Revista Caatinga**, v. 31, n. 3, p. 657-666, 2018.

RIBEIRO T. *et al.* Selection of common bean lines obtained by the genealogical and bulk methods for disease resistance and agronomic traits. **Chilean journal of agricultural research**, v. 79, n. 3, p. 456-463, 2019b.

ROCHA, J. R. A. S. C. *et al.* Selection of superior inbred progenies toward the common bean ideotype. **Agronomy Journal**, v. 111, n. 3, p. 1181-1189, 2019.

SILVA, H. D.; FERREIRA, D. F.; PACHECO, C. A. P. Avaliação de quatro alternativas de análise de experimentos em látice quadrado, quanto à estimação de componentes de variância, **Bragantia**, v. 59, n. 1, p. 117-123, 2000.

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.

APÊNDICES

Apêndice A. Resumos das análises de variância individuais para reação à murcha de fusário (notas de 1 a 9), produtividade de grãos (kg ha⁻¹) e massa de 100 grãos (g) em linhagens de feijão carioca, avaliadas em Santo Antônio de Goiás, na safra inverno 2015 e 2016.

Fator de variação	GL ³	Reação à murcha de fusário				Produtividade de grãos				Massa de 100 grãos			
		2015		2016		2015		2016		2015		2016	
		QM ⁴	P ⁵	QM	P	QM	P	QM	P	QM	P	QM	P
Repetições	2	3,0	0,361	1,3	0,573	1661699	0,001	13712994	0,001	3,1	0,347	97,5	0,001
Blocos/repetições aj.	30	2,9	0,001	2,4	0,019	175160	0,077	578243	0,001	2,9	0,115	6,7	0,001
Genótipos aj.	120	2,9	0,001	5,1	0,001	385868	0,001	522331	0,001	13,2	0,001	8,9	0,001
Testemunhas (T)	6	7,2	0,001	9,4	0,001	652669	0,001	1103110	0,001	13,6	0,001	5,7	0,028
Linhagens (L)	113	2,4	0,001	4,7	0,001	367354	0,001	469901	0,001	13,2	0,001	9,0	0,001
População 1 (P1) ¹	56	1,6	0,054	2,9	0,001	454511	0,001	231463	0,043	9,2	0,001	5,9	0,001
População 2 (P2) ²	56	3,2	0,001	6,6	0,001	241718	0,001	712080	0,001	17,1	0,001	11,7	0,001
P1 vs P2	1	0,7	0,456	0,9	0,411	2522154	0,001	260390	0,209	9,9	0,032	29,3	0,001
T vs L	1	36,8	0,001	19,3	0,001	877148	0,008	2962288	0,001	13,0	0,014	11,3	0,029
Erro efetivo	210	1,2		1,4		122246		163654		2,1		2,3	
Eficiência do látice		111,3		104,0		101,9		124,2		101,4		116,2	
Média		3,5		4,5		2171,8		2326,7		26,1		21,1	
CVe (%) ⁶		30,8		26,3		16,1		17,4		5,6		7,3	

Apêndice C. Médias ajustadas da análise conjunta das linhagens para reação à murcha de fusário (FOP, notas 1 a 9), produtividade de grãos (PROD, kg ha⁻¹), massa de 100 grãos (P100, g) e avaliação visual de grãos (AVG, notas 1 a 5), juntamente com sete testemunhas, em feijão tipo carioca.

Linhagens/cultivares	FOP	PROD	P100	AVG
CNFC19206 ²	2,37	2507	25,8	3,70
CNFC19175 ¹	2,38	2027	22,0	3,70
CNFC19221 ²	2,40	2750	25,6	4,00
CNFC19214 ²	2,49	2688	23,7	4,20
CNFC19223 ²	2,51	2106	25,9	3,80
CNFC19185 ²	2,55	2418	27,3	3,60
CNFC19224 ²	2,56	1898	28,1	3,50
CNFC19201 ²	2,64	2180	22,0	4,10
CNFC19122 ¹	2,66	2394	22,4	2,70
CNFC19126 ¹	2,67	2821	25,1	3,30
CNFC19235 ²	2,69	2154	28,2	3,40
CNFC19186 ²	2,70	2536	23,9	4,00
CNFC19205 ²	2,78	2543	25,5	2,70
CNFC19131 ¹	2,90	2715	22,6	3,30
CNFC19174 ¹	2,93	2364	23,8	3,00
CNFC19190 ²	2,94	2013	22,3	4,10
CNFC19188 ²	2,97	2204	23,6	3,20
CNFC19139 ¹	2,97	2061	21,4	4,00
CNFC19127 ¹	3,01	2529	21,7	3,00
CNFC19189 ²	3,04	2097	22,2	4,20
CNFC19165 ¹	3,04	2198	23,7	2,50
CNFC19194 ²	3,07	2196	23,8	3,50
CNFC19143 ¹	3,08	2701	21,9	3,30
CNFC19212 ²	3,12	2057	24,0	2,70
CNFC19159 ¹	3,14	1900	22,7	2,70
BRS Notável	3,16	2463	20,5	4,00
CNFC19219 ²	3,23	2501	20,3	3,90
CNFC19183 ²	3,23	2395	27,7	3,00
CNFC19133 ¹	3,25	2120	25,6	2,90

CNFC19210 ²	3,26	2735	26,4	3,90
CNFC19182 ²	3,28	2304	23,8	2,40
CNFC19167 ¹	3,28	2354	23,6	3,60
CNFC19173 ¹	3,34	2531	23,9	2,90
CNFC19218 ²	3,37	2124	22,8	4,00
CNFC19156 ¹	3,37	2457	24,3	3,00
CNFC19198 ²	3,37	2772	25,3	3,50
CNFC19132 ¹	3,39	2826	22,9	3,40
CNFC19160 ¹	3,39	2326	21,6	2,90
CNFC19195 ²	3,41	2478	23,8	3,70
CNFC19233 ²	3,46	2113	23,3	3,30
CNFC19178 ¹	3,46	1900	26,9	3,60
CNFC19228 ²	3,47	2397	23,8	3,40
CNFC19217 ²	3,47	2515	20,6	3,90
CNFC19193 ²	3,53	2269	25,2	3,50
CNFC19196 ²	3,55	2583	25,6	3,10
CNFC19232 ²	3,60	1965	23,6	4,30
CNFC19162 ¹	3,65	2491	22,6	3,20
CNFC19216 ²	3,66	2576	27,2	3,70
CNFC19144 ¹	3,66	2524	23,7	3,00
CNFC19149 ¹	3,70	2180	22,1	3,00
CNFC19154 ¹	3,73	2491	21,0	3,90
CNFC19234 ²	3,77	2344	26,2	3,40
CNFC19129 ¹	3,77	2342	23,8	3,10
CNFC19169 ¹	3,77	2248	23,3	3,00
CNFC19130 ¹	3,80	2507	23,0	3,00
CNFC19157 ¹	3,83	2034	24,8	3,00
CNFC19145 ¹	3,83	2498	24,7	3,00
CNFC19177 ¹	3,85	2369	25,5	3,00
CNFC19163 ¹	3,87	2088	22,8	5,00
CNFC19231 ²	3,88	1814	23,4	2,80
CNFC19148 ¹	3,94	1793	26,0	3,30
CNFC15872	4,00	2164	23,7	2,33

CNFC19172 ¹	4,00	2083	22,8	3,62
CNFC19204 ²	4,01	2081	23,2	4,09
CNFC19209 ²	4,05	2597	25,8	3,03
CNFC19146 ¹	4,05	2070	25,9	3,06
CNFC19227 ²	4,06	1980	24,2	3,07
CNFC19222 ²	4,09	2407	25,4	3,58
CNFC19207 ²	4,18	2285	22,2	3,35
CNFC19153 ¹	4,18	2444	24,2	2,83
CNFC19161 ¹	4,19	2583	23,4	3,94
CNFC19134 ¹	4,19	2489	22,1	3,00
BRS Ametista	4,20	2527	24,3	3,39
CNFC19171 ¹	4,21	2101	22,5	4,33
CNFC19158 ¹	4,22	1983	22,4	4,05
CNFC19226 ²	4,22	2889	24,9	3,66
CNFC19152 ¹	4,22	1729	23,1	3,63
CNFC19211 ²	4,23	2249	20,8	3,28
CNFC19197 ²	4,25	2049	22,9	3,74
CNFC19141 ¹	4,26	2590	24,9	3,14
CNFC19187 ²	4,28	2026	22,7	3,38
CNFC19150 ¹	4,29	2522	24,0	3,28
CNFC19136 ¹	4,29	2209	25,1	2,92
CNFC19213 ²	4,30	2249	23,3	3,33
CNFC19135 ¹	4,32	2076	26,2	2,96
CNFC19123 ¹	4,35	2323	26,7	3,00
CNFC19140 ¹	4,35	1830	25,2	2,87
CNFC19202 ²	4,37	2117	20,7	3,29
CNFC19215 ²	4,46	1735	22,3	3,43
CNFC19142 ¹	4,50	2367	23,9	3,54
CNFC19176 ¹	4,59	2512	23,9	3,35
Pérola	4,60	2099	24,5	2,90
CNFC19164 ¹	4,61	2536	24,3	3,62
CNFC19200 ²	4,63	1601	23,0	4,08
CNFC19225 ²	4,70	2278	24,6	3,14

CNFC19166 ¹	4,71	2205	23,1	3,21
CNFC19170 ¹	4,79	1934	24,4	3,08
CNFC19125 ¹	4,79	2337	23,3	3,67
CNFC19191 ²	4,79	2471	21,0	4,13
CNFC19147 ¹	4,86	2035	22,1	2,98
CNFC19151 ¹	4,87	2607	21,9	3,91
CNFC19137 ¹	4,89	2214	23,6	2,93
CNFC19168 ¹	4,99	2728	22,7	3,40
CNFC19184 ²	5,07	2058	21,9	3,22
CNFC19155 ¹	5,11	2188	22,8	3,93
CNFC19124 ¹	5,15	1852	22,2	2,99
CNFC19128 ¹	5,18	2295	25,2	3,02
CNFC19181 ²	5,26	2250	21,4	3,38
CNFC19192 ²	5,29	2452	22,9	3,87
BRS Sublime	5,42	1853	21,9	2,41
CNFC19138 ¹	5,43	2223	23,7	3,59
CNFC19203 ²	5,51	1848	22,1	3,04
CNFC19220 ²	5,57	1998	22,6	3,92
CNFC19230 ²	5,88	2741	25,8	3,45
CNFC19180 ²	6,19	1980	21,1	3,08
CNFC19229 ²	6,26	1842	24,0	3,10
CNFC19179 ²	6,32	1996	19,6	3,35
CNFC19208 ²	6,54	1580	20,4	3,97
CNFC19199 ²	6,85	1545	22,3	2,35
BRS Estilo	6,89	1520	24,2	3,23
BRS Cometa	7,65	1149	21,0	3,37
<hr/>				
	Média geral			
Genótipos	4,0	2249,3	23,6	3,4
Testemunhas	5,1	1967,8	22,9	3,1
Linhagens	4,0	2266,5	23,7	3,4
População 1 ¹	3,9	2295,7	23,6	3,3
População 2 ²	4,0	2237,4	23,7	3,5

¹BRS Notável / BRS Ametista; ²BRS Notável / CNFC 15872.

4 MAPEAMENTO DE QTLs PARA REAÇÃO À MURCHA DE FUSÁRIO NA CULTIVAR DE FEIJÃO CARIOCA BRS NOTÁVEL

RESUMO

A murcha de fusário, provocada pelo fungo de solo (*Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*), é uma doença de grande importância na cultura do feijão. Entretanto, existem poucos estudos sobre seu controle genético e identificação de marcadores para seleção assistida. Assim, o objetivo deste trabalho foi estudar o controle genético e identificar regiões genômicas (*Quantitative Trait Loci* - QTLs) associadas à reação à murcha de fusário em feijão, em uma população de origem mesoamericana, formada a partir de duas cultivares. Setenta e três progênies obtidas a partir dos genitores BRS Notável (resistente) e BRS Supremo (suscetível) foram avaliadas, por meio de escala de notas, em campo infestado naturalmente com o patógeno, na safra de inverno (semeadura em maio), nos anos/gerações 2018/F_{2.4} e 2019/F_{2.5}, em Santo Antônio de Goiás – GO. A genotipagem de marcadores SNPs e SilicoDArTs foi realizada pela tecnologia DArTseq, na geração F₂. O mapa de ligação foi construído com 493 marcadores (297 SNPs e 175 SilicoDArTs) com comprimento total de 1598,6 cM e distância média entre as marcas de 3,5 cM. As análises dos dados fenotípicos indicaram a presença de variabilidade entre as progênies e grande possibilidade de sucesso com a seleção, com altas estimativas de herdabilidade (90,6%) e ganho esperado com a seleção de (28,5%), com base na análise conjunta. Considerando os dois anos/gerações e a análise conjunta, foram identificados três QTLs associados a reação à murcha de fusário, um em cada ambiente e um na análise conjunta, explicando entre 25,1 e 50,4 da variação fenotípica posicionados no cromossomo 7. Os três QTLs apresentaram intersecção entre seus intervalos, indicando que se referem a mesma região genômica e, portanto, representam um único QTL, com alta estabilidade nos diferentes anos/gerações. O QTL (QTL FOP7.1^{NS}) explicou 44,8% da variação fenotípica.

Palavras-chave: *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*. *Phaseolus vulgaris*. Seleção assistida por marcadores moleculares.

4 QTLs MAPPING FOR FUSARIUM WILT REACTION IN THE BEAN CULTIVAR BRS NOTÁVEL

ABSTRACT

Fusarium wilt, caused by the soil fungus (*Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*), is a disease of great importance in the bean crop. However, there are few studies on its genetic control and identification of markers for assisted selection. Thus, the objective of this work was to study genetic control and identify genomic regions (*Quantitative Trait Loci* - QTLs) associated with the reaction to Fusarium wilt in beans, in a population of Mesoamerican origin, formed from two cultivars. Seventy-three progenies obtained from the parents BRS Notável (resistant) and BRS Supremo (susceptible) were evaluated, using a grading scale, in a field naturally infested with the pathogen, in the winter crop (sowing in May), in the years/generations 2018/F_{2.4} and 2019/F_{2.5}, in Santo Antônio de Goiás – GO. The genotyping of SNPs and SilicoDARTs markers was performed using the DARTseq technology, in the F₂ generation. The linkage map was constructed with 493 markers (297 SNPs and 175 SilicoDARTs) with a total length of 1598.6 cM and an average distance between the markers of 3.5 cM. The analysis of phenotypic data indicated the presence of variability between progenies and a high possibility of success with selection, with high estimates of heritability (90.6%) and expected gain with selection (28.5%), based on joint analysis. Considering the two years/generations and the combined analysis, three QTLs associated with the reaction to Fusarium wilt were identified, one in each environment and one in the joint analysis, explaining between 25.1 and 50.4 of the phenotypic variation positioned on chromosome 7. The three QTLs intersected between their intervals, indicating that they refer to the same genomic region and, therefore, represent a single QTL, with high stability in different years/generations. The QTL (QTL FOP7.1^{NS}) explained 44.8% of the phenotypic variation.

Keywords: *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*. *Phaseolus vulgaris*. Selection assisted by molecular markers.

4.1 INTRODUÇÃO

O feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) é a leguminosa mais utilizada na alimentação humana diretamente, no mundo. No Brasil, embora a produtividade média venha aumentando consideravelmente nos últimos anos (Embrapa Arroz e Feijão, 2020), ainda está bem abaixo do potencial produtivo das cultivares, o que pode ser explicado, em parte, pela ocorrência de doenças. Entre as doenças que reduzem a produtividade de feijão está a murcha de fusário, causada pelo fungo de solo *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*. Embora exista ampla variabilidade genética no feijão, não existem muitas cultivares de feijão com bom nível de resistência, especialmente no grupo comercial carioca, que é o mais importante no Brasil (Torres, 2020; Pereira et al., 2020a, 2019, 2016; Rocha et al., 2019).

A literatura é controversa em relação ao controle genético da reação à murcha de fusário no feijão, com relatos de controle genético monogênico dominante (Ribeiro e Hagedorn, 1979); oligogênico, com ação de dominância incompleta (Cândida et al., 2009) ou de dominância (Batista et al., 2017; Pereira et al., 2009; Brick et al., 2004; Salgado et al., 1995); e ainda há relatos de controle poligênico (Torres, 2020; Fall et al., 2001; Cross et al., 2000).

Uma das formas de acelerar a obtenção de cultivares resistentes é a utilização de marcadores moleculares. A identificação e validação de marcadores ligados à genes de resistência pode permitir a seleção precoce de genótipos, a seleção para múltiplos fenótipos favoráveis em uma só geração, além da piramidação de alelos de resistência à uma mesma doença (Vieira et al., 2018). Entretanto, existem poucos relatos de identificação de marcadores moleculares para a reação à murcha de fusário. Fall et al. (2001) encontraram um marcador RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*) associado a um QTL no cromossomo 10, explicando 63,5% da variação fenotípica em uma população obtida a partir dos genitores de origem mesoamericana, com avaliações em condições controladas. Entretanto, não foram encontrados relatos de validação desse marcador, para uso em seleção assistida. Valdo (2017), utilizando marcadores do tipo SNPs (*Single Nucleotide Polymorphism*) e SSRs (microssatélites) identificaram QTLs em população avaliada em condições controladas, inoculada com o isolado BRM 28134 (raça 2) de *F. oxysporum* f. sp. *phaseoli*, e em condições de campo, com infestação natural de *F. oxysporum* f. sp. *phaseoli*, e irrigação por pivô central. O marcador que mais explicou da variação fenotípica foi

identificado no cromossomo 8, que explicou 21,5% e 20,2% da variação fenotípica em condições controladas, e 10,2% em campo, na safra de inverno, em uma população obtida de Ouro Branco (resistente) e CNFP 10132 (suscetível, grãos pretos), sendo identificado o mesmo marcador, demonstrando estabilidade entre os ambientes.

Recentemente, Torres (2020) estudou o controle genético e mapeou QTLs em uma população obtida a partir das cultivares de feijão BRS FP403 (resistente, com grãos pretos) e BRS Horizonte (suscetível, com grão carioca), ambas com origem mesoamericana. As avaliações foram realizadas em campo infestado com *F. oxysporum* f. sp. *phaseoli*. A herança do caráter foi considerada poligênica e foram identificados quatro QTLs nos cromossomos 1, 2, 3 e 4, que explicaram isoladamente 5,8%, 6,3%, 8,2% e 40,5% da variação, totalizando 60,8%. Os marcadores identificados estão em processo de validação para utilização nas rotinas da seleção assistida.

Com relação a outros patógenos de solo em feijão, um QTL foi identificado por Kamfwa et al. (2013), no cromossomo 3, explicando 34% da variação fenotípica em população de K132 (suscetível, grão vermelho) e MLB-49-89A (resistente, grão preto), inoculada com *Fusarium solani*, em condições controladas. Hagerty et al. (2015), identificaram dois QTLs nos cromossomos 3 e 7, associados à resistência à *Fusarium solani* e estes foram responsáveis por 9% e 22% da variação explicada.

Assim, são necessários estudos para identificação do controle genético e de marcadores moleculares utilizando outras fontes de resistência, para disponibilizar novas ferramentas moleculares aos programas de melhoramento. Entre as cultivares de grão carioca que apresentam bom nível de resistência à murcha de fusário, a cultivar BRS Notável é uma das que apresentam melhor nível de resistência (Pereira et al., 2016; Torres, 2020).

Assim, os objetivos desse trabalho foram estudar o controle genético da reação à murcha de fusário da cultivar BRS Notável, em campo e identificar marcadores associados a QTLs relacionados à reação à murcha de fusário.

4.2 MATERIAL E MÉTODOS

4.2.1 Obtenção da população de mapeamento

A população de mapeamento foi obtida a partir do cruzamento entre genitores de origem mesoamericana, contrastantes para reação à murcha de fusário, identificados em trabalhos anteriores (Pereira et al., 2019; 2016). A cultivar BRS Notável, originada do

cruzamento A769/5/A774/4/A429/XAN252//V8025/G4449///WAF2/A55//GN31/XAN170, apresenta grão carioca, alta produtividade, alta resistência à murcha de fusário, antracnose (*Colletotrichum lindemuthianum*), e moderada resistência à murcha de *Curtobacterium* (*Bacterium flaccumfaciens* pv. *flaccumfaciens*) e crestamento bacteriano comum (*Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*) (Pereira, et al., 2012). A cultivar BRS Supremo, originada do cruzamento W22-34 / VAN163, apresenta grãos pretos, arquitetura muito ereta e é suscetível à murcha de fusário (Costa et al., 2006). Os cruzamentos, multiplicações e experimentos foram realizados na Embrapa Arroz e Feijão, localizada em Santo Antônio de Goiás (GO).

Os genitores foram inter cruzados no ano de 2015 e obtidas sementes F₁ em casa de vegetação. A BRS Notável foi utilizada como genitor feminino e as plantas híbridas (F₁) foram identificadas pela cor da flor, que é branca (fenótipo recessivo) na cultivar BRS Notável e roxa (fenótipo dominante) na cultivar BRS Supremo. Assim, flores brancas foram consideradas autofecundações e as plantas foram descartadas. As sementes das plantas F₁ foram colhidas, totalizando 73 sementes F₂, que foram semeadas e conduzidas em casa de vegetação, no ano de 2016. Cada planta foi colhida individualmente, formando as 73 progênes F_{2.3}, que foram semeadas em campo sem a presença do patógeno, na safra de inverno/2017 (semeadura em maio), para obtenção de maior volume de sementes e obtenção da geração F_{2.4}. Esse processo foi repetido na safra de inverno/2018 (semeadura em maio) para obtenção da geração F_{2.5}.

4.2.2 Fenotipagem

As 73 progênes nas gerações F_{2.4} e F_{2.5}, juntamente com os dois genitores BRS Notável e BRS Supremo, e as testemunhas BRS FC402 (Melo et al., 2017), IPR Quero-Quero e BRS FC409 (Pereira et al., 2020b), que apresentam diferentes níveis de resistência, e BRS Cometa (Faria et al., 2008), BRS Estilo (Melo et al., 2010) e BRSMG Madrepérola (Carneiro et al., 2012), que são suscetíveis (Pereira et al., 2016), foram semeadas em campo, nos anos de 2018 e 2019, respectivamente, na safra de inverno, com semeadura em maio e irrigação via pivô central.

O delineamento foi em blocos casualizados com três repetições e as parcelas foram constituídas de 1 linha de 3 metros. A densidade de semeadura foi de 12 sementes por metro, com espaçamento de 0,50 m entre fileiras. A área onde foram implantados os

experimentos é rotineiramente utilizada na avaliação da reação de linhagens/cultivares de feijão à murcha de fusário, por ser altamente infestada pelo patógeno (Torres, 2020; Pereira et al., 2019; 2018; 2016).

A avaliação da reação à murcha de fusário foi realizada por dois avaliadores, após 80 dias da emergência das plantas (estágio R8), pela escala de notas que variou de 1 (resistente, sem sintomas) a 9 (plantas mortas) (Melo, 2009).

4.2.3 Análise dos dados da fenotipagem

Foram realizadas análises de variâncias individuais para cada ano/geração e análise de variância conjunta, depois de verificada a homogeneidade das variâncias, por meio da relação entre o maior e o menor quadrado médio do resíduo (Pimentel-Gomes, 2009). O efeito de genótipos foi considerado aleatório e o efeito de anos/gerações fixo. Foi estimado o coeficiente de variação (CV) e acurácia seletiva (AS) para avaliação da qualidade experimental (Resende e Duarte, 2007).

Foram estimados parâmetros genéticos e fenotípicos, como variância genética, variância fenotípica, variância da interação entre genótipos e anos/gerações, herdabilidade e ganho esperado com a seleção direta, obtido com a intensidade de seleção de 20% (15 progênies) (Ramalho et al., 2012; Vencovsky e Barriga, 1992). Também foi estimada a correlação genética entre os genótipos nos dois anos. As análises estatísticas foram realizadas utilizando-se o programa Genes (Cruz, 2013).

4.2.4 Genotipagem de SNPs e SilicoDArTs

O material vegetal para genotipagem foi obtido a partir da semeadura das 73 progênies na geração F₂ e dos dois genitores em casa de vegetação, pela coleta de tecido foliar de cinco plantas por progênie, que foram reunidas como uma amostra, e de duas amostras de cinco plantas por genitor. A extração de DNA foi conduzida segundo protocolo descrito por Doyle e Doyle (1990). A genotipagem por sequenciamento foi realizada pela empresa Diversity Arrays Technology Pty Ltd (Canberra, Austrália), em sequenciador HiSeq2500 (Illumina, USA), pela tecnologia DArT-Seq (Kilian et al., 2012) que utiliza da redução da complexidade com enzimas de corte frequente para a identificação de marcadores codominantes: SNP (*Single Nucleotide Polymorphism*); e marcadores dominantes: SilicoDArT (*Diversity Arrays Technology*).

Com os marcadores obtidos da genotipagem foi realizada a filtragem: retirada de marcas com *call rate* inferior ao estabelecido, monomórficas e marcas distorcidas. Foi utilizado $call\ rate \geq 80\%$, ou seja, somente marcas que foram genotipadas no mínimo em 80% dos indivíduos foram mantidas e eliminadas as marcas monomórficas. Em seguida, foi realizado teste de Qui-quadrado, com a probabilidade de 5%, considerando as segregações esperadas de 1:2:1 para os SNPs e de 3:1 para os SilicoDArTs. As marcas que se ajustaram às proporções de segregação mendeliana foram utilizadas na construção do mapa de ligação e no mapeamento de QTLs. As análises foram realizadas no software R (R Core Team, 2019).

4.2.5 Construção do mapa de ligação

O mapa foi construído pelo programa Onemap (Margarido et al., 2007) implementado no R (R Core Team, 2019) estabelecendo LOD-score mínimo de 6,0 e frequência máxima de recombinação de 25%. A função de mapeamento Kosambi foi utilizada na conversão da frequência de recombinação em distância, em centiMorgans (cM) (Kosambi, 1944). A representação gráfica dos mapas de ligação foi gerada através do programa MapChart 2.32 (Voorrips, 2002).

Para posicionar e ordenar os marcadores foi utilizado o método rcd (*rapid chain delineation*) com ordenamento inicial realizado, mantendo as marcas com um suporte estatístico para ordenamento de alta verossimilhança (*safe*). Em seguida, foram adicionadas algumas marcas não posicionadas utilizando a função *try*. No caso de mais de um grupo por cromossomo, foram mantidos os dois grupos para análise do mapeamento de QTLs. As posições dos marcadores no mapa de ligação foram comparadas com suas posições físicas no genoma de referência de *Phaseolus vulgaris* 2.1 para confirmar o ordenamento dos marcadores.

4.2.6 Mapeamento de QTLs

O programa Windows QTL Cartographer vs. 2.5 (Wang et al., 2012) foi utilizado para detectar QTLs relacionados ao fenótipo. Os dados foram analisados pelo método de Mapeamento por Intervalo Composto (CIM), proposto por Zeng (1994). Foi utilizado o modelo 6 e método de Regressão Forward & Backward, que utiliza seleção progressiva e procedimento de eliminação regressiva, com um limite de significância de 0,1. Os parâmetros foram ajustados para o intervalo avaliado (*walk speed*) de 1,0 cM e janela de

varredura (*window size*) de 10,0 cM. O LOD-score limite foi determinado com 1000 permutações. O intervalo do QTL foi determinado com o LOD máximo – 1 (Wang et al., 2018; Broman e Sen, 2009) e as marcas com LODs menores do que o intervalo foram consideradas não significativas. A nomenclatura dos QTLs foi estabelecida conforme Miklas e Porch (2010).

Foi construído o gráfico Box Plot para agrupar as progênies pela média e tipo de alelo: SNPs (A, B ou H) e para SilicoDArTs (A e C), presentes na região do QTL. Para testar a diferença entre os grupos de indivíduos contendo alelo A (alelo do genitor BRS Supremo), alelo B (alelo do genitor BRS Notável) e alelo C (heterozigoto ou homozigoto para BRS Notável) foi realizado o teste de Wilcoxon ($p < 0,05$).

4.2.7 Anotação Gênica

A anotação foi realizada pela plataforma Phytozome. Foram identificados os genes nos intervalos dos QTLs com base na posição física (pb) e realizada a busca da funcionalidade dos genes no genoma de referência *Phaseolus vulgaris* 2.1.

4.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.3.1 Análises fenotípicas

As estimativas de coeficiente de variação variaram entre 14,1 e 17,8%, em cada experimento (Apêndice A), sendo inferiores às observadas por Torres (2020), Pereira et al. (2019, 2016) e Borba et al. (2017), indicando ótima precisão experimental, considerando-se que *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli* é um patógeno do feijão distribuído pelo solo e que a avaliação da doença foi realizada em campo com ocorrência natural, onde a distribuição do patógeno não é homogênea. As altas estimativas de acurácia seletiva ($\geq 0,91$) indicaram alta contribuição genética na expressão do fenótipo nos dois anos/gerações avaliados (Resende e Duarte, 2007).

As análises de variância individuais de cada ano/geração indicaram a presença de variabilidade para reação à murcha de fusário, observada pela diferença significativa entre progênies (Apêndice A), o que foi confirmado na análise conjunta (Tabela 4.1). A não detecção de diferença para o efeito de anos/gerações indica que a média dos genótipos (6,1 e 5,5) não se alterou de forma significativa (Apêndice A), indicando que as condições

ambientais foram semelhantes nos dois anos, o que também foi observado por Torres (2020) nos anos de 2016 e 2017, na mesma área experimental.

A interação entre as progênes e os ambientes indicou variação das respostas fenotípicas entre as progênes nos diferentes anos/gerações (Tabela 4.1). Entretanto, houve alta correlação genética entre as progênes nos dois anos/gerações ($r = 0,72$), indicando que esta interação é predominantemente simples, o que pode ser explicado pela existência ou predominância de uma ou poucas raças na área experimental. Pereira et al. (2019; 2020a) e Torres (2020) também obtiveram resultados semelhantes.

As médias dos genitores (4,2 para BRS Notável e 6,7 para BRS Supremo) confirmaram o contraste esperado entre eles (Pereira et al., 2019, 2016). As médias das progênes variaram de 2,7 a 8,0, mostrando grande variabilidade (Apêndice B), que foi confirmada pela estimativa de variância genética diferente de zero (Tabela 4.2). 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 progênes realmente resulte no aumento da resistência à murcha de fusário e para a identificação de marcadores associados aos QTLs. As estimativas de herdabilidade foram altas nos dois anos/gerações, 86,8% (2018/F_{2.4}) e 82,4% (2019/F_{2.5}), e na análise conjunta (90,6%), o que evidencia alta variação de natureza genética e indica a possibilidade de obtenção de altos ganhos genéticos com a seleção para reação à murcha de fusário. Esses valores foram semelhantes aos encontrados por Torres (2020) e Pereira (2016) em experimentos realizados em campo, nessa mesma área experimental e aos trabalhos com avaliações realizadas em condição controlada (Pereira et al., 2011, 2009; Cândida et al., 2009), com estimativas de herdabilidade entre 76,0 e 97,0%. Isso sugere a presença de genes com grande efeito no controle do caráter.

Tabela 4.1 Resumo da análise de variância conjunta para reação à murcha de fusário, em progênes provenientes do cruzamento entre as cultivares de feijão BRS Notável e BRS Supremo, avaliadas nas safras de inverno, nos anos/gerações de 2018/F_{2.4} e 2019/F_{2.5}.

Fonte de variação	GL ¹	QM ²	P-valor
Blocos	4	4,0	0,001
Genótipos	80	9,5	0,001
Testemunhas	7	15,1	0,001
Cultivares	5	17,3	0,001

Genitores	1	18,8	0,001
Cultivares vs Genitores	1	0,6	0,417
Progênieis	72	9,1	0,001
Testemunhas vs Progênieis	1	1,9	0,134
Anos/Gerações (A)	1	36,9	0,526
Genótipos x A	80	2,3	0,001
Testemunhas x A	7	5,5	0,001
Cultivares x A	5	3,4	0,002
Genitores x A	1	2,1	0,119
Cultivares vs Genitores x A	1	19,5	0,001
Progênieis x A	72	2,0	0,001
Testemunhas vs Progênieis x A	1	0,3	0,535
Resíduo	320	0,9	
Média Geral		5,8	
Média Progênieis		5,8	
CVe (%) ³		15,9	

¹Grau de Liberdade; ²Quadrado Médio; ³Coefficiente de Variação experimental

O ganho esperado com a seleção direta permitiu o aumento da resistência à murcha de fusário em 28,5% (Tabela 4.2), que pode ser considerado alto. Esses valores foram semelhantes aos observados por Cândida et al. (2009), avaliando progênieis de duas populações (Milionário 1732 / Macanudo e FT-Tarumã / Macanudo), inoculadas com o isolado FOP46 de *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*, pertencente a raça 2, em casa de vegetação (GS = 26,8 e 35,5%). Já Torres (2020) obteve estimativa de ganho superior à do presente trabalho (37,0%), o que pode ser explicado pelo maior número de progênieis avaliadas pelo autor (165 progênieis) e pelo fato do genitor resistente (BRS FP403) utilizado apresentar maior resistência (nota 2,7), em relação à BRS Notável (nota 4,2). A média das progênieis selecionadas (4,0) foi semelhante à média do genitor BRS Notável, padrão de resistência à murcha de fusário em feijão com grão carioca (Pereira et al., 2016), indicando acúmulo de alelos favoráveis.

Tabela 4.2 Estimativas de variância genética (σ_g^2), fenotípica (σ_f^2) e da interação entre genótipos e anos/gerações (σ_{ga}^2), herdabilidade (h^2) e ganho esperado com a seleção direta (GS, %), para reação à murcha de fusário em 73 progênieis da

população BRS Notável / BRS Supremo, avaliadas nas safras de inverno nos anos/gerações 2018/F_{2:4} e 2019/F_{2:5}.

Parâmetro	<i>Conjunta</i>	2018/F _{2:4}	2019/F _{2:5}
σ_g^2	1,4	1,6	1,5
σ_f^2	1,5	1,9	1,8
σ_{ga}^2	0,2	-	-
h^2 (%)	90,6	86,8	82,4
Média das progênes	5,8	6,1	5,5
Média das progênes selecionadas	4,0	3,9	3,6
GS (%)	-28,5	-31,0	-28,6

4.3.2 Mapa de ligação

Foram obtidos 53.154 marcadores, por meio da genotipagem DArTseq, sendo 26.462 SNPs e 26.692 SilicoDArTs. Foram eliminadas marcas monomórficas e mantidas as marcas polimórficas que atenderam o *call rate* ($\geq 80\%$), restando 5.726 marcadores polimórficos (10,8%) (Apêndice C). O baixo nível de polimorfismo obtido em relação às populações de cruzamentos entre genitores de *pools* gênicos diferentes, pode ser explicado por vários fatores, entre eles o fato de os dois genitores pertencerem ao mesmo *pool* gênico (Mesoamericano) e mesma raça (mesoamericana) (Cortés et al., 2011). Torres (2020) também identificou baixa porcentagem (27,7%) de marcadores polimórficos em outra população de origem mesoamericana e mesmos tipos de marcadores. Baixo polimorfismo também foi relatado em outros trabalhos, variando entre 14,1 e 38,5% (Kamfwa et al., 2018; Hagerty et al., 2015; Cichy et al., 2014). Em populações obtidas de combinações entre genitores de *pool* gênicos diferentes, esses valores são maiores, com estimativas variando entre 39,3 e 86,2% (Silva et al., 2018; Wang et al., 2018; Cortés et al., 2011). O tipo de marcador molecular utilizado na construção do mapa pode diferir quanto à habilidade em detectar o polimorfismo.

Dos 5.726 marcadores polimórficos testados pelo teste do qui-quadrado, 2.468 marcadores (1.065 SNPs e 1.403 SilicoDArTs) se ajustaram à proporção esperada para uma população F₂: 1:2:1 para marcadores codominantes (SNPs) e 3:1 para os marcadores dominantes (SilicoDArTs), representando 43,1%. Torres (2020) obteve maior número de marcadores (3.546) que se ajustaram a proporção esperada para uma população F₂, superior

ao aqui observado (2.468) (Apêndice D), o que pode estar relacionado ao tamanho da população amostrada.

A análise de ligação genética dos 2.468 marcadores originou 11 cromossomos, com 493 marcadores mapeados (297 SNPs e 175 SilicoDArTs). As demais marcas não apresentaram ligação pelos parâmetros estabelecidos (fração de recombinação máxima de 0,25 e LODmínimo de 6) ou se sobrepuseram nas marcas já posicionadas. Isso pode ter ocorrido pelo reduzido número de progênies, o que faz com que o número de eventos de recombinações entre os marcadores seja menor. O comprimento do mapa variou de 67,1 cM (Chr01B) a 207,9 cM (Chr04) nos diferentes cromossomos, com o comprimento total de 1598,6 cM (Tabela 4.3, Apêndice E). Na literatura, os mapas de ligação para o conjunto de cromossomos do feijão têm variado de 279,0 cM a 3068,8 cM (Torres 2020; Silva et al., 2018; Wang et al., 2018; Vasconcellos et al., 2017; Fall et al., 2001).

Tabela 4.3 Informações dos marcadores no mapa de ligação, com base na população F₂ de progênies da população BRS Notável / BRS Supremo.

Crom. ¹	Nº de marcas ²		Total	Tamanho ³ (cM)	Maior dist. ⁴ (cM)	Dist. Média ⁵ (cM)
	SNP	DArT				
Chr01A	11	11	22	91,4	13,5	4,3
Chr01B	13	6	19	67,1	13,4	3,7
Chr02	32	19	51	144,0	11,0	2,9
Chr03A	10	10	20	91,1	12,6	4,8
Chr03B	28	6	34	114,5	17,4	3,5
Chr04	13	19	32	207,9	18,6	6,7
Chr05	29	13	42	103,3	9,4	2,5
Chr06	39	13	52	103,6	9,6	2,0
Chr07	2	13	36	137,8	14,1	4,0
Chr08	40	12	52	179,1	11,6	3,5
Chr09	17	9	26	99,3	11,1	4,0
Chr10	20	21	41	113,1	16,2	2,8
Chr11A	14	12	26	70,3	10,6	2,8
Chr11B	29	11	40	76,3	5,3	2,0
Média	21	13	35	114,2	12,5	3,5

Total	297	175	493	1598,6	-	-
-------	-----	-----	-----	--------	---	---

¹Cromossomo; ²Número de marcas alocadas no grupo de ligação; ³Tamanho do mapa de ligação; ⁴Maior distância entre as marcas no grupo de ligação; ⁵Distância média entre as marcas no mapa de ligação; ⁶ Porcentagem das distâncias entre as marcas que foram ≤ 5 .

Diversos fatores afetam o tamanho do mapa, como o reduzido tamanho populacional, que proporciona o aumento da distância entre os locos e a similaridade genética dos genitores, que também pode aumentar a distância, devido à falta de polimorfismo entre os genitores para a maioria dos locos. Para a construção do mapa, Torres (2020), ao trabalhar com 165 progênies de uma população de mapeamento obtida do cruzamento de duas cultivares do *pool* gênico Mesoamericano, obteve maior número de marcadores mapeados (702), e mapa com comprimento total de 3069 cM, superior ao observado neste trabalho, o que pode estar relacionado ao maior número de progênies avaliadas.

O baixo polimorfismo pode resultar também do cruzamento entre cultivares modernas. No entanto, o uso de genitores elite para a obtenção da população de mapeamento permite a introdução de QTLs por meio de cruzamentos simples, sem requerer estratégias de retrocruzamento. Nos cruzamentos envolvendo um genótipo elite e um genótipo exótico, utilizando o genitor elite como recorrente, necessitam-se de vários ciclos de retrocruzamentos para produzir uma progênie sem as características indesejáveis do genótipo não-adaptado. Além disso, o tamanho da população também pode interferir no polimorfismo, reduzindo a saturação do mapa de ligação. Têm sido mais indicados cerca de 200 indivíduos para uma adequada amostragem de gametas recombinantes (Boopathi, 2020; Bhering e Cruz, 2008; Silva et al., 2007; Ferreira et al., 2006). Neste trabalho foi avaliada uma população de mapeamento com 73 progênies, número semelhante ao utilizado por Fall et al. (2001), que avaliaram 76 RILs. Já Torres (2020) utilizou 165 progênies. Embora esses números de progênies sejam menores, eles permitem identificar a região genômica onde o QTL está localizado, para posteriormente se aproximar dos genes de interesse. O intervalo de confiança para esta região gênica pode conter muitos genes, sendo necessário um maior refinamento da região para se aproximar do gene de interesse.

No presente trabalho mais do que um grupo foi obtido para três cromossomos (Tabela 4.3). Os subgrupos foram formados na ausência de marcas polimórficas em regiões genômicas dos cromossomos 1, 3 e 11, fato que pode resultar dos eventos de recombinação não amostrados em função do reduzido tamanho da população ($n= 73$), conforme também

relatado por Hagerty et al. (2015). A distância média considerando todos os cromossomos foi de 3,54 cM e variou de 1,96 (Chr11) a 6,71 cM (Chr04).

É também de grande importância o correto ordenamento dos marcadores para a detecção do número de genes no intervalo, e assim promover adequada anotação gênica.

4.3.3 Mapeamento de QTLs

O estudo da herança da resistência à murcha de fusário é complexo. Apesar de ser uma doença importante, há poucos estudos em condições de campo (Torres, 2020; Valdo, 2017). Há relatos da resistência ser controlada por um gene (Ribeiro e Hagedorn, 1979) e por mais de um gene (Torres, 2020; Fall et al., 2001; Cross et al., 2000). Ao todo foram identificados três QTLs (Figura 1), todos no cromossomo 7, considerando a análise conjunta e os dois anos/gerações (Tabela 4.4). Os $LOD_{críticos}$ para cada QTL identificado foram de 3,9 (Conjunta), 4,3 (2018/F_{2:4}) e 3,7 (2019/F_{2:5}) (Figura 1). O QTL identificado no cromossomo 7, mapeado com base na análise conjunta, foi denominado de FOP7.1^{NS}. No pico do QTL está localizado o marcador SNP_Chr07_28294499_M12143, na posição física de 28,3 Mb no cromossomo 7, que explicou 44,8% da variação para a reação à murcha de fusário (Tabela 4.4) com LOD de 11,7, indicando genes de grande efeito no controle da reação à murcha de fusário.

O QTL FOP7.2^{NS} observado no ano/geração 2018/F_{2:4}, foi o que explicou a maior parte da variação para reação à murcha de fusário, 50,4%, com LOD de 11,4 (Figura 1). Já o QTL FOP7.3^{NS}, também mapeado no cromossomo 7, no ano/geração 2019/F_{2:5}, explicou 25,1% da variação fenotípica, com LOD de 5,5. Adicionalmente, os três QTLs explicaram grande parte da variação fenotípica, indicando o potencial da utilização de marcadores associados para a obtenção de cultivares resistentes à murcha de fusário. Os três QTLs apresentaram regiões de intercessão, indicando serem um único QTL, estável nos diferentes anos/gerações (Tabela 4.4). Dado que a variação fenotípica não foi totalmente explicada (50,4% no ano/geração 2018/F_{2:4}, 25,1% no ano/geração 2019/F_{2:5} e 44,8% 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).

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 explicou 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). É importante ressaltar que caracteres controlados por QTLs de grande efeito, quando avaliados em condições controladas, podem ser interpretados como controlados por um ou poucos genes, uma vez que sofrem pouca influência ambiental. No presente trabalho, a avaliação foi realizada em campo, onde a interação dos genótipos com o ambiente ocorreu em condições naturais de cultivo. Outro aspecto relativo ao trabalho de Fall et al. (2001) é que 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.

Valdo (2017), utilizando marcadores do tipo SNPs (*Single Nucleotide Polymorphism*) e SSRs (microssatélites) identificaram QTLs em população avaliada em condições controladas, inoculada com o isolado BRM 28134 (raça 2) de *F. oxysporum* f. sp. *phaseoli*, e em condições de campo, com infestação natural de *F. oxysporum* f. sp. *phaseoli*, e irrigação por pivô central. O marcador que mais explicou da variação fenotípica foi identificado no cromossomo 8, com 21,5% e 20,2% da variação fenotípica em condições controladas, e 10,2% em campo, na safra de inverno, em população obtida de Ouro Branco (resistente) e CNFP 10132 (suscetível, grãos pretos), sendo identificado o mesmo marcador, demonstrando estabilidade entre os ambientes. Torres (2020), ao trabalhar com a população obtida a partir das cultivares BRS FP403 e BRS Horizonte, ambas do *pool* gênico Mesoamericano, identificou seis QTLs em cinco cromossomos (Chr01, Chr02, Chr03, Chr04 e Chr11), explicando entre 5,8 e 40,5% da reação à murcha de fusário, em campo infestado com *F. oxysporum* f. sp. *phaseoli*, o que sugere genes de grande e pequeno efeito no controle da resistência à murcha de fusário. Entre esses QTLs, o do cromossomo 2 foi o mais importante, explicando 40,5%.

É interessante ressaltar que o QTL mapeado no presente trabalho está no cromossomo 7, sendo, portanto, diferente dos identificados por Torres (2020). Isso indica a possibilidade futura de piramidação dos QTLs identificados nos dois trabalhos visando a aumento da resistência à murcha de fusário, principalmente dos que explicaram grande parte da variação fenotípica: FOP7.1^{NS} ($R^2 = 44,8\%$), identificado neste trabalho, no cromossomo 7, e o FOP2.3^{403H} ($R^2 = 40,5\%$), no cromossomo 2, identificado por Torres (2020).

Os marcadores potenciais para cada QTL foram o “SNP_Chr07_28294499_M12143”, na análise conjunta e no ano/geração 2019/F_{2:5}) e o “DArT_Chr07_8675078_M10352” no ano/geração 2018/F_{2:4}. Para o ano/geração 2018/F_{2:4} o marcador identificado é dominante, porém o ideal é utilizar marcadores codominantes, que permitem a discriminação dos locos em heterozigose e em homozigose na população segregante (Singh e Singh, 2015), auxiliando na identificação da associação do marcador aos genótipos homozigotos resistentes. Desta forma, dentro do intervalo do QTL, o marcador codominante mais próximo foi o “SNP_Chr07_28294499_M12143”, o mesmo identificado nos outros dois QTLs (Tabela 4.4). Assim, a presença deste marcador em todos os ambientes avaliados indicou estabilidade entre os ambientes.

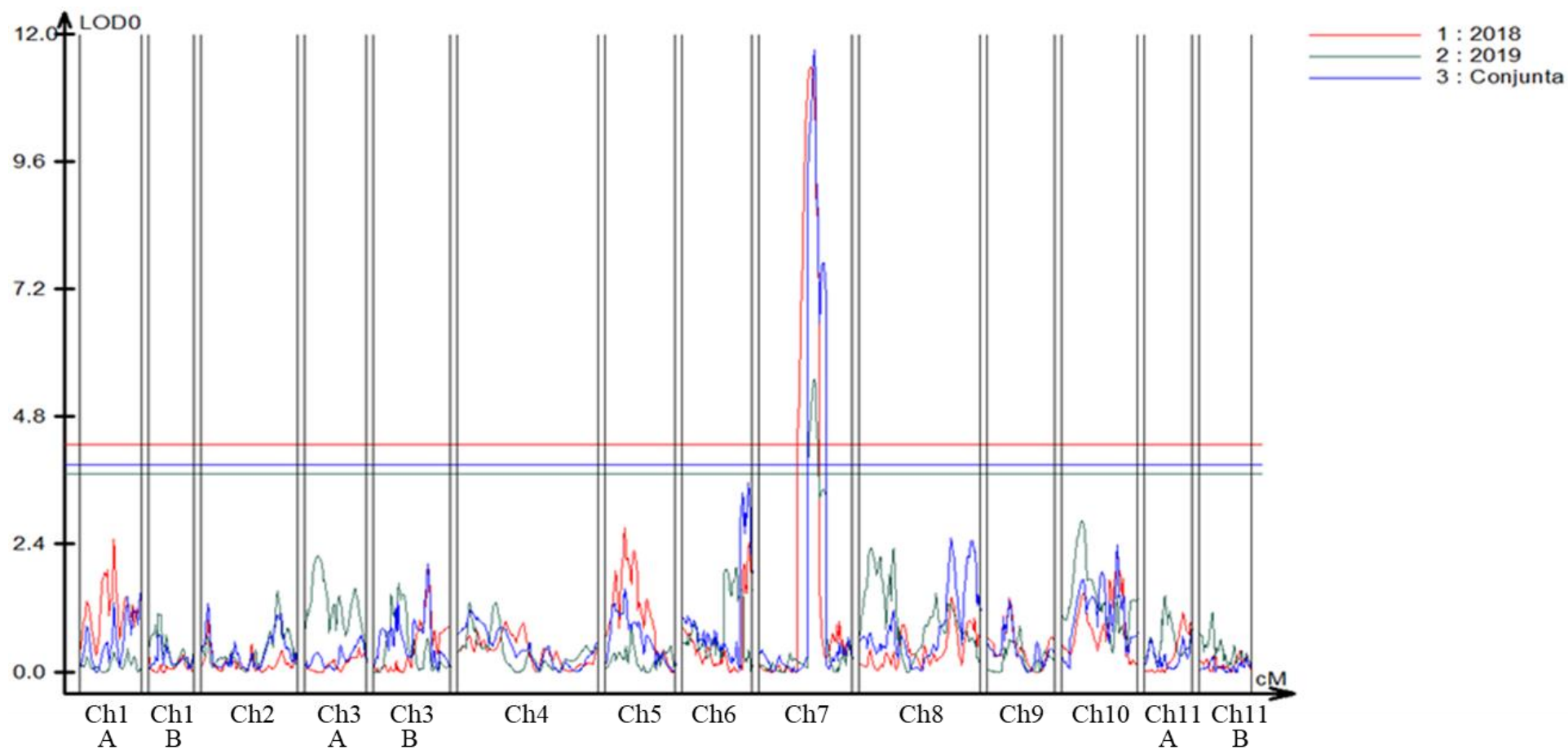


Figura 4.1 Gráfico dos QTLs para reação à murcha de fusário na população BRS Notável / BRS Supremo, obtido pelo modelo de Mapeamento por Intervalo Composto (CIM). Na horizontal encontram-se os cromossomos (Ch1 ao Ch11), aqueles que formaram subgrupos foram nomeados com A e B.

Tabela 4.4 QTLs identificados controlando a reação à murcha de fusário em progênies da população de feijão BRS Notável / BRS Supremo, com base na análise conjunta (Conj.) das avaliações realizadas nas safras de inverno nos anos/gerações 2018/F_{2:4} e 2019/F_{2:5}.

QTL	Crom. ¹	Ano	Intervalo			Marcador potencial – SAM ⁵	Posição (cM) ⁶	R ² (%) ⁷	LOD	Ef. Adit. ⁸
			Nº Marc. ²	(cM) ³	(Mb) ⁴					
FOP7.1 ^{NS}	Chr07	Conj.	2	75,5 - 80,6	12,0 - 28,3	SNP_Ch07_28294499_M12143	80,6	44,8	11,7	-1,24
FOP7.2 ^{NS}	Chr07	2018	4	55,5 - 80,6	5,1 - 28,3	DArT_Ch07_8675078_M10352	69,6	50,4	11,4	-1,44
						SNP_Ch07_28294499_M12143	80,6	42,0	10,7	-1,31
FOP7.3 ^{NS}	Chr07	2019	4	69,6 - 82,0	8,7 - 28,4	SNP_Ch07_28294499_M12143	80,6	25,1	5,5	-1,01

¹Cromossomo; ²Número de marcas no intervalo do QTL; ³Intervalo do QTL no mapa de ligação; ⁴Intervalo do QTL no mapa físico (pb) transformado em Mb; ⁵Marcador potencial para aplicação na seleção assistida por marcadores moleculares; ⁶ Posição do marcador potencial no mapa de ligação; ⁷Coeficiente de determinação: porcentagem que a marca explica do fenótipo; ⁸Efeito aditivo.

A identificação de QTLs de grande efeito permite o desenvolvimento de marcadores associados à maior variação do fenótipo, facilitando a seleção de linhagens elite resistentes à murcha de fusário, por meio da seleção assistida por marcadores. Os alelos dos marcadores potenciais de cada QTL que contribuíram para a redução da nota, e assim no aumento da resistência, foram provenientes do genitor BRS Notável (Figura 4.2), como esperado, por este ser a fonte da resistência.

Os valores dos efeitos aditivos variaram de -1,01 a -1,44 (Tabela 4.4), evidenciando que os alelos provenientes de BRS Notável agem na redução da severidade da doença. Pelo teste de Wilcoxon foi identificada significância na diferença dos alelos para todos os marcadores potenciais: SNP_Chr07_28294499_M12143 ($p = 1,93e^{-6}$) na análise conjunta; DArT_Chr07_8675078_M10352 ($p = 1,02e^{-5}$) e SNP_Chr07_28294499_M12143 ($p = 3,58e^{-6}$) no ano/geração 2018/F_{2:4}; e SNP_Chr07_28294499_M12143 ($p = 1,08e^{-4}$) no ano/geração 2019/F_{2:5}. Assim, os indivíduos com alelo B (alelos em homozigose provenientes do genitor resistente BRS Notável) ou com alelo C (alelos homozigotos provenientes de BRS Notável e/ou heterozigotos) apresentaram maior resistência em relação aos que possuem alelo A (alelos homozigotos provenientes de BRS Supremo) (Figura 4.2).

Do ponto de vista do melhoramento genético esses resultados são importantes, pois indicam que estes marcadores têm potencial para serem convertidos em ferramentas moleculares e utilizados na seleção assistida por marcadores moleculares e que diferentes programas de melhoramento podem utilizar a cultivar BRS Notável como genitor resistente para desenvolver novas cultivares resistentes à murcha de fusário. Para que os marcadores identificados possam ser utilizados como ferramenta para seleção assistida por marcadores é necessário que sejam obtidas sondas a partir das sequências dos marcadores identificados, e realizada a validação em outras populações, obtidas a partir do genitor BRS Notável.

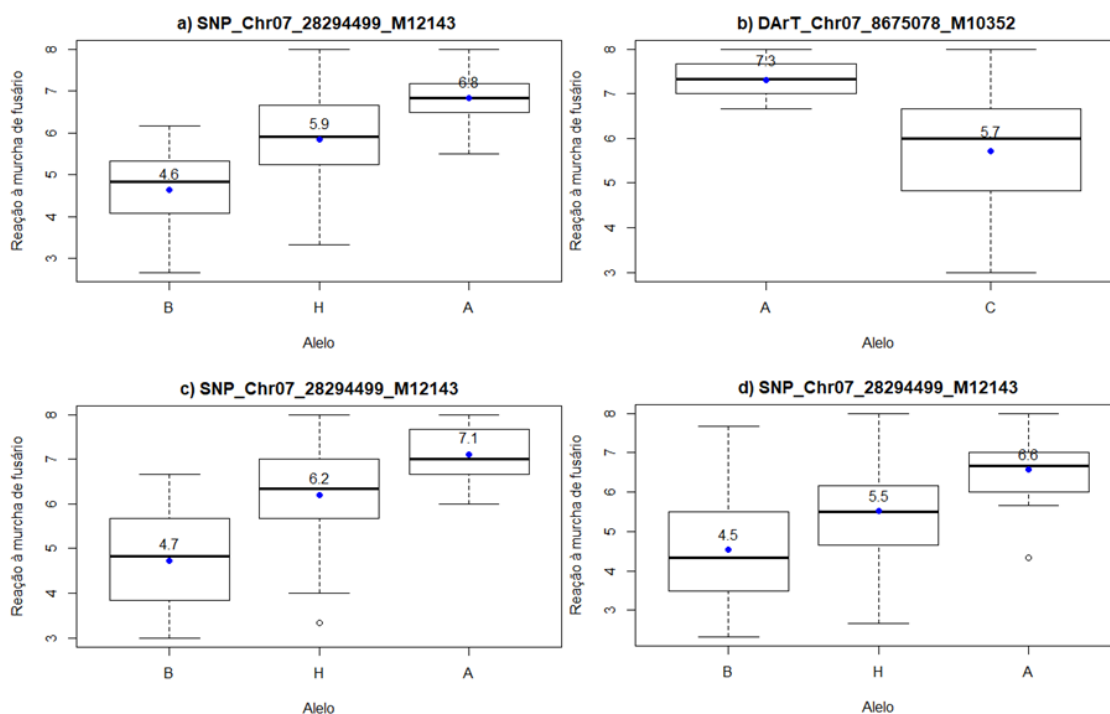


Figura 4.2 Gráficos box plot com base nas médias das progênies e no marcador identificado na análise de QTL, nos anos/gerações: **a)** conjunta dos anos/gerações, **b)** 2018/F_{2:4} / SilicoDArT, **c)** 2018/F_{2:4} / SNP e **d)** 2019/F_{2:5}. A e B: alelos em homocigose provenientes dos parentais BRS Supremo e BRS Notável, respectivamente; H: heterocigotos; C: alelos homocigotos provenientes de BRS Notável e/ou heterocigotos.

4.3.4 Genes anotados

Foram localizados 2.100 transcritos dentro do intervalo dos três QTLs identificados. Destes, 42 transcrevem para Repetições Ricas em Leucina (*Leucine-Rich Repeats* (LRR)), que podem estar associadas a resistência em plantas (Schmutz et al., 2014). Foram observados 488 transcritos no intervalo do QTL/Conjunta (FOP7.1^{NS}), sendo que seis codificam para *Leucine-Rich Repeat* (LRR). O total de 937 e 675 genes foram encontrados no intervalo do QTL/2018 e QTL/2019, sendo que destes 21 e 15 genes, respectivamente, transcrevem para *Leucine-Rich Repeat* (LRR) (Tabela 4.5).

O marcador potencial “SNP_Chr07_28294499_M12143” (28,3 Mb) identificado nos QTLs FOP7.1^{NS} ($R^2 = 44,8\%$), FOP7.2^{NS} ($R^2 = 42,0\%$) e FOP7.3^{NS} ($R^2 = 25,1\%$), com base na conjunta e nos anos/gerações de 2018/F_{2:4} e 2019/F_{2:5}, está localizado próximo ao gene Phvul.007G160901 (27,2 Mb), que codifica para *Leucine-Rich Repeat* (LRR), com uma distância de 1,1 Mb e à 2,3 Mb do gene Phvul.007G153400 (25,9 Mb), que codifica para proteína quinase e diferentes tipos de domínios de *Leucine-Rich Repeat* (LRR), já nesta mesma posição (27,2 Mb) no genoma mesoamericano, foram

anotados três genes, são eles os genes Meso_PHASIBEAM10F029340 e Meso_PHASIBEAM10F030132, apresentam a sequência do gene Phvul.007G160901, já descrito, com distância entre eles de 65 pb, seus transcritos indicam serem genes N associados a resistência ao Vírus do Mosaico do Tabaco (TMV), atuando na morte celular. O gene N é um gene R que codifica para três domínios: TIR-NBS-LRR (Cillo e Palukaitis, 2014). Na posição 27, 6 Mb o gene Meso_PHASIBEAM10F006867 também anotado para o mesoamericano, 36,1 Kb de distância dos genes anotados para resistência a Vírus do Mosaico do Tabaco, está associado a receptores *Leucine-Rich Repeat* (LRR) e receptores quinases (*Serine/Threonine-Protein Kinase*).

Assim como o marcador potencial “DArT_Chr07_8675078_M10352” (8,6 Mb), identificado no QTL FOP7.2^{NS} ($R^2 = 50,4\%$), no ano/geração de 2018/F_{2:4}, que está posicionado a 150 Kb do gene Phvul.007G084400 (8,5 Kb), que também codifica para proteína quinase e diferentes tipos de domínios de *Leucine-Rich Repeat* (LRR). Torres (2020) identificou maior número de transcritos (40) no cromossomo 2, em um intervalo de 5,5 Kb (27,2 Mb a 32,7 Mb), com uma distância de 215 Kb do marcador “SNP_Chr02_26953819_M2554” (26,9 Mb).

Tabela 4.5 Anotação gênica nos intervalos dos QTLs associados à reação à murcha de fusário, identificados no cromossomo 7, na população de feijão BRS Notável / BRS Supremo, avaliada nas safras inverno/2018, inverno/2019 e na análise conjunta dos anos/gerações (Conj.).

QTL	Ano	Intervalo (Mb) ¹	Total transcrito	Transcrito/ função atribuída	Transcrito/ resistência ²	Intervalo (Mb) ³
FOP7.1 ^{NS}	Conj.	12,0-28,3	488	408	6	17,9-27,2
FOP7.2 ^{NS}	2018	5,1-28,3	937	798	21	5,3-27,2
FOP7.3 ^{NS}	2019	8,7-28,4	675	575	15	8,7-27,2

¹Intervalo do QTL no mapa físico (pb) transformado em Mb; ²Transcritos/resistência, foram definidos pelos transcritos para proteína rica em leucina repetida (LRR); ³Intervalo dos transcritos/resistência no mapa físico (pb) transformado em Mb.

Os genes de resistência são frequentemente organizados em cluster de genes proximamente ligados, no feijão e em outras culturas (Schmutz et al., 2014; Miklas et al., 2006). No intervalo do QTL FOP7.1^{NS}, no cromossomo 7, associado à reação à murcha de fusário, foram identificados seis genes transcrevendo para *Leucine-Rich Repeat* (LRR) (Tabela 4.5) em um intervalo de 9,3 Mb (17,9 a 27,2 Mb). Hagerty et al. (2015) observaram um QTL no cromossomo 7 (FRR7.1) explicando 22% da variação para a reação à podridão radicular causada por *Fusarium solani*, que também é uma doença de solo. Vasconcellos et al. (2017) observaram três QTLs relacionados a reação ao mofo branco (*Sclerotinia sclerotiorum*) no cromossomo 7 (WM7.1, WM7.4 e WM7.5), com marcadores potenciais nas posições de 3,3 Mb, 5,4 Mb e 36,8 Mb, explicando de 18 a 27% da resistência. Entre esses, o QTL que explicou maior parte da variação foi o WM7.1, com marcador potencial na posição de 5,4 Mb, relativamente próximo (~18,0 Kb) ao transcrito Phvul.007G063200 (5,6 Mb), identificado no intervalo do QTL FOP7.2^{NS}, que codifica para receptores *Leucine-Rich Repeat* (LRR) e proteínas ricas em receptores quinases (*Serine/Threonine-Protein Kinase*) envolvidos na defesa da planta contra o patógeno (Afzal et al., 2008; McHale et al., 2006). Assim, o cromossomo 7 em que foram localizados QTLs para reação à murcha de fusário, também apresenta genes de resistência a outras doenças que acometem o feijão.

4.4 CONCLUSÕES

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

O mapa de ligação construído com marcadores SNPs e SilicoDArTs possibilitou a identificação do marcador potencial “SNP_Chr07_28294499_M12143” identificado no QTL FOP7.1^{NS}, no cromossomo 7, que explicou 44,8% da variação fenotípica, com base na análise conjunta.

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. 507–517, 2008.
- BATISTA, R. O. *et al.* Inheritance of resistance to fusarium wilt in common bean. **Euphytica**, v. 213, n. 133, p. 213-133, 2017.
- BHERING, L. L.; CRUZ, C. D. Tamanho de população ideal para mapeamento genético em famílias de irmãos completos. **Pesquisa agropecuária brasileira**, v. 43, n. 3, p. 379-385, 2008.
- BOOPATHI, N. M. Mapping Population Development, In. **Genetic Mapping and Marker Assisted Selection: Basics, Practice and Benefits**, Springer, 2. ed., 2020. 69-106 p.
- BORBA, M. C. de; 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.
- BRICK, M. A. *et al.* Resistance to multiple races of fusarium wilt in common bean. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, n. 47, p. 131–132, 2004.
- BROMAN, K. W.; SEN, S. **A Guide to QTL Mapping with R/qtl**. New York: Springer, 2009.
- CÂNDIDA, D. V. *et al.* Controle genético da murcha do fusário (*Fusarium oxysporum*) em feijoeiro comum. **Tropical Plant Pathology**, v. 34, n. 6, p. 379-384, 2009.
- CARNEIRO, J. E. S. BRSMG Madrepérola: common bean cultivar with late-darkening Carioca grain. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 12, p. 281-284, 2012.
- CICHY, K. A. *et al.* QTL analysis of canning quality and color retention in black beans (*Phaseolus vulgaris* L.). **Molecular breeding**. v. 33, n. 1, p. 139-154, 2014.
- CILLO, F., PALUKAITIS, P. Control of plant virus diseases. In. LOEBENSTEIN G., KATIS, N. **Advances in Virus Research**, v. 90, ed. 1, 2014, p. 530.
- CORE TEAM. **R: A Language and Environment for Statistical Computing (Version 3.5. 2, 2018)**. Vienna, Austria: R Foundation for Statistical Computing, 2019.
- CORTÉS, A. J.; CHAVARRO, M. C.; BLAIR, M. W. SNP marker diversity in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Theoretical and Applied Genetics**, v. 123, n. 5, p. 827–845, 2011.
- COSTA J. G. C. *et al.* BRS 7762 Supremo - A Black Common Bean Cultivar with Erect Plant Type. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 6, p. 182-84, 2006.

CHEN, L. *et al.* Combined De Novo transcriptome and metabolome analysis of Common Bean response to *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli* infection. **International Journal of Molecular Sciences**, v. 20, n. 24, p. 6278, 2019.

CROSS, H. *et al.* Inheritance of resistance to Fusarium wilt in two common bean races. **Crop Science**, v. 40, n. 4, p. 954-958, 2000.

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

DOYLE, J. J.; DOYLE, J. L. Isolation of plant DNA from fresh tissue. **Focus**, v. 12, n. 1, p. 13-15, 1990.

EMBRAPA ARROZ E FEIJÃO. **Dados conjunturais da produção de feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) e caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp) no Brasil (1985 a 2019): área, produção e rendimento**. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2020. Disponível em: <<http://www.cnpaf.embrapa.br/socioeconomia/index.htm>>. Acesso em: 28 jan. 2021.

FALL, A. L. *et al.* Detection and mapping of a major locus for Fusarium wilt resistance in common bean. **Crop science**, v. 41, n. 5, p. 1494-1498, 2001.

FARIA, L. C. *et al.* BRS Cometa: a carioca common bean cultivar with erect growth habit. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, n. 8, p. 167-169, 2008.

FERREIRA, A. *et al.* Estimating the effects of population size and type on the accuracy of genetic maps. **Genetics and Molecular Biology**, v. 29, n. 1, p. 187-192, 2006.

HAGERTY, C. H. *et al.* 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.

KAMFWA, K. *et al.* QTL mapping of resistance to bean Weevil in common bean. **Crop Science**, v. 58, n. 6, p. 2370-2378, 2018.

KAMFWA, K. *et al.* Identification of QTL for Fusarium Root Rot Resistance in Common Bean. **Crop Science**, v. 27, n. 4, p. 406-418, 2013.

KILIAN, A. *et al.* 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**. 1. ed. Totowa: Humana Press. 2012. cap 5, p. 67- 89.

KOSAMBI, D. D. The estimation of map distance from recombination values. **Annuaire of Eugenetics**, v. 12, p. 505-525, 1944.

MARGARIDO, G. R. A.; SOUZA, A. P.; GARCIA, A. A. F. OneMap: software for genetic map in outcrossing species. **Hereditas**, v. 144, n. 3, p. 78-79, 2007.

- MELO, L. C. ed. **Procedimentos para condução de experimentos de Valor de Cultivo e Uso em Feijoeiro-Comum**. Embrapa Arroz e Feijão – Documentos. 2009. (Documentos, 239).
- MELO, L. C. *et al.* BRS FC402: high-yielding common bean cultivar with carioca grain, resistance to anthracnose and fusarium wilt. **Crop Breeding Applied Biotechnology**, v. 17, n. 1, p. 67-71, 2017.
- MELO, L. C. *et al.* BRS Estilo – Common bean cultivar with Carioca grain, upright growth and high yield potential. **Crop Breeding Applied Biotechnology**, v. 10, n. 4, p. 377-379, 2010.
- MCHALE, L. *et al.* Plant NBS-LRR proteins: adaptable guards. **Genome biology**, v. 7, n. 4, p. 1-11, 2006.
- MIKLAS, P. N.; PORCH, T. Guidelines for common bean QTL nomenclature. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, v. 53, p. 202–204, 2010.
- MIKLAS, P. N. *et al.* Common bean breeding for resistance against biotic and abiotic stresses: From classical to MAS breeding. **Euphytica**, v. 147, n. 1-2, p. 105–131, 2006.
- PEREIRA, D. G. **Melhoramento de feijoeiro-comum com grãos pretos para resistência a murcha de fusário**. 2016. 99f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2016.
- PEREIRA, D. G. *et al.* 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. 3, p. GMR18276, 2019.
- PEREIRA, D. G. *et al.* Genetic potencial of fusarium wilt-resistant elite common bean lines assessed in multiple environments. **Genetics and Molecular Research**, v. 19, n. 2, p. gmr18617, 2020a.
- PEREIRA, H. S. *et al.* Genotype by environment interaction for disease resistance and other important agronomic traits supporting the indication of common bean cultivars. **Euphytica**, v. 214, n. 12, p. 1-11, 2018.
- PEREIRA, H. S. *et al.* **BRS FC409: cultivar de feijoeiro-comum com alto valor comercial e nutricional, resistência à murcha de *Fusarium* e à murcha de *Curtobacterium***. Embrapa Arroz e Feijão-Comunicado Técnico. 2020b. (Comunicado técnico, 255).
- PEREIRA, H. S. *et al.* Resistance to fusarium wilt in common bean cultivars and lines in pre-commercial stage. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, v. 59, p. 103-104, 2016.
- PEREIRA, M. J. Z.; RAMALHO M. A. P.; ABREU Â. 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, M. J. Z.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, Â. F. B. Reação de linhagens de feijoeiro ao fungo *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli* em condições controladas. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 35, n. 5, p. 940-947, 2011.

PEREIRA, H. S. *et al.* **BRS Notável - cultivar de feijoeiro comum carioca semiprecoce com alto potencial produtivo e resistência a doenças**. Embrapa Arroz e Feijão-Comunicado Técnico, 2012. (Comunicado técnico, 202).

PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. 15. ed. Piracicaba: FEALQ, 2009, 45 p.

RAMALHO, M. A. P. *et al.* **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: UFLA, 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.

ROCHA, J. R. A. S. C. *et al.* Selection of superior inbred progenies toward the Common bean ideotype. **Agronomy Journal**, n. 3, v.3, 2019.

SALGADO, M. O.; SCHWARTZ, H. F.; BRICK, M. 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. *et al.* A reference genome for common bean and genome-wide analysis of dual domestications. **Nature genetics**, v. 46, n. 7, p. 707-13, 2014.

SILVA, L. C. *et al.* Linkage fine-mapping and QTLs affecting morpho-agronomic traits of a Mesoamerican× Andean RIL common bean population. **Euphytica**. v. 14, n. 12, p. 221, 2018.

SILVA, L. C. *et al.* Simulation of population size and genome saturation level for genetic mapping of recombinant inbred lines (RILs). **Genetics and Molecular Biology**, n. 30, v. 4, p. 1101-1108, 2007.

SINGH, B. D.; SINGH A. K. **Marker-assisted plant breeding: principles and practices**, New Delhi: Springer India, 2015.

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.

VALDO, S. C. D. **Estudo de resistência à murcha de fusário e identificação de QTLs em feijoeiro-comum**. 2017. 178 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2017.

VASCONCELLOS, R. C. C. *et al.* Meta-QTL for resistance to white mold in common bean. **PLoS One**, v. 12, n. 2, p. 1-22, 2017.

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

VIEIRA, A. F. *et al.* Selection of resistance sources to common bean anthracnose by field phenotyping and DNA marker-assisted screening. **Genetics and Molecular Research**. v. 17, n. 3, p. gmr18066, 2018.

VOORRIPS, R. E. MapChart: software for the graphical presentation of linkage maps and QTLs. **Journal Hereditare**, v. 93, n. 1, p. 77-78, 2002.

WANG, S.; BASTEN, C. J.; ZENG, B. **Windows QTL Cartographer 2.5**. Dep. Stat., North Carolina State University. 2012. Disponível em: <<http://statgen.ncsu.edu/qtlcart/WQTLCart.htm>>. Acesso em: 1 ago. 2020.

WANG, W. *et al.* QTL analysis of Fusarium root rot resistance in an Andean × middle American common bean RIL population. **Crop Science**, v. 58, n. 3, p. 1166-1180, 2018.

ZENG, Z.-B. Precision mapping of quantitative trait loci. **Genetics**, v. 136, n. 4, p. 1457-1468, 1994.

APÊNDICE

Apêndice A. Resumos das análises de variâncias individuais para reação à murcha de fusário avaliadas nas safras de inverno/2018 e inverno/2019, em progênies nas gerações F_{2:4} e F_{2:5}, provenientes do cruzamento entre as cultivares de feijão BRS Notável e BRS Supremo.

Fator de variação	GL ¹	Reação à murcha de fusário			
		2018/F _{2:4}		2019/F _{2:5}	
		QM ²	P-valor	QM	P-valor
Blocos	2	2,3	0,048	5,8	0,003
Genótipos	80	6,0	0,001	5,8	0,001
Testemunhas	7	11,09	0,001	9,5	0,001
Cultivares	5	9,5	0,001	11,1	0,001
Genitores	1	16,7	0,001	4,2	0,040
Genitores vs Cultivares	1	13,35	0,001	6,7	0,009
Progênies (P)	72	5,6	0,001	5,5	0,001
Testemunhas vs Progênies	1	0,3	0,502	1,9	0,161
Resíduo	160	0,7		1,0	
Média Geral		6,1		5,5	
Média Progênies		6,1		5,5	
Amplitude das Progênies		5,0		5,7	
CVe (%) ³		14,1		17,8	
AS ⁴		0,94		0,91	

¹Graus de Liberdade; ²Quadrado Médio; ³Coefficiente de Variação experimental; ⁴Acurácia Seletiva.

Apêndice B. Médias das testemunhas, genitores e das 15 progênie selecionadas pela seleção direta para reação à murcha de fusário, com base na análise conjunta das avaliações realizadas nas safras de inverno nos anos/gerações 2018/F_{2:4} e 2019/F_{2:5}.

Genótipos	Reação à murcha de fusário
PI 339	2,7
PI 455	3,3
PI 342	3,5
PI 374	3,5
PI 472	3,5
PI 328	4,0
PI 363	4,0
PI 443	4,0
PI 489	4,2
PI 502	4,2
PI 465	4,3
PI 414	4,5
PI 475	4,5
PI 429	4,8
PI 451	4,8
IPR Quero-Quero	3,5
BRS FC402	3,8
BRS Notável	4,2
BRS FC409	5,5
BRS Estilo	6,5
BRS Supremo	6,7
BRSMG Madrepérola	7,2
BRS Cometa	7,5
Média testemunhas	5,6
Média progênie	4,0

Apêndice C. Informações dos marcadores SNPs e SilicoDArTs obtidos a partir da genotipagem da população F₂ obtida a partir do cruzamento entre as cultivares de feijão BRS Notável com BRS Supremo

Crom. ¹	SNP	SilicoDArT	<i>Call rate (80%)</i>		Monomórficos		Polimórficos					
			SNP	SilicoDArT	SNP	SilicoDArT	SNP Distorcidos ⁵			SilicoDArT Distorcidos ⁶		
							Sup. ²	Not. ³	Ind. ⁴	Sup. ²	Not. ³	Ind. ⁴
Chr01	1938	1730	1531	1519	1475	1307	17	0	13	9	19	153
Chr02	2425	2213	1944	1955	1835	1688	1	11	15	21	18	170
Chr03	2261	2127	1797	1846	1695	1574	5	0	38	17	29	171
Chr04	1801	1590	1217	1423	1061	1122	2	24	113	9	69	166
Chr05	1491	1304	1085	1084	923	889	6	11	26	11	16	82
Chr06	1768	1502	1349	1285	1169	1055	5	13	40	29	14	116
Chr07	1941	1767	1471	1511	1321	1269	5	9	28	21	11	126
Chr08	2568	2312	1820	1983	1574	1596	9	10	55	18	20	167
Chr09	1851	1702	1524	1473	1472	1267	2	7	14	12	15	154
Chr10	1693	1439	1189	1224	1039	1035	14	6	24	10	18	79
Chr11	2588	1911	1598	1633	1434	1341	16	13	50	25	44	113
Scaff	742	371	460	328	432	275	3	2	9	3	6	37
Contig	3395	6724	2181	6348	1968	5236	11	9	67	44	91	422
Total	26462	26692	19166	23612	17398	19654	96	115	492	229	370	1956

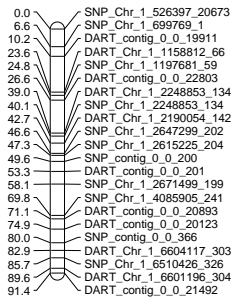
¹Cromossomo; ²BRS Supremo; ³BRS Notável; ⁴Indeterminado, não foi possível identificar os alelos nos genitores; ⁵SNPs distorcidos e ⁶SilicoDArTs distorcidos para um dos genitores; ⁷Não distorcidos para os genitores.

Apêndice D. Informações dos marcadores no mapa de ligação safe, com base na população F₂ de progênies da população BRS Notável / BRS Supremo

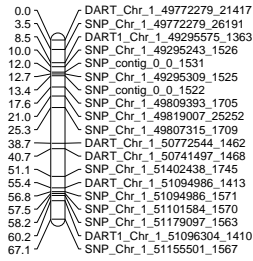
Crom. ¹	Nº marcas não distorcidas ²		Nº marcas ligadas ³			Mapa safe inicial ⁴
	SNP	SilicoDArT	SNP	SilicoDArT	Total	Nº marcas
Chr01	26	31	24	29	53	11
Chr02	82	58	75	61	136	17
Chr03	59	55	46	70	116	25
Chr04	17	57	19	45	64	10
Chr05	119	86	115	122	237	35
Chr06	122	71	12	84	96	22
Chr07	108	84	117	98	215	21
Chr08	172	182	137	164	301	39
Chr09	29	25	16	10	26	15
Chr10	106	82	107	107	214	16
Chr11	85	110	79	99	178	13
Scaff	14	7	-	-	-	-
Contig	126	555	-	-	-	-
Total	1065	1403	747	889	1636	224

¹Cromossomo; ²Nº marcas não distorcidas: ajustaram às proporções esperadas; ³Nº marcas ligadas: marcas ligadas com LOD mínimo de 6 e fração de recombinação máxima de 25%; ⁴Mapa safe inicial: marcas ordenadas e posicionadas no mapa safe.

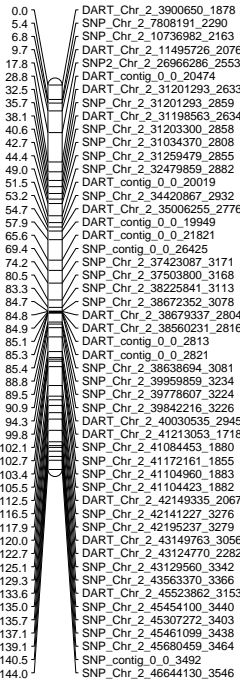
1A



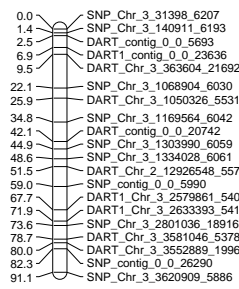
1B



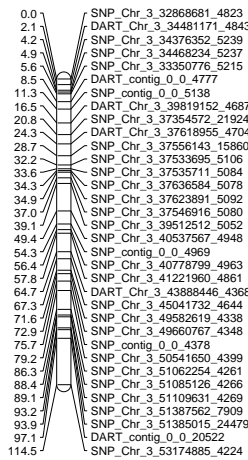
2



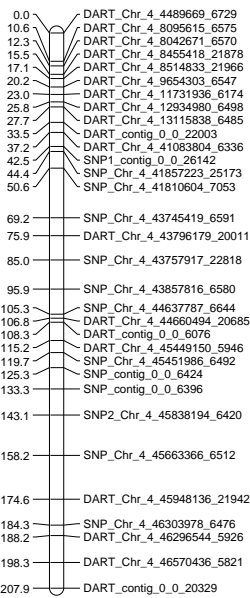
3A



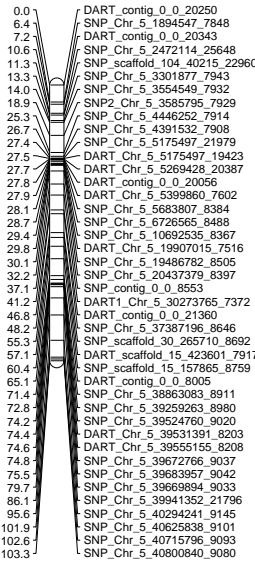
3B



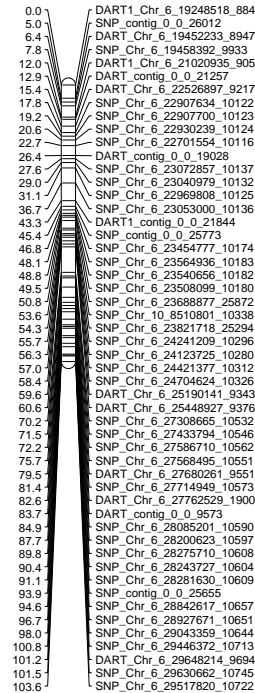
4

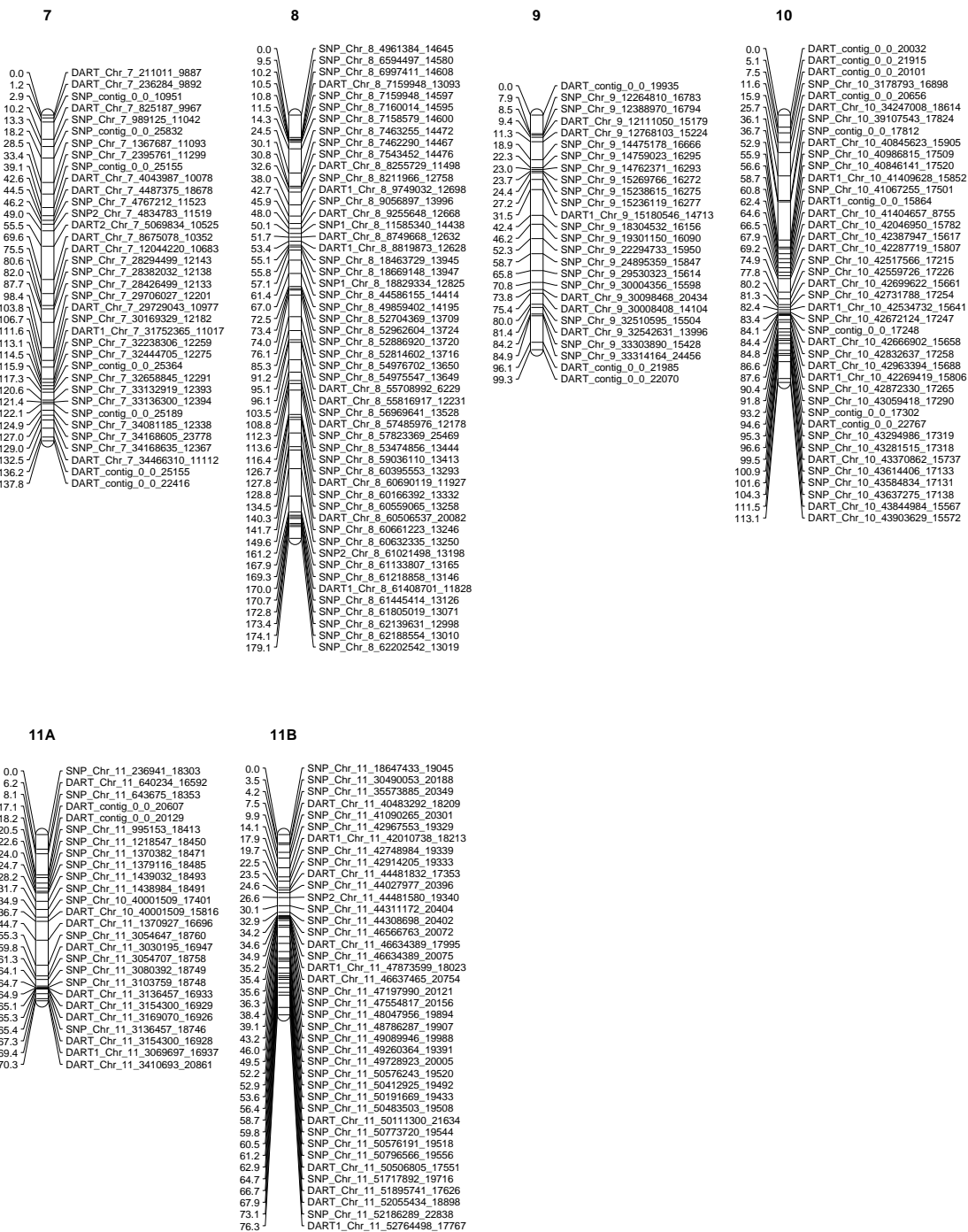


5



6





Apêndice E. Mapa de ligação contendo os marcadores SNPs e SilicoDARTs genotipados na população F₂ do cruzamento entre as cultivares de feijão BRS Notável com BRS Supremo.

5 CONCLUSÕES GERAIS

i) Há predomínio do efeito aditivo para a reação à murcha de fusário e massa de 100 grãos em feijão. Já para a produtividade de grãos houve predomínio do efeito não aditivo.

ii) A cultivar de feijão BRS Notável, com grãos carioca, destaca-se pela alta capacidade combinatória, sendo indicado para realização de novos cruzamentos para aumentar a resistência à murcha de fusário, produtividade e massa de 100 grãos.

iii) As populações BRS Notável / BRS Requite, BRS Ametista / BRS Notável e BRS Ametista / BRSMG Talismã apresentam potencial para extração de linhagens de feijão carioca, resistentes à murcha de fusário, com alta produtividade e 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 de feijão carioca resistentes à murcha de fusário, com alta produtividade e massa de 100 grãos.

v) As linhagens CNFC19126, CNFC19205 e CNFC19131, de grão carioca, apresentam desempenho superior, considerando-se a resistência à murcha de fusário, produtividade, aspecto visual e massa de 100 grãos, simultaneamente.

vi) Foi identificado um QTL controlando a reação à murcha de fusário, na população BRS Notável x BRS Supremo, denominado FOP7.1^{NS} com o marcador potencial “SNP_Chr07_28294499_M12143” explicando 44,8% da variação fenotípica com base na análise conjunta.

A herança da reação à murcha de fusário é quantitativa, com a presença de alguns locos de grande efeito.

6 REFERÊNCIAS

ALVARES, R. C. *et al.* Estimation of genetic parameters and selection of high-yielding, upright common bean lines with slow seed-coat darkening. **Genetics and Molecular Research**, v. 15, n. 4, gmr15049081, 2016.

ALVES-SANTOS, F. M. *et al.* Pathogenicity and race characterization of *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli* isolates from Spain and Greece. **Plant Pathology**, v. 51, n. 5, p. 605-611, 2002.

BATISTA, R. O. *et al.* Resistance to Fusarium wilt in common bean. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 16, n. 3, p. 226-233, 2016.

BATISTA, R. O. *et al.* Inheritance of resistance to fusarium wilt in common bean. **Euphytica**, n. 213, p. 213-133, 2017.

BRICK, M. A. *et al.* Resistance to multiple races of fusarium wilt in common bean. **Annual Reporto of the Bean Improvement Cooperative**, v. 47, p. 131–132, 2004.

CÂNDIDA, D. V. *et al.* Controle genético da murcha do fusário (*Fusarium oxysporum*) em feijoeiro comum. **Tropical plant pathology**, v. 34, p. 379-384, 2009.

COLLARD, B. C. Y. *et al.* An introduction to markers, quantitative trait loci (QTL) mapping and marker-assisted selection for crop improvement: The basic concepts. **Euphytica**, v. 142, p. 169-196, 2005.

CROSS, H. *et al.* Inheritance of resistance to Fusarium wilt in two common bean races. **Crop Science**, v. 40, n. 4, p. 954-958, 2000.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento**. UFV, Viçosa, 2012.

CRUZ, A. F. *et al.* Molecular diversity in *Fusarium oxysporum* isolates from common bean fields in Brazil. **European Journal of Plant Pathology**, v. 152, p. 343-354, 2018.

EMBRAPA ARROZ E FEIJÃO. **Dados conjunturais da produção de feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) e caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp) no Brasil (1985 a 2019): área, produção e rendimento**. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2020. Disponível em: <<http://www.cnpaf.embrapa.br/socioeconomia/index.htm>>. Acesso em: fev. 2021.

FALL, A. L. *et al.* 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, L. U. *et al.* Combining ability as a strategy to selecting common bean parents and populations resistant to white mold. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 18, n. 3, p. 276-283, 2018.
- HENRIQUE, F. H. *et al.* Classification of physiological races of *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli* in common bean. **Bragantia**, n. 1, v. 74, p. 84-92, 2015.
- MAZIERO, S. M.; RIBEIRO, N. D.; STORCK, L. Simultaneous selection in beans for architecture, grain yield and minerals concentration. **Euphytica**, v. 205, n. 2, p. 369-380, 2015.
- MELO, L. C. *et al.* BRS FC402: high-yielding common bean cultivar with carioca grain, resistance to anthracnose and fusarium wilt. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 17, n. 1, p. 67-71, 2017.
- PEREIRA, D. G. *et al.* Selection of parents and segregating populations of black bean resistant to fusarium wilt with high yield and seed weight. **Genetics Molecular Research**, v. 18, n. 3, gmr18276, 2019.
- PEREIRA, H. S. *et al.* BRS Notável: a medium-early-maturing, disease-resistant Carioca common bean cultivar with high yield potential. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 12, n. 3, p. 220-223, 2012.
- PEREIRA, M. J. Z.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, Â. F. B. Estratégias para eficiência da seleção de feijoeiro quanto à resistência à murcha-de-fusário. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 43, n. 6, p. 721-728, 2008.
- PEREIRA, M. J. Z.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, Â. 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.
- RIBEIRO, N. D. *et al.* Consumer preference and the technological, cooking and nutritional quality of carioca beans. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 40, n. 2, p. 651-664, 2019.
- RIBEIRO, R. L. D.; HAGEDORN, D. J. Inheritance and nature of resistance to *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*. **Phytopathology**, v. 69, p. 859-861, 1979.
- RIBEIRO T. *et al.* Selection of common bean lines obtained by the genealogical and bulk methods for disease resistance and agronomic traits. **Chilean journal of agricultural research**, v. 79, n. 3, p. 456-463, 2019.
- ROCHA, J. R. A. S. C. *et al.* Selection of superior inbred progenies toward the common bean ideotype. **Agronomy Journal**, v. 111, n. 3, p. 1181-1189, 2019.
- SALGADO, M. O.; SCHWARTZ, H. F. Physiological specialization and effects of inoculum concentration of *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli* on common beans. **Plant Disease**, v. 77, n. 5, p. 492-496, 1993.

SALGADO, M. O.; SCHWARTZ, H. F.; BRICK, M. 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.

SAMPAIO, A. M. Fusarium Wilt Management in Legume Crops. **Agronomy**, v. 10, n. 8, 2020.

SILVA, L. C. *et al.* Linkage fine-mapping and QTLs affecting morpho-agronomic traits of a Mesoamerican×Andean RIL common bean population. **Euphytica**, v. 214, n. 221, p. 1-15, 2018.

SINGH, S. P.; SCHWARTZ, H. F. Breeding common bean for resistance to diseases: a review. **Crop Science**, v. 50, n. 6, p. 2199–2223, 2010.

SOUZA, T. L. P. O. *et al.* **Cultivares de feijão comum da Embrapa e parceiros disponíveis para 2013**. Embrapa Arroz e Feijão - Comunicado Técnico. 2013. (Comunicado Técnico, 211). Disponível em: <<https://www.embrapa.br/busca-de-publicacoes/-/publicacao/953722/cultivares-de-feijao-comum-da-embrapa-e-parceiros-disponiveis-para-2013>>. Acesso em: jul. 2019.

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.

TRINDADE, R. S. *et al.* Combining ability for common bacterial blight resistance in snap and dry bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 37, n. 1, p. 37-43, 2015.

VIEIRA, A. F. *et al.* Selection of resistance sources to common bean anthracnose by field phenotyping and DNA marker-assisted screening. **Genetics and Molecular Research**, v. 17, n. 3, gmr18066, 2018.

WOO, S. L. *et al.* Characterization of *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli* by pathogenic races, VCGs, RFLPs, and RAPD. **Molecular Plant Pathology**, v. 86, n. 9, p. 966-973, 1996.

XUE, R. *et al.* Differentially expressed genes in resistant and susceptible common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) genotypes in response to *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*. **PLoS One**, v. 10, n. 6, e0127698, 2015.