

# Informações fenotípicas e marcadores microssatélites de QTL na escolha de populações segregantes de feijoeiro

Helton Santos Pereira<sup>(1)</sup>, João Bosco dos Santos<sup>(2)</sup>, Ângela de Fátima Barbosa Abreu<sup>(1)</sup> e Karla Rodrigues Couto<sup>(2)</sup>

<sup>(1)</sup>Embrapa Arroz e Feijão, Caixa Postal 179, CEP 75375-000 Santo Antônio de Goiás, GO. helton@cnpaf.embrapa.br, afabreu@ufla.br

<sup>(2)</sup>Universidade Federal de Lavras, Caixa Postal 3037, CEP 37200-000 Lavras, MG. jbsantos@ufla.br, karlacouto@yahoo.com.br

Resumo – O objetivo deste trabalho foi selecionar populações segregantes de feijoeiro promissoras para a produtividade de grãos e com polimorfismo para marcadores microssatélites ligados a QTL relacionados previamente à produtividade de grãos. Foram utilizadas 49 linhagens, avaliadas em dois experimentos em látice triplo. Sete linhagens foram selecionadas e intercruzadas no esquema dialélico e também genotipadas com 24 marcadores microssatélites ligados a QTL previamente identificados. As populações foram avaliadas em blocos completos casualizados, com três repetições. Foram observadas diferenças significativas entre as capacidades gerais (CGC) e específicas de combinação (CEC) e os efeitos não-aditivos foram mais pronunciados. As linhagens RC1-10 e Z-9 se destacaram em razão das elevadas estimativas de  $g_i$ . Entre os microssatélites, 25% foram polimórficos. Foram selecionadas quatro populações para a seleção de famílias com base na avaliação das linhagens, na análise dialélica e no polimorfismo entre os marcadores microssatélites. Destacou-se a população RC1-10 x Z-9, formada por genitores de alta CGC, com alta média e CEC e ainda grãos do tipo Carioca. Considerando o baixo número de microssatélites polimórficos obtidos nas populações, pode-se concluir haver necessidade de utilização de maior número de microssatélites ligados a QTL da produção de grãos.

Termos para indexação: *Phaseolus vulgaris*, dialélico, produtividade de grãos, marcador molecular, QTL.

## Choice of common bean segregant populations using phenotypic information and QTL microsatellite markers

Abstract – The objective of this work was to select promising common bean segregant populations for grain yield and polymorphic to microsatellite markers for grain yield QTL previously identified. Forty nine lines were utilized and evaluated in two field trials in a triple lattice. Seven lines were selected and intercrossed in a diallel scheme and genotyped with 24 single sequence repeat (SSR) markers associated to grain yield QTL previously identified. Populations were evaluated in a randomized block design with three replications. Significant differences in the general and specific combining ability were observed, and the non-additive effects were highest. The outstanding lines were RC1-10 and Z-9 due to the highest  $g_i$  values. Twenty five percent of the markers were polymorphic. Four populations were chosen for selecting families based on the line evaluations, the diallel analysis and the polymorphism of SSR markers. Among the segregant populations, RC1-10 x Z-9 is remarkable for having high CEC, high grain yield of the Carioca type, and their parents expressed high CGC. Considering the low number of polymorphic microsatellite markers in each population, it is necessary to use higher number of microsatellite markers associated to grain yield QTL.

Index terms: *Phaseolus vulgaris*, diallel, grain yield, molecular marker, QTL.

### Introdução

Diversos métodos de melhoramento são empregados na cultura do feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.) visando à obtenção de linhagens mais produtivas. Entre esses, destaca-se o uso da hibridação, que visa a combinar, em um mesmo indivíduo, alelos para fenótipos desejáveis que estejam em indivíduos diferentes (Ramalho et al., 1993).

Na condução de um programa de melhoramento por hibridação, um dos pontos mais importantes é estabelecer

quais genitores deverão ser cruzados, já que o número de linhagens disponíveis para realização dos cruzamentos é muito grande, especialmente quando se pretende obter populações segregantes úteis para a obtenção de linhagens mais produtivas a partir do cruzamento entre linhagens melhoradas, que, conseqüentemente, possuem altos níveis de produtividade.

Existem diversos métodos para escolha de genitores e populações segregantes mais produtivas, amplamente utilizados no melhoramento do feijoeiro e classificados

em duas categorias: a primeira envolve procedimentos que utilizam apenas informações dos genitores, e a segunda utiliza informações das progênes oriundas do cruzamento (Ramalho et al., 1993). Entre os métodos de escolha dos genitores que utilizam o seu próprio desempenho, o mais empregado é a própria média do caráter em questão. Entre os métodos que utilizam a informação das progênes, os cruzamentos dialélicos têm sido os mais empregados em várias espécies, até mesmo no feijoeiro (Abreu et al., 1999; Kurek et al., 2001; Machado et al., 2002; Mendonça et al., 2002).

A comprovada eficiência das técnicas clássicas de melhoramento pode ser percebida pelos contínuos ganhos genéticos em produtividade alcançados ao longo dos anos em várias culturas (Vencovsky & Ramalho, 2000). No feijão, estima-se que os ganhos em produtividade cheguem a 1,6% por ano (Matos, 2005). No entanto, sempre que houver novas ferramentas para melhorar a eficiência dos programas de melhoramento, elas devem ser empregadas. Os marcadores moleculares podem ser utilizados como uma ferramenta para auxiliar no processo seletivo. No estudo de caracteres quantitativos, como a produção de grãos, em que a influência do ambiente é maior, espera-se maior contribuição dos marcadores moleculares, pelas dificuldades envolvidas no processo de seleção (Ferreira & Grattapaglia, 1998).

Informações sobre divergência genética obtidas por meio de marcadores moleculares para seleção de genitores e populações segregantes de caracteres quantitativos, como a produção de grãos, têm mostrado pouca eficiência (Machado et al., 2000; Mendonça et al., 2002). Então, para que as informações de marcadores moleculares sejam úteis ao processo seletivo, deve-se identificar marcadores associados aos QTL (“Quantitative Trait Loci”) envolvidos no controle da produção de grãos para posteriormente realizar a SAM (Seleção Assistida por Marcadores).

Inúmeros QTL foram identificados quanto a vários caracteres na maioria das culturas de importância, até mesmo alguns para a produção de grãos em feijão (Faleiro et al., 2003; Melo et al., 2004; Rodrigues, 2004; Teixeira, 2004; Blair et al., 2006a). Dessa forma, a utilização da informação de polimorfismo entre os genitores para marcadores moleculares ligados a QTL previamente identificados, que controlam a produção de grãos, é o primeiro passo para realizar a SAM para a seleção de famílias dentro de populações com alta produção de grãos.

O objetivo deste trabalho foi obter e selecionar populações segregantes de feijoeiro promissoras para a produtividade de grãos e com polimorfismo para marcadores moleculares ligados a QTL relacionados previamente à produtividade de grãos.

## Material e Métodos

Foram utilizadas 49 linhagens: 24 selecionadas por Pereira et al. (2004); 10 linhagens selecionadas por Couto et al. (2005); as cultivares Talismã (Abreu et al., 2004) e Pérola; quatro linhagens do banco de germoplasma da Universidade Federal de Lavras (Ufla); e nove linhagens elites obtidas em programas de seleção na Ufla. As 49 linhagens foram avaliadas na safra da seca, em 2004, nos municípios de Lavras (Campus da Ufla) e Lambari (Fazenda experimental da Epamig), em um delineamento látice triplo 7x7, com parcelas constituídas por duas linhas de 3 m, com espaçamento de 50 cm entre as linhas, sendo semeadas 15 sementes por metro linear.

Lavras está situada a 21°14'S e 44°59'W, a uma altitude de 919 m e Lambari a 21°58'S e 45°21'W, a uma altitude de 887 m. Em Lambari as condições ambientais são mais propícias ao desenvolvimento de alguns patógenos, principalmente *Phaeoisariopsis griseola*, agente causal da mancha-angular. Foi utilizada adubação no plantio com 300 kg ha<sup>-1</sup> da fórmula 8-28-16 (N, P<sub>2</sub>O<sub>5</sub>, K<sub>2</sub>O) e adubação de cobertura 20 dias após a emergência, com 150 kg ha<sup>-1</sup> de sulfato de amônio. Os demais tratamentos culturais foram os comuns à cultura do feijoeiro, incluindo irrigações por aspersão, quando necessário. Não foram utilizados fungicidas e inseticidas.

As características avaliadas foram produtividade de grãos, reação à mancha-angular e porte. As avaliações da severidade da mancha-angular foram realizadas com utilização de um diagrama de notas de 1 (resistência completa) a 9 (susceptibilidade máxima), proposto por Bergamin Filho et al. (1995), com dois avaliadores. A avaliação de porte foi realizada com utilização de um diagrama de notas semelhante ao de Collicchio et al. (1997), com notas de 1 (totalmente ereto) a 5 (totalmente prostrado), por dois avaliadores. Utilizaram-se as médias dos avaliadores na análise de variância de cada caráter. A produtividade de grãos foi medida em gramas por parcela. As características avaliadas foram submetidas à análise de variância por experimento e conjunta; no modelo os efeitos de tratamentos e locais foram considerados como fixos.

Foram selecionadas sete linhagens – RC1-10, Z-9, Talismã, MAI-18.13, H-103, B1 e Batatinha –, que foram semeadas em vasos contendo terra e esterco, em um telado, e foram intercruzadas em esquema dialélico completo (Griffing, 1956). Os cruzamentos foram realizados conforme descrito por Ramalho et al. (1993). As sementes F<sub>1</sub> foram semeadas em campo e avançadas até a geração F<sub>2</sub>. A avaliação das 20 populações segregantes F<sub>2</sub> obtidas foi realizada na safra da seca, em 2005, em Lavras, com utilização do delineamento de blocos casualizados com três repetições e parcelas constituídas de duas linhas de 3 m. Os tratamentos culturais foram os mesmos relatados para as avaliações das linhagens. Foi avaliada a característica produtividade de grãos (grama por parcela).

Inicialmente, foi realizada a análise de variância para a obtenção do quadrado médio do erro e das médias dos tratamentos. Posteriormente, foi realizada a análise dialélica pelo método IV de Griffing (1956). Como uma das combinações híbridas não foi obtida, para a estimativa dos parâmetros do modelo, foi necessário utilizar o método dos quadrados mínimos, conforme Ramalho et al. (2000). Por meio desse procedimento, foram estimados os efeitos da capacidade geral de combinação (CGC) e da capacidade específica de combinação (CEC). Os erros associados a essas estimativas foram calculados conforme Ramalho et al. (1993). Também foram estimados os componentes quadráticos relativos a CGC e a CEC, conforme Cruz & Regazzi (2001).

A fim de verificar a existência de polimorfismo entre as sete linhagens selecionadas para o dialélico, foi realizada a extração de DNA, por meio de procedimento semelhante ao utilizado por Teixeira et al. (2005), e reações de PCR com 24 marcadores microssatélites (SSR) ligados aos QTL previamente identificados que

controlam a produção de grãos no feijoeiro (Rodrigues, 2004; Teixeira, 2004), conforme procedimento utilizado por Teixeira et al. (2005).

## Resultados e Discussão

As análises de variância por experimento detectaram diferenças significativas quanto aos caracteres avaliados; e os valores do coeficiente de variação (CV) evidenciaram boa precisão nos experimentos, que foram semelhantes aos relatados por Marques Júnior (1997). O resumo da análise conjunta de variância das características avaliadas está descrito na Tabela 1, e indica presença de diferenças genéticas entre as linhagens e o comportamento não coincidente das linhagens nos dois locais devido à presença da interação linhagens x locais.

Com base nesses resultados, foram selecionadas sete linhagens, sendo cinco entre as mais produtivas (RC1-10, MAI-18.13, Talismã, Z-9 e H-103), e duas por apresentarem origens diferentes das demais (B1 e Batatinha). A Batatinha apresentou alta resistência à mancha-angular e a B1 é descendente da linhagem TO, portadora do alelo *Co.4* de resistência à *Colletotrichum lindemuthianum*, e da cultivar Carioca. A linhagem H-103 é portadora do alelo *Co.4<sup>2</sup>*, que confere resistência a todas as raças de *C. lindemuthianum* existentes no Brasil.

A análise de variância da produtividade de grãos evidenciou a presença de diferenças genéticas significativas entre as populações ( $p < 0,01$ ) (Tabela 2). A precisão experimental, medida por meio do CV (13,4%), pode ser considerada boa, pois está abaixo dos valores obtidos em experimentos com o feijão quanto a esse caráter (Matos, 2005).

Os quadrados médios referentes à CGC e à CEC também foram significativos ( $p < 0,01$ ), o que indica que

**Tabela 1.** Resumo da análise conjunta de variância para os caracteres produtividade de grãos (grama por parcela), reação à mancha-angular (MA) (notas de 1 a 9) e porte (notas de 1 a 5).

Fonte de variação	GL	Quadrado médio	
		Produtividade	Porte
Locais (L)	1	1.111.857,2**	0,67**
Linhagens (T)	48	17.447,1*	0,70**
L x T	48	17.268,0*	0,16*
Erro-médio	156	10.535,9	0,11
Média	-	543,6	2,7
CV (%)	-	14,0	9,7

\* e \*\*Significativo a 5 e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

os efeitos aditivos e os não-aditivos atuam no controle do caráter (Tabela 2). Porém, ao observar os componentes quadráticos obtidos para a CGC (23.500,9) e para a CEC (33.717,1), observa-se que o componente da CEC é cerca de 1,4 vez maior do que o componente da CGC, o que indica a predominância de ação gênica não-aditiva no controle do caráter.

Abreu et al. (1999) observaram efeito significativo tanto da CGC quanto da CEC e verificaram que essas duas fontes de variação apresentaram magnitudes semelhantes dos quadrados médios, indicando que essas duas estimativas contribuíram igualmente para explicar a variação constatada no dialelo. Machado et al. (2002) também verificaram diferenças significativas para a CGC e a CEC, e que a maior parte da variação foi explicada pela CEC. Kurek et al. (2001) relataram que os efeitos da CGC e da CEC foram significativos e a CGC foi mais importante para explicar a variação. Entretanto, a CGC é mais importante para os melhoristas por depender da variância aditiva. Segundo Ramalho et al. (1993), nos programas de melhoramento, as seleções são praticadas em gerações segregantes avançadas visando à obtenção de maior progresso genético, em razão da ocorrência de várias linhas puras na população e de efeitos aditivos.

Cruz & Regazzi (2001) comentam que, quando os genitores foram submetidos à seleção prévia, como utilizado neste trabalho, o diferencial para efeitos aditivos pode ser reduzido e a importância dos efeitos não-aditivos, conseqüentemente, pode aumentar.

Neste trabalho, a maioria dos genitores são linhagens selecionadas ou cultivares do grupo Carioca em uso pelos agricultores, com exceção da linhagem Batatinha, de sementes amarelas e da linhagem B1 que, embora tenha cerca de 25% dos alelos da linhagem não adaptada TO, possui grão do tipo carioca. Portanto, essas duas últimas linhagens são as mais divergentes, ao passo que as demais têm provavelmente maior grau de parentesco, o

que pode diminuir a variabilidade nas populações segregantes. Conseqüentemente, esta é a situação em que a escolha das populações promissoras deve assegurar maior sucesso do programa.

Estimativas de CGC ( $g_i$ ) próximas a zero indicam que o valor da CGC do genitor não difere muito da média geral dos cruzamentos. Por sua vez, altas estimativas, positivas ou negativas, indicam que o genitor em questão é melhor ou pior que os demais genitores incluídos no dialelo, com relação ao comportamento médio dos cruzamentos (Griffing, 1956). Esses valores correspondem à frequência de alelos aditivos dos genitores, favoráveis ou desfavoráveis para a produção de grãos. Conseqüentemente, genitores com os maiores valores de  $g_i$  devem gerar populações com as maiores médias, das quais se pode selecionar linhagens com alta produção de grãos. Conforme Miranda et al. (1988), genitores com as maiores CGC são preferidos para constituir as novas populações, porque favorecem a seleção de linhagens homozigóticas, no caso de plantas autógamas. As linhagens RC1-10 e Z-9 apresentaram valores positivos de  $g_i$ , 137,3 e 78,4, respectivamente, portanto, são as mais promissoras em gerar populações com alta média. Já as linhagens Talismã (15,3), MAI-18.13 (9,9) e H-103 (-26,1) apresentaram estimativas de  $g_i$  próximas a zero, e B1 (-70,1) e Batatinha (-143,3) apresentaram estimativas de  $g_i$  altas e negativas e são indesejáveis.

As estimativas da CEC ( $s_{ij}$ ) e das médias referentes às 20 populações encontram-se na Tabela 3. Valores de  $s_{ij}$  iguais a zero indicam que as populações exibem produtividade de grãos previstas pela CGC, ao passo que estimativas não nulas indicam que o comportamento de um cruzamento particular é melhor ou pior do que o esperado com base na CGC. Essas estimativas indicam presença de efeitos de dominância ou de epistasia (Griffing, 1956).

A população RC1-10 x Z-9 merece destaque porque acumula características desejáveis em uma análise dialélica. Além de ser formada por genitores com alta CGC, possui alta CEC e alta média entre os cruzamentos avaliados (Tabela 3). Além disso, os genitores possuem grãos do tipo Carioca, o que facilita significativamente a obtenção de linhagens com tipo de grãos de boa aceitação pelo consumidor.

Entre os 24 marcadores testados, seis apresentaram polimorfismo para pelo menos um dos sete genitores. Em cinco desses marcadores, foram encontrados apenas dois alelos. Somente o marcador BM-156 apresentou

**Tabela 2.** Análise de variância da produtividade de grãos (g por parcela), com decomposição da fonte de variação populações em CGC e CEC.

Fonte de variação	Graus de liberdade	Quadrado médio
Repetição	2	7.236,6 <sup>ns</sup>
Populações	19	71.344,9**
CGC	6	128.650,3**
CEC	13	44.858,6**
Erro	38	11.145,5
Total	59	

<sup>ns</sup>Não-significativo. <sup>\*\*</sup>Significativo a 1% de probabilidade pelo teste F.

cinco alelos, portanto, é o único caso de alelismo múltiplo para os genitores utilizados. Blair et al. (2006b) encontraram 7,8 alelos por marcador, porém, estes autores utilizaram 44 linhagens de “pools” gênicos e de raças diferentes, que portanto, são muito divergentes, o que não se verifica em linhagens utilizadas neste trabalho.

Na Tabela 3, pode-se observar o número de marcadores polimórficos (NMP) identificados em cada população. O polimorfismo entre os genitores é um indicativo de que as populações oriundas desse cruzamento irão segregar e, portanto, da possibilidade de realizar a seleção dos indivíduos recombinantes com base nesses marcadores. De modo geral, foi encontrado baixo número de marcadores polimórficos. Esse baixo número era esperado em razão de: o feijão ser uma espécie em que, em geral, não são encontrados grande número de marcadores polimórficos (Faleiro et al., 2003; Rodrigues, 2004; Teixeira, 2004; Blair et al., 2006b); o número de marcadores de QTL previamente identificados disponíveis ter sido pequeno e que a maioria das linhagens serem melhoradas e, portanto, pouco divergentes. Blair et al. (2006b) relatam que, em cruzamentos entre linhagens dentro de um mesmo “pool” gênico, foi encontrado, em média, 37,9% de polimorfismo, contra 59,7%, quando o

cruzamento foi entre linhagens de diferentes “pools” gênicos. Em cruzamentos dentro da raça mesoamericana encontraram-se 31,7% de polimorfismo.

Os marcadores polimórficos de cada cruzamento também estão relatados na Tabela 3. Segundo Rodrigues (2004) e Teixeira (2004), esses marcadores não explicaram grande parte da variação fenotípica, portanto, são associados a QTL de pequeno efeito ou com ligação não muito estreita com o QTL. Considerando as linhagens mais promissoras com base na CGC, esperava-se maior polimorfismo para utilização dessa informação na identificação de populações promissoras.

As populações formadas por cruzamentos da linhagem MAI-18.13 apresentaram, na maioria dos casos, maior polimorfismo pois, esta linhagem está presente nas quatro populações que apresentaram maior NMP (Tabela 3) e isto é uma indicação de que esse polimorfismo pode contribuir para a seleção de recombinantes para maior produtividade nas populações segregantes.

Considerando em conjunto a avaliação das linhagens, a análise dialélica e o polimorfismo entre os marcadores SSR ligados a QTL previamente identificados foram selecionadas quatro populações para realização da SAM: RC1-10 x Z-9, RC1-10 x Talismã – por apresentar alta

**Tabela 3.** Populações avaliadas no dialelo, estimativas de produtividade de grãos (g por parcela), capacidade específica de combinação ( $s_{ij}$ ) e erros associados de  $g_i$  e  $s_{ij}$ , número de marcadores SSR polimórficos (NMP) e primers SSR polimórficos (PP)<sup>(1)</sup>.

População	Produtividade <sup>(2)</sup>	$s_{ij}$	NMP	PP
RC1-10 x Z-9	1.110a	107,3	2	BM-156, U-77935
MAI-18.13 x Talismã	1.000a	187,7	2	BM-156, X-74919
RC1-10 x MAI-18.13	983a	48,7	3	BM-156, BM-152, X-74919
RC1-10 x Talismã	907a	-32,7	2	BM-156, BM-152
Z-9 x H-103	890a	50,7	2	U-77935, BM-143
RC1-10 x B1	867a	12,9	2	BM-156, BM-143
MAI-18.13 x H-103	860a	89,1	4	BM-156, BM-152, X-74919, BM-143
MAI-18.13 x Z-9	790b	-85,3	4	BM-156, BM-152, X-74919, U-77935
RC1-10 x H-103	783b	-115,3	2	BM-156, BM-143
Batatinha x Z-9	767b	44,9	3	BM-156, BM-175, U-77935
Z-9 x Talismã	763b	-117,7	3	BM-156, BM-152, U-77935
RC1-10 x Batatinha	760b	-21,0	2	BM-156, BM-175
Batatinha x Talismã	753b	93,9	3	BM-156, BM-175, BM-152
MAI-18.13 x B1	743b	16,3	4	BM-156, BM-152, X-74919, BM-143
Batatinha x H-103	713b	95,3	3	BM-156, BM-175, BM-143
B1 x Talismã	690b	-42,1	3	BM-156, BM-152, BM-143
H-103 x Talismã	687b	-89,3	3	BM-156, BM-152, BM-143
B1 x H-103	660b	-30,7	0	-
Batatinha x B1	617b	43,5	3	BM-156, BM-175, BM-143
Batatinha x MAI-18.13	397c	-256,7	4	BM-156, BM-175, BM-152, X-74919

<sup>(1)</sup>  $\sigma_{(g_i)} = 43,7$ ;  $\sigma_{(s_{ij})} = 66,8$ ;  $\sigma_{(g_j)} = 86,2$ ;  $\sigma_{(s_{ij-s_{ik}})} = 133,5$ ;  $\sigma_{(s_{ij-s_{ik}})} = 115,6$ . <sup>(2)</sup> Médias seguidas da mesma letra são semelhantes entre si (Scott-Knott,  $\alpha = 0,05$ ).

média e um genitor com alta  $g_i$  –, MAI-18.13 x Z-9 – por apresentar um genitor com alta  $g_i$  e maior polimorfismo para os marcadores – e Batatinha x B1 – por apresentar genitores de origens divergentes.

### Conclusões

1. As diferenças de produtividade de grãos das populações são explicadas pelos efeitos aditivos e pelos não-aditivos dos genes, e os não-aditivos são mais pronunciados.

2. As quatro populações selecionadas para realização da seleção assistida por marcadores, por meio da avaliação das linhagens, análise dialélica e polimorfismo entre os marcadores SSR ligados a QTL previamente identificados são: RC1-10 x Z-9, RC1-10 x Talismã, MAI-18.13 x Z-9 e Batatinha x B1.

3. Em populações de melhoramento úteis para obtenção de linhagens mais produtivas, em que a divergência é menor, deve-se utilizar grande número de marcadores microssatélites ligados a QTL da produção de grãos previamente identificados.

### Agradecimentos

Ao CNPq e à Capes, pela concessão da bolsa; à Fapemig, pelo apoio financeiro; à Faepe/Ufla, pela infra-estrutura cedida.

### Referências

ABREU, A. de F.B.; RAMALHO, M.A.P.; CARNEIRO, J.E.S.; GONCALVES, F.M.A.; SANTOS, J.B.; PELOSO, M.J.; FARIA, L.C. de; CARNEIRO, G.E.S.; PEREIRA FILHO, I.A. 'BRSMG Talismã': common bean cultivar with Carioca grain type. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.4, p.372-374, 2004.

ABREU, A. de F.B.; RAMALHO, M.A.P.; FERREIRA, D.F. Selection potential for seed yield from intra and inter racial populations in common bean. **Euphytica**, v.108, p.121-127, 1999.

BERGAMIN FILHO, A.; LOPES, D.B.; AMORIM, L.; GODOY, C.V.; BERGER, R.D. Avaliação de danos causados por doenças de plantas. **Revisão Anual de Patologia de Plantas**, v.3, p.133-184, 1995.

BLAIR, M.W.; GIRALDO, M.C.; BUENDÍA, H.F.; TOVAR, E.; DUQUE, M.C.; BEEBE, S.E. Microsatellite marker diversity in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Theoretical and Applied Genetics**, v.113, p.100-109, 2006b.

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

COLLICCHIO, E.; RAMALHO, M.A.P.; ABREU, A. de F.B. Associação entre o porte da planta do feijoeiro e o tamanho dos grãos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.32, p.297-304, 1997.

COUTO, M.A.; SANTOS, J.B.; ABREU, A. de F.B. Selection of Carioca type common bean lines with anthracnose and angular leaf spot-resistance. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.5, p.324-331, 2005.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2001. 390p.

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

FERREIRA, A.M.E.; GRATTAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores RAPD e RFLP em análise genética**. 3.ed. Brasília: Embrapa-Cenargen, 1998. 220p.

GRIFFING, J.B. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel systems. **Australian Journal of Biological Science**, v.9, p.463-493, 1956.

KUREK, A.J.; CARVALHO, F.I.F. de; ASSMANN, I.C.; CRUZ, P.J. Capacidade combinatória como critério de eficiência na seleção de genitores em feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.36, p.645-651, 2001.

MACHADO, C. de F.; SANTOS, J.B. dos; NUNES, G.H. de S.; DUARTE, J.M. Efficiency of genetic distance based on RAPD markers for choosing parents of common bean. **Journal of Genetics and Breeding**, v.54, p.251-258, 2000.

MACHADO, C. de F.; SANTOS, J.B. dos; NUNES, G.H. de S.; RAMALHO, M.A.P. Choice of common bean parents based on combining ability estimates. **Genetics and Molecular Biology**, v.25, p.179-183, 2002.

MATOS, J.W. de. **Análise crítica do programa de melhoramento genético do feijoeiro da UFLA no período de 1974 a 2004**. 2005. 116p. Tese (Doutorado) - Universidade Federal de Lavras, Lavras.

MELO, L.C.; SANTOS, J.B. dos; FERREIRA, D.F. QTL mapping for common bean yield in different environments. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.4, p.135-144, 2004.

MENDONÇA, H.A. de; SANTOS, J.B. dos; RAMALHO, M.A.P. Selection of common bean segregation populations using genetic and phenotypic parameters and RAPD markers. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.2, p.219-226, 2002.

MIRANDA, J.E.C. de; COSTA, C.P. da; CRUZ, C.D. Análise dialélica em pimentão. I. Capacidade combinatória. **Revista Brasileira de Genética**, v.11, p.431-440, 1988.

PEREIRA, H.S.; SANTOS, J.B.; ABREU, A.F.B. Linhagens de feijoeiro com resistência à antracnose selecionadas quanto a características agronômicas desejáveis. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.39, p.209-215, 2004.

RAMALHO, M.A.P.; FERREIRA, D.F.; OLIVEIRA, A.C. de. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. Lavras: Ufla, 2000. 326p.

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

RODRIGUES, T.B. **Efeito da seleção natural em alelos microssatélites (SSR) do feijoeiro e associação com QTL de caracteres agronômicos**. 2004. 90p. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Lavras, Lavras.

TEIXEIRA, F.F. **Mapeamento de QTL para caracteres do feijoeiro por meio de microssatélites**. 2004. 189p. Tese (Doutorado) - Universidade Federal de Lavras, Lavras.

TEIXEIRA, F.F.; SANTOS, J.B. dos; RAMALHO, M.A.P.; ABREU, A. de F.B.; GUIMARÃES, C.T.; OLIVEIRA, A.C. de. QTL mapping for angular leaf spot in common bean using microsatellite markers. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.5, p.272-278, 2005.

VENCOVSKY, R.; RAMALHO, M.A.P. **Contribuições do melhoramento genético de plantas no Brasil**. In: PATERNIANI, E. Agricultura brasileira e pesquisa agropecuária. Brasília: Embrapa Comunicação para Transferência de Tecnologia, 2000. p.57-89.

---

Recebido em 20 de dezembro de 2006 e aprovado em 2 de abril de 2007