



JEAN PAULO APARECIDO DA SILVA

**VARIABILIDADE ENTRE PROGÊNIES PARA
RESISTÊNCIA AO PATÓGENO CAUSADOR DA
ANTRACNOSE (*Colletotrichum lindemuthianum*) DO CXVI
DO PROGRAMA DE SELEÇÃO RECORRENTE DO
FEIJOEIRO.**

**LAVRAS – MG
2019**

JEAN PAULO APARECIDO DA SILVA

**VARIABILIDADE ENTRE PROGÊNIES PARA RESISTÊNCIA AO
PATÓGENO CAUSADOR DA ANTRACNOSE (*Colletotrichum lindemuthianum*)
DO CXVI DO PROGRAMA DE Seleção Recorrente DO FEIJOEIRO.**

Monografia apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Curso de Agronomia, para a obtenção do título de Bacharel.

Dr. Magno Antônio Patto Ramalho
Orientador

**LAVRAS – MG
2019**

JEAN PAULO APARECIDO DA SILVA

**VARIABILIDADE ENTRE PROGÊNIES PARA RESISTÊNCIA AO
PATÓGENO CAUSADOR DA ANTRACNOSE (*Colletotrichum lindemuthianum*)
DO CXVI DO PROGRAMA DE SELEÇÃO RECORRENTE DO FEIJOEIRO.**

**VARIABILITY AMONG PROGENIES FOR RESISTANCE TO CXVI
ANTHRACNOSE (*Colletotrichum lindemuthianum*) PATHOGEN OF COMMON
BEAN RECURRENT SELECTION PROGRAM.**

Monografia apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Curso de Agronomia, para a obtenção do título de Bacharel.

APROVADA em 21 de Novembro de 2019.

Dr. Magno Antônio Patto Ramalho UFLA

Me. Mariana Andrade Dias UFLA

Me. Reberth Renato da Silva UFLA

Prof. Dr. Magno Antônio Patto Ramalho
Orientador

**LAVRAS – MG
2019**

AGRADECIMENTOS

Primeiramente a Deus que permitiu que tudo isso acontecesse.

Aos meus pais e familiares pelo apoio incondicional que sempre transmitiram a mim.

À Universidade Federal de Lavras, por propiciar um ambiente agradável e amigável no qual pudesse desenvolver minhas atividades e pela concessão da bolsa de iniciação científica.

Ao Professor Magno A. P. Ramalho pelo seu tempo dedicado e empenho em me orientar, pelo incentivo, estímulo, apoio, disponibilidade, paciência e pelos grandes ensinamentos transmitidos.

À Dr^a. Ângela F. B. Abreu pela paciência em ensinar, pelo incentivo, confiança, ensinamentos, amizade e disponibilidade.

Ao Professor João Candido, pelo seu tempo dedicado e empenho em me orientar, agradeço pela oportunidade, confiança, ensinamentos, conselhos e disponibilidade.

Aos Professores Wilson M. Gonçalves e Luciane V. Rezende por terem sido meus primeiros orientadores. Pelos primeiros ensinamentos na atividade científica.

A todos os professores, pelos conhecimentos compartilhados e que também me auxiliaram na elaboração desse trabalho.

À Dr^a Laís A. Pereira e a Me. Mariana A. Dias por terem contribuído na execução desse trabalho.

À Ana Luisa pelo apoio, compreensão nos momentos difíceis e pelos bons momentos vivenciados juntos.

Aos amigos do feijão e do milho pelo trabalho em equipe, amizade e por tornarem a rotina mais agradável.

Aos funcionários Anderson, Léo, Otávio e Zé Carlinho, pela amizade e imensa colaboração.

MUITO OBRIGADO!

RESUMO

Dentre os fatores que reduzem a produtividade do feijoeiro, destaca-se a antracnose, cujo agente causal é o fungo *Colletotrichum lindemuthianum*. Nesse contexto, em um programa de melhoramento, além da produtividade, a resistência a este patógeno também deve ser considerada. Contudo, no programa de seleção recorrente (SR) do feijoeiro conduzido na Universidade Federal de Lavras (UFLA) desde 1990, os caracteres considerados na seleção são produtividade e aspecto de grãos. Ao longo dos ciclos as progênies não foram avaliadas em presença das principais raças de *C. lindemuthianum* prevalentes na região. Do exposto, esse trabalho teve por objetivo verificar a resistência de progênies do ciclo XVI (CXVI) da SR do feijoeiro da UFLA, a três raças do patógeno (65, 73 e 89). Para isso foram utilizadas 64 progênies $S_{0.3}$ do CXVI e três testemunhas 'Pérola', 'Ouro Negro' e 'BRSMG UAI'). Foram conduzidos experimentos separados para cada raça. Cada parcela foi constituída por nove plântulas. As plântulas foram inoculadas com isolados das três raças. A avaliação foi realizada por dois avaliadores utilizando uma escala de 1 (sem sintoma) a 9 (planta morta). A partir das notas obtidas foram realizadas as análises de variância individuais e conjunta e estimados os parâmetros genotípicos e fenotípicos. Verificou-se que existe variabilidade entre as progênies com relação a resistência ao patógeno. As progênies de número 12 e 52 foram resistentes às três raças e nove mostraram-se resistentes a duas raças do patógeno. Devido à importância desse patógeno na região, seria aconselhável nos próximos ciclos de SR, incluir linhagens/progênies resistentes a maioria das raças do patógeno mais frequentes na região. Seria também desejável que as progênies $S_{0.2}$ dos ciclos futuros de SR fossem avaliadas para identificar aquelas com maior número de genes/alelos de resistência, que seria um caráter adicional à produtividade e tipo de grão, para identificar as que seriam recombinadas.

Palavras-chave: Melhoramento de Plantas; Variabilidade Fitopatogênica, Genética Quantitativa, Melhoramento visando resistência a patógenos, Raças de *C. lindemuthianum*

LISTA DE FIGURAS

Figura 1: Frequência de progênies resistentes e suscetíveis às raças 65, 73, e 89 de <i>C. lindemuthianum</i> , obtidas do CXVI do programa de seleção recorrente (SR) do Feijoeiro.	23
Figura 2: Frequência de progênies resistentes a todas as raças, a duas raças, a uma raça e suscetíveis a todas as raças de <i>C. lindemuthianu</i> , obtidas do CXVI do programa de seleção recorrente (SR) do Feijoeiro.....	24

LISTA DE TABELAS

Tabela 1: Escala descritiva de notas para avaliação da severidade da antracnose no feijoeiro.....	15
Tabela 2: Resumo das Análises de Variância das notas de severidade do agente causal da Antracnose, em progênes do CXVI do programa de SR do Feijoeiro.	18
Tabela 3: Análise da Variância Conjunta das notas de severidade obtidas na avaliação em progênes do CXVI do programa de SR do Feijoeiro submetidas às diferentes raças de <i>C. lindemuthianum</i>	19
Tabela 4: Médias das notas de severidade obtida pelas progênes de feijão do CXVI do programa de SR quando inoculadas com as três raças do agente causal da Antracnose.....	20
Tabela 5: Estimativas dos componentes da variância genética e fenotípica das notas de severidade as três raças de <i>C. lindemuthianum</i> , dados avaliados de progênes do CXVI da SR do feijoeiro.....	22

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	9
2	REFERENCIAL TEÓRICO	10
2.1	A ocorrência de <i>colletotrichum lindemuthianum</i> , agente causador da antracnose no feijoeiro.....	10
2.2	Controle genético da antracnose no feijoeiro	11
2.3	Seleção Recorrente	12
3	MATERIAL E MÉTODOS	13
3.1	Material genético.....	13
3.2	Obtenção do inóculo e preparo da suspensão de esporos.....	14
3.3	Detalhes experimentais	14
3.4	Análises dos dados	15
4	RESULTADO E DISCUSSÕES	18
5	CONCLUSÕES	25
	REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS	25

1 INTRODUÇÃO

A produtividade de uma cultura é determinada pelo seu potencial genético e por fatores presentes no ambiente de cultivo. Esses fatores podem ser classificados em bióticos e abióticos. Na cultura do feijão entre os fatores bióticos a antracnose é um dos principais responsáveis por perdas na produtividade de grãos quando em condições ambientais favoráveis ao desenvolvimento de epidemias (BARBOSA; GONZAGA, 2012; GONÇALVES-VIDIGAL et al., 2016).

No manejo de doenças, já não é mais aceitável o uso de uma única medida de controle. Entre as medidas de controle disponíveis uma das mais eficientes e econômicas é a resistência genética, amplamente utilizada no manejo da antracnose do feijoeiro (MIKLAS et al., 2006; COSTA et al., 2017).

Especialmente no caso de *C. lindemuthianum*, o controle genético vem sendo muito estudado e mostra que estão envolvidos vários genes (COELHO et al., 2013; FERREIRA; CAMPA; KELLY, 2013; GONZÁLEZ et al., 2015; COSTA et al., 2017). No entanto, ainda é um entrave, na obtenção de resistência durável, a alta variabilidade do patógeno, visto o grande número de raças existentes (PEREIRA et al., 2015; RIBEIRO et al., 2016; ZUIDERVEEN et al., 2016; COSTA et al., 2017).

Na UFLA é conduzido um programa de seleção recorrente para a produtividade e tipo de grãos do feijoeiro desde 1990 (SILVA et al., 2010). Nesse programa, as progênies são avaliadas nas gerações $S_{0:1}$ e $S_{0:2}$ e recombinadas as melhores na geração $S_{0:3}$. Até 2018 foram realizados 16 ciclos de seleção recorrente, nas avaliações realizadas, a ocorrência de *C. lindemuthianum* não tem sido rotineiramente utilizada como critério seletivo.

Pereira et al. (2019), utilizando progênies do CXVI do referido programa de melhoramento, verificaram que algumas progênies foram resistentes, utilizando apenas a raça 65 de *C. lindemuthianum*. Contudo, como mencionado esse patógeno possui inúmeras raças que ocorrem na região.

Do exposto, esse trabalho teve por objetivo verificar a resistência de progênies $S_{0:3}$ do CXVI da SR do feijoeiro da UFLA, a três raças de *C. lindemuthianum*.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 A ocorrência de *colletotrichum lindemuthianum*, agente causador da antracnose no feijoeiro

A antracnose é uma das doenças mais agressivas e de maior importância para a cultura do feijoeiro, podendo provocar perda total da produção quando são utilizados cultivares susceptíveis e sementes contaminadas, sob condições climáticas favoráveis à epidemia (KIMATI et al., 1997; BARBOSA; GONZAGA, 2012). Além disso, em ataques mais severos, a doença pode ocasionar manchas nos grãos, depreciando a qualidade do produto final e tornando-os indesejáveis ao consumo (PAULA JÚNIOR et al., 2006).

Trata-se de uma doença cosmopolita, sendo encontrada em todas as regiões onde o feijoeiro é cultivado, no entanto, é mais pronunciada em regiões tropicais e subtropicais, com temperaturas amenas associadas à alta umidade relativa do ar (MIKLAS et al., 2006).

O agente causal da antracnose, *Colletotrichum lindemuthianum*, é um fungo hemibiotrófico, ou seja, apresenta uma fase inicial biotrófica, em que extrai nutrientes das células vivas do hospedeiro e uma segunda fase, necrotrófica, em que se nutre do tecido morto (PERFECT; GREEN; O'CONNELL, 2001).

Os sintomas típicos da doença são lesões necróticas de coloração marrom escura nas nervuras da parte abaxial das folhas. Em infestações mais severas, as lesões estendem-se ao limbo foliar, resultando em necrose de parte do tecido vegetal. As lesões produzidas no caule e nos pecíolos são alongadas, escuras e deprimidas, podendo apresentar cancrios. Já nas vagens, as lesões são circulares, deprimidas, de coloração marrom, com os bordos escuros e salientes, circundados por um anel pardo avermelhado. Em condições favoráveis ao desenvolvimento do patógeno, uma massa rósea de esporos pode ser observada no centro das lesões. As sementes infectadas podem apresentar desde uma leve descoloração até lesões escuras e deprimidas, as quais são mais facilmente visualizadas em sementes de tegumentos claros (BARBOSA; GONZAGA, 2012; CARBONELL et al., 2012).

As doenças de origem fúngica podem ser disseminadas a longas distâncias por sementes infectadas e por correntes aéreas a longas distâncias, assim como por insetos, chuva e restos de culturas na área de plantio, e pelo homem, a curtas distâncias (JÚNIOR et al., 2015; COSTA et al., 2017). No caso da antracnose, a propagação do fungo ocorre principalmente por sementes infectadas.

A antracnose é endêmica na África, Ásia e Austrália, e registrada em diversos países da América Latina e da Europa (MAHUKU; RIASCOS, 2004; NKALUBO et al., 2009). No Brasil, os estados do Paraná, Santa Catarina, Minas Gerais (Sul de Minas e Zona da Mata) e São Paulo são os com registros mais significativos da ocorrência da doença (PAULA JÚNIOR et al., 2015).

2.2 Controle genético da antracnose no feijoeiro

A ampla variabilidade genética do fungo *C. lindemuthianum* é o maior desafio para a obtenção de cultivares com resistência durável à doença, visto que a quebra da resistência por este patógeno é frequente. Essa variabilidade genética é proporcionada por diversos mecanismos de recombinação que permitem o aumento da diversidade, dentre eles ciclo sexual e parasexual, transposons (ISHIKAWA; SOUZA; DAVIDE, 2008; DOLATABADIAN et al., 2017). São relatadas mundialmente mais de 100 raças de *C. lindemuthianum* sendo que, cerca de 50 já foram registradas no Brasil (RIBEIRO et al., 2016; ZUIDERVEEN et al., 2016). As raças 65, 73, 77, 81 e 89 são as mais frequentes (COSTA et al., 2017; JÚNIOR et al., 2015; SILVA; SOUZA; ISHIKAWA, 2007).

Em muitos trabalhos de levantamento de raças, a raça 65 vem se destacando, apresentando os maiores níveis de ocorrência e ampla distribuição geográfica. (ISHIKAWA; RAMALHO; SOUZA, 2011; CARBONELL et al., 2012; PINTO et al., 2012). Além da diversidade de raças do patógeno, têm-se verificado que também ocorre variabilidade dentro das raças, o que dificulta ainda mais a obtenção de cultivares de feijão com resistência duradoura ao patógeno (COSTA et al., 2017; PÁDUA; RAMALHO; ABREU, 2015).

A herança da resistência do feijoeiro à antracnose foi primeiro estudada por meio de análises genéticas clássicas, baseadas na interpretação de resultados obtidos a partir de uma população segregante F_2 (BURKHOLDER, 1918). Já no início do século XX o autor encontrou 362 plantas F_2 resistentes e 111 plantas suscetíveis, sugerindo que um gene com alelo dominante, mais tarde denominado Co-1, estava envolvido na resistência. Até o momento já foram identificados 23 genes Co's (COELHO et al., 2013; GONZÁLEZ et al., 2015). Entre eles, 13 foram identificados em cultivares mesoamericanas e 10, em cultivares andinas.

Com exceção do gene Co-8, identificado na cultivar AB136, no qual a resistência é relatada como sendo controlada por um alelo recessivo, nos demais genes, o alelo dominante é o responsável pela resistência. Modo de ação complementar, entre

dois genes de resistência independentes, também tem sido descrito, sendo necessária a presença de ambos os alelos dominantes dos dois genes para a expressão da resistência (CAMPA et al., 2011; CAMPA et al., 2014). González et al. (2015) também identificaram interações epistáticas entre os alelos de genes de resistência à antracnose.

Análises genéticas clássicas assumem que a resistência a diferentes raças/isolados pode ser controlada por um mesmo gene e que os diferentes espectros de resistência em cultivares portadoras do mesmo gene é devido a diferentes alelos do mesmo gene (FERREIRA; CAMPA; KELLY, 2013). Dessa forma, alelismo múltiplo também tem sido identificado nos locos Co-1, Co-3, Co-4 e Co-5 (SOUSA et al., 2014).

Mais recentemente, Costa et al. (2017), ao estudar o controle genético da resistência das cultivares diferenciadoras da raça 65, propostas por Ishikawa, Ramalho e Souza (2011) à seis diferentes isolados pertencentes a esta raça, verificou a presença de 12 genes, sendo genes duplicados conferindo resistência a um isolado específico, cujos alelos dominantes são responsáveis pela resistência. Esses resultados evidenciam que a especificidade ocorre em nível de isolado, ou seja, embora seja um caráter qualitativo, para se obter resistência durável à antracnose, a cultivar ou linhagem de feijoeiro deve conter muitos genes com alelos que conferem resistência à vários isolados das mais diversas raças do patógeno.

2.3 Seleção Recorrente

A probabilidade de, em um único ciclo de seleção, reunir em um mesmo indivíduo, todos os alelos de interesse para o melhorista, quando se trata de características que são controladas por muitos genes é impossível na prática. Dessa forma, o modo de reunir o maior número de alelos favoráveis em uma linhagem é por meio de sucessivos ciclos de seleção e recombinação das melhores famílias, ou seja, seleção recorrente (RAMALHO et al., 2012).

A SR é um processo cíclico de seleção de indivíduos e/ou progênies superiores de uma população, seguida pela recombinação dos melhores para formar uma nova população. Esse processo visa aumentar a frequência de alelos favoráveis gradativamente e com isso incrementar a média do caráter sob seleção, mantendo sua variabilidade genética para progressos futuros (RAMALHO et al., 2012).

A SR foi proposta inicialmente para as plantas alógamas na década de 1940, no melhoramento do milho (HALLAUER, 1992). Posteriormente, foi adotado para culturas autógamas.

Basicamente, na seleção recorrente, estão envolvidas três etapas: obtenção da população base, avaliação de progênies, recombinação das progênies selecionadas para formar a próxima geração.

Para caracteres de alta herdabilidade, a seleção recorrente pode ser realizada por meio da seleção massal (normalmente visual), com isso, indivíduos com genótipos não desejáveis podem ser eliminados. Um exemplo de sucesso com a seleção visual – massal, com a SR foi recentemente publicada por Costa et al. (2019). Utilizando uma população original, obtida por meio de genótipos contendo diferentes genes/alelos de resistência ao *C. lindemuthianum*, após cinco ciclos seletivos, constaram que ocorreu aumento no número de progênies acumulando alelos/genes de resistência a várias raças do patógeno.

A seleção recorrente também pode ser realizada por meio da avaliação de progênies de vários tipos, ou seja, progênies de irmãos germanos, meios-irmãos ou endógamas (RAMALHO et al., 2012). A seleção baseada na avaliação de progênies permite ao melhorista fazer as avaliações em experimentos com mais de uma repetição e em locais diferentes, é particularmente recomendada para caracteres de com menor herdabilidade. Este tipo de avaliação estima com maior precisão os valores genotípicos, já que as contribuições dos efeitos ambientais, residuais e da interação genótipos por ambientes são reduzidas (ALVES, 2012).

Na UFLA é conduzido um programa de SR visando produtividade e tipo de grãos do feijoeiro desde 1990 (SILVA et al., 2010). Nesse programa, as progênies são avaliadas nas gerações $S_{0:1}$ e $S_{0:2}$ e recombinadas as melhores na geração $S_{0:3}$.

Como já comentado, nesse programa de SR não foi dado ênfase na seleção visando resistência ao *C. lindemuthianum*. As progênies $S_{0:3}$ do CXVI dessa SR e que será utilizada nessa pesquisa, com o intuito de verificar se mesmo não ocorrendo a seleção para o patógeno, nas diferentes gerações, dos diferentes ciclos seletivos conduzidos anteriormente é possível identificar progênies resistentes às raças prevalentes na região.

3 MATERIAL E MÉTODOS

Os experimentos foram realizados no Laboratório de Resistência de Plantas a Doenças, em câmara de nebulização e em casa de vegetação, localizados no departamento de Biologia da Universidade Federal de Lavras.

3.1 Material genético

Foram utilizadas 64 progênies $S_{0:3}$ do CXVI ciclo do programa de seleção recorrente (SR) para a produtividade de grãos do tipo carioca conduzido pela UFLA. Detalhes da condução dessa SR foram apresentados por Silva et al. (2010).

3.2 Obtenção do inoculo e preparo da suspensão de *C. lindemuthianum*

Isolados da raça 65, 73 e 89 de *C. lindemuthianum*, foram utilizados na inoculação artificial do patógeno nas plantas de feijoeiro. Para a obtenção dos esporos foi seguida a metodologia descrita por Costa et al. (2017), sendo cada isolado crescido em meio de cultura M3S em placas de Petri e repicados em tubos de ensaio contendo vagens parcialmente imersas em meio ágar, já previamente autoclavados. Os tubos foram incubados de 10 a 15 dias, à temperatura de 22°C em BOD.

A preparação do inoculo foi realizada com adição de água destilada nos tubos e posterior raspagem da superfície de cada vagem com alça de platina. Em seguida, a suspensão dos conídios foi filtrada com gaze e feita à contagem dos conídios através de uma câmara de Neubauer em microscópio de luz. A concentração do inoculo foi padronizada para $1,2 \times 10^5$ conídios ml^{-1} , sendo esta uma concentração satisfatória para ocorrência da antracnose, como comprovado por Davide e Souza (2009).

3.3 Detalhes experimentais

Foram realizados experimentos distintos para cada raça de antracnose (AT). O delineamento experimental foi de blocos casualizados com duas repetições. Em todos os casos a metodologia experimental foi à mesma, ou seja, foram avaliadas 64 progênies $S_{0:3}$ e três testemunhas (Pérola, BRSMG Uai e Ouro Negro). A semeadura foi realizada em bandejas de poliestireno com 162 células (9 x 18) contendo substrato (Tropstrato HA[®]). Cada parcela foi constituída por nove plântulas.

As semeaduras dos experimentos em que foram avaliadas as raças 65, 73 e 89 ocorreram nos dias 04/05/2018, 14/09/2018 e 26/10/2018 respectivamente. Os experimentos foram conduzidos em casa de vegetação com umidade controlada. As suspensões de conídios foram inoculadas após a expansão completa das folhas cotiledonares, pulverizando-se ambas as faces das folhas e os talos com borrifador até o ponto de escorrimento.

Após as inoculações, as plantas foram mantidas em câmara de nebulização a 22°C com 95% de umidade e fotoperíodo de 12 horas por 48 horas. Posteriormente, as bandejas foram levadas para casa de vegetação e após sete dias, cada planta foi avaliada visualmente de acordo com a escala descritiva de notas de 1 a 9 proposta por

Schoonhoven e Pastor-Corrales (1987) (Tabela 1). As plantas foram classificadas como resistentes (notas de 1 a 3) e suscetíveis (notas de 4 a 9).

Tabela 1 - Escala descritiva de notas para avaliação da severidade da antracnose no feijoeiro proposta por Schoonhoven e Pastor-Corrales (1987).

Nota	Descrição
1	Ausência de sintomas.
2	Até 1% das nervuras principais apresentando manchas necróticas, perceptíveis somente na face inferior das folhas.
3	Maior frequência dos sintomas foliares descrita no grau anterior, até 3% das nervuras afetadas.
4	Até 1% das nervuras apresentando manchas necróticas, perceptíveis em ambas as faces da folha.
5	Maior frequência dos sintomas foliares descrita no grau anterior, até 3% das nervuras afetadas.
6	Manchas necróticas nas nervuras, perceptíveis em ambas as faces das folhas e presença de algumas lesões em talos, ramos e pecíolos.
7	Manchas necróticas na maioria das nervuras e em grande parte do tecido mesófilo adjacente que se rompe. Presença de abundantes lesões no talo, ramos e pecíolos.
8	Manchas necróticas em quase todas as nervuras, muito abundante em talos, ramos e pecíolos, ocasionando rupturas, desfolhação e redução do crescimento das plantas.
9	Plantas mortas.

3.4 Análises dos dados

Os dados foram submetidos a análise de variância (ANAVA) por raça de *C. lindemuthianum*. Considerando todos os efeitos do modelo como aleatório, exceto a média, conforme o modelo estatístico proposto por Steel, Torrie e Dickey (1997):

$$Y_{ij} = \mu + t_i + b_j + e_{ij}$$

Em que:

Y_{ij} : é o valor observado relativo à parcela que recebeu o tratamento i no bloco j .

μ : é a média geral;

t_i : é o efeito do tratamento (progênes) ($i = 1, 2, \dots, 67$);

b_j : é o efeito do bloco j ($j = 1, 2$);

\bar{e}_{ik} : é o erro experimental ($e_{ij} \sim (0, \sigma^2)$).

As médias obtidas foram agrupadas pelo teste de Scott Knott (1974). Para cada raça foi estimada a acurácia seletiva (r_{gg}) pela seguinte expressão (RESENDE, 2007):

$$\hat{r}_{gg} = \sqrt{1 - \frac{1}{F}}$$

Em que:

F: Valor do teste F de Snedecor para o efeito de tratamentos na análise de variância.

Posteriormente, foi realizada a análise de variância conjunta utilizando as médias obtidas nos experimentos individuais. O modelo adotado considerando todos os efeitos como aleatório, exceto a média, foi o seguinte:

$$\bar{Y}_{ij} = \mu + t_i + a_k + ta_{ik} + \bar{e}_{ik}$$

Em que:

\bar{Y}_{ij} : valor observado da média da progênie i , em presença da raça k ;

μ : média geral do experimento;

t_i : efeito do tratamento i , em que ($i = 1, 2, 3 \dots, 67$);

a_k : efeito da raça k , em que ($k = 1, 2 e 3$);

ta_{ik} : efeito da interação entre a progênie i e a raça k ;

\bar{e}_{ik} : erro médio associado à observação \bar{Y}_{ij} , sendo ($\bar{e}_{ik} \sim N(0, \sigma_e^2)$).

Estimaram-se também os seguintes parâmetros genéticos e fenotípicos a partir das esperanças dos quadrados médios (RAMALHO et al., 2012):

a) Variância genética entre as progênes ($\hat{\sigma}_{P:k}^2$) na presença da raça k :

$$\hat{\sigma}_{P:k}^2 = \frac{QMP_k - QME_k}{r}$$

Em que:

QMP_k : é o quadrado médio entre progênes na presença da raça k ;

QME_k : é o quadrado médio do erro do experimento na presença da raça k ;

r : é o número de repetições.

- b) Variância fenotípica entre médias de progênes ($\hat{\sigma}_{F_k}^2$) na presença da raça k :

$$\hat{\sigma}_{F_k}^2 = \frac{QMP_k}{r}$$

QMP_k e r já foram definidos anteriormente.

- c) Herdabilidade (h^2) para a seleção na média das progênes na presença da raça k :

$$h_{P.k}^2 = \frac{QMP_k - QME_k}{QMP_k}$$

QMP_k e QME_k já foram definidos anteriormente.

- d) Variância genética entre progênes ($\hat{\sigma}_P^2$) considerando todas as raças:

$$\hat{\sigma}_P^2 = \frac{QMP - QMI_{P\mathcal{R}}}{ra}$$

Em que:

QMP : é o quadrado médio entre progênes considerando todas as raças;

$QMI_{P\mathcal{R}}$: é o quadrado médio da interação progênes x raças;

a e r já foram definidos anteriormente.

- e) Variância fenotípica entre média das progênes ($\hat{\sigma}_F^2$) considerando todas as raças:

$$\hat{\sigma}_F^2 = \frac{QMP}{ra}$$

QMP , a e r já foram definidos anteriormente.

- f) Variância da interação progênes x raças ($\hat{\sigma}_{P\mathcal{R}}^2$) considerando todas as raças:

$$\hat{\sigma}_{P\mathcal{R}}^2 = \frac{QMI_{P\mathcal{R}} - QMP}{r}$$

QMI_{PR} , QMP , a e r já foram definidos anteriormente.

g) Herdabilidade (h^2) para a seleção entre média de progênies em todas as raças:

$$h^2 = \frac{QMP - QMI_{PR}}{QMP}$$

QMP , QMI_{PR} já foram definidos anteriormente.

Todas as análises de variâncias e teste de média foram realizadas utilizando o Software estatístico MSTATE -C Michigan State University (1991).

4 RESULTADO E DISCUSSÕES

Os resumos das análises de variâncias individuais e conjunta, relativas à avaliação das progênies $S_{0.3}$, quanto as notas de severidade das raças 65, 73 e 89 de antracnose são apresentados nas Tabelas 2 e 3, respectivamente. A acurácia dos experimentos individuais foram todas de magnitude elevada, acima de 0.85. Essas estimativas indicam que todos os experimentos apresentaram alta precisão (RESENDE; DUARTE, 2007). Depreende-se também que o sistema de avaliação visual, por meio de uma escala de notas, possibilita alta repetibilidade do comportamento das progênies nas duas repetições.

Como as estimativas da acurácia foram elevadas, pode-se inferir que as progênies diferiram na resposta ao fungo causador da antracnose. Essa observação é confirmada por meio do teste de F da fonte variação progênies que foram todas significativas ($P < 0.01$), como podem ser observados nas tabelas 2 e 3.

Tabela 2 – Resumo das Análises de Variância das notas de severidade do agente causal da Antracnose, em progênies do CXVI do programa de SR do Feijoeiro. UFLA, Lavras, 2019.

FV	GL	QM		
		65 ¹	73 ¹	89 ¹
Blocos	1	2.55	44.46	11.7
Tratamentos	66	8.51**	2.92**	11.57**
Resíduos	66	2.18	0.79	1.38
Média Geral		5.24	3.45	6.16
\hat{r}_{gg}		0.86	0.85	0.94

1 – Raças de *C. lindemuthianum* testadas.

**Teste F significativo ($P < 0.01$).

Fonte: do autor (2019).

Na análise da variância conjunta das raças (Tabela 3) as fontes de variação raças (R), progênes (P) e interação ($R \times P$) foram significativos ($P < 0.01$). Depreende-se que as raças utilizadas diferem na severidade, como era esperado. As progênes apresentaram comportamento diferente em resposta ao patógeno, confirmando o que foi observado nas análises individuais. O resultado mais expressivo é a significância da interação ($P \times R$). Nessa condição pode-se inferir que o comportamento das progênes não foi coincidente na resposta a severidade das três raças utilizadas (RAMALHO et al., 2012).

Tabela 3 - Análise da Variância Conjunta das notas de severidade obtidas na avaliação em progênes do CXVI do programa de SR do Feijoeiro submetidas às diferentes raças de *C. lindemuthianu*. UFLA, Lavras, 2019.

FV	GL	QM
Raças (R)	2	254.81**
Progênes (P)	66	12.03**
R x P	132	5.48**
Erro médio	401	1.45

**Teste F significativo ($P < 0.01$).

Fonte: do autor (2019).

A diferença entre a agressividade das raças, constatada na análise conjuntas (Tabela 3), podem ser comprovadas por meio das notas médias de severidade, obtidas pelas as progênes submetidas às diferentes raças (Tabela 4). Esse fato é frequentemente observado quando progênes ou linhagens de feijão são avaliadas em presença de diferentes raças de *C. lindemuthianum* (ALLEIROS et al., 2018). Observa-se que a raça 89 foi a mais agressiva e a 73 a menos agressiva (Tabela 2).

Em duas das três avaliações foram observadas progênes cuja nota média de severidade variou de 1 a 9. Fica evidente enorme variação na resposta ao patógeno. Esse mesmo fato foi constatado por Pereira et al. (2019) em pesquisa realizada utilizando a raça 65 com progênes do CXIV dessa SR.

Deve-se ser salientado que na seleção das progênes, nos diferentes ciclos de seleção os caracteres considerados foram sempre a produtividade e aspecto dos grãos (RAMALHO et. al., 1994, SILVA et. al., 2010). A seleção nunca foi efetuada visando à resistência qualquer patógeno. Além do mais, nas sucessivas avaliações de cada ciclo nem sempre o patógeno ocorria e quando ocorria provavelmente à raça era diferente. Assim, a resposta das progênes nesse caso, só pode ser explicada por efeito indireto. Na literatura há relatos de que quando se seleciona para produtividade de grão indiretamente seleciona-se para resistência a patógenos, especialmente aqueles com

grande efeito na produtividade como, por exemplo, o *C. lindemuthianum* (ABREU et al., 2003; PÁDUA; RAMALHO; ABREU, 2015).

É importante ressaltar que as testemunhas utilizadas também diferiram com relação à resposta a raças do patógeno. A cultivar de feijão preto ‘Ouro Negro’ confirmou que apresenta bons níveis de resistência as diferentes raças de *C. lindemuthianum*. A ‘Perola’, cultivar de feijão carioca mais semeada no Brasil só foi resistente à raça 89. Por outro lado, a mais recente cultivar de feijão recomendada para o estado de Minas Gerais, BRSMG UAI Abreu et al., (2018) foi suscetível à raça 89 e resistente às outras duas.

Tabela 4 - Médias das notas de severidade obtida pelas progênies de feijão do CXVI do programa de SR quando inoculadas com as das três raças do agente causal da Antracnose. UFLA, Lavras, 2019.

	Raças					
	65		73		89	
Progênie	Severidade	Progênies	Severidade	Progênies	Severidade	
12	1.45 a	12	1.42 a	52	1.15 a	
45	1.50 a	60	1.72 a	62	1.50 a	
60	1.70 a	58	1.72 a	12	2.25 a	
4	1.75 a	64	1.78 a	49	2.40 a	
62	2.00 a	57	1.79 a	44	2.40 a	
37	2.40 a	19	1.88 a	8	2.40 a	
9	2.40 a	61	1.92 a	45	2.70 a	
44	2.50 a	10	1.93 a	9	2.75 a	
8	2.60 a	54	2.01 a	2	2.80 a	
58	2.70 a	63	2.08 a	60	3.35 b	
52	2.70 a	36	2.20 a	24	3.85 b	
20	2.70 a	48	2.29 a	37	3.90 b	
43	3.05 a	52	2.33 a	19	3.90 b	
2	3.30 a	16	2.34 a	4	4.00 b	
46	3.35 a	7	2.34 a	46	4.05 b	
24	3.60 a	59	2.34 a	58	4.20 b	
56	3.90 a	17	2.48 a	18	4.35 b	
10	3.90 a	2	2.57 a	54	4.40 b	
40	4.00 a	50	2.59 a	48	4.40 b	
54	4.05 a	18	2.70 a	3	4.75 b	
61	4.10 a	42	2.76 a	64	5.05 b	
11	4.65 a	20	2.83 a	43	5.35 c	
49	4.80 b	51	2.94 a	47	5.70 c	
13	5.00 b	22	2.97 a	56	5.80 c	
6	5.00 b	8	3.00 a	51	5.80 c	
53	5.10 b	15	3.03 a	38	5.90 c	

39	5.25 b	26	3.13 a	53	5.95 c
3	5.25 b	53	3.15 a	50	6.35 c
42	5.30 b	14	3.17 a	10	6.70 c
7	5.30 b	39	3.19 a	6	6.70 c
38	5.50 b	35	3.19 a	16	6.80 c
23	5.50 b	23	3.19 a	55	6.95 c
47	5.55 b	44	3.29 a	32	7.00 c
15	5.55 b	49	3.34 a	42	7.45 d
5	5.70 b	5	3.38 a	57	7.50 d
64	5.85 b	25	3.50 a	36	7.50 d
51	6.00 b	55	3.59 a	15	7.50 d
30	6.15 b	56	3.59 a	20	7.70 d
33	6.25 b	3	3.63 a	61	7.75 d
21	6.25 b	47	3.67 a	35	7.75 d
19	6.25 b	32	3.72 a	22	7.75 d
59	6.45 b	34	3.76 a	7	7.80 d
63	6.50 b	13	3.92 b	5	7.90 d
17	6.50 b	1	3.97 b	59	8.00 d
32	6.60 b	41	4.13 b	40	8.20 d
14	6.60 b	6	4.15 b	30	8.20 d
27	6.65 b	21	4.15 b	21	8.20 d
26	6.65 b	27	4.17 b	27	8.25 d
35	6.75 b	38	4.22 b	17	8.35 d
22	6.75 b	33	4.28 b	63	8.50 d
28	6.95 c	43	4.35 b	31	8.50 d
36	7.00 c	28	4.52 b	25	8.50 d
25	7.15 c	45	4.86 b	23	8.50 d
1	7.35 c	37	4.88 b	11	8.50 d
18	7.70 c	62	4.91 b	33	8.60 d
55	7.75 c	11	4.95 b	14	8.60 d
48	7.85 c	46	4.97 b	34	8.70 d
50	7.90 c	40	5.00 b	26	8.90 d
16	8.00 c	4	5.20 b	39	8.95 d
57	8.05 c	24	5.22 b	41	9.00 d
41	8.05 c	30	5.28 b	29	9.00 d
31	8.15 c	29	5.29 b	28	9.00 d
34	8.65 c	31	5.32 b	13	9.00 d
29	9.00 c	9	5.98 b	1	9.00 d
Pérola	7.55 c	Pérola	7.14 b	Pérola	2.30 a
Uai	3.75 a	Uai	2.61 a	Uai	6.50 c
Ouro Negro	1.20 a	Ouro Negro	3.14 a	Ouro Negro	1.10 a

⁽¹⁾Médias seguidas pela mesma letra pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Scott Knott ($P < 0.01$).
Fonte: do autor (2019)

A existência de variação entre as progênies, também podem ser evidenciadas a partir das estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos (Tabela 5). Chama

atenção à estimativa da interação Progênie X Raças ($\hat{\sigma}_{PR}^2$), que foi 1.85 vezes superior à estimativa da variância genética entre progênies ($\hat{\sigma}_P^2$). Nessa condição o importante é observar o que ocorreu nas avaliações individuais de cada raça. Veja que as estimativas das herdabilidades obtidas foram todas superiores a 70%, comprovando a possibilidade de sucesso na seleção das progênies visando à resistência a cada uma das raças isoladamente. Pereira et al. (2019) obtiveram estimativas de h^2 para seleção, na media das progênies do CXIV, ligeiramente superior as obtidas nesse trabalho com progênies do CXVI.

Tabela 5 – Estimativas dos componentes da variância genética e fenotípica das notas de severidade as três raças de *C. lindemuthianum*, dados avaliados de progênies do CXVI da SR do Feijoeiro. UFLA, Lavras 2019.

Componentes de Variância	Estimativas
Variância genética entre progênies na análise conjunta ($\hat{\sigma}_P^2$)	1.09
Variância da interação progênies x raças ($\hat{\sigma}_{PR}^2$)	2.02
Variância fenotípica entre médias de progênies envolvendo as três raças ($\hat{\sigma}_F^2$)	2.01
Herdabilidade para a seleção entre média de progênies em todas as raças (h^2 (%))	54.23
Variância genética entre média de progênies na avaliação da raça 65 ($\hat{\sigma}_P^2$)	3.165
Variância genética entre média de progênies na avaliação da raça 73 ($\hat{\sigma}_P^2$)	1.06
Variância genética entre média progênies na avaliação da raça 89 ($\hat{\sigma}_P^2$)	5.09
Variância fenotípica entre média de progênies na avaliação da raça 65 ($\hat{\sigma}_F^2$)	4.25
Variância fenotípica entre média de progênies na avaliação da raça 73 ($\hat{\sigma}_F^2$)	1.46
Variância fenotípica entre média de progênies na avaliação da raça 89 ($\hat{\sigma}_F^2$)	5.78
Herdabilidade para a seleção na média das	74.38

progênies submetidas a raça 65 (h^2 (%))

Herdabilidade para a seleção na média das progênies submetidas a raça 73 (h^2 (%)) 72.6

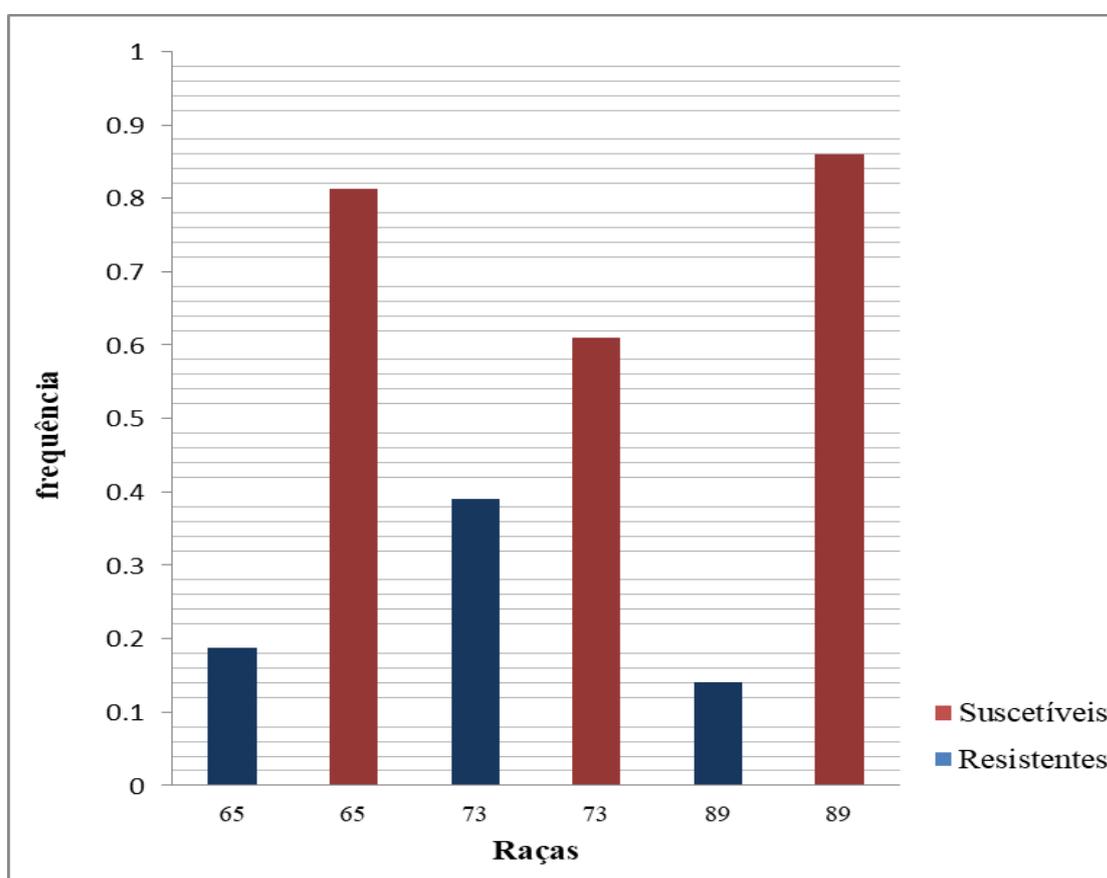
progênies submetidas a raça 89 (h^2 (%))

Herdabilidade para a seleção na média das progênies submetidas a raça 89 (h^2 (%)) 88

Fonte: do autor (2019).

Na literatura é comum classificar progênies com notas de severidade inferior a 3 como sendo resistente e acima de 4 suscetível (COSTA et al., 2019; PEREIRA et al., 2019). Nessa condição, pode-se observar (Figura 1) que a maior frequência de progênies resistentes foi com a raça 73 e a menor raça 89. Há evidências que na região, nos últimos anos, predomina a raça 65. Inclusive há relatos que no caso dessa raça, ao que tudo indica os isolados diferem em patogenicidade (COSTA et al., 2017; JÚNIOR et al., 2015; SILVA; DAVIDE; SOUZA, 2009; SOUZA; ISHIKAWA, 2007).

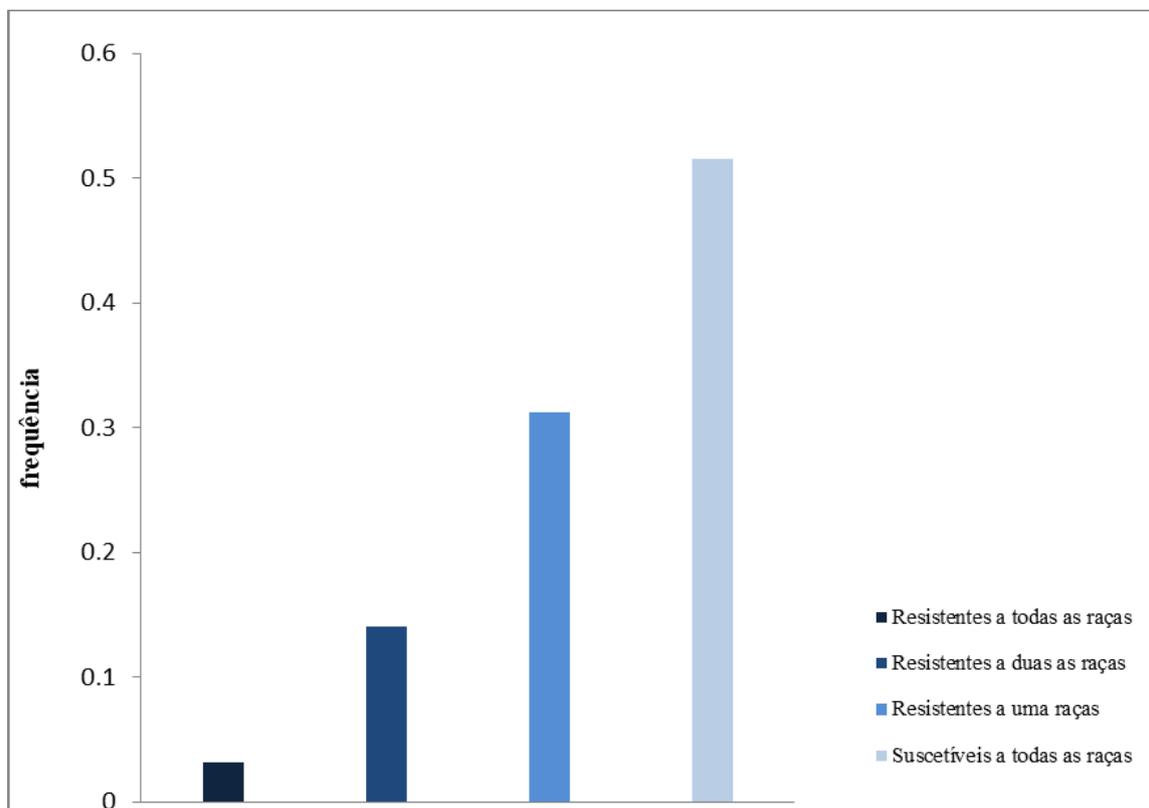
Figura 1- Frequência de progênies resistentes e suscetíveis às raças 65, 73, e 89 de *C. lindemuthianu*, obtidas do CXVI do programa de seleção recorrente (SR) do Feijoeiro. UFLA, Lavras, 2019.



O importante é verificar se existem progênies que podem ser consideradas resistentes às três raças. Veja na Tabela 4 em que as progênies 12 e 52 foram resistentes as três raças. Nove progênies foram resistentes a duas raças e 33 foram suscetíveis a todas as raças.

Seria aconselhável no futuro considerar além da produtividade a resistência ao *C. lindemuthianum*, submetendo as progênies a avaliações de modo semelhante a que foi feito nesse trabalho. Sobretudo, porque Costa et al. (2019) demonstraram que a seleção recorrente é uma ótima alternativa para se acumular rapidamente um grande número de alelos/genes de resistência a *C. lindemuthianum* do feijoeiro. Inclusive seria aconselhável nos próximos ciclos, utilizar progênies identificadas por Costa et al. (2019) como resistentes a varias raças do *C. lindemuthianum* no processo de recombinação. Se isso for realizado as progênies S_{0:2} deveriam também ser avaliadas em laboratório para identificar as resistentes ao maior número de raças do agente causal da antracnose e assim ser um caráter adicional na identificação das progênies S_{0:3} que serão recombinadas.

Figura 2 - Frequência de progênies resistentes a todas as raças, a duas raças, a uma raça e suscetíveis a todas as raças de *C. lindemuthianu*, obtidas do CXVI do programa de seleção recorrente (SR) do Feijoeiro. UFLA, Lavras, 2019.



5 CONCLUSÃO

- Existe variabilidade entre as progênies $S_{0.3}$ do CXVI do programa de seleção recorrente da UFLA com relação a resistência ao patógeno.

- As progênies de número 12 e 52 foram resistentes às três raças e nove mostraram-se resistentes a duas raças do patógeno.

- Devido à importância desse patógeno na região, seria aconselhável nos próximos ciclos de SR, incluir linhagens/progênies resistentes às várias raças do *C. lindemuthianum*.

- Seria também desejável que as progênies $S_{0.2}$ fossem avaliadas em todos os ciclos para identificar aquelas com maior número de genes/alelos de resistência, que seria um caráter adicional à produtividade e tipo de grão, para identificar as que seriam recombinadas.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABREU, A. de F. B.; RAMALHO, M. A. P.; CARNEIRO, J. E. de S.; MELO, L. C.; PEREIRA, H. S.; SOUZA, T. L. P. O. de; PAULA JÚNIOR, T. J. de; SOUZA, E. A. de; PEREIRA FILHO, I. A.; MARTINS, M.; DEL GIÚDICE, M. P.; VIEIRA, R. F. BRSMG Uai: cultivar de feijão tipo carioca com planta de arquitetura ereta. Santo Antônio de Goiás: **Embrapa Arroz e Feijão**, 2018.

ABREU, A.F.B.; RAMALHO, M.A.P.; GONÇALVES, F.M.A.; MENDONÇA, H.A. Utilização da produtividade de Grãos na seleção para resistência ao *Colletotrichum lindemuthianum* no feijoeiro. **Ciência e Agrotecnologia**. V.27, n.2, p.363-369. 2003

ALLEIROS, MARGOT O. ; MOTA, SUELLEN F. ; FERREIRA, ALEX N. ; DE SOUZA, ELAINE A. Mixture of *Colletotrichum lindemuthianum* races in anthracnose resistance screening and its implication for common bean breeding. **Tropical Plant Pathology**. v. 43, p. 271-277, 2018.

ALVES, A. F. **Dois ciclos de seleção recorrente no melhoramento de feijão carioca**. 2012. 61 p. Tese (Doutorado em Fitotecnia) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa-MG, 2012.

BARBOSA, F. R.; GONZAGA, A. C. DE O. **Informações técnicas para o cultivo do feijoeiro-comum na Região Central-Brasileira: 2012-2014**. Santo Antônio de Goiás, GO: Embrapa Arroz e Feijão, 2012.

BOTELHO, F. B. S.; RAMALHO, M.A.P.; ABREU, A.F.B.; ROSA, H.J.A. Multiline as a Strategy to Reduce Damage Caused by *Colletotrichum lindemuthianum* in Common Bean. **J Phytopathol** 159:175–180, 2011.

BRUZI, A. T. et al. Homeostasis of common bean populations with different genetic structures. **Crop Breeding and Applied Biotechnology** 7:111-116, 2007.

COELHO, R. T.; GONÇALVES-VIDIGAL, M. C.; VIDIGAL FILHO, P. S.; et al. Characterization of the anthracnose resistance gene in the mesoamerican common bean cultivar Crioulo 159. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, v. 56, p. 43–44, 2013.

COSTA, L. C. et al. **Mapeamento de genes de resistência a diferentes isolados de *Colletotrichum lindemuthianum* e seleção recorrente visando à resistência a antracnose do feijoeiro**. 2019. 109 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento Vegetal)-Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2019.

COSTA, L.C.; NALIN, R.S.; RAMALHO, M.A.P.; DE SOUZA, E.A. Are duplicated genes responsible for anthracnose resistance in common bean? **PLoS ONE** 12(3): e0173789. 2017

DAVIDE, L. M. C.; SOUZA, E. A. DE. Pathogenic variability within race 65 of *Colletotrichum lindemuthianum* and its implications for common bean breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 9, p. 23–30, 2009.

DOLATABADIAN A.; PATEL, D. A.; EDWARDS, D.; BATLEY, J. Copy number variation and disease resistance in plants. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 130, p. 2479-2490, 2017.

FERREIRA, J. J.; CAMPA, A.; KELLY, J. D. Organization of Genes Conferring Resistance to Anthracnose in Common Bean. In: R. K. Varshney; R. Tuberosa (Eds.); **Translational Genomics for Crop Breeding**. 1st ed., p.151–176, 2013.

GERALDI, I. O. Selección recurrente en el mejoramiento de plantas. In: GUIMARÃES, E. P. (Ed.). **Selección recurrente en arroz**. CIAT: Cali, 1997. p. 3-11.

GONZÁLEZ, A. M.; YUSTE-LISBONA, F. J.; RODIÑO, A P.; et al. Uncovering the genetic architecture of *Colletotrichum lindemuthianum* resistance through QTL mapping and epistatic interaction analysis in common bean. **Frontiers in plant science**, v. 6, p. 13, 2015.

HALLAUER, A. R. Recurrent selection in maize. **Plant Breeding Reviews**, New York, v. 9, p. 115-179, 1992.

ISHIKAWA, F. H.; RAMALHO, M. A. P.; SOUZA, E. A. Common bean lines as potential differential cultivars for race 65 of *Colletotrichum lindemuthianum*. **Journal of Plant Pathology**, v. 93, n. 2, p. 461–464, 2011.

Knapp SJ, Stroup WW and Ross WM (1985). Exact confidence intervals for heritability on a progeny mean basis. **Crop Sci.** 25: 192-194. <http://dx.doi.org/10.2135/cropsci1985.0011183X002500010046x>

LIBRELON, S. S et al. Diagrammatic scale to evaluate angular leaf spot severity in primary leaves of common bean. **Australasian Plant Pathology**, 2015.v.44, p.385-395.

MIKLAS, P. N.; KELLY, J. D.; BEEBE, S. E.; BLAIR, M. W. 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.

MSTATC. **A software program for the design, management and analysis of agronomic research experiments**. Michigan: Michigan State University, 1991.

PÁDUA, J.M.V.; RAMALHO, M.A.P.; ABREU, A.F.B. Implications of early selection for resistance to anthracnose in genetic breeding of common bean. **Crop Breeding and Applied Biotechnology** 15: 169-174, 2015

PEREIRA, LAÍS ANDRADE ; COSTA, LARISSA CARVALHO ; DE PÁDUA, PAULA FURTADO ; RAMALHO, MAGNO ANTONIO PATTO . Variability for angular leaf spot and anthracnose resistance among common bean progenies with different levels of endogamy. **Tropical Plant Pathology**, v. 40858, p. 1-9, 2019.

RAMALHO, M.A.P.; ABREU, A.F.B.; SANTOS, J.B.; NUNES, J.A.R. **Aplicações da Genética Quantitativa no Melhoramento de Plantas Autógamas**.(Ed.)UFLA. 522p.2012.

RESENDE, M.D.V. de. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: EMBRAPA Florestas. 561p. 2007.

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

RIBEIRO, T. et al. Classification of *Colletotrichum lindemuthianum* races in differential cultivars of common bean. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 38, n. 2, p. 179–184, 2016.

SCHOONHOVEN, A.; PASTOR-CORRALES, M. A. **Standard system the evaluation of bean germoplasm**. Cali: CIAT, 1987. 54 p.

SILVA, G.S.; RAMALHO, M.A.P.; ABREU, A.F.B.; NUNES, J.A.R. Estimation of genetic progress after eight cycles of recurrent selection for common bean grain yield. **Crop Breeding and Applied Biotechnology** 10: 351-356, 2010.

STEEL, R. G. D.; TORRIE, J. H.; DICKEY, D. **Principles and procedures of statistics: a biometrical approach**. 3. ed. Boston: McGraw Hill, 1997.

ZUIDERVEEN, G. H. et al. Genome-Wide association study of anthracnose resistance in andean beans (*Phaseolus vulgaris*). **PLoS ONE**, v. 11, n. 6, 2016.