

Universidade Federal do Piauí

Cruzamentos dialélicos para resistência a *Macrophomina phaseolina* e a *Thanatephorus cucumeris* em feijão-caupi

Laíze Raphaele Lemos Lima

Dissertação apresentada à Universidade Federal do Piauí como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento para a obtenção do título de “Mestre”.

Teresina

2015

Laíze Raphaele Lemos Lima
Bacharela em Ciências Biológicas

Cruzamentos dialélicos para resistência a *Macrophomina phaseolina* e a *Thanatephorus cucumeris* em feijão-caupi

Orientador:
Prof. Dr. Kaesel Jackson Damasceno e Silva

Co-orientadores:
Prof^a. Dr^a. Marissônia de Araújo Noronha
Prof. Dr. Daniel Augusto Schurt

Dissertação apresentada à Universidade Federal do Piauí como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento para a obtenção do título de “Mestre”.

Teresina

2015

Cruzamentos dialélicos para resistência a *Macrophomina phaseolina* e a *Thanatephorus cucumeris* em feijão-caupi

Laíze Raphaele Lemos Lima

Aprovado em 30 de junho de 2015

Comissão Julgadora:

Prof. Dr. José Evando Aguiar Beserra Júnior - UFPI

Prof. Dr. Francisco de Alcântara Neto - UFPI

**Prof^a. Dr^a. Marissônia de Araújo Noronha – Embrapa Tabuleiros Costeiros
(Co-orientadora)**

**Prof. Dr. Kaesel Jackson Damasceno e Silva – Embrapa Meio-Norte
(Orientador)**

A Deus
OFEREÇO

*Aos meus pais, Gilda Helena Lemos de Sousa e
Antônio de Sousa Lima, pelo amor e dedicação. Aos
meus familiares e amigos pelo apoio e incentivo.*

DEDICO

AGRADECIMENTOS

Primeiramente a Deus pelo dom da vida, pela onipresença e por abençoar a minha vida e a minha trajetória.

Aos meus pais, Antonio de Sousa Lima e em especial a minha mãe Gilda Helena Lemos de Sousa, pelo apoio, incentivo e amor incondicional dado a mim desde sempre.

À Universidade Federal do Piauí e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento pela oportunidade de realização do curso.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) e a Fundação de Amparo a Pesquisa do Estado do Piauí (FAPEPI) pela concessão da bolsa de estudos.

À Embrapa Meio-Norte e a Embrapa Roraima, pela infraestrutura concedida, disponibilização do espaço físico e auxílio de pessoal para realização dos experimentos.

Ao professor e orientador Dr. Kaesel Jackson Damasceno e Silva por todo o incentivo, os ensinamentos, os conselhos, pela paciência e por toda a contribuição científica.

À Dra. Marissônia de Araújo Noronha pelo imenso amor, carinho, confiança, amizade, incentivo, cuidado, e por toda a contribuição dada ao trabalho.

Ao Dr. Daniel Augusto Schurt e à equipe do Laboratório de Fitopatologia da Embrapa Roraima, por se disponibilizarem para execução de parte do trabalho, pelos ensinamentos e por toda a ajuda.

Às professoras Dra. Ana Paula Perón e Dra. Ângela Celis de Almeida Lopes pelo carinho e atenção dada, e pelos grandes ensinamentos.

Aos professores do Programa de Mestrado em Genética e Melhoramento pelos ensinamentos durante o curso, em especial, aos professores Dr. Maurisrael de Moura Rocha e Dr. José Evando Aguiar Beserra Júnior pelas importantes considerações sugeridas durante a qualificação da dissertação.

À equipe do Programa de Melhoramento do Feijão-Caupi da Embrapa Meio-Norte, por todos os momentos de alegria, descontração e de árduo trabalho durante minha estadia como integrante da equipe.

Aos funcionários da Embrapa Meio-Norte, em especial, a Paulo Sérgio Monteiro, Agripino Ferreira do Nascimento e Manoel Gonçalves da Silva, pela indispensável ajuda na organização, montagem e realização dos cruzamentos e preparo do substrato.

Às “mulheres do caupi” por todo o carinho, amizade, companheirismo, preocupação e cuidado de mãe que me deram desde a minha entrada na equipe.

Aos meus companheiros de estágio na Embrapa Meio-Norte, em especial Mário Henrique Rodrigues Mendes Torres (“Dr. Mário”), Antonio Lima Braga (Tonny), pela amizade construída, ajuda, companhia e pelos momentos de conversas, descontração e trabalho compartilhados.

Às “Marias”, Msc. Danieleles Guimarães Oliveira, Msc. Carolline de Jesús Pires, Msc. Massaine Bandeira e Sousa, Fabiana Veloso Sá, pelo companheirismo, conselhos, conversas, apoio, amizade, momentos de descontração e por compartilhar os conhecimentos adquiridos tanto da pós-graduação como da vida.

Aos meus irmãos Lizandra Ronnize Lemos Lima e Louis Ricardo Lemos Lima, por sempre apoiarem, incentivarem e torcerem por mim.

À minha “avó-mãe” Francisca das Chagas Lemos de Sousa pelo amor incondicional e por todo o carinho e incentivo que me deste desde muito pequenina.

Aos amigos e familiares, pelo incentivo e apoio em todos os momentos.

A todos que, de alguma forma, estiveram presentes nessa minha conquista.

“Mil cairão ao teu lado, e dez mil à tua direita, mas não chegará a ti. Somente com os teus olhos contemplarás, e verás a recompensa dos ímpios. Porque tu, ó Senhor, és o meu refúgio. No Altíssimo fizeste a tua habitação. Nenhum mal te sucederá, nem praga alguma chegará à tua tenda. Porque aos seus anjos dará ordem a teu respeito, para te guardarem em todos os teus caminhos.”

Salmos 91:7-11

SUMÁRIO

RESUMO.....	6
ABSTRACT	7
LISTA DE FIGURAS	8
LISTA DE TABELAS	9
1 INTRODUÇÃO	11
2 REFERENCIAL TEÓRICO.....	13
2.1 Feijão-caupi.....	13
2.1.1 Origem e classificação	13
2.1.2 Importância e perspectivas.....	14
2.2 O patógeno <i>Macrophomina phaseolina</i>	17
2.2.1 Taxonomia, sintomatologia e epidemiologia.....	17
2.2.2 Manejo da podridão-cinzenta-do-caule em feijão-caupi	19
2.3 O patógeno <i>Thanatephorus cucumeris</i>	21
2.3.1 Taxonomia, sintomatologia e epidemiologia.....	21
2.3.2 Manejo da mela	23
2.4 Melhoramento genético visando resistência a doenças	23
2.4.1 Seleção de genitores.....	24
2.4.2 Cruzamentos dialélicos	25
3 MATERIAL E MÉTODOS.....	29
3.1 Material genético	29
3.2 Avaliação de populações F ₂ de feijão-caupi para resistência a <i>Macrophomina phaseolina</i>	31
3.3 Avaliação de populações F ₂ de feijão-caupi para resistência a <i>Thanatephorus cucumeris</i>	32
3.4 Análises estatísticas.....	34
3.4.1 Análise de severidade à podridão-cinzenta-do-caule.....	34
3.4.2 Análise da reação a mela	35
3.4.3 Análises dialélicas	36
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	37
4.1 Análise de reação a <i>Macrophomina phaseolina</i>	37
4.2 Análise de reação a <i>Thanatephorus cucumeris</i>	39
4.3 Análise da capacidade de combinação quanto a resistência a <i>Macrophomina phaseolina</i>	41

4.4 Análise da capacidade de combinação quanto a resistência a <i>Thanatephorus cucumeris</i>	46
4.5 Considerações finais	51
5 CONCLUSÕES	53
REFERÊNCIAS.....	54

RESUMO

LIMA, L. R. L. **Cruzamentos dialélicos para resistência a *Macrophomina phaseolina* e a *Thanatephorus cucumeris* em feijão-caupi. 61p.** Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal do Piauí, Teresina, 2015.

Este trabalho foi realizado com os objetivos de identificar e selecionar por meio de análise dialélica parcial populações segregantes de feijão-caupi resistentes a *Macrophomina phaseolina* e a *Thanatephorus cucumeris*, a partir da avaliação das capacidades geral (CGC) e específica de combinação (CEC), envolvidas no controle genético da resistência. Para isso, 19 genótipos de feijão-caupi foram agrupados considerando a resistência a *M. phaseolina* e a *T. cucumeris*, em seguida foram cruzados em esquema de dialelo parcial 14 x 5. As populações F₂ das 70 combinações e os 19 genitores foram avaliadas em casa de vegetação quanto à reação aos patógenos causadores da podridão-cinzenta-do-caule e da mela. Os efeitos aditivos predominaram no controle genético das características severidade da podridão-cinzenta-do-caule (SEV-PCC) e área abaixo da curva do progresso da doença (AACPD-M), possibilitando a obtenção de ganho genético com seleção e de linhagens resistentes. Os efeitos de CGC destacaram os genótipos BR 14-Mulato, BRS Marataoã, BRS Tumucumaque e BRS Guariba quanto ao melhoramento para a resistência a *M. phaseolina*, e os genótipos IT98K-506-1 e o BRS Itaim quanto à resistência a *T. cucumeris* por apresentarem maior concentração de alelos favoráveis. De acordo com as estimativas da CEC, os cruzamentos BR 14-Mulato x MNC03-761F-1, BR 14-Mulato x MNC02-675F-4-10, BRS Tumucumaque x MNC02-675F-9-2, BRS Tumucumaque x IT98K-1092-1, BRS Guariba x MNC02-675F-4-10 e BR 14-Mulato x MNC03-761F-1 foram os mais promissores, indicando alto potencial na obtenção de linhagens resistentes a *M. phaseolina*, enquanto, os cruzamentos IT98K-506-1 x IT98K-1092-1, IT98K-506-1 x MNC02-675F-4-9, BRS Itaim X MNC03-761F-1, BRS Itaim x MNC02-675F-4-9, BRS Itaim x MNC02-675F-9-2, foram os mais indicados para a melhoria do caráter resistência a *T. cucumeris* em feijão-caupi por meio do avanço de gerações das populações. Analisando simultaneamente as características SEV-PCC e AACPD-M, os genitores BR 14-Mulato, BRS Tumucumaque e BRS Guariba, apresentam maior concentração de alelos favoráveis, destacando as combinações BR 14-Mulato x MNC02-675F-4-10, BRS Tumucumaque x IT98K-1092-1, BRS Tumucumaque x MNC02-675F-4-10, BRS Tumucumaque x MNC02-675F-9-2, BRS Guariba x IT98K-1092-1, BRS Guariba x MNC02-675F-4-9 e BRS Guariba x MNC02-675F-4-10 são as mais promissoras e indicadas para a obtenção de linhagens resistentes a *M. phaseolina* e a *T. cucumeris* em feijão-caupi, simultaneamente.

Palavras-chave: *Vigna unguiculata*, dialelo parcial, podridão-cinzenta-do-caule, mela.

ABSTRACT

LIMA, L. R. L. **Diallel crosses for resistance to *Macrophomina phaseolina* and *Thanatephorus cucumeris* in cowpea. 61p.** Dissertation (Master/Genetics and Breeding) – Federal University of Piauí, Teresina, 2015.

This study aimed to identify and select cowpea segregating populations resistant to charcoal-rot and the web blight from the evaluation of the general (GCA) and specific combining ability (SCA) involved in the genetic control of resistance through partial diallel analysis. Thus, 19 cowpea genotypes were grouped considering resistance to *M. phaseolina* and *T. cucumeris* and were crossed in a partial diallel scheme 14x5. The F₂ populations of 70 combinations and 19 parents were evaluated in a greenhouse for resistance to charcoal-rot and web blight. Additive effects predominated in the genetic control of severity in charcoal-rot (SEV) and area under the curve of disease progress the web blight (AUDPC), making it possible to obtain genetic gain with selection and obtain cowpea lines resistant the two diseases. BR 14-Mulato, BRS Marataoã, BRS Tumucumaque and BRS Guariba showed high GCA effects and are genes source for resistance to charcoal-rot and parental genotypes IT98K-506-1 and the BRS Itaim as resistance to web blight, because presenting higher concentration of favorable alleles. According to estimates of the CEC, the crosses BR 14-Mulato x MNC03-761F-1, BR 14-Mulato x MNC02-675F-4-10, BRS Tumucumaque x MNC02-675F-9-2, BRS Tumucumaque x IT98K-1092-1, BRS Guariba x MNC02-675F-4-10 and BR 14-Mulato x MNC03-761F-1 were the most promising, showing high potential in obtaining cowpea lines resistant to charcoal-rot, while the crosses IT98K-506-1 x IT98K-1092-1, IT98K-506-1 x MNC02-675F-4-9, BRS Itaim x MNC03-761F-1, BRS Itaim x MNC02-675F-4-9, BRS Itaim x MNC02-675F-9-2 were the most indicated for the improvement of the trait resistance to web blight in cowpea, through the advancement of generations of populations. Simultaneously analyzing the SEV and AUDPC parameters, the parents BR 14-Mulato, BRS Tumucumaque and BRS Guariba showed higher concentration of favorable alleles, highlighting the combinations BR 14 Mulato x MNC02-675F-4-10, BRS Tumucumaque x IT98K -1092-1, BRS Tumucumaque x MNC02-675F-4-10, Tumucumaque MNC02-675F x-9-2, BRS Guariba x IT98K-1092-1, BRS Guariba x MNC02-675F-4-9 and BRS Guariba x MNC02-675F-4-10 as the most promising and indicated for obtaining simultaneously resistant lines to charcoal-rot and web blight in cowpea.

Key words: *Vigna unguiculata*, partial diallel, charcoal-rot, web blight.

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1 - Genitores de feijão-caupi semeados em condições de telado (A); botão floral emasculado e recém-polinizado (B); vagem de cruzamento identificada (C).30
- Figura 2 - Preparo do inóculo de *Macrophomina phaseolina* (A, B e C); preparo das sementes (D e E); preparação da cova de plantio, deposição do inóculo na cova de plantio e semeadura dos genótipos de feijão-caupi em vasos (F, G e H).31
- Figura 3 - Preparo e obtenção de suspensão do inóculo de *Thanatephorus cucumeris* (A, B, C), ajuste da concentração do inóculo (D), inoculação da suspensão de inóculo de *Thanatephorus cucumeris* por meio de minipressurizador (E) e incubação das parcelas em câmara úmida (F)...33
- Figura 4 - Escala diagramática para determinação da severidade da mela (*Thanatephorus cucumeris*) em feijão comum expresso em porcentagem da área foliar lesionada.34

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Relação de genitores de feijão-caupi com seus respectivos grupos de resistência, origem, porte da planta e tipo de grão utilizados nos cruzamentos dialélicos.	29
Tabela 2 - Análise de variância para a severidade da podridão-cinzenta-do-caule (SEV) em genitores e progênies F ₂ de feijão-caupi. Teresina, PI, 2015...	37
Tabela 3 - Valores médios dos quatorze genitores de feijão-caupi do grupo 1 e cinco genitores do grupo 2, para a característica severidade da podridão-cinzenta-do-caule (SEV-PCC). Teresina, PI, 2015.....	38
Tabela 4 - Análise de variância para a área abaixo da curva de progresso da mela (AACPD-M), analisados em cruzamentos dialélicos envolvendo dezenove genitores de feijão-caupi. Teresina, PI, 2015.	39
Tabela 5 - Valores médios dos quatorze genitores de feijão-caupi do grupo 1 e cinco genitores do grupo 2, para a característica área abaixo da curva de progresso da mela (AACPD-M). Boa Vista, RR, 2015.....	40
Tabela 6 - Análise dialélica para severidade da podridão-cinzenta-do-caule (SEV-PCC) referente a avaliação dos genitores de feijão-caupi do grupo 1 e do grupo 2 e suas populações F ₂ . Teresina, PI, 2015.....	41
Tabela 7 - Estimativas dos efeitos da CGC dos genitores de feijão-caupi do grupo 1 ($\hat{\sigma}_i$) e do grupo 2 ($\hat{\sigma}_j$) para severidade da podridão-cinzenta-do-caule (SEV) em feijão-caupi. Teresina, PI, 2015.	43
Tabela 8 - Estimativas dos efeitos da CEC das populações F ₂ obtidas a partir de cruzamentos dialélicos para severidade da podridão-cinzenta-do-caule (SEV-PCC) em feijão-caupi. Teresina, PI, 2015.....	45
Tabela 9 - Análise dialélica para a área abaixo da curva de progresso da mela (AACPD-M) referentes a avaliação de genótipos de feijão-caupi do grupo 1, grupo 2 e suas populações F ₂ . Boa Vista, RR, 2015.....	46
Tabela 10 - Estimativa dos efeitos da CGC entre os genitores de feijão-caupi do grupo 1 ($\hat{\sigma}_i$) e grupo 2 ($\hat{\sigma}_j$) para a área abaixo da curva de progresso da mela (AACPD-M). Boa Vista, RR, 2015.	48

Tabela 11 - Estimativas dos efeitos da CEC das populações F ₂ entre genitores dos grupos 1 e 2 para a característica área abaixo da curva de progresso da mela (AACPD-M) em feijão-caupi. Boa Vista, RR. 2015.	50
Tabela 12 - Resumo dos valores de CGC dos genitores promissores para severidade da podridão-cinzenta-do-caule (SEV-PCC) e para a área abaixo da curva da doença da mela (AACPD-M) simultaneamente. Boa Vista, RR, 2015.	51
Tabela 13 - Resumo dos valores de CEC dos cruzamentos de feijão-caupi promissores para a severidade da podridão-cinzenta-do-caule (SEV-PCC) e para a área abaixo da curva da mela (AACPD-M). Teresina, PI, 2015.....	52

1 INTRODUÇÃO

O feijão-caupi [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] é bastante cultivado em diversos países, inclusive no Brasil. Devido ao alto valor nutritivo, principalmente por se tratar de uma leguminosa rica em proteínas, carboidratos, vitaminas, minerais, fibras e baixo teor de gorduras, o feijão-caupi constitui-se em um dos principais componentes da dieta alimentar de diversas populações de baixa renda no mundo (FREIRE FILHO et al., 2011; TIMKO; SINGH, 2008).

Caracterizado como possuidor de uma grande variabilidade genética e plasticidade fenotípica, sendo pouco exigente em fertilidade de solo e tolerante a altas temperaturas, o feijão-caupi pode ser utilizado em diferentes sistemas de produção e condições ambientais. Em termos mundiais, o feijão-caupi é cultivado em regiões tropicais e subtropicais da África, Ásia, América, Europa e Oceania, abrangendo um total de 109 países. O volume expressivo da produção do feijão-caupi no Brasil e no mundo, na média de cinco anos (2005 a 2009), destacou o país como o terceiro maior produtor mundial, com uma produção de 513.619 toneladas. (FREIRE FILHO et al., 2011).

No Brasil, a expansão do cultivo do feijão-caupi para os cerrados das regiões Norte, Nordeste e Centro-Oeste ocorreu por meio da incorporação do seu plantio aos arranjos produtivos como safrinha após, principalmente, as culturas da soja e do arroz, permitindo um custo de produção competitivo, ocasionando o aumento do interesse de produtores, e se tornando a cultura principal em alguns sistemas produtivos (FREIRE FILHO et al., 2011).

Com o crescente aumento da expressão econômica do cultivo de feijão-caupi, tanto em termos nacionais quanto mundiais, a adoção de estratégias que visem atender à demanda da cadeia produtiva, como exigências de produtores e consumidores, têm sido cada vez mais necessárias. Dessa forma, a identificação e a seleção de genótipos superiores que apresentem fenótipos de interesse agrônomico, que possam ser utilizados em programas de melhoramento da cultura, tem-se tornado uma das principais ferramentas utilizadas por pesquisadores da área, visando à inserção destes genótipos superiores em novas cultivares a serem disponibilizadas comercialmente.

Em função da expansão da cultura para novos sistemas agrícolas, a ocorrência de doenças, especialmente as fúngicas, constitui-se uma das principais

causas de redução da produtividade do feijão-caupi, além de influenciar negativamente na qualidade dos grãos. Entre as principais doenças fúngicas, destacam-se a podridão-cinzenta-do-caule, causada pelo fungo *Macrophomina phaseolina* e a mela, causada pelo fungo *Thanatephorus cucumeris*. No controle dessas doenças, o uso de cultivares resistentes apresenta-se como uma das estratégias mais eficientes (ATHAYDE SOBRINHO; VIANA; SANTOS, 2005).

Em programas de melhoramento faz-se necessária a realização de estudos genéticos, para definir que métodos de melhoramento devem ser adotados. Entre os métodos biométricos de análise genética, o dialelo destaca-se por permitir a obtenção de informações com base no comportamento “*per se*” de um grupo de genitores e sua capacidade de combinação (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Essas informações auxiliam o melhorista a escolher populações segregantes com alto potencial de fornecer progênies superiores e indicam a estratégia de seleção mais adequada, garantindo assim, a eficiência do programa.

No entanto, não se tem conhecimento de pesquisas nacionais que visem o melhoramento genético para resistência a *M. phaseolina* e a *T. cucumeris* que tenham utilizado como estratégia, a técnica de cruzamentos dialélicos, para a identificação de genitores potenciais visando à obtenção de progênies resistentes a esses patógenos na cultura do feijão-caupi.

Nesse contexto, o presente trabalho foi realizado com o objetivo de por meio de análise dialélica parcial, identificar e selecionar populações segregantes de feijão-caupi resistentes a *M. phaseolina* e a *T. cucumeris*, a partir da avaliação das capacidades geral e específica de combinação envolvidas no controle genético da resistência a esses patógenos, entre genitores e populações F₂ de feijão-caupi.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 O Feijão-caupi

2.1.1 Origem e classificação

O feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) é uma planta dicotiledônea da família Fabaceae, pertencente ao gênero *Vigna*, o qual compreende um conjunto heterogêneo de cerca de 150 espécies, dividido em seis subgêneros, classificados com base em suas características morfológicas, extensão da hibridização, isolamento genético ou reprodutivo e distribuição geográfica das espécies (MARÉCHAL; MASCHERPA; STAINIER, 1978). Os principais grupos consistem dos subgêneros africanos *Vigna* e *Haydonia*, o subgênero asiático *Ceratotropis* e os subgêneros americanos *Sigmoidotropis* e *Lasiopron*. Dentre eles, o subgênero *Vigna* comporta 39 espécies africanas agrupadas em seis seções denominadas *Vigna*, *Comosae*, *Macrodontae*, *Reticulatae*, *Liebrechtsia* e *Catiang*, estando *V. unguiculata* incluída nesta última seção (VIJAYKUMAR; SAINI; JAWALI, 2011).

O feijão-caupi é uma espécie autógama caracterizada pela deiscência das anteras e a ocorrência da polinização antes da abertura da flor (cleistogamia). Desse modo, a cultura apresenta uma baixa taxa de fecundação cruzada, podendo variar de 0,80% (TEÓFILO; MAMEDE; SOMBRA, 1999) a 1,06% (SOUSA et al., 2006), sendo esta, geralmente ocasionada por ação de insetos polinizadores, tendo como principal agente polinizante as mamangavas (*Xylocopa* spp.) (FREIRE FILHO et al., 2005).

Embora ainda exista um desacordo sobre os centros primários de domesticação de *V. unguiculata*, com base em diversos estudos, diferentes centros foram propostos tais como: o nordeste da África, o oeste da África e a Ásia. No entanto, Padulosi e Ng (1997), sugeriram o sul da África como o local de origem do feijão-caupi, e que a ocorrência de radiações subsequentes de suas formas primitivas para outras partes do sul e leste da África, e posteriormente para a África Ocidental e Ásia, podem ter sido ocasionadas devido ao pequeno tamanho das sementes de feijão-caupi selvagens, o que provavelmente facilitou sua dispersão por aves em todo o Leste e o Oeste da África, contribuindo assim, para a diversidade e o desenvolvimento de formas selvagens secundárias (TIMKO; SINGH, 2008).

No Brasil, existem relatos de que o feijão-caupi foi introduzido durante a segunda metade do século XVI pelos colonizadores portugueses no estado da Bahia, capital administrativa do país na época, a qual possuía um intenso comércio com o oeste da África. Foi então, a partir deste estado que a disseminação da cultura ocorreu para todo o país (FREIRE FILHO et al., 2011). No Piauí, encontra-se a citação do cultivo de feijão em 1697 (DIAS, 2008), sugerindo que houve uma ampla disseminação da cultura na região Nordeste e, posteriormente, em todo o país. Por se tratar de uma cultura disseminada em diferentes estados e regiões do país, esta possui diversos nomes, que podem variar entre regiões e estados, como: feijão-macassar, feijão-de-corda, feijão-miúdo, feijão fradinho, feijão gurutuba, feijão da colônia, entre outros (FREIRE FILHO et al., 2011).

2.1.2 Importância e perspectivas

Nutricionalmente, o feijão-caupi é considerado uma importante fonte complementar de proteína na dieta de milhões de pessoas carentes no mundo, por apresentar teores de proteínas totais (entre 23% a 32%) de duas a quatro vezes maiores do que as culturas de cereais e tubérculos, sendo seus grãos ricos em aminoácidos lisina e triptofano, minerais, vitaminas e fibras, além de apresentarem baixo teor de gorduras e um dos mais altos teores de ácido fólico (TIMKO; SINGH, 2008).

Devido ao seu valor nutritivo, o feijão-caupi é cultivado principalmente para a produção de grãos, secos ou verdes, visando o consumo humano *in natura*, na forma de conserva ou desidratado. Além disso, o feijão-caupi também é utilizado como forragem verde, feno, ensilagem, farinha para alimentação animal e, ainda, como adubação verde e proteção do solo (ANDRADE JÚNIOR et al., 2002).

Por ser considerada uma cultura de elevado potencial estratégico e possuidora de uma grande variabilidade genética e plasticidade fenotípica, pouco exigente em fertilidade de solo e tolerante às altas temperaturas, o feijão-caupi tem sido cultivado em diferentes sistemas de produção, consorciado com diversas culturas ou em cultivos solteiros (ZILLI et al., 2007).

A expansão das áreas de cultivo de feijão-caupi para os cerrados das regiões Norte, Nordeste e Centro-Oeste, através de sua incorporação aos arranjos produtivos como safrinha, principalmente, após as culturas da soja e do arroz, vem

proporcionando um custo de produção bastante competitivo, o que tem aumentado o interesse de produtores pelo feijão-caupi, tornando-o a principal cultura em alguns locais. A oferta de um produto padronizado, com alta qualidade, em quantidade e com regularidade vem despertando o interesse de agroindustriais de outras regiões, contribuindo para a abertura de novos mercados para o feijão-caupi (FREIRE FILHO et al., 2011).

O emprego de *inputs* tecnológicos tem proporcionado novas perspectivas para o cultivo do feijão-caupi, aumentando a oferta de grãos e demandando o desenvolvimento de novas pesquisas, principalmente no que diz respeito ao desenvolvimento de cultivares e manejo da cultura (FREIRE FILHO et al., 2011).

No panorama nacional, o feijão-caupi tem se tornado uma cultura bastante importante devido à expansão de seu cultivo visando o mercado local e à exportação. Tal expansão foi favorecida por meio da disponibilidade de um vasto acervo de informações tecnológicas, bem como o desenvolvimento de novas cultivares pelo Programa de Melhoramento Genético da cultura, além da melhoria das técnicas de cultivo, possibilitando a elevação da produtividade e a ampliação do mercado.

O feijão-caupi é cultivado em regiões tropicais e subtropicais da África, Ásia, América, Europa e Oceania, abrangendo 109 países. No período de 2010 a 2013, a produção mundial da cultura foi cerca de 5,7 milhões de toneladas, destacando-se a Nigéria como o principal país produtor, respondendo por 58% da produção mundial, seguida pelo Níger, com 26% do volume total médio e em terceiro Burkina Faso com 10%; esses três países juntos respondem por aproximadamente 94% da produção mundial de grãos secos de feijão-caupi (FAO, 2015).

Entretanto, acredita-se que esta estimativa esteja subestimada, considerando que alguns países, como o Brasil, não têm disponibilizado os dados da produção de feijão-caupi à FAO, promovendo um viés. Comparando os dados disponibilizados pela FAO e os dados estimados com base no Levantamento Sistemático da Produção Agrícola abordados por Freire Filho et al. (2011) sobre a produção mundial e nacional, constata-se que o volume expressivo da produção do feijão-caupi no país, classifica o Brasil como o terceiro produtor mundial.

No Brasil, estima-se que a produção total de feijão-caupi em 2013 foi de 371.748 t, em uma área plantada de 935.465 ha com rendimento de grãos de 397 kg ha⁻¹(EMBRAPA ARROZ E FEIJÃO, 2014). Nesse mesmo ano, o país exportou 24

mil toneladas de feijão-caupi, num total de US\$ 16,5 milhões, sendo os seus maiores compradores a Índia e o Egito, conquistando também os mercados dos Emirados Árabes, Arábia Saudita, Irã, Indonésia e Portugal. Em 2014, o Brasil exportou 52 mil toneladas de feijão-caupi, mais que o dobro da produção comercializada no ano de 2013, totalizando US\$ 33,2 milhões (BRASIL, 2015).

Com o aumento expressivo do valor econômico do cultivo de feijão-caupi, tanto em termos nacionais quanto mundiais, estratégias que visem atender à demanda da cadeia produtiva, como exigências de produtores e consumidores, têm sido cada vez mais necessárias. Dessa forma, a identificação e a seleção de genótipos que apresentem caracteres de interesse agrônômico superiores que possam ser utilizados no Programa de Melhoramento da cultura tem-se tornado uma das principais ferramentas utilizadas por pesquisadores da área, visando à inserção desses caracteres em novas cultivares a serem disponibilizadas no mercado.

Dentre as principais demandas de curto prazo do Programa de Melhoramento do Feijão-caupi relacionadas à ampliação do mercado consumidor e à incorporação de produtores com um novo perfil, destacam-se: o desenvolvimento de cultivares com portes mais adequados a cada tipo de sistema de produção, aumento da produtividade e produção, cultivares mais adaptadas às altas temperaturas e estresse hídrico, com maiores teores nutricionais, com resistência a pragas e patógenos e com melhores qualidade física e sensorial (FREIRE FILHO et al., 2013). Contudo, o desenvolvimento de cultivares resistentes a estresses bióticos ainda constitui um desafio aos melhoristas.

O estresse biótico ocasionado pelas doenças fúngicas, bacterianas e viróticas tem uma representatividade significativa, uma vez que, podem estar diretamente envolvidos com a baixa produtividade da cultura, influenciando negativamente na quantidade e qualidade da produção. Entre esses patógenos, destacam-se os fungos, por apresentarem uma ampla diversidade de espécies patogênicas, presentes em diferentes habitats e colonizando várias partes das plantas de feijão-caupi (ATHAYDE SOBRINHO; VIANA; SANTOS, 2005).

As doenças fúngicas que acometem o feijão-caupi no Brasil estão presentes na maioria das regiões produtoras, e segundo Athayde Sobrinho, Viana e Santos (2005), têm sua importância diretamente relacionada à região, à forma de cultivo e à época de plantio, destacando dentre as principais doenças fúngicas da cultura, a

podridão-cinzenta-do-caule, causada pelo fungo *Macrophomina phaseolina* e a mela, causada pelo fungo *Thanatephorus cucumeris*.

A presença de alta variabilidade genética, alta capacidade de sobrevivência e ampla gama de hospedeiros, bem como a falta de registro de insumos que permitam o controle da podridão-cinzenta-do-caule e da mela, tornam o manejo das mesmas de difícil execução. Dessa maneira, a busca pelo desenvolvimento de cultivares resistentes, e por medidas de manejo mais eficazes que não elevem os custos de produção para os pequenos e grandes produtores de feijão-caupi, e que sejam compatíveis com outras formas de manejo tem sido cada vez mais procuradas (KIMATI; BERGAMIN FILHO, 2011).

2.2 O patógeno *Macrophomina phaseolina*

2.2.1 Taxonomia, sintomatologia e epidemiologia

O fungo *Macrophomina phaseolina* (Tassi) Goid., agente etiológico da podridão-cinzenta-do-caule ou podridão do carvão, pertencente ao filo Ascomycota, sendo possuidor de duas fases assexuadas bem definidas (picnidial e esclerodial), apresenta diferentes sinonímias desde suas primeiras descrições, destacando-se *Macrophomina phaseoli*, *Macrophomina cajani*, *Macrophomina sesami*, *Rhizoctonia bataticola* e *Sclerotium bataticola*, entre outras (SARTORATO; RAVA, 1994 apud ROSA, 2006 p.2). Atualmente, após uma ampla revisão de sua classificação taxonômica durante os últimos cem anos, *M. phaseolina* é reconhecido como o nome taxonômico correto (GUPTA; SHARMA; RAMTEKE, 2012). Por meio de estudos utilizando ferramentas moleculares, Crous et al. (2006) demonstraram que apesar da fase teleomórfica ser desconhecida, *M. phaseolina* é um membro da classe Dothideomycetes, ordem Botryosphaerales, família Botryosphaeriaceae e gênero *Macrophomina*.

Importante fitopatógeno habitante do solo e possuidor de uma vasta distribuição geográfica, *M. phaseolina* é considerado um dos patógenos de plantas mais destrutivo nos países tropicais e subtropicais com climas áridos e semiáridos, sendo comumente encontrado em países da América do Norte, América do Sul, África, Europa e Ásia; atacando mais de 500 espécies de plantas, causando sérios prejuízos em plantações de feijão-caupi (*V. unguiculata*), feijão comum (*Phaseolus*

vulgaris), soja (*Glycine max*), sorgo (*Sorghum bicolor*), algodão (*Gossypium hirsutum*), milho (*Zea mays*), entre outras. (ABAWI; PASTOR-CORRALES, 1990; AMUSA; OKECHUKWU; AKINFENWA, 2007; GUPTA; SHARMA; RAMTEKE, 2012; MUCHERO et al., 2011; WRATHER et al., 1997). Tem a sua incidência associada a altas temperaturas e déficit hídrico (GUPTA; SHARMA; RAMTEKE, 2012; MUCHERO et al., 2011).

A fase picnidial de *M. phaseolina* é caracterizada pela produção de estruturas globosas de cor acinzentada a preta, denominadas picnídios, inicialmente inseridos em tecido do hospedeiro, que se rompem quando maduros, sendo considerada responsável pela fase patogênica da doença. Enquanto sua fase esclerodial é caracterizada pela formação de escleródios por meio do agregamento de cerca de 50 a 200 células individuais de hifas, sendo as mesmas ligadas por um material de melanina, tais estruturas são responsáveis pela fase saprófita do fungo (KAUR et al., 2012)

No Brasil, a podridão-cinzenta-do-caule foi registrada pela primeira vez em 1935 por Bittencourt, em feijão comum, no estado de São Paulo (COELHO NETO, 1994). Atualmente, há relatos da ocorrência dessa doença em diversos estados brasileiros inclusive Amazonas, Pará e Roraima (NECHET; HALFELD-VIEIRA, 2006a; POLTRONIERI; TRINDADE; SILVA, 1994).

Os sintomas da podridão-cinzenta-do-caule podem se manifestar em todos os estágios de desenvolvimento da planta de feijão-caupi, causando tombamentos de plântulas na pós-emergência. Em plântulas, os sintomas podem ser observados nos cotilédones como necroses de coloração escuras, que progridem para as margens dos cotilédones, coalescendo em lesões irregulares ligeiramente deprimidas no caule da planta, podendo levar a morte da mesma. Em alguns casos, durante a fase de folha unifoliolada, os sintomas típicos são caracterizados por pequenas necroses de coloração preta, em sua maioria restrita à região do hipocótilo, podendo atingir também a raiz. Tais necroses podem expandir-se e desenvolver-se em grandes lesões necróticas, geralmente resultando na morte da planta (GUPTA; SHARMA; RAMTEKE, 2012; NDIAYE, 2007).

Em plantas de feijão-caupi adultas, observa-se a presença de lesões caulinares de coloração acinzentada com desenvolvimento mais lento. Tais lesões levam à obstrução dos vasos do xilema resultando na morte de raízes e caule. Estes sintomas são resultantes da ação patogênica dos microescleródios, da produção de

toxinas e da ação enzimática das hifas do patógeno. Nesse estágio, observa-se a colonização do caule e dos ramos por pequenas pontuações negras, os microescleródios (ABAWI; PASTOR-CORRALES, 1990; NDIAYE, 2007).

O fungo *M. phaseolina* sobrevive no solo e dissemina-se, principalmente, na forma de microescleródios ou em restos de cultura como picnídios. Essas estruturas são capazes de sobreviver por longos períodos, cerca de 2 a 15 anos, dependendo das condições ambientais e da associação com resíduos do hospedeiro. Os picnídios quando em condições de altas temperaturas e baixa umidade do solo podem germinar repetidamente durante a estação de cultivo (GUPTA; SHARMA; RAMTEKE, 2012).

De acordo com Andrus (1938), o patógeno é eficientemente transmitido por sementes, quando as mesmas entram em contato com solo infestado pelo patógeno. Dessa forma, a propagação do patógeno pode ocorrer por meio da inserção de lotes de sementes infectadas em áreas isentas do patógeno, pelo aumento da concentração de inóculo no solo através do plantio sucessivo em áreas já contaminadas, uma vez que as fontes primárias de disseminação do patógeno possuem pouca capacidade de propagar-se de uma planta para outra em um mesmo ciclo cultural (ATHAYDE SOBRINHO; VIANA; SANTOS, 2005).

Períodos em que os solos são excepcionalmente secos, com temperaturas continuamente acima de 35°C, durante duas ou três semanas, favorecem a infecção de plantas de feijão-caupi por *M. phaseolina*. A exposição excessiva das plantas a altas temperaturas (25-40°C) acarretam na alteração da fisiologia da planta, ocasionando sua debilitação progressiva, podendo levar à redução do estande, da produtividade e da qualidade das sementes (BIANCHINI; MARIGONI; CARNEIRO, 1997; MICHEREFF; ANDRADE; MENEZES, 2005).

Dessa forma, plantios de feijão-caupi quando submetidos a condições que venham a favorecer o desenvolvimento do patógeno e o desencadeamento da podridão-cinzenta-do-caule, podem ocasionar perdas consideráveis na produção e qualidade da semente, sendo fundamental a implantação de estratégias eficientes para o manejo da doença.

2.2.2 Manejo da podridão-cinzenta-do-caule em feijão-caupi

As doenças radiculares são, em geral, consideradas de difícil manejo, devido à baixa eficiência do controle químico e da constante adaptação dos patógenos

presentes no solo, dessa maneira, práticas de controle para essas doenças requerem a adoção de estratégias de manejo que sejam efetivas, sustentáveis e economicamente viáveis. Dessa forma, as principais estratégias de controle de patógenos radiculares consistem no uso de cultivares resistentes, no uso de agentes biológicos e no controle cultural por meio da modificação das condições de pré e pós-plantio, objetivando a prevenção da epidemia (MICHEREFF; ANDRADE; MENEZES, 2005).

A podridão-cinzenta-do-caule tem como principal forma de controle o uso da resistência genética do hospedeiro, podendo também ser gerenciada por meio de formas alternativas de manejo com o uso de práticas culturais que desfavoreçam o desenvolvimento do patógeno, como: a manutenção da fertilidade do solo, a rotação de culturas, o tratamento de sementes e o uso de sementes sadias e certificadas (ATHAYDE SOBRINHO; VIANA; SANTOS, 2005; NECHET et al., 2009).

A alta variabilidade genética de *M. phaseolina* e a escassez de trabalhos que contenham fontes de resistência em feijão-caupi e alguns outros hospedeiros induzem a busca por formas alternativas de controle que possam conter o desenvolvimento, a disseminação e a severidade da doença. Dessa forma, pesquisas relacionadas ao controle químico, biológico e cultural do patógeno têm sido exploradas e demonstram bons resultados (BROETTO, 2013; NDIAYE; TERMORSHUIZEN; VAN BRUGGEN, 2010; OLIVEIRA et al., 2008).

Embora existam alguns resultados promissores quanto à adoção futura de métodos alternativos de controle de *M. phaseolina*, eficazes e ecologicamente corretos, a utilização de cultivares resistentes ainda é a principal e mais eficiente forma de controle do patógeno, por ser um método menos oneroso tornando viável sua adoção e beneficiando principalmente os pequenos e médios produtores de feijão-caupi.

Os estudos de resistência à *M. phaseolina* em feijão-caupi são considerados uma das principais fontes de identificação de genótipos que possuam resistência ao patógeno, destacando os trabalhos realizados por Rodrigues et al. (1997), Athayde Sobrinho (2004), Noronha et al. (2009) e Lima et al. (2012a; 2012b) que conseguiram destacar alguns genótipos de feijão-caupi como promissoras fontes de resistência a serem utilizadas em programas de melhoramento da cultura.

2.3 O patógeno *Thanatephorus cucumeris*

2.3.1 Taxonomia, sintomatologia e epidemiologia

O fungo *Thanatephorus cucumeris* (Frank) Donk [fase anamórfica: *Rhizoctonia solani* Kühn] é um basidiomicota, da classe Agaricomycetes, ordem Ceratobasidiales, família Ceratobasidiaceae e gênero *Thanatephorus*. Este patógeno é responsável por causar diferentes doenças em um grande número de espécies de plantas, incluindo espécies de importância agrônômica, ornamental e florestal (CABI, 2015; CASTRO et al., 2009).

A maioria dos isolados de *T. cucumeris* não se reproduz sexuadamente e são conhecidos apenas por seu estágio assexuado (fase anamórfica: *Rhizoctonia solani* Kühn). Esse fungo representa um grupo economicamente importante e geneticamente diverso, sendo composto por cerca de quatorze grupos de anastomose (AG) (CARLING; KUNINAGA; BRAINARD, 2002).

Em plantas de feijão-caupi, *T. cucumeris* é capaz de induzir duas doenças distintas, a mela e a podridão radicular (rizoctoniose), separadas no tempo e no espaço. A mela ou murcha-da-teia-micélica é ocasionada por isolados aéreos deste fungo, geralmente pertencentes ao grupo de anastomose AG-1, os quais possuem apenas uma associação transitória com o solo. Por se tratar de um patógeno com uma ampla gama de plantas hospedeiras e por ser encontrado e recuperado de solos em todo o mundo, é considerado um patógeno muito destrutivo. Tem seu desenvolvimento favorecido pela combinação de temperatura (maiores que 35°C) e umidade (maior que 80%) elevadas, bem como pela alta frequência e quantidade de chuvas, estando presente em regiões tropicais e subtropicais úmidas e quentes, como nas regiões de floresta em países da África ocidental, da América Latina, Caribe, América do Sul e da Ásia (CABI, 2015; GONZÁLEZ et al., 2012).

No Brasil, a mela é comumente encontrada em áreas de plantio durante a estação chuvosa nas regiões Centro-Oeste e Norte, além de microrregiões úmidas do Nordeste (CARDOSO et al., 1997), ocasionando perdas de produtividade através da destruição de folhas e/ou a presença de manchas nas sementes, que acabam por reduzir o seu valor comercial (GODOY-LUTZ et al., 1996).

Os primeiros e principais sintomas da doença são observados nas folhas das plantas de feijão-caupi. Inicialmente, nas folhas mais próximas ao solo, se observam dois tipos de manchas ou lesões: pequenas lesões de formato circulares com

coloração marrom, causadas por microescleródios; e lesões de formato irregulares, inicialmente aquosas, mais claras no centro e delimitadas por bordas escuras, estas causadas pelo ataque do micélio do fungo (NECHET; HALFELD-VIEIRA, 2006a).

Em condições bastante úmidas e favoráveis, *T. cucumeris* torna-se patogênico e rapidamente se multiplica sobre os tecidos tenros do hospedeiro, liberando enzimas que degradam o tecido provocando a perda do conteúdo celular e subsequente queima dos tecidos. À medida que a doença evolui as lesões crescem rapidamente e coalescem, tornando possível a observação do micélio do fungo na parte dorsal da folha. Em seguida, observa-se por meio da teia micélica a adesão de folhas ou destas a outras partes da planta. Tais sintomas são seguidos da seca e desfolha levando a morte das plantas (PIO-RIBEIRO; ASSIS FILHO, 1997; RIOS, 1988).

Sobre as folhas mortas e caídas ou aderidas a outras partes da planta, pode-se observar a presença de numerosos escleródios nos tecidos vegetais em plantas infectadas. Em situações em que a umidade do ar e as precipitações são mais baixas, os sintomas da mela permanecem limitados a pequenas manchas ou pontos necróticos (NECHET; HALFELD-VIEIRA, 2006b).

A disseminação da doença ocorre rapidamente dentro da área de cultivo, devido ao contato entre plantas e a presença de gotas de chuva, que favorecem o lançamento dos basidiósporos (esporos do fungo) a partir do himênio formado no solo, transportando-os do solo para as folhas (COSTA, 2007; RIOS, 1988; VIEIRA JÚNIOR et al., 2010). Esses basidiósporos são dispersos durante a noite e permanecem viáveis por apenas algumas horas e são responsáveis por causar pequenas lesões necróticas, circulares e de coloração marrom (GÁLVEZ; MORA; PASTOR CORRALES, 1989).

Escleródios e hifas de *T. cucumeris* livres no solo ou em restos culturais constituem as principais fontes de inóculo primário. Os escleródios são fundamentais na disseminação da doença no campo, uma vez que conseguem permanecer viáveis no solo por vários anos, bem como, por meio da inserção de sementes infectadas em novas áreas ou pelo aumento da concentração de inóculo no solo de um cultivo para o outro, permitindo a sobrevivência do patógeno por um longo período (NECHET; HALFELD-VIEIRA, 2006b; RIOS, 1988).

2.3.2 Manejo da mela

A mela é uma doença bastante prejudicial às plantações de feijão-caupi, principalmente por ser ocasionada por um patógeno que apresenta grande variabilidade genética, ampla gama de hospedeiros e uma alta capacidade saprofítica, tornando difícil o seu controle (NECHET; HALFELD-VIEIRA, 2006b).

Dessa maneira, as principais medidas de manejo sugeridas têm por objetivo evitar a elevação da densidade de inóculo inicial de *T. cucumeris* e reduzir a taxa de progresso da doença por meio da associação de vários métodos. Entre as medidas recomendadas estão: a utilização de sementes sadias, a incorporação de restos culturais, o cultivo em épocas desfavoráveis ao desenvolvimento da doença, a adoção de espaçamento que permita uma melhor aeração do plantio, evitando o acúmulo de umidade, a manutenção da adubação das plantas, o uso da rotação de culturas, a utilização de cobertura morta, o tratamento de sementes e o uso de cultivares resistentes (ATHAYDE SOBRINHO; VIANA; SANTOS, 2005; COSTA, 2007; NECHET; HALFELD-VIEIRA, 2006b; RIOS, 1988).

A aplicação de técnicas de manejo da mela auxiliam os produtores a tentarem minimizar a rápida proliferação do patógeno. O uso da incorporação dos restos culturais infectados logo após a colheita, seguida de aração profunda é uma prática de manejo que permite a diluição do inóculo no solo, reduzindo assim a sua concentração (COSTA, 2007). Essa técnica mostra um alto potencial de atuação quando associada à rotação de culturas, sendo recomendado o cultivo de arroz ou milho após o cultivo do feijão-caupi, e a utilização de sementes sadias (NECHET; HALFELD-VIEIRA, 2006b; RIOS, 1988).

A falta de registro de fungicidas que possam ser utilizados no controle da mela em feijão-caupi, torna o uso de cultivares resistentes e a rotação de culturas os métodos de controle mais viáveis, podendo os mesmos serem associados a outras práticas de manejo da cultura.

2.4 Melhoramento genético visando resistência a doenças

As doenças constituem os principais fatores limitantes do rendimento e da qualidade da produção de diversas culturas, exigindo um maior conhecimento técnico para o seu controle. O uso de cultivares resistentes é a estratégia mais eficaz e econômica no controle de doenças, porém, para a maioria das doenças, a

resistência genética não existe, ocorre em nível baixo ou a resistência é suplantada pela variabilidade genética do patógeno, exigindo uma maior participação das práticas culturais para um controle duradouro (YORINORI; KIIHL, 2001).

A observação de diferentes classes de resistência, permitiu que Van der Plank (1963) definisse dois tipos diferentes de resistência a partir da classificação quanto ao nível de reação do hospedeiro ao patógeno alvo. A resistência horizontal é definida como aquela efetiva contra todas as raças fisiológicas de um determinado patógeno, apresentando gradientes de variação entre suscetibilidade e resistência. Já a resistência vertical é aquela que a planta hospedeira apresenta resistência a uma ou algumas raças fisiológicas do patógeno, apresentando classes definidas de resistência ou suscetibilidade. Quando a resistência a um patógeno é horizontal, diz-se possuir variação contínua, e quando vertical é chamada de variação descontínua (BORÉM; MIRANDA, 2009).

O principal objetivo de um programa de melhoramento visando à resistência a doenças é a introdução de alelos que conferem resistência por meio da hibridação de fontes de resistência de uma determinada espécie de planta a um patógeno. Dessa maneira, a definição de quais estratégias serão utilizadas é determinada a partir dos objetivos traçados pelo programa de melhoramento. Portanto, é necessária a realização de estudos genéticos do caráter de interesse, como forma de avaliar o potencial genético dos genitores em produzir descendentes superiores, e de aumentar a eficiência dos métodos de melhoramento que venham a ser utilizados (MARCHESAN, 2008).

2.4.1 Seleção de genitores

Dentre as etapas a serem seguidas no melhoramento por hibridação, a escolha de genitores é uma das etapas mais importantes por ser bastante criteriosa e por exigir um grande esforço por parte dos melhoristas, estando diretamente relacionado com o sucesso do programa (RAMALHO; SANTOS; ZIMMERMANN, 1993). Diante da grande quantidade de materiais disponíveis, a dificuldade maior reside em selecionar aqueles genótipos mais promissores e que venham a atender as exigências do programa.

Embora sejam poucos os trabalhos que relatem a resistência do feijão-caupi a *M. phaseolina* e a *T. cucumeris*, com destaque para trabalhos desenvolvidos sob

condições de casa de vegetação por Rodrigues et al. (1997), Athayde Sobrinho (2004), Noronha et al. (2009) e Lima et al. (2012a; 2012b) para a podridão-cinzenta-do-caule, e Nechet e Halfeld-Vieira (2007) para a mela, não há registros na literatura sobre o estudo da herança da resistência à podridão-cinzenta-do-caule e a mela em feijão-caupi. Entretanto, para diversas outras culturas estudos foram e têm sido desenvolvidos com o intuito de entender a herança da resistência e de obter fontes de resistência a diferentes patógenos.

Estudos sobre a herança da resistência de *Rhizoctonia solani* (teleomorfo: *Thanatephorus cucumeris*) em feijão-de-vagem, realizados por Deakin e Dukes (1975) (apud PANELLA; RUPPEL, 1996, p. 520), demonstram que a resistência é controlada por dois ou três genes com ações aditivas, se tratando assim de uma herança quantitativa.

Ao analisarem cruzamentos dialélicos entre sete variedades de juta (*Corchorus capsulares*) visando à resistência a *M. phaseolina*, DE e Kaiser (1991), observaram que o efeito do gene de efeito aditivo predominou sobre o efeito do gene de efeito não-aditivo e que ao cruzarem genótipos com níveis de suscetibilidade com resistentes ou moderadamente resistentes, a progênie mostrava algum grau de resistência, indicando que a resistência é dominante em relação à susceptibilidade. Segundo Olaya; Abawi e Weeden (1996) a resistência do feijão-comum à *M. phaseolina* é determinada por dois genes complementares dominantes, indicando que a resistência tem uma base genética relativamente simples, podendo esses genes serem transferidos através de métodos tradicionais de melhoramento.

Os métodos de escolha de genitores podem ser divididos em duas categorias, os que se baseiam no desempenho *per se* e os que se baseiam no desempenho das progênies, podendo este último ser medido por meio dos cruzamentos dialélicos (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

2.4.2 Cruzamentos dialélicos

A metodologia de cruzamentos dialélicos é considerada uma técnica viável que auxilia na escolha dos genitores com base nos seus valores genéticos e considerando a capacidade de se combinarem em híbridos que sejam promissores (RAMALHO; SANTOS; ZIMMERMANN, 1993), sendo um método comumente

utilizado na investigação de caracteres quantitativos no melhoramento genético de plantas (MARCHESAN, 2008).

O esquema de dialelo corresponde ao inter cruzamento de p genitores, dois a dois, produzindo p^2 combinações, as quais incluem os seus genitores, conjunto de híbridos $[(p(p-1))/2]$ e seus híbridos recíprocos $[p(p-1)/2]$ (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012; RAMALHO; SANTOS; ZIMMERMANN, 1993).

Diferentes análises dialélicas podem ser realizadas de acordo com a variação da composição, sendo utilizados os dialelos balanceados (incluem todas as combinações), desbalanceados (número desigual de combinações híbridas), parciais (F_1 's e genitores), incompletos (número variável de combinações por genitor) e circulantes (combinações por genitor inferior a $p-1$). No entanto, os mais aplicados são os dialelos balanceados, propostos por Jinks e Hayman (1953), Griffing (1956) e Gardner e Eberhart (1966) (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

O método proposto por Griffing (1956) é o mais utilizado devido a sua generalidade e por permitir a avaliação da capacidade geral e específica de combinação (CGC e CEC) dos genótipos provenientes dos cruzamentos dialélicos. O método experimental pode variar de acordo com a inclusão ou não dos genitores e dos híbridos F_1 recíprocos, apresentando quatro possíveis métodos, onde cada um requer uma forma diferente de análise. O método 1 inclui todas as p^2 combinações (genitores, híbridos F_1 e híbridos recíprocos), o método 2 inclui os genitores e os híbridos F_1 ($[p(p-1)]/2$ combinações), o método 3 inclui os híbridos F_1 e seus recíprocos ($[p(p-1)]$ combinações) e o método 4 inclui apenas os híbridos F_1 ($[p(p-1)]/2$ combinações) (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012; MARCHESAN, 2008).

A grande dificuldade na obtenção de um número suficiente de sementes híbridas em cada cruzamento devido à época de obtenção dos cruzamentos e as características fisiológicas e florais específicas de cada espécie torna o uso do dialelo parcial o preferido em programas de melhoramento. Esse método permite a realização e a avaliação de um menor número de cruzamentos obtidos a partir do inter cruzamento de dois grupos de parentais, além de permitir a utilização de um maior número de parentais e a obtenção apenas dos cruzamentos mais desejáveis (RAMALHO; SANTOS; ZIMMERMANN, 1993).

As análises do esquema de cruzamentos dialélicos parciais envolvem a avaliação de genitores dispostos em dois grupos, pertencentes ou não a um conjunto comum, sendo as inferências realizadas para cada grupo. As metodologias

de avaliação desse esquema de dialelo distinguem-se a partir das gerações avaliadas, porém é mais comum a análise dos híbridos simples (F_1 's) ou híbridos simples e genitores (F_1 's e p). Dessa forma, para a correta estimativa dos parâmetros genéticos, utilizam-se os modelos adaptados de Griffing (1956), o qual avalia a capacidade combinatória geral e específica e o contraste entre os grupos de genitores; ou o modelo adaptado de Gardner e Eberhart (1966), que avalia o potencial *per se* dos genitores e seus efeitos heteróticos (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

A análise a partir do modelo de Griffing (1956) adaptado a dialelos parciais pode ser realizada por duas alternativas. A primeira consiste em desdobrar a soma de quadrados de tratamentos em soma de quadrados de genitores, soma de quadrados de cruzamentos e soma de quadrados de genitores *versus* cruzamentos. Posteriormente, a soma de quadrados de cruzamentos é desdobrada em somas de quadrados associadas à capacidade geral e específica de combinação. Já na segunda alternativa, a soma de quadrados de tratamentos é desdobrada em somas de quadrados associadas aos efeitos da capacidade geral e específica de combinação. Além do acréscimo de um grau de liberdade adicional que testa o contraste entre grupos de genitores (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Dentre os métodos de estudo de resistência de plantas a doenças, os métodos de análise dialélica constituem uma estratégia que permite a identificação precoce de híbridos capazes de produzir uma progênie superior. No entanto, não existem relatos na literatura de trabalhos utilizando a técnica de dialelos parciais no estudo da capacidade geral e específica de combinação visando à escolha de genitores resistentes a *M. phaseolina* e a *T. cucumeris* em feijão-caupi.

Ao utilizarem a análise dialélica para a estimativa de parâmetros da capacidade de combinação para resistência ao fungo causador da ferrugem (*Phakopsora pachyrhizi*) em progênies F_3 de soja, Maphosa et al. (2012) obtiveram resultados satisfatórios, e puderam observar a importância dos efeitos aditivos no controle da herança do caráter, possibilitando a identificação de uma importante fonte de resistência.

De acordo com Trindade (2010), ao analisar a capacidade combinatória por meio do cruzamento dialélico de seis genótipos de feijão-de-vagem, a natureza e o mecanismo de herança da resistência a bactéria *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* causadora do crestamento bacteriano comum (CBC), verificou a existência

do envolvimento de efeitos aditivos e não aditivos atuando no controle do CBC, indicando a necessidade do uso de métodos de melhoramento mais complexos para a obtenção de cultivares de feijão-de-vagem resistentes a *X. axonopodis* pv. *phaseoli*.

Em estudos da herança da resistência em feijão-comum ao fungo *Colletotricum lindemuthianum*, agente causal da antracnose do feijoeiro, Nkalubo et al. (2009) observaram por meio de dialelo utilizando nove parentais, a importância dos efeitos aditivos e não aditivos na herança do caráter, bem como a presença de uma maior proporção de genes aditivos. Dessa forma, os autores concluíram que o uso do retrocruzamento entre os genótipos de feijoeiro poderia ser utilizado como estratégia na implementação da resistência ao patógeno.

A constante necessidade de informações a respeito da reação de resistência de plantas a patógenos, a fim de complementar e possibilitar o desenvolvimento de cultivares superiores portadoras de resistência a diferentes patógenos torna importante a busca por técnicas mais precisas e que contribuam para a escolha de genitores que sejam capazes de gerar progênie que apresentem resistência aos patógenos de interesse.

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Material genético

Foram utilizados 19 genótipos de feijão-caupi como genitores, sendo os mesmos divididos em dois grupos, onde o grupo A foi composto por quatorze genitores de feijão-caupi escolhidos por apresentarem resistência ao fungo *T. cucumeris*, e o grupo B contendo cinco genitores que apresentaram as reações de resistência e moderada resistência ao fungo *M. phaseolina*, segundo trabalhos realizados por Noronha et al. (2009), Lima et al. (2012a, 2012b) e Nechet e Halfeld-Vieira (2007). Os genótipos são procedentes dos Programas de Melhoramento do Feijão-caupi da Embrapa Meio-Norte, em Teresina - Piauí, e do Instituto Internacional de Agricultura Tropical (IITA), em Ibadan, na Nigéria (Tabela 1).

Tabela 1 - Relação de genitores de feijão-caupi com seus respectivos grupos de resistência, origem, porte da planta e tipo de grão utilizados nos cruzamentos dialélicos.

Genótipo	Grupo	Origem	Porte	Tipo de grão (subclasse)
BR14 Mulato	A	Brasil	Semi prostrado	Mulato
Canapuzinho	A	Brasil	Semi prostrado	Canapu
IT98K-491-4	A	Nigéria	Semi ereto	Branco rugoso
IT98K-506-1	A	Nigéria	Semi ereto	Branco liso
MNC01-649F-2-1	A	Brasil	Semi prostrado	Rajado
MNC02-677F-5	A	Brasil	Semi prostrado	Mulato
MNC02-689F-2-8	A	Brasil	Semi prostrado	Sempre verde
BRS Aracê	A	Brasil	Semi prostrado	Verde
BRS Marataoã	A	Brasil	Semi prostrado	Sempre verde
MNC03-737F-5-9	A	Brasil	Semi ereto	Branco liso
BRS Tumucumaque	A	Brasil	Semi ereto	Branco liso
BRS Cauamé	A	Brasil	Semi ereto	Branco liso
BRS Itaim	A	Brasil	Semi ereto	Fradinho
BRS Guariba	A	Brasil	Ereto	Branco liso
IT98K-1092-1	B	Nigéria	Semi ereto	Preto
MNC03-761F-1	B	Brasil	Semi prostrado	Sempre verde
MNC02-675F-4-9	B	Brasil	Semi ereto	Mulato
MNC02-675F-4-10	B	Brasil	Semi ereto	Mulato
MNC02-675F-9-2	B	Brasil	Semi ereto	Mulato

Os dezenove genitores de feijão-caupi foram semeados em condições de telado de sombrite com malha de 50% e irrigação por gotejamento uma vez ao dia, localizado no campo experimental da Embrapa Meio-Norte, dispostos lado a lado,

em fileiras de 3,5 m com espaçamento de 0,25 m entre covas. A semeadura foi realizada em duas etapas com intervalos de dez dias de um plantio para outro, em decorrência da diferença de ciclo entre os genitores. A primeira semeadura compreendeu os genótipos com floração tardia, e a segunda os materiais precoces. Após a germinação foram mantidas apenas duas plantas por cova, totalizando 28 plantas por fileira.

Os cruzamentos foram realizados nos anos de 2013 e 2014, utilizando o método de cruzamento descrito por Freire Filho et al.(2005) e Rêgo et al. (2006), o qual consistiu na utilização do pólen de flores coletadas pela manhã (flor aberta), sendo uma parte utilizada para a polinização durante a manhã e outra acondicionada em sacos de papel devidamente identificados e armazenada em refrigerador até sua utilização. Os botões florais foram emasculados e polinizados no período da manhã e no final da tarde.

Foram realizados setenta cruzamentos entre os genitores de feijão-caupi dos grupos A e B, em esquema de dialelo parcial (Figura 1). Após a obtenção da geração F_1 , as sementes dos híbridos foram semeadas em condições de telado, para a obtenção da geração F_2 de cada cruzamento.



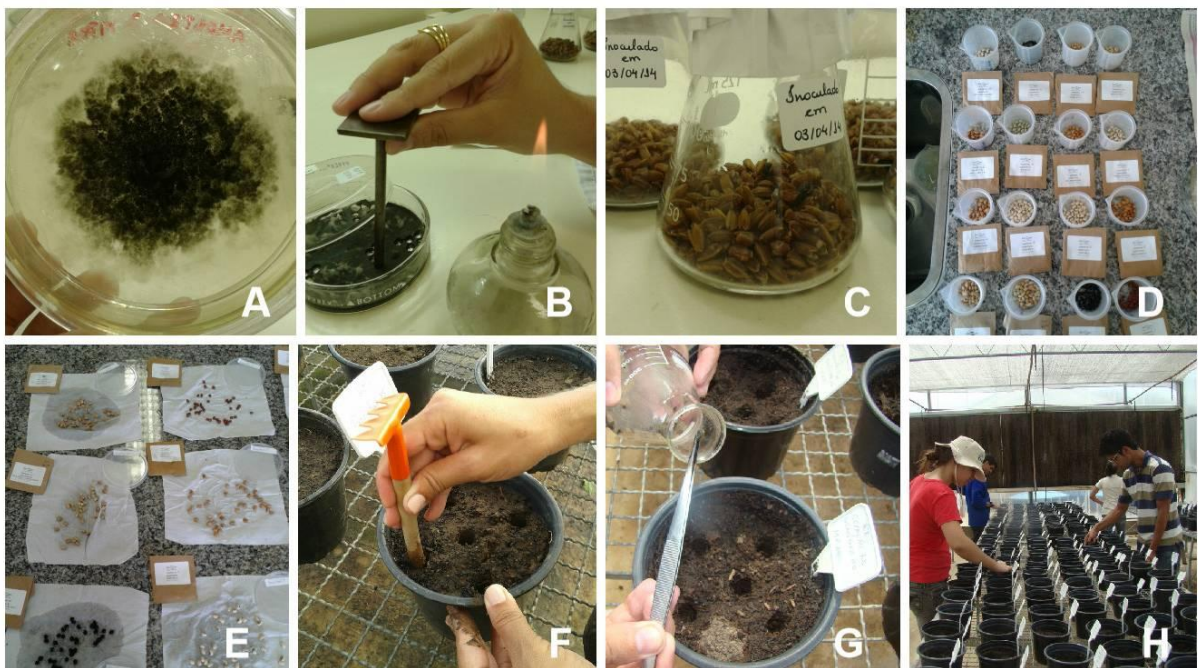
Fonte: Autoria própria.

Figura 1 - Genitores de feijão-caupi semeados em condições de telado (A); botão floral emasculado e recém-polinizado (B); vagem de cruzamento identificada (C).

3.2 Avaliação de populações F₂ de feijão-caupi para resistência a *Macrophomina phaseolina*

Este ensaio foi realizado em casa de vegetação instalada na área experimental da Embrapa Meio-Norte, no município de Teresina, PI, e o isolado de *M. phaseolina* (MP 09) utilizado neste estudo foi obtido da coleção de fungos do Laboratório de Fitopatologia desta Unidade.

O preparo do inóculo foi realizado em Erlenmeyers contendo 100 g de substrato constituído de grãos de arroz em casca autoclavado, a 120°C durante 20 minutos, com adição de 100 ml de água destilada (SONGA et al., 1997). Após o resfriamento, em cada frasco, foram colocados cinco discos de meio de cultura batata-dextrose-ágar (BDA) com 5,0 mm de diâmetro, contendo micélio de *M. phaseolina* (Figura 2), sendo em seguida, incubado em B.O.D. durante 15 dias, sob temperatura de 25±2 °C e fotoperíodo de 12 horas.



Fonte: Autoria própria.

Figura 2 - Preparo do inóculo de *Macrophomina phaseolina* (A, B e C); preparo das sementes (D e E); preparação da cova de plantio, deposição do inóculo na cova de plantio e sementeira dos genótipos de feijão-caupi em vasos (F, G e H).

As sementes das populações F₂ de feijão-caupi foram desinfestadas em solução de NaClO 1,5% durante 2 minutos, lavadas em água corrente e colocadas para secar em papel toalha (Figura 2). Em seguida, procedeu-se a sementeira em vasos plásticos (2,5 kg de capacidade) contendo substrato (70% de solo, 15% de

palha de arroz queimada e 15% de esterco bovino curtido) previamente autoclavado a 120°C por 1 hora, e infestado em cada uma das cinco covas com três grãos de arroz colonizados com o patógeno (Figura 2). As testemunhas consistiram na deposição em cada cova de plantio de três grãos de arroz autoclavados. O delineamento adotado foi inteiramente casualizado, com cinco repetições, sendo a parcela experimental constituída por um vaso com cinco plantas.

A avaliação foi realizada 20 dias após a semeadura, sendo a reação das plantas à infecção estimada com o auxílio de uma escala de notas de zero a cinco, adaptada de Abawi e Pastor-Corrales (1990), em que: 0 = ausência de sintomas; 1 = lesões limitadas aos tecidos cotiledonares; 2 = lesões radiculares, cotiledonares e/ou alcançando os tecidos do hipocótilo em aproximadamente 2,0 cm; 3 = lesões acima de 2,0 cm de comprimento na região do colo da planta; 4 = caule com todo o seu diâmetro colonizado pelo fungo e/ou com presença de picnídios; 5 = sementes não germinadas e tombamento de plântulas.

3.3 Avaliação de populações F₂ de feijão-caupi para resistência a *Thanatephorus cucumeris*

Este ensaio foi realizado sob condições de casa de vegetação, localizada no campo experimental da Embrapa Roraima em Boa Vista, RR.

Para o preparo do inóculo, o isolado 141 de *T. cucumeris*, pertencente ao grupo de anamastose AGI-1A, foi semeado em placas de Petri contendo meio de cultura batata-dextrose-ágar (BDA) e cultivado durante três dias a 25°C, no escuro contínuo (Figura 3). Após esse período, três discos de micélio obtidos da periferia da colônia foram transferidos para Erlenmeyers de 250 ml contendo 100 ml de meio líquido batata-dextrose (BD) (Figura 3). Os Erlenmeyers foram colocados em incubadora (Shaker) na velocidade de 250 rpm a 28±2°C por 10 dias. Após este período, o micélio obtido foi filtrado, suspenso em água destilada esterilizada e triturado por um minuto utilizando um agitador mecânico (Figura 3). A concentração de inóculo foi estimada em câmara de Neubauer e ajustada para 1x10⁶ fragmentos de micélio/mL.

A semeadura das populações F₂ de feijão-caupi foi realizada em vasos plásticos com capacidade de três litros, contendo solo previamente desinfestado com fumigante de solo de princípio ativo metam-sódico. Em seguida, foram

semeadas quatro sementes por vaso. Após o início da germinação das sementes, foi realizado o desbaste para manter apenas duas plantas por vaso. O ensaio foi conduzido em delineamento inteiramente casualizado, com quatro repetições, sendo cada repetição composta por um vaso com duas plantas.



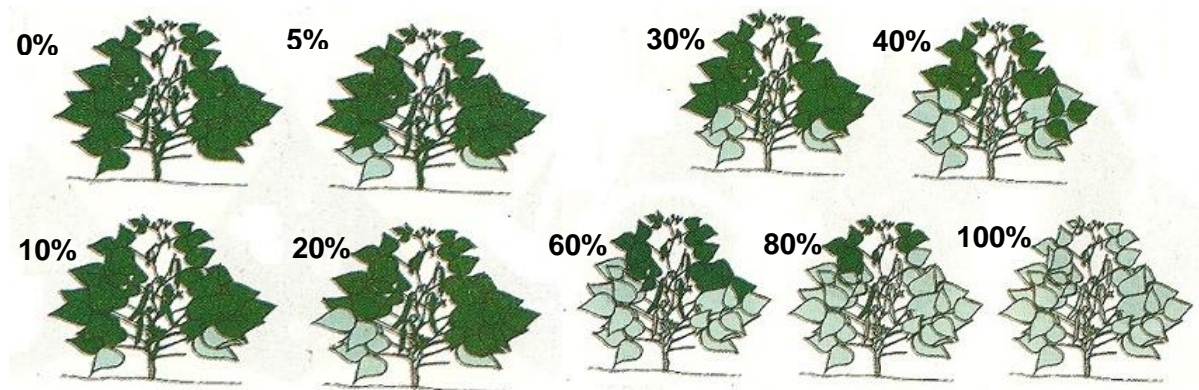
Fonte: Autoria própria.

Figura 3 - Preparo e obtenção de suspensão do inóculo de *Thanatephorus cucumeris* (A, B, C), ajuste da concentração do inóculo (D), inoculação da suspensão de inóculo de *Thanatephorus cucumeris* por meio de minipressurizador (E) e incubação das parcelas em câmara úmida (F).

O método de inoculação utilizado foi adaptado de Nechet, Halfeld-Vieira e Souza (2009). A suspensão de inóculo foi misturada com Tween 20 (polioxietileno monolaurático a 0,05%) e pulverizada nas plantas trinta dias após a semeadura por meio de atomização, utilizando um minipressurizador (Figura 3). Após a inoculação, as plantas foram colocadas em câmara úmida por seis horas a 25°C, e depois expostas às condições de casa de vegetação (25±2°C) (Figura 3). Como testemunhas foram utilizadas oito plantas de feijão-caupi tipo Fradinho cultivar Vaina Blanca, onde quatro foram pulverizadas com água destilada esterilizada + Tween 20 (0,05%).

As avaliações foram realizadas durante cinco dias consecutivos a partir do aparecimento dos sintomas, estimando-se a porcentagem de área foliar lesionada com o auxílio da escala diagramática proposta por Van Schoonhoven e Pastor-

Corrales (1987), variando de 0-100%, em que: 0% = ausência de sintomas e 100% = planta totalmente infestada (Figura 4).



Fonte: Adaptado de Van Schoonhoven e Pastor-Corrales (1987).

Figura 4 - Escala diagramática para determinação da severidade da mela (*Thanatephorus cucumeris*) em feijão comum expresso em porcentagem da área foliar lesionada.

3.4 Análises estatísticas

3.4.1 Análise de severidade da podridão-cinzenta-do-caule

Com os dados obtidos foi calculada a severidade da doença (SEV-PCC) obtida de acordo com o índice de McKinney (1923), pela expressão (1):

$$SEV - PCC = \frac{\sum (\text{grau da escala} \times \text{frequência})}{(\text{n}^\circ \text{ total de unidades} \times \text{grau máximo da escala}) \times 100} \quad (1)$$

Em que:

- grau da escala: nota dada na avaliação de uma planta;
- frequência: número de vezes em que foi atribuída determinada nota na parcela experimental;
- n° total de unidades: número total de plantas por parcela;
- grau máximo da escala: nota máxima da escala de avaliação utilizada.

A partir dos dados de severidade da doença, realizou-se a análise de variância, com o auxílio do programa computacional Sisvar (FERREIRA, 2011), de acordo com o modelo (2):

$$Y_{ij} = \mu + g_i + \overline{\varepsilon_{ij}} \quad (2)$$

em que:

Y_{ij} : valor observado para o tratamento i ($i = 1, 2, \dots, 70$) na repetição j ($j = 1, 2, 3, 4$ e 5);

μ : média geral;

g_i : efeitos do tratamento i ;

$\overline{\varepsilon_{ij}}$: erro experimental.

As médias foram agrupadas pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade, e todas as análises foram realizadas com a utilização do programa Sisvar (FERREIRA, 2011).

3.4.2 Análise da reação de *Thanatephorus cucumeris*

A partir dos dados obtidos na avaliação foi calculada a área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD-M) (CAMPBELL; MADDEN, 1990), baseado na fórmula (3):

$$AACPD - M = \sum \frac{(Y_i + Y_{i+1})}{2} \times (t_{i+1} - t_i) \quad (3)$$

onde:

Y = severidade da mela (%);

t = tempo da avaliação em dias.

Os valores de AACPD-M foram submetidos à análise de variância, utilizando o procedimento, de acordo com o modelo (4):

$$Y_{ij} = \mu + g_i + \overline{\varepsilon_{ij}} \quad (4)$$

em que:

Y_{ij} : valor observado para o tratamento i ($i = 1, 2, \dots, 70$) na repetição j ($j = 1, 2, 3, 4$ e 5);

μ : média geral;

g_i : efeitos do tratamento i ;

$\overline{\varepsilon_{ij}}$: erro experimental.

As médias foram agrupadas pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade, e todas as análises foram realizadas com a utilização do programa Sisvar (FERREIRA, 2011).

3.4.3 Análises dialélicas

As médias dos genitores e das plantas F_2 's, obtidas por meio da análise de severidade, foram submetidas à análise dialélica de acordo com o modelo de dialelo parcial proposto por Geraldi e Miranda Filho (1988) adaptado do modelo 2 proposto por Griffing (1956). Os efeitos dos tratamentos foram considerados como fixos e os quadrados médios para as capacidades geral (CGC) e específica (CEC) de combinação foram obtidos de acordo com o modelo estatístico (5):

$$Y_{ij} = \mu + \frac{1}{2}(d_1 + d_2) + g_i + g'_j + s_{ij} + \bar{\varepsilon}_{ij} \quad (5)$$

em que:

Y_{ij} : valor médio da combinação híbrida envolvendo o i-ésimo progenitor do grupo 1 e o j-ésimo progenitor do grupo 2, com i variando de 1 a 14 e j variando de 1 a 5;

Y_{0i} : é a média do i-ésimo progenitor do grupo 1 ($i = 0, 1, 2 \dots 14$);

Y_{0j} : é a média do j-ésimo progenitor do grupo 2 ($j = 0, 1, 2 \dots 5$);

μ : média geral do dialelo;

d_1, d_2 : contrastes envolvendo médias dos grupos 1 e 2 e a média geral;

g_i : efeito da capacidade geral de combinação do i-ésimo genitor do grupo 1, com i variando de 1 a 14;

g'_j : efeitos da capacidade geral de combinação do j-ésimo genitor do grupo 2, com j variando de 1 a 5;

s_{ij} : efeito da capacidade específica de combinação;

$\bar{\varepsilon}_{ij}$: erro experimental médio.

As análises estatísticas foram realizadas utilizando os recursos computacionais do programa GENES (CRUZ, 2006).

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Análise de reação a *Macrophomina phaseolina*

A análise de variância da característica severidade da podridão-cinzenta-do-caule indicou a existência de variabilidade genética entre os oitenta e nove genótipos de feijão-caupi avaliados ($P < 0,01$) (Tabela 2), indicando a possibilidade de seleção de genótipos visando o melhoramento para resistência ao patógeno *M. phaseolina*.

Tabela 2 - Análise de variância para a severidade da podridão-cinzenta-do-caule (SEV) em genitores e progênies F_2 de feijão-caupi. Teresina, PI, 2015.

FV	GL	QM
Genótipos	88	14,11**
- Progênies vs Genitores ¹	1	275,34**
- Progênies vs G ₁	1	278,73**
- Progênies vs G ₂	1	32,16**
- G ₁ vs G ₂	1	18,86**
Resíduo	356	1,88
Total	448	
CV%	20,0	
Média geral	6,81	

¹ Dados transformados para $\sqrt{x+0,5}$.

** significativo a 1% de probabilidade pelo teste F.

A significância dos quadrados médios dos contrastes de médias de progênies vs genitores, progênies vs G₁, progênies vs G₂ e G₁ vs G₂ indica a existência de variação genética entre as setenta progênies F_2 obtidas no esquema de cruzamentos dialélicos e os dezenove genitores envolvidos quanto a reação à *M. phaseolina* (Tabela 2), evidenciando essa variação tanto entre progênies e genitores, progênies e grupos de genitores, quanto entre os grupos de genitores.

O emprego da hibridação nos programas de melhoramento, possibilitando a recombinação, é de extremo interesse na geração de maior variabilidade genética nas plantas, permitindo a utilização de processos seletivos que efetivamente resultem em ganhos genéticos significativos, através da expressão do potencial das populações segregantes para a seleção (BERNARDO, 2002; RAMALHO et al., 2012).

Ao comparar as médias dos dois grupos de genitores (Tabela 3), verificou-se que os genitores do grupo 1 apresentaram média de severidade superior a média do grupo 2, indicando que os genitores do grupo 2 apresentaram maior resistência a *M. phaseolina*. Este resultado corrobora com a seleção prévia dos genitores do grupo 2 para resistência ao patógeno.

Tabela 3 - Valores médios dos quatorze genitores de feijão-caupi do grupo 1 e cinco genitores do grupo 2, para a característica severidade da podridão-cinzenta-do-caule (SEV-PCC). Teresina, PI, 2015.

Grupos	Genótipo	Severidade ⁽¹⁾	SEV ³
Grupo 1	BR 14-Mulato	9,78 c ⁽²⁾	95,20 c
	Canapuzinho	8,55 b	73,60 b
	IT98K-491-4	9,86 c	96,80 c
	IT98K-506-1	7,86 b	62,40 b
	MNC01-649F-2-1	9,35 c	87,20 c
	MNC02-677F-5	6,98 a	48,80 a
	MNC02-689F-2-8	8,12 b	67,20 b
	BRS Aracê	9,57 c	91,20 c
	BRS Marataoã	8,14 b	67,20 b
	MNC03-737F-5-9	8,64 b	75,20 b
	BRS Tumucumaque	6,90 a	48,00 a
	BRS Cauamé	8,16 b	67,20 b
	BRS Itaim	9,90 c	97,60 c
	BRS Guariba	8,41 b	71,20 b
	Média G ₁	8,58	74,90
Grupo 2	IT98K-1092-1	7,00 a	51,20 a
	MNC03-761F-1	6,76 a	45,60 a
	MNC02-675F-4-9	8,19 b	68,00 b
	MNC02-675F-4-10	8,31 b	68,80 b
	MNC02-675F-9-2	7,72 b	63,20 b
		Média G ₂	7,57
	Média dos genitores	8,32	67,10
	Média das progênes	6,42	44,50
	CV %	19,41	

⁽¹⁾ Médias obtidas a partir de dados transformadas para $\sqrt{x+0,5}$; ⁽²⁾ Médias seguidas pela mesma letra não diferem entre si pelo método de Scott-Knott, a 5% de probabilidade; ⁽³⁾ SEV: Severidade média da doença, valor médio original.

Contrastando-se a média das progênes com a média dos genitores dos dois grupos (Tabela 3) nota-se que estas apresentaram maior nível de resistência que os genitores, ou seja, apresentaram menor valor médio, uma vez que para a característica em estudo os menores valores de severidade, indicam maior nível de resistência. Estes resultados sugerem que há a ocorrência de maior frequência de alelos favoráveis no controle genético desta característica entre os genitores envolvidos no dialelo.

Avaliando a reação de doze cultivares de feijão-caupi à *M. phaseolina*, Athayde Sobrinho (2004), observou a presença de quatro cultivares resistentes, enquanto, Noronha et al. (2009, 2010) ao avaliarem a reação de quarenta e quatro genótipos de feijão-caupi a este patógeno, não identificaram bons níveis de resistência, evidenciando a dificuldade de obtenção de fontes promissoras para esta característica a este patógeno. No entanto, Lima et al. (2012a, 2012b), ao analisarem a reação de trinta e seis genótipos de feijão-caupi, encontraram um genótipo resistente e cinco potenciais fontes promissoras para a mesma. Esses estudos ressaltam a necessidade da recombinação destes materiais para o estudo e obtenção de progênies com alta resistência a esse patógeno.

4.2 Análise de reação a *Thanatephorus cucumeris*

Para a característica área abaixo da curva de progresso da mela (AACPD-M), observou-se efeito significativo para todas as fontes de variação (Tabela 4), indicando a existência de variabilidade genética na expressão da reação a *T. cucumeris*, remetendo a possibilidade de ganho com a seleção da mesma (RAMALHO; SANTOS; ZIMMERMANN, 1993).

Tabela 4 - Análise de variância para a área abaixo da curva de progresso da mela (AACPD-M), analisados em cruzamentos dialélicos envolvendo dezenove genitores de feijão-caupi. Teresina, PI, 2015.

FV	GL	QM ⁽¹⁾
Genótipos	88	13,34**
- Progênies vs Genitores	1	75,11**
- Progênies vs G ₁	1	40,30**
- Progênies vs G ₂	1	46,01**
- G ₁ vs G ₂	1	7,89*
Resíduos	251	1,71
Total	343	
CV%	21,0	
Média geral	6,20	

⁽¹⁾ Dados transformados para $\sqrt{x+0,5}$;

** e * indicam valores significativos a 1% e 5% de probabilidade pelo teste F.

A significância entre os contrastes das progênies e os genitores reforça a premissa da existência de variabilidade entre os cruzamentos e seus genitores, confirmando a possibilidade de exploração da mesma para o melhoramento dessa característica (Tabela 4).

Analisando a reação de vinte genótipos de feijão-caupi quanto a *T. cucumeris* em três diferentes ecossistemas do estado de Roraima, Nechet, Vilarinho e Halfeld-Vieira (2006), identificaram dois genótipos como resistentes, sendo que a maioria dos demais genótipos avaliados apresentaram resistência moderada ao patógeno. Avaliações de reação de dez genótipos de feijão-caupi a *T. cucumeris* realizadas por Nechet e Halfeld-Vieira (2007), demonstraram a existência de oito genótipos de feijão-caupi resistentes a *T. cucumeris*, indicando a possibilidade de exploração dessa resistência em programas de melhoramento da cultura.

Tabela 5 - Valores médios dos quatorze genitores de feijão-caupi do grupo 1 e cinco genitores do grupo 2, para a característica área abaixo da curva de progresso da mela (AACPD-M). Boa Vista, RR, 2015.

Grupos	Genótipo	AACPD ⁽¹⁾	AACPD ⁽³⁾ Média
Grupo 1	BR 14-Mulato	5,82 a ⁽²⁾	33,75 a
	Canapuzinho	7,32 a	53,75 a
	IT98K-491-4	8,24 b	70,00 b
	IT98K-506-1	5,99 a	35,50 a
	MNC01-649F-2-1	6,63 a	43,75 a
	MNC02-677F-5	6,81 a	48,13 a
	MNC02-689F-2-8	5,90 a	34,50 a
	BRS Aracê	6,42 a	41,50 a
	BRS Marataoã	6,71 a	46,25 a
	MNC03-737F-5-9	6,42 a	41,67 a
	BRS Tumucumaque	7,15 a	56,75 a
	BRS Cauamé	8,45 b	73,13 b
	BRS Itaim	6,42 a	41,50 a
	BRS Guariba	8,62 b	75,00 b
	Média G ₁	6,92	49,66
Grupo 2	IT98K-1092-1	6,16 a	39,00 a
	MNC03-761F-1	7,04 a	51,25 a
	MNC02-675F-4-9	8,75 b	79,50 b
	MNC02-675F-4-10	9,10 b	83,13 b
	MNC02-675F-9-2	7,29 a	53,75 a
		Média G ₂	7,67
	Média dos genitores	7,12	52,73
	Média das progênes	6,03	39,96
	CV %	21,0	

⁽¹⁾ Médias obtidas a partir de dados transformadas para $\sqrt{x+0,5}$; ⁽²⁾ Médias seguidas pela mesma letra não diferem entre si pelo método de Scott-Knott, a 5% de probabilidade; ⁽³⁾ Valor médio original.

As médias transformadas e as médias originais da característica avaliada nos dois grupos de parentais estão apresentadas na tabela 5. Ao compararmos os valores da variável AACPD-M dos grupos individualmente, percebe-se que o grupo 1 apresentou média de 6,92 e o grupo 2, média de 7,67, estando de acordo com o

esperado devido ao processo de seleção prévia dos genitores que compõem o grupo 1 para resistência a *T. cucumeris*.

Comparando a média geral dos genitores com a média geral das progênes, nota-se que estas se apresentaram mais resistentes a *T. cucumeris* que os genitores dos dois grupos envolvidos no dialelo (Tabela 5). Tal observação permite inferir que a combinação entre os genitores mostrou-se promissora no acúmulo de alelos favoráveis para a resistência ao patógeno. A presença desse aumento da frequência de alelos favoráveis possibilita que os melhoristas explorem a mesma através da seleção por meio da avaliação de progênes (MOURA, 2013a).

4.3 Análise da capacidade de combinação quanto a resistência a *Macrophomina phaseolina*

A análise dialélica parcial para a característica severidade da podridão-cinzenta-do-caule (SEV-PCC), juntamente com os efeitos dos genótipos, decompostos em capacidade geral (CGC) e específica de combinação (CEC) e o contraste entre as médias dos grupos (G_1 vs G_2) permitiram detectar diferenças significativas para todas as fontes de variação (Tabela 6).

Tabela 6 - Análise dialélica para severidade da podridão-cinzenta-do-caule (SEV-PCC) referente à avaliação dos genitores de feijão-caupi do grupo 1 e do grupo 2 e suas populações F_2 . Teresina, PI, 2015.

FV	GL	SEV	
		SQ	QM
Tratamentos	88	1242,15	14,11**
CGC ₁	13	291,80	22,45**
CGC ₂	4	26,32	6,58**
CEC	70	801,27	11,45*
CGC _{G1} vs CGC _{G2}	1	122,74	122,74**
Resíduo	356	669,39	1,88
CGC ⁽¹⁾ /CEC	1,59		
$\phi_g / \phi_s (G_1)$	0,13		
$\phi_g / \phi_s (G_2)$	0,07		

** e * indicam efeitos significativos a 1% e 5% de probabilidade pelo teste F, respectivamente.

⁽¹⁾ Valor de CGC obtido a partir da média ponderada das CGC₁ e CGC₂.

A significância dos efeitos das CGC e CEC ($P < 0,01$) indicam a atuação de efeitos aditivos e não aditivos no controle da variável SEV-PCC (Tabela 6), sugerindo a existência de diferenças na concentração de alelos favoráveis e

divergência genética entre os genótipos avaliados para a resistência ao patógeno *M. phaseolina*.

Ao observar as estimativas de CGC, Carvalho (2010) afirma que tais valores expressam o quanto os genes de efeitos aditivos influenciam determinado caráter, permitindo a indicação de quais genótipos parentais devem ser utilizados no desenvolvimento de populações que venham a apresentar elevada capacidade de produzirem linhagens promissoras para o caráter em estudo.

No entanto, estimativas de CEC significativas indicam a existência da influência dos efeitos não aditivos na expressão do caráter em estudo, bem como a presença de complementação entre os genótipos de feijão-caupi avaliados, o que possibilita a obtenção de populações segregantes promissoras para esse característica (MOURA, 2013b).

O valor da razão entre CGC e CEC mostrou-se superior a um, evidenciando que os efeitos aditivos são mais importantes no controle da característica SEV-PCC. Conforme Cruz, Regazzi e Carneiro (2012), a superioridade expressa pelo quadrado médio (QM) da CGC com relação à CEC observada, permite inferir que, a variabilidade aditiva presente é comparativamente maior que a contribuição da ação gênica não aditiva no controle da característica SEV-PCC para estes genótipos.

Analisando a severidade da mancha-angular (*Pseudocercospora griseola*) em feijão-preto por meio do método dialélico, Moura (2013a), também observou a significância de todas as fontes de variação, destacando a predominância dos efeitos aditivos no controle da resistência ao patógeno. Tal fato permite inferir que existe diferença na concentração alélica favorável entre os genitores de um mesmo grupo e divergência genética entre os grupos de genitores.

Ao investigarem o controle genético da resistência a *Colletotrichum lindemuthianum* (antracnose), Nkalubo et al. (2009) em feijão comum notaram a superioridade dos efeitos aditivos sobre os não aditivos e a presença de alta herdabilidade, sugerindo a aplicação de retrocruzamentos como a estratégia para implementação da resistência ao patógeno.

A baixa magnitude da razão entre os componentes quadráticos associados aos efeitos das capacidades geral (ϕ_g) e específica (ϕ_s) de combinação do G_2 em relação ao G_1 (Tabela 6), já era esperada, uma vez que ocorreu seleção prévia para a característica em questão.

De acordo com Carvalho (2010), a associação da existência de variabilidade da capacidade específica de combinação com a magnitude alta do componente quadrático da mesma evidencia a presença de divergência genética associada à alta complementariedade dos genótipos estudados.

A significância do contraste entre as médias dos grupos G_1 vs G_2 apresentada na tabela 6, reforçou a indicação de que os grupos dos genitores utilizados no dialelo diferem entre si, uma vez que o grupo 2 apresenta genótipos com bons níveis de resistência à *M. phaseolina*.

Estimativas dos efeitos de CGC do grupo 1, para a variável SEV-PCC (Tabela 7) variaram de -0,86 (BRS Guariba) a 1,88 (IT98K-491-4), enquanto no grupo 2, variaram de -0,24 (MNC02-675F-4-10) a 0,44 (MNC02-675F-4-9). Para tal parâmetro é importante que se busquem altos valores absolutos negativos, ou seja, visando a redução da característica severidade da doença e, conseqüentemente, aumentando a resistência das plantas ao patógeno.

Tabela 7 - Estimativas dos efeitos da CGC dos genitores de feijão-caupi do grupo 1 (\hat{g}_i) e do grupo 2 (\hat{g}_j) para severidade da podridão-cinzenta-do-caule (SEV) em feijão-caupi. Teresina, PI, 2015.

Grupo 1	CGC₁ (\hat{g}_i) SEV
BR 14-Mulato	-0,57 **
Canapuzinho	0,31
IT98K-491-4	1,88 **
IT98K-506-1	0,46 *
MNC01-649F-2-1	0,32
MNC02-677F-5	-0,16
MNC02-689F-2-8	-0,11
BRS ARACÊ	0,37
BRS Marataoã	-0,64 **
MNC03-737F-5-9	-0,38
BRS Tumucumaque	-0,69 **
BRS Cauamé	0,43 *
BRS Itaim	-0,35
BRS Guariba	-0,86 **
Grupo 2	CGC₂ (\hat{g}_j)
IT98K-1092-1	-0,19
MNC03-761F-1	-0,07
MNC02-675F-4-9	0,44 **
MNC02-675F-4-10	-0,24
MNC02-675F-9-2	0,06

** e * indicam valores significativos a 1% e 5% de probabilidade pelo Teste t.

Dessa maneira, destacaram-se os genótipos BR 14-Mulato, BRS Marataoã, BRS Tumucumaque e BRS Guariba por apresentarem menores valores significativos de CGC, sendo os mais recomendados para serem utilizados como genitores em cruzamentos visando à resistência a *M. phaseolina* em feijão-caupi.

Os demais genitores que apresentaram estimativas de CGC negativos e não significativos (Tabela 7) também podem ser indicados como fontes de resistência com potencial de reduzir a severidade à podridão-cinzenta-do-caule.

De acordo com as estimativas de CGC, Krause, Rodrigues e Leal (2012) afirmam que as mesmas, proporcionam a obtenção de informações sobre a concentração de alelos favoráveis a melhoria da característica em estudo, uma vez que, a magnitude da CGC é diretamente proporcional à frequência desses alelos. Dessa forma, inferiram que populações originadas a partir de cruzamentos entre pais que têm altos valores absolutos de CGC possuem uma maior frequência de alelos favoráveis, aumentando a probabilidade de se encontrar linhagens que superem os genitores. Portanto, na escolha das populações deve-se buscar por cruzamentos que apresentem média elevada e que pelo menos um dos genitores possua alto valor absoluto da CGC (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

De acordo com as estimativas da CEC (Tabela 8), dentre os 32 cruzamentos que se destacaram, sete deles apresentaram quatro genitores com altos valores absolutos e negativos de CGC para a característica SEV-PCC (BR 14-Mulato, BRS Marataoã, BRS Tumucumaque e BRS Guariba) em combinação com genitores que também apresentaram bons valores absolutos e negativos de CGC (IT98K-1092-1, MNC03-761F-1 e MNC02-675F-4-10), embora não significativos pelo teste t (Tabela 7), corroborando com o exposto por Cruz, Regazzi e Carneiro (2012).

Dessa forma, dentre os cruzamentos promissores citam-se os cruzamentos: BR 14-Mulato x MNC03-761F-1 (-2,04), BR 14-Mulato x MNC02-675F-4-9 (-1,90), BR 14-Mulato x MNC02-675F-4-10 (-2,83), BR 14-Mulato x MNC02-675F-9-2 (-1,25), BRS Marataoã x MNC02-675F-4-9 (-0,91), BRS Marataoã x MNC02-675F-4-10 (-1,91), BRS Tumucumaque x IT98K-1092-1 (-2,21), BRS Tumucumaque x MNC02-675F-4-10 (-0,52), BRS Tumucumaque x MNC02-675F-9-2 (-2,24), BRS Guariba x MNC02-675F-4-9 (-1,63), BRS Guariba x MNC02-675F-4-10 (-2,12) e BRS Guariba x MNC02-675F-9-2 (-1,16).

Tabela 8 - Estimativas dos efeitos da CEC das populações F₂ obtidas a partir de cruzamentos dialélicos para severidade da podridão-cinzenta-do-caule (SEV-PCC) em feijão-caupi. Teresina, PI, 2015.

Grupo 1 \ Grupo 2	IT98K-1092-1	MNC03-761F-1	MNC02-675F-4-9	MNC02-675F-4-10	MNC02-675F-9-2
BR 14-Mulato	1,91 **	-2,04 **	-1,90 **	-2,83 **	-1,25 **
Canapuzinho	-0,47 *	-0,04	-0,1	0,29	0,16
IT98K-491-4	0,88 **	0,69 **	0,85 **	0,9	0,20 **
IT98K-506-1	1,59 **	1,8	-0,28	0,05 **	-1,34 **
MNC01-649F-2-1	-1,80 **	-1,37 **	0,65 **	-1,06 **	1,87 **
MNC02-677F-5	1,39 **	-1,06 **	0,24	1,34 **	-0,78 **
MNC02-689F-2-8	-1,41 **	0,22	-0,28	0,11	0,40 *
BRS Aracê	0,01	-2,41**	-0,59 **	0,40 *	0,64 **
BRS Marataoã	-0,37 *	-0,28	-0,91**	-1,91**	0,33
MNC03-737F-5-9	-1,18 **	-0,66 **	0,27	-1,34 **	-0,18
BRS Tumucumaque	-2,21 **	2,46 **	1,66 **	-0,52 **	-2,24 **
BRS Cauamé	-0,42 *	-0,12	-0,02	1,03 **	0,63 **
BRS Itaim	-0,45 *	-1,27 **	-1,52 **	-0,86 **	-1,41**
BRS Guariba	-0,97 **	1,35 **	-1,63 **	-2,12 **	-1,16 **
Desvio padrão (Sij)	0,56				

** e * indicam valores significativos a 1% e 5% de probabilidade pelo Teste t.

4.4 Análise da capacidade de combinação de genótipos de feijão-caupi quanto a resistência a *Thanatephorus cucumeris*

Os quadrados médios para a maioria das fontes de variação na análise dialélica apresentaram-se significativos ($P < 0,01$), exceto para o contraste entre as médias dos grupos (G_1 vs G_2) que foi não significativo (Tabela 9).

Tabela 9 - Análise dialélica para a área abaixo da curva de progresso da mela (AACPD-M) referentes à avaliação de genótipos de feijão-caupi do grupo 1, grupo 2 e suas populações F_2 . Boa Vista, RR, 2015.

FV	GL	SQ	QM
Tratamentos	88	1201,66	13,66**
CGC ₁	13	302,64	23,28**
CGC ₂	4	57,15	14,29**
CEC	70	840,30	12,00**
CGC _{G1} vs CGC _{G2}	1	1,58	1,58 ^{ns}
Resíduo	251	251	1,71
CGC ⁽¹⁾ /CEC	1,74		
ϕ_g / ϕ_s (G_1)	0,13		
ϕ_g / ϕ_s (G_2)	0,17		

^{ns} e ** indicam efeitos não significativos e significativos a 1% de probabilidade pelo teste F, respectivamente; ⁽¹⁾ Valor de CGC obtido a partir da média ponderada das CGC₁ e CGC₂; ϕ_g : Componente associado à CGC; ϕ_s : Componente associado à CEC; ϕ_g / ϕ_s : Razão entre os componentes referentes aos efeitos aditivos e dominantes, respectivamente.

As estimativas de quadrados médios de CGC significativos demonstram a influência de efeitos aditivos no controle da expressão da característica área abaixo da curva de progresso da mela (AACPD-M) para ambos os grupos de genitores (Tabela 9). De acordo com Ramalho, Santos, Zimmermann (1993) a existência da atuação de efeitos gênicos aditivos para a característica AACPD indica a possibilidade de obtenção de novas cultivares a partir de cruzamentos com os genitores testados, resistentes a mela em feijão-caupi.

Com relação às estimativas da CEC (Tabela 9), observou-se significância da mesma, demonstrando a existência de efeitos não aditivos na expressão da característica analisada, enfatizando a importância de interações não aditivas resultantes de complementações gênicas entre os parentais, possibilitando a obtenção de populações segregantes promissoras, bem como antever respostas de ganho genético com a exploração da heterose (BASTOS et al., 2003; RAMALHO; SANTOS; ZIMMERMANN, 1993).

Tais significâncias de CGC e CEC registradas inferem a existência de variabilidade, resultando na ação de efeitos gênicos aditivos e não aditivos,

denotando a possibilidade de obtenção de progênies potenciais e altamente promissoras para resistência a *T. cucumeris* nos programa de melhoramento de feijão-caupi.

Estudando a herança genética da resistência de feijão-caupi ao vírus-do-mosaico-do-feijão-caupi (CABMV) por meio das estimativas das capacidades geral e específica de combinação, Orawu et al. (2013) notaram a significância dos efeitos de CGC e CEC, destacando os efeitos de CGC com relação a CEC, inferindo na maior atuação de efeitos aditivos na determinação do caráter.

Os resultados obtidos com a análise dialélica para a AACPD-M (Tabela 9) evidenciaram a importância dos efeitos aditivos em relação aos não aditivos, observada a partir da verificação da superioridade dos quadrados médios das CGC de cada grupo de genitores com relação à CEC. A presença de baixa magnitude no valor da razão CGC/CEC sugere a ocorrência de uma importante liberação de variabilidade durante o avanço de gerações dessas populações, podendo possibilitar o ganho com a seleção para o caráter estudado.

A alta magnitude do componente quadrático relacionado à CEC (ϕ_s), bem como o baixo valor da razão ϕ_g/ϕ_s (Tabela 9) confirmam que os genótipos de feijão-caupi avaliados foram anteriormente selecionados de acordo com a resistência, além de indicar a complementariedade dos parentais estudados para a característica em consideração.

Ao avaliar a capacidade combinatória em genótipos de feijão-de-vagem quanto à resistência a *Curtobacterium flaccumfaciens* (murcha-de-curtobacterium), Krause (2008) verificou a maior magnitude das estimativas da CEC para a AACPD, implicando na predominância de efeitos não aditivos para a resistência ao patógeno, sugerindo a exploração da heterose para a melhoria do caráter estudado.

A partir da observação das estimativas dos efeitos da CGC (Tabela 10), percebe-se que a maioria dos genitores apresentaram efeitos negativos e significativos para o parâmetro AACPD-M. Destacaram-se os genitores BR 14-Mulato (-0,79), IT98K-491-4 (-0,55), IT98K-506-1 (-1,24), BRS Tumucumaque (-0,45), BRS Itaim (-1,21), BRS Guariba (-0,48), IT98K-1092-1 (-0,59) e MNC02-675F-4-10 (-0,22) por apresentarem valores de $\hat{\sigma}_i$ (CGC) negativos e significativos, sendo indicados como fontes promissoras para utilização em programas de melhoramento da cultura, a fim de se obter progênies resistentes a *T. cucumeris*.

Tabela 10 - Estimativa dos efeitos da CGC entre os genitores de feijão-caupi do grupo 1 (\hat{g}_i) e grupo 2 (\hat{g}_j) para a área abaixo da curva de progresso da mela (AACPD-M). Boa Vista, RR, 2015.

Grupo 1	\hat{g}_i
BR 14-Mulato	-0,79 **
Canapuzinho	0,75 **
IT98K-491-4	-0,55 **
IT98K-506-1	-1,24 **
MNC01-649F-2-1	-0,31
MNC02-677F-5	0,60 **
MNC02-689F-2-8	0,72 **
BRS Aracê	0,78 **
BRS Marataoã	1,10 **
MNC03-737F-5-9	0,76 **
BRS Tumucumaque	-0,45 **
BRS Cauamé	0,33 *
BRS Itaim	-1,21 **
BRS Guariba	-0,48 **
Grupo 2	\hat{g}_j
IT98K-1092-1	-0,59 **
MNC03-761F-1	0,50 **
MNC02-675F-4-9	0,38 **
MNC02-675F-4-10	-0,22 *
MNC02-675F-9-2	-0,07

* e ** significativos a 5% e 1% de probabilidade pelo Teste t.

As estimativas da capacidade específica de combinação (CEC) quanto à resistência a *T. cucumeris* (Tabela 11), destacaram a maioria das combinações com efeitos de CEC significativos e com valores negativos para a AACPD-M. As combinações que apresentaram maiores valores absolutos e negativos foram os cruzamentos BR 14-Mulato x MNC02-675F-4-10 (-4,47), MNC01-649F-2-1 x IT98K-1092-1 (-4,58), IT98K-491-4 x MNC02-675F-4-9 (-2,54), IT98K-491-4 x MNC03-761F-1 (-2,30) e BRS Tumucumaque x MNC02-675F-9-2 (-2,27). Apesar de apresentarem os maiores valores absolutos e negativos de CEC, não tem como genitores nenhum dos genótipos parentais com os maiores valores absolutos de CGC para a melhoria da característica AACPD-M. Entretanto, a observação destas populações nas próximas gerações deve ser realizada, uma vez que, em alguns casos, apresentaram elevados valores de CEC combinados com genótipos com CGC favorável.

Dessa forma, vale ressaltar que os cruzamentos que apresentaram valores de CEC negativos e significativos os quais contenham pelo menos um dos genitores

com valores de CGC negativos e também significativos devem ser considerados, com destaque para os cruzamentos: BR 14-Mulato x IT98K-1092-1 (-0,30), Canapuzinho x MNC02-675F-4-10 (-0,90), IT98K-491-4 x IT98K-1092-1 (-1,92), IT98K-491-4 x MNC02-675F-4-10 (-1,57), IT98K-506-1 x MNC03-761F-1 (-0,26), IT98K-506-1 x MNC02-675F-4-10 (-0,82), IT98K-506-1 x MNC02-675F-9-2 (-0,58), MNC02-677F-5 x MNC02-675F-4-10 (-1,28), BRS Tumucumaque x IT98K-1092-1 (-1,14), BRS Tumucumaque x MNC02-675F-4-10 (-1,85), BRS Itaim x IT98K-1092-1 (-0,68), BRS Itaim x MNC02-675F-4-10 (-0,47), BRS Guariba x IT98K-1092-1 (-1,16), BRS Guariba x MNC02-675F-4-9 (-1,56), BRS Guariba x MNC02-675F-4-10 (-1,75), BRS Guariba x MNC02-675F-9-2 (-1,66).

Entretanto, a maioria das progênies não apresentaram em sua combinação nenhum genitor possuidor de alta estimativa de CGC. Dessa forma, ao confrontarmos os dados dos genitores com maiores valores de CGC, com os cruzamentos significativos, observou-se que todos os cruzamentos em que os parentais IT98K-506-1 (-1,24) e BRS Itaim (-1,21), possuidores de maiores valores absolutos e negativos de CGC, foram significativos e favoráveis à diminuição do parâmetro AACPD-M. Segundo Cruz e Vencovsky (1989), o esforço dos melhoristas na análise dialélica deve ser voltado à observação das progênies que apresentarem melhores estimativas de \hat{s}_{ij} (CEC) e que pelo menos um dos genitores apresentem a maior capacidade geral de combinação.

Dessa maneira, os cruzamentos mais promissores são os IT98K-506-1 X IT98K-1092-1 (-1,35), IT98K-506-1 X MNC02-675F-4-9 (-1,27), BRS Itaim X MNC03-761F-1 (-1,15), BRS Itaim X MNC02-675F-4-9 (-1,45), BRS Itaim X MNC02-675F-9-2 (-1,23) os quais apresentaram maiores valores absolutos e negativos de CEC para o caráter resistência a mela.

Tabela 11 - Estimativas dos efeitos da CEC das populações F₂ entre genitores dos grupos 1 e 2 para a característica área abaixo da curva de progresso da mela (AACPD-M) em feijão-caupi. Boa Vista, RR. 2015.

Grupo 1 \ Grupo 2	IT98K-1092-1	MNC03-761F-1	MNC02-675F-4-9	MNC02-675F-4-10	MNC02-675F-9-2
BR14 Mulato	-0,30 *	0,34 **	2,05 **	-4,47 **	0,25 *
Canapuzinho	2,04 **	0,58 **	0,34 **	-0,90 **	-0,99 **
IT98K-491-4	-1,92 **	-2,30 **	-2,54 **	-1,57 **	2,33 **
IT98K-506-1	-1,35 **	-0,26 *	-1,27 **	-0,82 **	-0,58 **
MNC01-649F-2-1	-4,58 **	-0,36 **	0,46 **	1,74 **	0,91**
MNC02-677F-5	0,85 **	0,62 **	0,18	-1,28 **	1,08 **
MNC02-689F-2-8	1,85 **	0,60 **	-0,81**	1,97 **	0,16
BRS Aracê	2,08 **	1,80 **	-0,98 **	0,88 **	-0,79 **
BRS Marataoã	0,81 **	-0,04	0,79 **	1,00 **	1,10 **
MNC03-737F-5-9	1,09 **	0,12	0,76 **	0,80 **	0,11
BRS Tumucumaque	-1,14 **	0,93 **	0,91 **	1,85 **	-2,27 **
BRS Cauamé	-0,15	-0,50 **	-0,79 **	-0,29	-1,19 **
BRS Itaim	-0,68 **	-1,15 **	-1,45 **	-0,47 **	-1,23 **
BRS Guariba	-1,16 **	-0,35	-1,56 **	-1,75 **	-1,66 **
Desvio padrão (Sij)	0,46				

** e * indicam valores significativos a 1% e 5% de probabilidade pelo Teste t.

4.5 Considerações finais

A observação simultânea da capacidade geral de combinação (CGC) para a severidade da podridão-cinzenta-do-caule (SEV-PCC) e para a área abaixo da curva de progresso da mela (AACPD-M) (Tabela 12), permitiu constatar que os parentais BR 14-Mulato, BRS Tumucumaque e BRS Guariba, pertencentes ao grupo de genitores 1, foram os únicos que apresentaram valores de CGC negativos e significativos para os dois parâmetros, indicando a existência de alelos favoráveis para a resistência a *M. phaseolina* e *T. cucumeris*, simultaneamente.

Tabela 12 - Resumo dos valores de CGC dos genitores promissores para severidade da podridão-cinzenta-do-caule (SEV-PCC) e para a área abaixo da curva da doença da mela (AACPD-M) simultaneamente. Boa Vista, RR, 2015.

Genitores	ĝi	
	SEV	AACPD
BR 14-Mulato	-0,57**	-0,79**
BRS Tumucumaque	-0,69**	-0,45**
BRS Guariba	-0,86**	-0,48**

Cruz, Regazzi e Carneiro (2012) afirmam que normalmente os melhoristas se interessam pelas combinações híbridas que apresentem estimativas de CEC mais favorável a característica estudado em combinação com pelo menos um dos genitores que tenha apresentado os melhores efeitos favoráveis de CGC. Dessa forma, os cruzamentos em que os genitores BR 14-Mulato, BRS Tumucumaque e BRS Guariba estão envolvidos, representam os cruzamentos mais promissores.

De acordo com as estimativas da capacidade específica de combinação (CEC), dezesseis cruzamentos mostraram-se promissores para a obtenção de resistência a *M. phaseolina* e a *T. cucumeris*, por apresentarem valores de CEC negativos e significativos (Tabela 13).

Por fim, recomenda-se o avanço de gerações das populações obtidas dos cruzamentos BR 14-Mulato x MNC02-675F-4-10 (-2,83 e -4,47), BRS Tumucumaque x IT98K-1092-1 (-2,21 e -1,14), BRS Tumucumaque x MNC02-675F-4-10 (-0,52 e -1,85), BRS Tumucumaque x MNC02-675F-9-2 (-2,24 e -2,27), BRS Guariba x IT98K-1092-1 (-0,97 e -1,16), BRS Guariba x MNC02-675F-4-9 (-1,63 e 1,56) e BRS Guariba x MNC02-675F-4-10 (-2,12 e -1,75), visando o desenvolvimento de cultivares de feijão-caupi resistentes *M. phaseolina* e a *T. cucumeris*.

Tabela 13 - Resumo dos valores de CEC dos cruzamentos de feijão-caupi promissores para a severidade da podridão-cinzenta-do-caule (SEV-PCC) e para a área abaixo da curva da mela (AACPD-M). Teresina, PI, 2015.

Cruzamentos	CEC	
	SEV	AACPD
BR 14-Mulato x MNC02-675F-4-10	-2,83**	-4,47**
IT98K-506-1 x MNC02-675F-9-2	-1,34**	-0,58**
MNC01-649F-2-1 x IT98K-1092-1	-1,80**	-4,58**
MNC01-649F-2-1 x MNC03-761F-1	-1,37**	-0,36**
BRS Aracê x MNC02-675F-4-9	-0,59**	-0,98**
BRS Tumucumaque x IT98K-1092-1	-2,21**	-1,14**
BRS Tumucumaque x MNC02-675F-4-10	-0,52**	-1,85**
BRS Tumucumaque x MNC02-675F-9-2	-2,24**	-2,27**
BRS Itaim x IT98K-1092-1	-0,45*	-0,68**
BRS Itaim x MNC03-761F-1	-1,27**	-1,15**
BRS Itaim x MNC02-675F-4-9	-1,52**	-1,45**
BRS Itaim x MNC02-675F-4-10	-0,86**	-0,47**
BRS Itaim x MNC02-675F-9-2	-1,41**	-1,23**
BRS Guariba x IT98K-1092-1	-0,97**	-1,16**
BRS Guariba x MNC02-675F-4-9	-1,63**	-1,56**
BRS Guariba x MNC02-675F-4-10	-2,12**	-1,75**

5 CONCLUSÕES

Os efeitos aditivos predominam no controle genético das características severidade da podridão-cinzenta-do-caule (SEV-PCC) e área abaixo da curva do progresso da mela (AACPD-M), possibilitando ganho com a seleção dos genótipos promissores, e conseqüentemente, a obtenção de linhagens resistentes às duas doenças.

Os genitores BR 14-Mulato, BRS Marataoã, BRS Tumucumaque e BRS Guariba apresentam maior concentração de alelos favoráveis e maior potencial para o melhoramento visando à resistência a *M. phaseolina*, e os genitores IT98K-506-1 e BRS Itaim, para resistência a *T. cucumeris*.

Recomenda-se o avanço de gerações das populações obtidas a partir dos cruzamentos BR 14-Mulato x MNC03-761F-1, BR 14-Mulato x MNC02-675F-4-10, BRS Tumucumaque x MNC02-675F-9-2, BRS Tumucumaque x IT98K-1092-1, BRS Guariba x MNC02-675F-4-10 e BR 14-Mulato x MNC03-761F-1 para obtenção de cultivares resistentes a *M. phaseolina*.

Já os cruzamentos IT98K-506-1 x IT98K-1092-1, IT98K-506-1 x MNC02-675F-4-9, BRS Itaim x MNC03-761F-1, BRS Itaim x MNC02-675F-4-9, BRS Itaim x MNC02-675F-9-2, são indicados para o desenvolvimento de cultivares resistentes a *T. cucumeris* em feijão-caupi.

Os genitores BR 14-Mulato, BRS Tumucumaque e BRS Guariba, apresentam maior concentração de alelos favoráveis quanto à resistência simultânea aos patógenos *M. phaseolina* e *T. cucumeris* em feijão-caupi.

As combinações BR 14-Mulato x MNC02-675F-4-10, BRS Tumucumaque x IT98K-1092-1, BRS Tumucumaque x MNC02-675F-4-10, Tumucumaque x MNC02-675F-9-2, BRS Guariba x IT98K-1092-1, BRS Guariba x MNC02-675F-4-9 e BRS Guariba x MNC02-675F-4-10 são indicadas para a obtenção de cultivares resistentes a *M. phaseolina* e a *T. cucumeris* em feijão-caupi, simultaneamente.

REFERÊNCIAS

- ABAWI, G. S.; PASTOR-CORRALES, M. A. **Root rots of beans in Latin America and Africa: diagnosis, research methodologies and management strategies.** Centro de Agricultura Tropical, 1990.114p.
- ABREU, F. B.; LEAL, N. R.; RODRIGUES, R.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; SILVA, D.J.H. Divergência genética entre acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento indeterminado. **Horticultura Brasileira**, v. 22, n. 03, p. 547-552, 2004.
- AMUSA N. A.; OKECHUKWU, R. U.; AKINFENWA, B. Reactions of cowpea to infection by *Macrophomina phaseolina* isolates from leguminous plants in Nigeria. **African Journal of Agricultural Research**, v. 2, p.73-75, 2007.
- ANDRADE JÚNIOR, A. S.; SANTOS, A. A.; SOBRINHO, C. A.; BASTOS, E. A.; MELO, F. B.; VIANA, F. M. P.; SILVA, P. H. S.; RIBEIRO, V. Q. FREIRE FILHO, F. R.; CARNEIRO, J. S.; ROCHA, M. M.; CARDOSO, M. J. **Cultivo de feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.)**. Teresina: Embrapa Meio-Norte. Sistemas de produção. 2002. 108p.
- ANDRUS, C. F. Seed transmission of *Macrophomina phaseoli*. **Phytopathology**, v. 28, p. 620-643, 1938.
- ATHAYDE SOBRINHO, C. Patossistema caupi x *Macrophomina phaseolina*: método de detecção em sementes, esporulação e controle do patógeno. 2004. 147p. **Tese** (Doutorado em Agronomia) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo. Piracicaba.
- ATHAYDE SOBRINHO, C.; VIANA, F. M. P.; SANTOS, A. A. dos. Doenças fúngicas e bacterianas. In: FREIRE FILHO, F. R.; LIMA, J. A. de A.; RIBEIRO, V. Q. (Eds.). **Feijão-caupi: avanços tecnológicos**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2005. p.461-484.
- BASTOS, I. T.; BARBOSA, M. H. P.; CRUZ, C. D.; BURNQUIST, W. L.; BRESSIANI, J. A.; SILVA, F. L. Análise dialéctica em clones de cana-de-açúcar. **Bragantia**, v.62, n. 2, p. 199-206, 2003.
- BERNARDO, R. **Breeding for Quantitative Traits in Plants**. Woodbury: Stemma Press, 2002, 360 p.
- BIANCHINI, A.; MARIGONI, A.C.; CARNEIRO, S. M. T. P. G.; Doenças do feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.). In: KIMATI, H.; AMORIM, L.; BERGAMIN FILHO, A.; CAMARGO, L. E. A.; REZENDE, J. A. M.(Ed.). **Manual de fitopatologia: doenças das plantas cultivadas**. 3. ed., vol. 2., São Paulo: Ceres, 1997. p. 375-399.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 5ª edição. Viçosa: UFV, 2009. 529 p.

BRASIL. Ministério do Desenvolvimento, Indústria e Comércio Exterior (MDIC). [Exportação Nomenclatura Comum do Mercosul Brasileira] In: **Aliceweb**. Brasília, 2015. Disponível em: < <http://www.aliceweb.mdic.gov.br/>>. Acesso em: 30/03/2015.

BROETTO, L. Antagonismo a *Macrophomina phaseolina* e promoção do crescimento em feijoeiro mediados por *Trichoderma* spp. 2013. 59p. **Dissertação** (Mestrado em Agronomia) – Universidade Estadual do Oeste do Paraná, Marechal Cândido Rondon.

CABI. Crop Protection Compendium. *Thanatephorus cucumeris* (many names, depending on host). In: **Datasheet**, 2015. Disponível em <<http://www.cabi.org.ez17.periodicos.capes.gov.br/cpc/datasheet/47203>>. Acesso em: 10/02/2015.

CAMPBELL, C. L.; MADDEN, L. V. (Eds.). **Introduction to plant disease epidemiology**. New York: Wiley, 1990. 532p.

CARDOSO, J. E.; CHRISCHNER, L.; Das VIRGENS, D. A.; FALEIRO, V. Manejo integrado da mela do feijoeiro comum. Goiânia- GO. **Fitopatologia Brasileira**, v.22, n.3, p.381-386, 1997.

CARLING, D. E.; KUNINAGA, S.; BRAINARD, K. A. Hyphal anastomosis reactions, rDNA-internal transcribed spacer sequences, and virulence levels among subsets of *Rhizoctonia solani* anastomosis group-2 (AG-2) and AG-BI. **Phytopathology**, n.92, p.43-50, 2002.

CARVALHO, L. C. B. Cruzamentos dialélicos visando à obtenção de populações produtivas e biofortificadas para os teores de ferro, zinco e proteína em feijão-caupi. 2010.111f. **Dissertação** (Mestrado em Genética e Melhoramento). Universidade Federal do Piauí, Teresina.

CASTRO, C.V.B.; MIRANDA, V.S.; BRIOSO, P.S.T.; POLTRONIERI, L.S.; REIS, I.N.R.S.; et al. Variabilidade genética de isolados de *Rhizoctonia solani*, de parte aérea, analisadas por meio de marcadores RAPD. **Revista Ciência Agrária**, n. 52, p.179-187, 2009.

COELHO NETO, R. A. Metodologia e avaliação da resistência de feijoeiro a podridão-cinzenta-do-caule, em laboratório e casa de vegetação. 1994. 54f. **Dissertação** (Mestrado em Agronomia) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

COSTA, G. R. Estratégias para o manejo integrado da mela do feijoeiro causada por *Thanatephorus cucumeris*. 2007. 108f. **Tese** (Doutorado em Fitopatologia) – Universidade de Brasília, Brasília.

CROUS, P. W.; SLIPPERS, B.; WINGFIELD, M. J.; RHEEDER, J.; MARASAS, W. F.O.; PHILIPS, A. J. L.; ALVES, A.; BURGESS, T.; BARBER, P.; GROENEWALD, J. Z. Phylogenetic lineages in the Botryosphaeriaceae. **Studies in Mycology**, v. 55, p. 235–253, 2006.

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

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

CRUZ, C. D.; VENCOVSKY, R. Comparação de alguns métodos de análise dialélica. **Revista Brasileira de Genética**, v.12, n.2, p.425-436, 1989.

DE, D. K.; KAISER, S. A. K. M. Genetic analysis of resistance to stem rot pathogen (*Macrophomina phaseolina*) infecting jute. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 26, p. 1017-1022, 1991.

DIAS, C. de C. **Piauí**: das origens a nova capital. Teresina: Nova Expressão, 2008. p. 324-333.

Embrapa Arroz e Feijão. Home Page, 2014. Disponível em: <<https://www.embrapa.br/arroz-e-feijao/produtos-processos-e-servicos>>. Acesso em: 01/02/2015.

FAO. FAOSTAT, 2015. **Crops Cow peas dry**. Disponível em: <<http://faostat3.fao.org/browse/Q/QC/E>>. Acesso em 27 de abril de 2015.

FERREIRA, D. F. Sisvar: a computer statistical analysis system. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 35, n.6, p. 1039-1042, 2011.

FREIRE FILHO, F. R.; LIMA, J. A. de A.; RIBEIRO, V. Q. (Eds.). **Feijão-caupi: avanços tecnológicos**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2005. 519p.

FREIRE FILHO, F. R.; RIBEIRO, V. Q.; BARRETO, P. D.; SANTOS, A. A. dos. Melhoramento Genético. In: FREIRE FILHO, F. R.; LIMA, J. A. de A.; RIBEIRO, V. Q. (Eds.). **Feijão-caupi: avanços tecnológicos**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2005, p. 29-75.

FREIRE FILHO, F. R.; RIBEIRO, V. Q.; ROCHA, M. de M.; SILVA, K. J. D.; NOGUEIRA, M. do S. da R.; RODRIGUES, E. V. **Feijão-caupi: produção, melhoramento genético, avanços e desafios**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica. 2011. 81p.

FREIRE FILHO, F. R.; ROCHA, M. M.; DAMASCENO-SILVA, K. J.; RIBEIRO, V. Q.; NOGUEIRA, M. do S. da R. Feijão-caupi no Brasil: produção, melhoramento genético e perspectivas. In: VIDAL NETO, F. das C.; CAVALCANTI, J. J. V. **Melhoramento Genético de Plantas no Nordeste**. Brasília, DF: Embrapa, 2013. p. 85-149.

GARDNER, C. O.; EBERHART, S. A. Analysis and interpretation of the variety cross diallel and related populations. **Biometrics**, v.22, p.439-452, 1966.

GÁLVEZ, G. E.; MORA, B.; PASTOR-CORRALES, M. A. Web blight. In: SCHWARTZY, H.F.; Pastor-Corrales, M. A. (Eds.). **Bean Production Problems in the Tropics**. Cali, Colômbia: CIAT, p. 195-209. 1989.

GERALDI, I. O.; MIRANDA FILHO, J. B. Adapted models for the analysis of combining ability of varieties in partial diallel crosses. **Revista Brasileira de Genética**, v.11, n.2, p.419-430, 1988.

GODOY-LUTZ, G.; ARIAS, J.; STEADMAN, J. R.; ESKRIDGE, K. M. Role of natural seed infection by the web blight pathogen in common bean seed damage, seedling emergence, and early disease development. **Plant Disease**, v.80, p. 887-890, 1996.

GONZÁLEZ, N.; GODOY-LUTZ, G.; STEADMAN, J. R.; HIGGINS, R.; ESKRIDGE, K. M. Assessing genetic diversity in the web blight pathogen *Thanatephorus cucumeris* (anamorph *Rhizoctonia solani*) subgroups AG-1-IE and AG-1-IF with molecular markers. **The Journal of General Plant Pathology**, v.78, p. 85–98, 2012.

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

GUPTA, G. K.; SHARMA, S. K. ; RAMTEKE, R. Biology, epidemiology and management of the pathogenic fungus *Macrophomina phaseolina* (Tassi) Goid with special reference to charcoal rot of soybean (*Glycine max* (L.) Merrill). **Journal of Phytopathology**, v.160, p.167–180, 2012.

JINKS, J. L.; HAYMAN, B. I. The analysis of diallel crosses. **Maize Genetics Cooperation Newsletter**, v.27, p. 48-54, 1953.

KAUR, S; DHILLON, G. S.; BRAR, S. K.; VALLAD, G. E.; CHAND, R.; CHAUHAN, V. B. Emerging phytopathogen *Macrophomina phaseolina*: biology, economic importance and current diagnostic trends. **Critical Reviews in Microbiology**, p.1–16, 2012.

KIMATI, Y.; BERGAMIN FILHO, A. Princípios gerais de controle. AMORIM, L.; REZENDE, J.A.M.; BERGAMIN FILHO, A.. **Manual de Fitopatologia: Princípios e Conceitos**. 4. ed. vol. 1. Piracicaba: Ceres, 2011. 704p.

KRAUSE, W. Fontes de resistência, métodos de inoculação e capacidade de combinação para resistência à murcha-de-curtobacterium em feijão-de-vagem. 2008. 97f. **Tese** (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes.

KRAUSE, W.; RODRIGUES, R.; LEAL, N. R. Capacidade combinatória para características agronômicas em feijão de vagem. **Ciência Agrônômica**, v. 43, n. 3, p. 522-531, 2012.

LIMA, L. R. L.; SOUSA, C. M. B. de; PIRES, C. de J.; SOUSA, M. B. e; NORONHA, M. de A. LOPES, A. C. de A.; SILVA, K. J. D. e. Avaliação de germoplasma de feijão-caupi de porte ereto e semi-ereto para resistência à *Macrophomina phaseolina* (Tassi) Goid. **Anais...** In: II Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos. Recife, 2012b.

LIMA, L. R. L.; SOUSA, C. M. B. de; TORRES, M. H. R. M.; NORONHA, M. de A. LOPES, A. C. de A.; SILVA, K. J. D. e. Reação de germoplasma de feijão-caupi de

porte prostrado à *Macrophomina phaseolina* (Tassi) Goid. **Anais...** In: II Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos. Recife, 2012a.

MAPHOSA, M.; TALWANA, H.; GIBSON, P.; TUKAMUHABWA, P. Combining ability for resistance to soybean rust in F₂ and F₃ soybean populations. **Field Crops Research**, n.130, p. 1-7, 2012.

MARÉCHAL. R.; MASCHERPA, J. M; STAINIER, F. Étude taxonomique d'un groupe complexe d'espèces de genres *Phaseolus* et *Vigna* (Papilionaceae) sur la base de données morphologiques et polliniques, traitées par l'analyse informatique. **Boissiera**, n. 28, p.1- 273, 1978.

MARCHESAN, C. B. Análise genética de um cruzamento dialélico parcial em pimentão visando caracteres agronômicos e resistência ao oídio. 2008. 60f. **Dissertação** (Mestrado em Agricultura Tropical e Subtropical) - Instituto Agronômico. Campinas.

MCKINNEY, H.H. Influence of soil temperature and moisture on infection of wheat seedlings by *Helminthosporium sativum*. **Journal of Agricultural Research**, v.26, n.5, p.195-218, 1923.

MICHEREFF, S. J.; ANDRADE, D. E. G. T.; MENEZES, M. **Ecologia e manejo de patógenos radiculares em solos tropicais**. Recife: UFRPE, 2005. p. 398.

MOURA, L. M. Cruzamentos dialélicos visando à escolha de genitores no melhoramento de feijão preto. 2013a. 30f. **Dissertação** (Mestrado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

MOURA, R. M. de. Análise dialélica e de famílias de feijão-caupi visando seleção para extraprecocidade. 2013b. 99f. **Dissertação** (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal do Piauí, Teresina.

MUCHERO, W.; EHLERS, J.D.; CLOSE, T.J.; ROBERTS, P.A. Genic SNP markers and legume synteny reveal candidate genes underlying QTL for *Macrophomina phaseolina* resistance and maturity in cowpea [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.]. **BMC Genomics**, n.12, v.8, 2011.

NDIAYE, M. Ecology and management of charcoal-rot (*Macrophomina phaseolina*) on cowpea in the Sahel. 2007.114f. **PhD Thesis** - Wageningen University, Netherlands.

NDIAYE, M.; TERMORSHUIZEN, A. J.; VAN BRUGGEN, A. H. C. Effects of compost amendment and the biocontrol agent *Clonostachys rosea* on the development of charcoal rot (*Macrophomina phaseolina*) on cowpea. **Journal of Plant Pathology**, n.92, v.1, p. 173-180, 2010.

NECHET, K. L.; HALFELD-VIEIRA, B. A. Caracterização de isolados de *Rhizoctonia* spp. associados a mela do feijão-caupi (*Vigna unguiculata*), coletados e Roraima. **Fitopatologia Brasileira**, v.31, n.5, p. 505-508, 2006a.

NECHET, K. L.; HALFELD-VIEIRA, B. A. **Doenças do feijão-caupi em Roraima**. Circular técnica 2. Boa Vista: Embrapa Roraima, 2006b. 16p.

NECHET, K. L.; HALFELD-VIEIRA, B. A. Reação de cultivares de feijão-caupi a mela (*Rhizoctonia solani*) em Roraima. **Fitopatologia Brasileira**, v. 32, n.5, p. 424-428, 2007.

NECHET, K. L.; HALFELD-VIEIRA, B. A.; BOARI, A. J.; NASCIMENTO, J. F. do. Doenças. In: ZILLI, J. E.; VILARINHO, A. A.; ALVES, J. M. A. **A cultura do feijão-caupi na Amazônia brasileira**. Boa Vista: Embrapa Roraima, 2009. p. 245-270.

NECHET, K. L.; HALFELD-VIEIRA, B. A.; SOUZA, G. R. de. **Estudos Epidemiológicos e de controle da mela (*Rhizoctonia solani*) do feijão-caupi**. Documentos 12. Boa Vista: Embrapa Roraima, 2009. 26p.

NECHET, K. L.; VILARINHO, A. A.; HALFELD-VIEIRA, B. A. Reação de genótipos de feijão-caupi a mela (*Rhizoctonia solani*) em três ecossistemas de Roraima. **Anais...** Congresso Nacional de Feijão-Caupi. Teresina- PI. 2006. CD-ROM.

NKALUBO, S. T.; MELIS, R.; DERERA, J.; LAING, M. D.; OPIO, F. Genetic analysis of anthracnose resistance in common bean breeding source germplasm. **Euphytica**, v.167, p. 303–312, 2009.

NORONHA, M. A.; ATHAYDE SOBRINHO, C.; GIRÃO FILHO, J. E.; GONÇALVES, S. R.; SILVA, K. J. D. Reação de genótipos de feijão-caupi a *Macrophomina phaseolina*. **Tropical Plant Pathology**, v. 34, p.248, 2009.

NORONHA, M. de A.; GONÇALVES, S. R.; SILVA, H. K.; SILVA, K. J. D. e . Influência da concentração de inóculo de *Macrophomina phaseolina* na severidade da doença em genótipos de feijão-caupi. **Tropical Plant Pathology**, v. 35, p.147, 2010.

OLAYA, G.; ABAWI, G. S.; WEEDEN, N. F. Inheritance of the resistance to *Macrophomina phaseolina* and identification of RAPD markers linked to the resistance genes in beans. **Phytopathology**, v. 86, p. 674-679, 1996.

OLIVEIRA, A. S. de; SILVA, M. S.; RABELLO, A. R.; ALVES, R. S.; ESPÍNDOLA, L. S.; SILVA, E. M.; PAULA, J. E. de; LIMA, T. R.; VIEIRA, E. A.; ANJOS, J. de R. N. dos. Planta nativa do cerrado, gênero *Magonia*, da família do “guaraná” (*Sapindaceae*), possui princípios ativos contra o crescimento micelial in vitro de fungos fitopatogênicos. In: IX Simpósio Nacional do Cerrado. **Anais...** Brasília: Embrapa Cerrados, 2008.

ORAWU, M.; MELIS, R.; LAING, M.; DERERA, J. Genetic inheritance of resistance to cowpea aphid-borne mosaic virus in cowpea. **Euphytica**, v.189, p.191–201, 2013.

PADULOSI, S.; NG, N. Q. Origin taxonomy, and morphology of *Vigna unguiculata* (L.) Walp. In: SINGH, B. B.; MOHAN RAJ, D. R.; DASHIELL, K. E.; JACKAI, L. E. N. (Ed.). *Advances in cowpea research*. Ibadan: International Institute of Tropical

Agriculture. **Japan International Research Center for Agricultural Sciences**, p. 1-12, 1997.

PANELLA, L.; RUPPEL, E.G. Availability of germoplasm for resistance against *Rhizoctonia* spp. In: SNEH, B.; JABAJI-HARE, S.; NEATE, S; DIJST, G. **Rhizoctonia Species: Taxonomy, Molecular Biology, Ecology, Pathology and Disease Control**. Netherlands: Kluwer Academic Publishers, 1996. p. 515- 527.

PIO-RIBEIRO, G.; ASSIS-FILHO, F. M. Doenças do caupi. In: KIMATI, H.; AMORIM, L.; BERGAMIN FILHO, A.; CAMARGO, L. E. A.; RESENDE, J. A. M. (Eds.). **Manual de Fitopatologia**. São Paulo: Agronômica Ceres. 1997. p. 233-244.

POLTRONIERI, L. S.; TRINDANE, D. R.; SILVA, J. F. de A. F. da. **Principais doenças do feijão-caupi (*Vigna Unguiculata* (L.) Walp.) no Pará e recomendações de controle**. Documentos 75. Bélem: Embrapa CPATU, 1994. 24p.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B. dos; PINTO, C. A. B P.; SOUZA, E. A. de; GONÇALVES, F. M. A.; SOUZA, J. C. de. **Genética na agropecuária**. 5. ed. Lavras: Editora UFLA, 2012. 566p.

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

RÊGO, M. de S. C.; LOPES, A. C. de A.; ROCHA, M. de M.; FREIRE FILHO, F. R.; RIBEIRO, V. Q.; SOUSA, I. da S. Avaliação de métodos de cruzamentos artificiais em feijão-caupi [*Vigna unguiculata* (L.) WALP.]. In: Congresso Nacional de Feijão-Caupi. **Anais...** Teresina: Embrapa Meio-Norte, 2006.

RIOS, G. P. Doenças fúngicas e bacterianas do caupi. In: ARAÚJO, J. P. P. de; WATT, E. E. (Org.). **O caupi no Brasil**. Brasília: Embrapa – CNPAF; Ibadan; IITA, 1988. p. 547-589.

RODRIGUES, V.J.L.B.; MENEZES, M.; COELHO, R.S.B.; MIRANDA, P. Identificação de fontes de resistência em genótipos de caupi [*Vigna unguiculata* (L.) Walpers] a *Macrophomina phaseolina* (Tass.) Goid., em condições de casa-de-vegetação. **Summa Phytopathologica**, v. 23, n. 2, p.170-172, 1997.

ROSA, J. Seleção de genótipos de guandu para resistência a *Macrophomina phaseolina* e esporulação do fungo. 2006. 60f. **Dissertação** (Mestrado em Produção Vegetal) - Universidade Estadual Paulista “Julio De Mesquita Filho”, Jaboticabal.

SARTORATO, A.; RAVA, C. A. **Principais doenças do feijoeiro comum e seu controle**. Brasília: EMBRAPA – SPI, 1994. p. 143.

SONGA, W.; HILLOCKS, R.J.; MWANGO'MBE, A. W.; BURUCHARA, R.; RONNO, W. K. Screening common bean accessions for resistance to charcoal rot (*Macrophomina phaseolina*) in eastern Kenya. **Experimental Agriculture**, v.33, p.459-468, 1997.

SOUSA, I. da S.; FREIRE FILHO, F. R.; LOPES, A. C. de A.; ROCHA, M. de M.; RIBEIRO, V. Q.; RÊGO, M. de S. C. Determinação da taxa de fecundação cruzada natural em diferentes distâncias em feijão-caupi. In: Congresso Nacional de Feijão-Caupi. **Anais...** Teresina: Embrapa Meio-Norte, 2006.

TEÓFILO, E. M.; MAMEDE, F. B. F.; SOMBRA, N. S. Comunicação: Hibridação natural em feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp. – Fabaceae). **Ciência e Agrotecnologia**, v. 23, n. 4, p. 1010-1011, 1999.

TIMKO, M. P.; SINGH, B. B. Cowpea, a multifunctional legume. In: MOORE, P. H.; MING, R. (Eds.). **Genomics of Tropical Crop Plants**. New York: Springer, 2008. p.227-258.

TRINDADE, R. dos S. Capacidade combinatória e herança da resistência ao crestamento bacteriano comum em *Phaseolus vulgaris* L. 2010. 170f. **Tese** (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. Campos dos Goytacazes.

VAN DER PLANK, J. E. **Plant Diseases: Epidemics and Control**. New York: Academic Press. 1963. 349p.

VAN SCHOONHOVEN, A.; PASTOR-CORRALES, M. A. **Sistema estándar para la evaluación de germoplasma de frijol**. Cali. Colômbia, CIAT. 1987. 56p.

VIEIRA JÚNIOR, J. R.; FERNANDES, C. de F.; NETO, C. R.; DIOCLECIANO, J. M.; MARCOLAN, A. L.; FERRO, G. O.; ATUNES JÚNIOR, H.; REIS, N. D.; SILVA, D. S. G. da. **Ocorrência da mela (*Thanatephorus cucumeris*) em feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) em Rondônia**. Comunicado Técnico 354. Porto Velho: Embrapa Rondônia, 2010. 4p.

VIJAYKUMAR, A.; SAINI, A.; JAWALI, N. Molecular characterization of intergenic spacer region of 5S ribosomal RNA genes in subgenus *Vigna*: extensive hybridization among *V. unguiculata* subspecies. **Plant Systematics and Evolution**, v. 294, p.39–55, 2011.

WRATHER, J. A.; ANDERSON, T. R.; ARSYAD, D. M.; GAI, J.; PLOPER, L. D.; PORTA-PUGLIA, A.; RAM, H. H.; YORINORI, J. T. Soybean disease loss estimates for the top 10 soybean producing countries in 1994. **Plant Disease**, v. 81, p.107-110, 1997.

YORINORI, J. T.; KIIHL, R. A. de S. Melhoramento de plantas visando resistência a doenças. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S. de; VALADARES-INGLIS, M. C. (Eds.). **Recursos Genético e Melhoramento**: plantas. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 715-736.

ZILLI, J. E.; VILARINHO, A. A.; ARAÚJO, W. F.; MELO, V. F. Workshop sobre a Cultura do Feijão-caupi. **Anais...** Documentos Embrapa Roraima. Boa Vista: Embrapa Roraima, 2007. p. 88.