

COMPARAÇÃO DA EFICIÊNCIA DE MÉTODOS DE SELEÇÃO EM GERAÇÕES SEGREGANTES DE FEIJOEIRO-COMUM CONSIDERANDO A RESISTÊNCIA À ANTRACNOSE E O RENDIMENTO

JOAQUIM GERALDO CÁPRIO DA COSTA¹

CARLOS AGUSTÍN RAVA²

FRANCISCO JOSÉ PFEILSTICKER ZIMMERMANN²

RESUMO – Vários métodos de melhoramento podem ser utilizados para o desenvolvimento de cultivares de feijoeiro-comum (*Phaseolus vulgaris* L.). Com este trabalho, teve-se por objetivo comparar quatro métodos de melhoramento, seleção massal modificada, famílias derivadas de populações nas gerações F₃ e F₄, e o genealógico, quanto à eficiência na obtenção de linhagens resistentes à antracnose (*Colletotrichum lindemuthianum* (Sacc. e Magn.) Scrib.) e com alta produtividade. O maior número de linhagens resistentes à antracnose foi obtido pelo método de seleção massal modificada. As linhagens obtidas pelo método de famílias derivadas de população na

geração F₄ apresentaram a maior variabilidade genética. Considerando conjuntamente a porcentagem de linhagens resistentes à *C. lindemuthianum*, a produtividade média das linhagens, a variância genética entre as linhagens geradas por cada método, o número e o percentual de linhagens com produtividade superior à testemunha, a eficiência do método variou com o critério utilizado para compará-los. Os genitores e a interação linhagem x local influenciaram a interpretação dos resultados obtidos com os diferentes critérios de avaliação utilizados para a comparação dos métodos de seleção.

TERMOS PARA INDEXAÇÃO: Melhoramento genético, *Phaseolus vulgaris*, *Colletotrichum lindemuthianum*, produtividade.

EFFICIENCY OF BREEDING SELECTION METHODS IN COMMON BEAN SEGREGATING POPULATIONS FOR ANTHRACNOSE RESISTANCE AND YIELD

ABSTRACT – Several methods of genetic improvement can be used in order to obtain new cultivars of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). The objective of this work was to compare the efficiency of the four selection methods, modified mass selection, lines derived from F₃ and F₄ populations and pedigree, for obtaining improved bean lines resistant to *Colletotrichum lindemuthianum* (Sacc. e Magn.) Scrib. and high yield. The largest number of anthracnose resistant lines was obtained by the modified mass selection method. Lines obtained by using the F₄ population derived families showed the

largest genetic variability. The criteria used for the comparison of selection methods included yield, percentage of resistant lines to *C. lindemuthianum*, genetic variance among the lines obtained within each method, number and percentage of lines that yielded more than the control. The efficiency of the selection methods varied with the criteria used for comparison. Parents and lines x location interaction influenced interpretation of the data obtained with the different evaluation criteria used for the comparison of selection methods.

INDEX TERMS: Bean improvement, *Phaseolus vulgaris*, *Colletotrichum lindemuthianum*, yield.

1. Engenheiro Agrônomo, Bolsista do CNPq, Embrapa/Arroz e Feijão, Caixa Postal 179, 75375.000 – Santo Antônio de Goiás, GO. E-mail: caprio@cnpaf.embrapa.br.
2. Engenheiro Agrônomo, Ph.D., Embrapa/Arroz e Feijão.

INTRODUÇÃO

Para o desenvolvimento de novas cultivares de plantas autógamas, como o feijoeiro-comum (*Phaseolus vulgaris* L.), podem ser utilizados diferentes métodos de melhoramento, que variam de acordo com as características a serem melhoradas e os genitores utilizados, tendo como objetivo obter linhas homozigóticas superiores às já existentes em cultivo.

Nas plantas autógamas, dois métodos tradicionais de condução das populações segregantes até sua fixação são: genealógico e massal ou de população. Suas descrições e implicações relacionadas à quantidade de informação obtida sobre as linhagens, alterações nas frequências gênicas, tamanho das populações a serem usadas, interferência ou não da seleção natural, etc são discutidos por Allard (1960) e Ramalho *et al.* (1993).

Ambos os métodos têm características que limitam sua eficiência. O genealógico exige grande volume de anotações em cada geração, pois tem como característica principal proporcionar um perfeito conhecimento das linhagens que dele são derivadas. Também é limitado pelas seleções em gerações precoces, que reduzem sua eficiência em relação às características quantitativas. O método massal ou de população, por sua vez, é limitado, porque além de não possibilitar controle genealógico das famílias/linhagens, pressupõe a ação da seleção natural, que nem sempre favorece todos os caracteres de interesse. Por causa desses problemas, foram propostas várias modificações para aumentar a eficiência das metodologias tradicionais. Dentre essas alternativas, as mais usadas para o feijoeiro-comum incluem as linhas derivadas de populações na geração F₂ ou massal dentro de famílias derivadas de F₂, inicialmente proposto por Frey (1954). Esses métodos nem sempre são empregados exatamente como descritos, sendo comum utilizar de famílias derivadas de F₃ ou de F₄. A Embrapa Arroz e Feijão utilizou esse método no Programa de Melhoramento da Resistência à Seca, do qual resultou a linhagem SC 9029883, recomendada em 1993 com o nome Bambuí para a região de Irecê, BA (Embrapa, 1997), com extensão da recomendação para a região do oeste baiano em 1999.

O método de seleção massal modificada é muito utilizado nos programas de melhoramento visando à resistência a doenças. As populações oriundas do cruzamento entre fontes de resistência e genótipos suscetíveis com boas características comerciais são conduzidas das gerações F₂ a F₅, mediante inoculação no campo para garantir a ocorrência das doenças. As plantas susce-

tíveis são eliminadas e, por ocasião da maturação das plantas resistentes remanescentes, são selecionadas aquelas com alta inserção das primeiras vagens, não acamadas e com maior número de vagens, colhendo-se uma vagem por planta para reconstituir a população da geração seguinte (Zimmermann *et al.*, 1996).

O Programa de Melhoramento Genético visando à resistência a doenças, da Embrapa Arroz e Feijão, tem utilizado o método massal modificado por ser de fácil execução, permitindo trabalhar simultaneamente com numerosas populações, demandando reduzidos recursos físicos e humanos e logrando resultados expressivos na obtenção de novas linhagens com resistência conjunta às principais doenças e com boas características agrônômicas (Rava *et al.*, 1992; Costa *et al.*, 1994; Costa *et al.*, 1996). Utilizando o referido método, foram desenvolvidas as cultivares Aporé, Macanudo, Macotaço, Guapo Brilhante, Corrente, Diamante Negro, Minuano, Novo Jalo, Princesa e Xamego (Embrapa, 1997).

Com este trabalho objetivou-se comparar quatro métodos de melhoramento quanto à eficiência na obtenção de linhagens resistentes à antracnose (*Colletotrichum lindemuthianum*) e com alta produtividade.

MATERIAL E MÉTODOS

O trabalho foi conduzido na Embrapa Arroz e Feijão, no município de Santo Antônio de Goiás, GO. Os genitores, para a obtenção das populações (Tabela 1), foram escolhidos com base nas suas reações de resistência e suscetibilidade aos patótipos 55 (raça lambda), 89 (raça alfa Brasil), 95 (raça capa) e 453 (raça zeta) de *C. lindemuthianum*.

As seis populações F₂ foram semeadas no campo, intercalando-se a cada dez sulcos uma linha da cultivar CNF 0010 como testemunha suscetível. Quando as plantas apresentavam a primeira folha trifoliolada parcialmente expandida (12 a 15 dias após a semeadura), foram inoculadas com uma suspensão de 1,2 x 10⁶ conídios.ml⁻¹ do patótipo 95 de *C. lindemuthianum*. Dez dias após a inoculação, foram eliminadas as plantas suscetíveis que apresentavam intensidade de sintomas superior ao grau 3, segundo a escala de 1 a 9 descrita por Rava *et al.* (1993). Nas plantas remanescentes, foi colhida uma vagem por planta para formar a população F₃, que foram submetidas aos métodos de seleção massal modificada e famílias derivadas de população na geração F₃, F₄ e genealógico.

TABELA 1 – Genitores envolvidos em seis cruzamentos e suas reações a quatro patótipos de *Colletotrichum lindemuthianum*.

Cruzamento	Genitores	Patótipos			
		55	89	95	453
2479	CB 912063	7	7 ¹	6	8
	LR 720982	4	4	1	2
2488	CB 912052	7	7	6	8
	AN 9022180	4	4	2	1
2501	LR 720982 SH	-	-	7	7
	CB 733732	1	1	1	2
2522	CB 733774	4	-	1	6
	AN 9122526	1	1	1	1
2523	AN 9122526				
	CB 733774	4	-	1	6
2547	AN 9123293	1	1	1	1
	CB 911863	9	9	8	8
	AN 9123293	1	1	1	1

¹De acordo com a escala definida por Rava *et al.* (1993), em que 1 indica ausência de sintomas, e 9, plantas mortas ou próximas ao colapso.

Método de seleção massal modificada (SMM)

As populações da geração F₃ até a geração F₅ foram conduzidas utilizando-se a mesma metodologia de inoculação e seleção utilizada nas populações na geração F₂. Nas plantas resistentes remanescentes, colheu-se uma vagem por planta para reconstituir a população da geração seguinte. Nas populações na geração F₅, após a eliminação das plantas suscetíveis, foi realizada a colheita de plantas individuais, selecionando-se as plantas eretas e com maior número de vagens, originando às linhagens F₆.

Famílias derivadas de população na geração F₃ (DF3)

Após a eliminação das plantas suscetíveis realizada nas populações da geração F₃, foi feita a seleção individual das plantas remanescentes, de acordo com os mesmos critérios utilizados em SMM, originando as famílias F₄. Nessas, utilizando-se os mesmos critérios, foi realizada seleção entre e dentro das famílias, originando as famílias F₅, nas quais repetiu-se o mesmo processo de seleção, dando origem às linhagens F₆.

Famílias derivadas de população na geração F₄ (DF4)

As populações da geração F₃ e geração F₄ foram conduzidas utilizando a mesma metodologia de inoculação e seleção utilizada nas populações da geração F₂. Nas populações da geração F₄, após a eliminação das

plantas suscetíveis, foi feita a seleção individual das plantas remanescentes, de acordo com os mesmos critérios utilizados em SMM, originando as famílias F₅. Nessas, foi realizada seleção entre e dentro das famílias, utilizando as mesmas variáveis de seleção descritas anteriormente, dando origem às linhagens F₆.

Método genealógico (GEN)

Após eliminar as plantas suscetíveis nas populações na geração F₂, foi realizada a seleção individual das plantas remanescentes para constituírem as famílias da geração F₃. De F₃ a F₅, foi realizada a seleção entre e dentro das famílias, de acordo com os mesmos critérios utilizados em SMM, originando as linhagens na geração F₆.

Teste em canteiros

No final de cada método de seleção, foi obtido um mínimo de 30 linhagens F₆ de cada cruzamento. As linhagens foram semeadas em canteiros, em fileiras com dez plantas distanciadas de 0,20 m, intercalando-se, a cada dez linhagens, uma fileira da cultivar suscetível CNF 0010. Quinze dias após a emergência, as plantas foram inoculadas com os patótipos 55, 89, 95 e 453 de *C. lindemuthianum*. A concentração da suspensão de conídios, a inoculação e a avaliação das plântulas foram as mesmas utilizadas para os testes de campo. Nesse ensaio, os canteiros foram cobertos com polietileno preto após a inoculação, para a formação de uma câmara úmida, e descobertos na manhã seguinte.

Ensaio de rendimento

As linhagens selecionadas e resistentes aos quatro patótipos de *C. lindemuthianum* tiveram seus rendimentos avaliados em seis ensaios, utilizando-se o delineamento de blocos em grupos balanceados (Gomez & Gomez, 1984). Cada grupo foi formado por linhagens derivadas de um dos métodos, mais uma testemunha comum, a cultivar Pérola. Cada ensaio, portanto, continha linhagens provenientes de um cruzamento obtido pelos quatro métodos de melhoramento estudados. Os ensaios foram instalados na Fazenda Palmital, da Embrapa Arroz e Feijão, no município de Goianira, GO, em junho de 1997, no campo experimental do Escritório de Negócios Tecnológicos de Ponta Grossa, PR, em fevereiro de 1998, e na Fazenda Capivara, no município de Santo Antônio de Goiás, GO, em junho de 1998. A parcela experimental consistiu de quatro linhas de 4m de comprimento, distanciadas de 0,50 m com 12 plantas por metro, perfazendo uma área útil de 4 m² (duas linhas centrais).

Para a avaliação da eficiência dos métodos de seleção, foi calculada a porcentagem de linhagens resistentes aos quatro patótipos de *C. lindemuthianum* utilizados, as análises conjuntas da produtividade das linhagens nas três localidades/ano por cruzamento e método de seleção, a porcentagem de linhagens com produtividade superior à testemunha e a estimativa da variância genética entre as linhagens geradas em cada método dentro de cada cruzamento e por método considerando todos os cruzamentos.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Ao se considerar os métodos de seleção dentro de cada cruzamento, o da SMM em quatro dos seis cruzamentos foi o que apresentou as maiores porcentagens de linhagens resistentes aos quatro patótipos de *C. lindemuthianum* (Tabela 2). O maior percentual de linhagens resistentes (100%) foi obtido no cruzamento 2522, pelo método DF4. Pelo método GEN, foram obtidas as menores porcentagens de linhagens resistentes, com exceção do cruzamento 2488 e 2501.

No processo de seleção da geração F₂ até F₅, foi utilizado o patótipo 95. Entre os métodos utilizados, o da SMM é o que teoricamente produziria a menor perda de variabilidade da resistência e, conseqüentemente, do qual se esperaria maior freqüência de genótipos resistentes quando inoculados com os patótipos 55, 89 e 453. O maior número (70,4%) de linhagens resistentes aos três patótipos, obtido pelo método de SMM, ao se comparar com as médias dos outros métodos, incluindo todos os cruzamentos (Tabela 2), confirma a afirmação anterior.

Os coeficientes de variação dos seis ensaios em que foi comparada a produtividade das linhagens obtidas pelos quatro métodos de seleção, por cruzamento, considerando os três locais, variaram de 16,4% a 19,4%, indicando boa precisão experimental.

As análises conjuntas de variância da produtividade das linhagens, para cada cruzamento, incluindo as três localidades/ano, apresentaram significância da interação entre linhagens x método, de condução a 1% de probabilidade, para os cruzamentos 2488, 2501, 2522, 2547, e a 5% de probabilidade, para o cruzamento 2479.

TABELA 2 - Número total (T) de linhagens inoculadas com quatro patótipos de *Colletotrichum lindemuthianum*, número e porcentagem de linhagens resistentes (R) por método de seleção para cada cruzamento e porcentagem por método.

Método	Cruzamento						Linhagens R												
	T		R		%		T		R		%								
	T	R	T	R	T	R	T	R	T	R	T	R							
	2479		2488		2501		2522		2523		2547								
GEN	27	16	54,3	24	19	79,2	20	15	75,0	34	18	52,9	33	03	9,1	27	10	37,0	49,1
DF3	17	10	58,8	15	13	86,7	20	19	95,0	32	18	56,3	26	07	26,9	12	05	41,7	59,0
DF4	19	13	68,4	33	24	72,7	20	16	80,0	18	18	100,0	22	11	50,0	32	13	40,6	66,0
SMM	20	16	80,0	20	18	90,0	19	12	63,2	20	11	55,0	15	11	73,3	21	13	61,9	70,4

GEN = Genealógico.

DF3 = Famílias derivadas de população na geração F₃.

DF4 = Famílias derivadas de população na geração F₄.

SMM = Seleção massal modificada.

TABELA 3 – Produtividade média das linhagens obtidas nos quatro métodos de seleção em seis cruzamentos.

Cruzamento					
2479	2488	2501	2522	2523	2547
(GEN) 2226 a	(GEN) 2076 a	(SMM) 1888 a	(DF3) 2177 a	(GEN) 2202 a	(DF4) 2381 a
(DF3) 1985 b	(DF3) 1950 a	(GEN) 1801 a	(SMM) 1917 b	(DF4) 1774 b	(GEN) 2051 b
(DF4) 2172 a	(DF4) 2008 a	(DF3) 1875 a	(DF4) 2016 b	(DF3) 2016 ab	(SMM) 2207 ab
(SMM) 2131 ab	(SMM) 1972 a	(DF4) 1859 a	(GEN) 1983 b	(SMM) 1940 ab	(DF3) 2202 ab

Médias assinaladas pela mesma letra, nas colunas, não diferem pelo teste de Tukey no nível de $P \leq 0,05$.

GEN = Genealógico; DF3 = Famílias derivadas de população na geração F₃; DF4 = Famílias derivadas de população na geração F₄; SMM = Seleção massal modificada.

As produtividades médias das linhagens obtidas pelos métodos SMM e DF3 não diferiram significativamente das de maior produtividade, em cinco dos seis cruzamentos, o mesmo acontecendo com as obtidas pelos métodos GEN e DF4 em quatro dos seis (Tabela 3). Portanto, pode-se inferir que os genitores envolvidos nos cruzamentos influenciaram a produtividade média das linhagens obtidas pelos diferentes métodos de seleção.

Segundo Raposo *et al.* (1999), a manutenção da variabilidade genética, entre as linhagens geradas em cada método, até quando forem efetuadas as avaliações em experimentos com repetições, poderá servir como parâmetro para comparação entre os métodos. A partir das esperanças dos quadrados médios, foi obtida a estimativa da variância genética ($\hat{\sigma}_G^2$) entre as linhagens geradas em cada método, dentro de cada cruzamento e por método considerando todos os cruzamentos (Tabela 4). Alguns dos valores de $\hat{\sigma}_G^2$ foram negativos pelo fato de a estimativa do quadrado médio da interação linhagens x local ser superior à estimativa do quadrado médio das linhagens. Raposo *et al.* (1999) determinaram que o componente da interação linhagens x locais foi de 72% da estimativa da variância genética. Esses autores comentam que a ocorrência de valores dessa magnitude ou maiores é freqüente na cultura do feijoeiro.

Ocorreu uma grande variação entre os valores de $\hat{\sigma}_G^2$ dos cruzamentos dentro de um mesmo método de seleção (Tabela 4), indicando a possível influência dos genitores neles envolvidos. O método DF4 foi o que apresentou o maior valor total da $\hat{\sigma}_G^2$, e o GEN, o menor.

As populações segregantes conduzidas pelos métodos DF4 e SMM seguiram a mesma metodologia de seleção até a geração F₄, diferindo apenas na geração em que foi realizada a seleção individual das plantas: em F₄, no método DF4, e em F₅, no método SMM. Porém, os valores das $\hat{\sigma}_G^2$ totais, nos dois métodos, são bastante contrastantes (Tabela 4), não coincidindo com o esperado, que seria a obtenção de valores próximos.

O número e o percentual de linhagens cuja produtividade média superou a testemunha Pérola foram utilizados para a comparação da eficiência dos diferentes métodos de seleção. Pelos resultados apresentados na Tabela 5, observou-se uma variação muito grande nesses valores. Todas as linhagens derivadas dos cruzamentos 2523 e 2547 obtidas pelo método DF3 superaram a testemunha nos ensaios realizados na Fazenda Palmital em 1997.

Em 1998, na Fazenda Capivara, nenhuma linhagem derivada do cruzamento 2547, e apenas 14,28% das derivadas do cruzamento 2523, foram superiores à testemunha, ao passo que, em Ponta Grossa, em 1998, nenhuma linhagem proveniente desses cruzamentos superou a testemunha. Esses resultados indicam a influência da interação linhagens x locais (ambiente) que, como sugerido por Raposo *et al.* (1999), é um dos fatores que mais interfere na avaliação de linhagens no trabalho de melhoramento genético.

Considerando a porcentagem de linhagens superiores à testemunha, houve equivalência entre os métodos GEN, DF3 e DF4, enquanto o SMM originou o menor percentual de linhagens superiores em relação à testemunha.

TABELA 4 – Estimativas da variância genética ($\hat{\sigma}_G^2$) em seis cruzamentos submetidos a quatro métodos de seleção, obtidas pela produtividade das linhagens.

Cruzamento	Método			
	GEN	DF3	DF4	SMM
2479	-4457,73	-7230,73	18702,81	-17762,82
2488	-21971,21	28044,52	6697,05	-7727,53
2501	30787,70	15604,40	-1633,88	6562,06
2522	-6461,87	2464,73	4758,58	12519,21
2523	11363,77	-5068,97	206,48	8754,64
2547	11002,75	6563,78	24812,36	-5395,07
Totais por método	3299,24	6163,68	21280,50	-5576,77

GEN = Genealógico; DF3 = Famílias derivadas de população na geração F₃; DF4 = Famílias derivadas de população na geração F₄; SMM = Seleção massal modificada.

TABELA 5 – Número e porcentagem de linhagens superiores à testemunha (cultivar Pérola selecionadas em cada um dos quatro métodos de melhoramento utilizados em seis cruzamentos.

Cruzamento	Método							
	GEN		DF3		DF4		SMM	
	Nº	% ¹	Nº	%	Nº	%	Nº	%
(Goianira, GO, 1997)								
2479	8	50,00	2	20,00	0	0,00	1	6,25
2488	4	21,05	3	23,08	11	45,83	8	44,44
2501	1	6,66	17	89,47	9	56,25	3	25,00
2522	6	33,33	1	5,56	7	38,89	0	0,00
2523	2	66,67	7	100,00	10	90,91	4	36,36
2547	2	20,00	5	100,00	12	92,31	13	100,00
(Santo Antônio de Goiás, GO, 1998)								
2479	16	100,00	8	80,00	10	76,92	14	87,50
2488	17	89,47	2	15,38	2	8,33	0	0,00
2501	0	0,00	9	47,37	0	0,00	0	0,00
2522	13	72,22	8	44,44	12	66,67	2	18,18
2523	0	0,00	1	14,28	1	9,09	1	9,09
2547	0	0,00	0	0,00	3	23,08	2	15,38
(Ponta Grossa, PR, 1998)								
2479	15	93,75	9	90,00	8	61,54	12	75,00
2488	18	94,73	5	38,46	19	79,17	9	50,00
2501	3	20,00	13	68,42	12	75,00	5	41,67
2522	9	50,00	16	88,89	14	77,78	3	27,27
2523	0	0,00	0	0,00	0	0,00	2	18,18
2547	2	20,00	0	0,00	12	92,31	5	38,46
Totais ²	116	47,73	106	49,07	142	49,82	84	34,57

¹Porcentagem calculada com base no número de linhagens resistentes apresentado na Tabela 2; ²Totais e porcentagens de linhagens superiores à testemunha (cv. Pérola) por método considerando as três localidades/ano; GEN = Genealógico; DF3 = Famílias derivadas de população na geração F₃; DF4 = Famílias derivadas de população na geração F₄; SMM = Seleção massal modificada.

Ao considerar as variáveis porcentagem de linhagens resistentes aos quatro patótipos de *C. lindemuthianum*, produtividade das linhagens, estimativa da variância genética e porcentagem de linhagens com produtividade superior à testemunha, os resultados foram bastante contrastantes, quando considerados os cruzamentos que deram origem às linhagens, caracterizando a influência dos genitores e do componente interação linhagem x local.

Borém (1998) comenta que não existe um método único para se atingirem objetivos específicos. Para a escolha do método de seleção de populações segregantes, deve ser avaliada cada situação quanto à possibilidade de alcançar os seguintes objetivos: obtenção de conhecimentos quanto à genética das características envolvidas, facilidade de condução, tempo necessário, economia no custo e mão-de-obra.

CONCLUSÕES

a) O método de seleção massal modificada permite a obtenção de maior número de linhagens resistentes a *Colletotrichum lindemuthianum*.

b) Dentre os quatro métodos estudados, as linhagens obtidas pelo método de famílias derivadas de população na geração F₄ apresentam a maior variabilidade genética.

c) Os genitores e a interação linhagem x local influenciam na interpretação dos resultados.

d) Considerando-se conjuntamente a porcentagem de linhagens resistentes à *Colletotrichum lindemuthianum*, a produtividade média das linhagens, a variância genética entre as linhagens geradas por cada método, o número e o percentual de linhagens com produtividade superior à da testemunha, a eficiência do método varia com o critério utilizado.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALLARD, R.W. **Principles of plant breeding**. New York: J. Wiley, 1960. 485 p.
- BORÉM, A. **Melhoramento de plantas**. 2.ed. Viçosa: UFV, 1998. 453 p.
- COSTA, J.G.C. da; RAVA, C.A.; SARTORATO, A. Incorporação de genes que condicionam resistência ao fungo da antracnose em duas cultivares de feijoeiro-comum: avaliação das linhagens quanto ao rendimento, características agrônomicas e reação a doenças. **Summa Phytopathologica**, Jaboticabal, v.22, n.1, p.26-32, jan./mar. 1996.
- COSTA, J.G.C. da; RAVA, C.A.; SARTORATO, A. Obtenção de linhagens de feijoeiro-comum com tipo de grão preto, resistentes à antracnose e com boas características agrônomicas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.29, n.4, p.617-624, abr. 1994.
- EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. Centro Nacional de Pesquisa de Arroz e Feijão. **Informativo anual das comissões técnicas regionais de feijão**: cultivares de feijão recomendadas para plantio no ano agrícola 1997/1998. Goiânia: EMBRAPA-CNPAP, 1997. 29 p.
- FREY, K.J. The use of F₂ lines in predicting the performance of F₃ selections in two barley crosses. **Agronomy Journal**, Madison, v.46, n.12, p.541-544, Dec. 1954.
- GOMEZ, K.A.; GOMEZ, A.A. **Statistical procedures for agricultural research**. New York: J. Wiley, 1984. 640 p.
- RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B. dos; ZIMMERMANN, M.J. de O. **Genética quantitativa em plantas autógamas**: aplicações ao melhoramento do feijoeiro. Goiânia: UFG, 1993. 271 p.
- RAPOSO, F.V.; RAMALHO, M.A.F.; ABREU, A.F.B. Comparação de métodos de condução de populações segregantes do feijoeiro. In: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA DE FEIJÃO, 6., 1999, Salvador. **Resumos...** Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 1999. p.299-302. (Embrapa Arroz e Feijão. Documentos, 99).
- RAVA, C.A.; COSTA, J.G.C. da; SARTORATO, A. Obtenção e seleção de linhagens de *Phaseolus vulgaris* resistentes à *Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli* e à raça alfa-Brasil de *Colletotrichum lindemuthianum*. **Ciência e Prática**, Lavras, v.16, n.3, p.381-388, jul./set. 1992.
- RAVA, C.A.; MOLINA, J.; KAUFFMANN, M.; BRIONES, I. Determinación de razas fisiológicas de *Colletotrichum lindemuthianum* en Nicaragua. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v.18, n.3, p.388-391, set. 1993.
- ZIMMERMANN, M.J. de O.; CARNEIRO, J.E.S.; DEL PELOSO, M.J.; COSTA, J.G.C. da; RAVA, C.A.; SARTORATO, A.; PEREIRA, P.A.A. Melhoramento genético e cultivares. In: ARAÚJO, R.S.; RAVA, C.A.; STONE, L.F.; ZIMMERMANN, M.J. de O. (Ed.). **Cultura do feijoeiro-comum no Brasil**. Piracicaba: Potafos, 1996. p.224-273.

