

**Universidade de São Paulo
Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”**

**Desenvolvimento de marcadores SSR-EST e construção de mapas genéticos
em feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.)**

Luiz Ricardo Hanai

**Tese apresentada para obtenção do título de doutor em
Agronomia. Área de concentração: Genética e
Melhoramento de Plantas**

**Piracicaba
2008**

Luiz Ricardo Hanai
Bacharel em Ciências Moleculares

**Desenvolvimento de marcadores SSR-EST e construção de mapas genéticos
em feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.)**

Orientadora:
Prof^a Dra. MARIA LUCIA CARNEIRO VIEIRA

Tese apresentada para obtenção do título de doutor em
Agronomia. Área de concentração: Genética e Melhoramento de
Plantas

Piracicaba
2008

DEDICATÓRIA

À minha esposa Camila pelo amor e companheirismo durante a realização do doutorado, e à nossa filha Helena que já está nos enchendo de felicidades, com amor dedico.

Aos meus pais Joaquim e Cleusa por, incondicionalmente, me apoiarem sempre, ofereço.

AGRADECIMENTOS

À Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” – ESALQ/USP, em especial ao Departamento de Genética, pela oportunidade;

À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo – FAPESP, pela bolsa concedida;

À Professora Dra. Maria Lucia Carneiro Vieira, pela orientação, ensinamentos e confiança a mim dispensada desde a Iniciação Científica;

Ao Professor Dr. Luis Eduardo Aranha Camargo, por tornar disponível o banco de EST de feijão - BEST, pelo entusiasmo e pelas ótimas sugestões e idéias;

À Dra. Siu Mui Tsai, por disponibilizar parte do material vegetal usado neste trabalho, e pela amizade e entusiasmo;

Ao Professor Dr. João Bosco dos Santos da Universidade Federal de Lavras, pela atenção dispensada e por ceder parte do material vegetal usado neste trabalho;

Aos Professores do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, pelos conhecimentos compartilhados;

Ao Msci. Marcos Vinícius B. M. Siqueira, pela contribuição no desenho de *primers*;

À Bióloga Carla de Freitas Munhoz, pela ajuda na genotipagem dos acessos de feijão;

À Engenheira Agrônoma Luciane Santini, pelo apoio nos trabalhos de laboratório, sobretudo na genotipagem das populações de mapeamento;

À Engenheira Agrônoma Camila Motta Borgonove e ao Biólogo Luciano Lucena pelas leituras críticas de meus relatórios e manuscritos;

À Dra. Christine P. Stock, pela revisão do abstract;

Aos amigos do laboratório de Biologia Celular e Molecular de Plantas, Ricardo Lopes, Mariza, Maria Rita, Adriano, Juliano, Michel, Frederico, Eder, Francisco, Sheila, Carla, Luciano Consoli, Luciane, Renato, Endson, Helen, Alessandra, Marcelo, Larissa, Thiago, Anselmo, Bruno e Luciano Lucena, pela contribuição no meu desenvolvimento científico e pessoal;

Aos colegas do curso e amigos Marcelo Oliveira, Andréa, Matheus Figueiredo, Walter, Edgar, Marcos Barone, Sidney, Jair e José Manoel, pelos momentos de alegria e descontração;

Aos amigos da República Zona Rural;

A todos que diretamente ou indiretamente contribuíram para a realização deste trabalho.

SUMÁRIO

RESUMO	7
ABSTRACT	8
1 INTRODUÇÃO	9
2 REVISÃO DE LITERATURA	12
2.1 A cultura do feijoeiro	12
2.1.1 Importância econômica e social	12
2.1.2 Pragas e doenças da cultura	13
2.1.3 Recursos genéticos	14
2.1.4 Melhoramento genético da cultura	15
2.2 Marcadores moleculares	17
2.3 Mapas genéticos	22
2.3.1 Conceito e breve histórico	22
2.3.2 Construção de mapas genéticos	24
2.3.3 Aplicações dos mapas genéticos	26
2.3.4 Mapas genéticos em feijão	29
3 MATERIAL E MÉTODOS	33
3.1 Material Vegetal	33
3.2 Extração e quantificação de DNA	34
3.2.1 Isolamento do DNA genômico	34
3.2.2 Quantificação do DNA	35
3.3 Marcadores SSR-EST	36
3.3.1 Desenvolvimento de marcadores SSR-EST	36
3.3.1.1 Caracterização das EST contendo SSR	36
3.3.1.2 Classificação das SSR	36
3.3.1.3 Seleção e desenho dos primers a partir das EST	37
3.3.2 Condições de reação	38
3.3.3 Eletroforese e visualização dos locos	40
3.3.4 Análise dos locos amplificados	41
3.3.4.1 Caracterização dos marcadores SSR-EST	41
3.3.4.2 Seleção de locos polimórficos nas populações BJ e CFM	41

3.4 Marcadores AFLP	42
3.4.1 Geração de marcadores AFLP	42
3.4.2 Análise em gel de poliacrilamida	43
3.5 Análises de mapeamento	44
3.5.1 Integração dos marcadores desenvolvidos no mapa referência BJ	44
3.5.2 Construção do mapa CFM	45
3.5.3 Alinhamento do mapa CFM ao mapa núcleo BJ	45
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	46
4.1 Frequência e localização dos SSR nas EST	46
4.2 Caracterização dos marcadores SSR-EST	49
4.3 Mapeamento genético da população BJ	54
4.3.1 Genotipagem dos marcadores SSR-EST	54
4.3.2 Genotipagem dos marcadores AFLP	55
4.3.3 Mapa de ligação BJ	57
4.4 Mapeamento genético da população CFM	64
4.4.1 Genotipagem dos marcadores SSR-EST	64
4.4.2 Genotipagem dos marcadores AFLP	65
4.4.3 Mapa de ligação CFM	67
4.4.4 Alinhamento do mapa CFM ao mapa consenso BJ	71
5 CONCLUSÕES	74
REFERÊNCIAS	75
ANEXOS	95

RESUMO

Desenvolvimento de marcadores SSR-EST e construção de mapas genéticos em feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.)

O uso de marcadores moleculares tem contribuído para o estudo da domesticação das espécies de *Phaseolus*, origem e diversidade das cultivares atuais de feijão-comum (*P. vulgaris*), e do controle genético da resistência a diversas doenças. Mapas de ligação têm sido estabelecidos em feijão-comum com base em marcas de RFLP, RAPD, SCAR, isoenzimas e locos fenotípicos, sendo que alguns deles foram reunidos em um mapa mais denso e completo do genoma do feijão, chamado mapa núcleo. No entanto, para o uso efetivo de mapas de ligação em programas de melhoramento estes devem ser suficientemente saturados. O presente trabalho se insere neste contexto, visando saturar o mapa núcleo de *P. vulgaris* a partir do mapeamento de novos marcadores moleculares como AFLP e SSR baseados em EST. Assim, buscou-se desenvolver e caracterizar marcadores SSR oriundos de uma biblioteca de EST, testar a transferibilidade destes para outros cultivares e espécies relacionadas, gerar marcadores AFLP e integrá-los ao mapa consenso da espécie. Também, construir um mapa genético para uma população de interesse no Brasil ('Carioca' x 'Flor de Mayo'), e promover o seu alinhamento com o mapa consenso, complementando desta forma, a caracterização genômica da espécie. Pares de *primers* foram desenhados para 156 SSR-EST. Destes, 138 SSR-EST amplificaram locos claros e reprodutíveis e foram caracterizados usando um conjunto de 26 genótipos de feijões cultivados. Dos locos analisados, 85 se mostraram polimórficos entre os genótipos estudados e apresentaram em média 2,96 alelos por loco e um PIC médio de 0,38. Entre todos os SSR-EST analisados, 50 locos segregaram na população de mapeamento 'Bat 93' x 'Jalo EEP558', 20 locos segregaram na população 'Carioca' x 'Flor de Mayo' e 12 locos foram polimórficos nas duas populações. Marcadores AFLP foram gerados e genotipados nas duas populações. Os 262 locos microssatélites e AFLP genotipados na população 'Bat 93' x 'Jalo EEP558' foram integrados ao mapa núcleo da espécie. Foi obtido um mapa de 1353 cM de comprimento total, contendo 357 marcas, incluindo 9 SSR-genômico, 47 SSR-EST e 190 AFLP. Além disso, outro mapa foi gerado a partir da análise de segregação de 252 marcadores na população 'Carioca' x 'Flor de Mayo'. Este mapa teve 807,5 cM de comprimento, com uma distância média de 5,3 cM entre marcas. Os marcadores microssatélites comuns foram usados como ponte para alinhar e comparar os mapas das duas populações estudadas.

Palavras-Chave: *Expressed Sequence Tag* (EST); Marcador Molecular; Mapa Genético

ABSTRACT

Development of EST-SSR markers and construction of genetic maps in common bean (*Phaseolus vulgaris*)

The use of molecular markers has contributed to the studies regarding domestication of *Phaseolus* species, origin and diversity of current common bean cultivars (*P. vulgaris*), and the genetic control of resistance to several diseases. Linkage maps have been constructed for common bean by using RFLP, RADP, SCAR, isoenzymes and phenotypic markers, some of which were meeting in a more dense and complete map of bean genome, called core map. However, for the effective use of linkage maps in breeding programs they must be sufficiently saturated. This work fits in this context, aiming to saturate the core map of *P. vulgaris* from the mapping of new molecular markers as AFLP and SSR EST-based. Thus, it was tried to develop and characterize SSR markers from a EST library, to test the transferability of these markers to other cultivars and related species, to generate AFLP markers and integrate them to the consensus map of the species. Also, build a genetic map for a population of interest in Brazil ('Carioca' x 'Flor de Mayo'), and promoting its alignment with the consensus map, thus complementing the genomic characterization of the species. Pairs of primers were designed for 156 EST-SSR. Of these, 138 EST-SSR amplified clear and reproducible loci and were characterized using a set of 26 genotypes of cultivated beans. Of the loci tested, 85 were polymorphic between the genotypes studied and showed an average 2.96 alleles per locus and a PIC average of 0.38. Among all examined EST-SSR, 50 loci segregated in 'Bat 93' x 'Jalo EEP558' mapping population, 20 loci segregated in 'Carioca' x 'Flor de Mayo' population and 12 loci were polymorphic in both two populations. AFLP markers were generated and genotyped in the two populations. The 262 microsatellites and AFLP loci genotyped in 'Bat 93' x 'Jalo EEP558' population were integrated onto the core map of the species. A map of 1353 cM total length was obtained, containing 357 markers, including 9 genomic-SSR, 47 EST-SSR and 190 AFLP. Moreover, another map was generated from the analysis of segregation of 252 markers in 'Carioca' x 'Flor de Mayo' population. This map was 807.5 cM long, with an average distance of 5.3 cM between markers. The common microsatellites markers were used as a bridge to align and compare the maps of the two studied populations.

Keywords: Expressed Sequence Tag (EST); Molecular Marker; Genetic Map

1 INTRODUÇÃO

O feijoeiro é a espécie mais cultivada entre as outras do gênero *Phaseolus*, contribuindo com, aproximadamente, 95% da produção mundial de feijões. É cultivado, basicamente, na África tropical (10% da produção mundial) e na América Latina (47% da produção mundial) (FAO, 2008), sendo o Brasil o maior produtor, com uma produção de 3,5 milhões de toneladas por ano, colhida em uma área de 4,2 milhões ha (safra 2005/06; CONAB, 2008). A importância da cultura se deve ao fato de o feijão se constituir em um dos alimentos básicos da população brasileira (cerca de 16 Kg/hab/ano), mas também por representar uma das principais fontes de proteínas na dieta alimentar, principalmente para as camadas de renda menos favorecidas (BROUGHTON et al., 2003).

Por isso, um esforço crescente tem sido dedicado à melhoria e expansão do cultivo de feijões. Os principais objetivos dos programas de melhoramento genético são aumentar a produtividade da cultura, aumentar a qualidade e a quantidade de proteínas, vitaminas e minerais e reduzir alguns fatores antinutricionais presentes no grão, assim como conferir maior resistência a doenças (EVANS, 1986; NAGL; IGNACIMUTHU; BECKER, 1997). Vários estudos genéticos têm sido realizados e as abordagens se baseiam, principalmente, no uso de marcadores moleculares, visando ao esclarecimento sobre a origem e a diversidade das cultivares atuais (GEPTS, 1998), os fatores determinantes da domesticação da espécie (KOINANGE et al., 1996; SONNANTE et al., 1994) e o controle genético da resistência a diversas doenças (ADAM-BLONDON et al., 1994; JUNG et al., 1999; MIKLAS, P. N. et al., 2002; NODARI et al., 1993b; VALLEJOS et al., 2000; YU, Z. H.; STALL; VALLEJOS, 1998).

Os mapas genéticos gerados a partir de marcadores moleculares possibilitam uma ampla cobertura e a análise completa do genoma da espécie. A partir destes mapas, é possível a decomposição de caracteres de herança complexa em seus componentes mendelianos, o mapeamento de regiões genômicas que controlam caracteres de importância econômica, a quantificação do efeito destas regiões para o caráter estudado e a subsequente utilização destas informações no desenvolvimento de cultivares melhoradas (FERREIRA; GRATTAPAGLIA, 1998).

Para o feijão-comum, três principais mapas de ligação foram estabelecidos, utilizando diferentes tipos de marcadores moleculares e fenotípicos (ADAM-BLONDON et al., 1994; NODARI et al., 1993a; VALLEJOS; SAKIYAMA; CHASE, 1992). Mais tarde, estas marcas

foram integradas em um mapa mais denso e completo do genoma do feijão, chamado mapa núcleo (FREYRE et al., 1998). Porém, este mapa de ligação ainda é limitado quanto a informações genéticas sobre características úteis para os melhoristas (resistência a doenças, por exemplo) e não é suficientemente saturado para os geneticistas interessados no isolamento de genes a partir de diversas técnicas de clonagem. Outra limitação refere-se ao fato de as distâncias genéticas variarem consideravelmente entre os mapas de ligação construídos a partir de cruzamentos entre diferentes cultivares de feijão (JUNG et al., 1999; PAREDES; GEPTS, 1995). Assim, um maior grau de saturação do mapa núcleo é de grande interesse, pois se pode aumentar, por exemplo, a chance de encontrar marcadores associados a características de interesse em outras populações.

A saturação de mapas genéticos tem sido buscada usando diferentes técnicas que revelam polimorfismos moleculares. Neste sentido, os marcadores AFLP (*Amplified Fragment Length Polymorphism*) têm se mostrado adequados, uma vez que é possível visualizar até uma centena de locos em uma única corrida eletroforética (VOS et al., 1995). Outras vantagens deste marcador são a não necessidade de conhecimento prévio de seqüências, o baixo custo por loco analisado, além da sensibilidade da técnica a pequenas mutações pontuais nos genomas (YOUNG, W. P.; SCHUPP; KEIM, 1999).

Uma nova abordagem adotada para a saturação de mapas genéticos é a geração de marcadores derivados de genes, principalmente SNP (*Single Nucleotide Polymorphisms*; RAFALSKI, 2002) e SSR (*Single Sequence Repeats*; SHAROPOVA et al., 2002).

Os SSR ou microssatélites têm se tornado a fonte mais popular de marcadores genéticos (SCHLÖTTERER, 2004). Genomas de eucariotos são densamente povoados por microssatélites. Geralmente, cada microssatélite está localizado em um loco simples com grande variação no tamanho dos alelos entre os indivíduos. Além do alto nível de polimorfismo, as seqüências de microssatélites possuem a maioria dos atributos desejáveis para um marcador genético, incluindo um alto índice de informação, fácil distinção entre os alelos, alta reprodutibilidade experimental, codominância, genotipagem rápida e fácil. Em face do desenvolvimento dos SSR como marcadores muitos avanços têm sido obtidos, especialmente no mapeamento de locos quantitativos (QTL - *Quantitative Trait Loci*), na seleção assistida por marcadores e no *screening* de bibliotecas para a clonagem de genes.

Atualmente, sabe-se que boa parte dos microssatélites está contida em regiões expressas do genoma (GAO et al., 2003; VARSHNEY, R. K.; GRANER; SORRELLS, 2005). Isto, juntamente com a crescente disponibilidade de seqüências nos bancos de dados, principalmente EST, tem possibilitado o desenvolvimento de marcadores microssatélites derivados de genes, ou SSR-EST. Neste contexto, o uso destes marcadores tem sido relatado em várias espécies, incluindo o feijão-comum (BLAIR et al., 2003; YU, K. et al., 2000; YU, K. F.; PARK; POYSA, 1999). O fato desses marcadores serem derivados de genes e, conseqüentemente, suas seqüências serem mais conservadas, lhes é atribuído potencial para identificar polimorfismos em espécies relacionadas àquela da qual foi gerado a biblioteca de EST (THIEL et al., 2003; VARSHNEY, R. K. et al., 2005), o que facilita o mapeamento comparativo e a clonagem de genes homólogos.

Recentemente, um esforço no sentido de desenvolver ferramentas genômicas para os feijões foi iniciado com a criação do consórcio internacional 'Phaseomics', e várias bibliotecas de cDNA para feijão-comum e espécies relacionadas começaram a ser construídas (BROUGHTON et al., 2003). Na ESALQ/USP mais de 5.000 EST já foram seqüenciadas e, numa busca prévia, foram identificadas aproximadamente 240 seqüências candidatas a SSR (MELOTTO et al., 2005). O presente trabalho buscou desenvolver marcadores microssatélites derivados de EST e mapeá-los, juntamente com marcas AFLP, em duas populações de *P. vulgaris*: uma derivada do cruzamento 'Bat 93' x 'Jalo EEP558' (chamada de população núcleo de mapeamento ou BJ) e outra oriunda do cruzamento 'Carioca' x 'Flor de Mayo' (população CFM), visando à saturação do mapa núcleo BJ, o estabelecimento de um mapa de ligação para a população CFM, assim como, o alinhamento dos dois mapas.

Para tanto, os seguintes objetivos específicos foram buscados:

- (a) Gerar marcadores AFLP em *P. vulgaris*;
- (b) Desenvolver marcadores moleculares do tipo SSR-EST e caracterizá-los em um conjunto de acessos de feijão-comum e espécies relacionadas;
- (c) Mapear este conjunto de marcadores (AFLP e SSR-EST) no mapa de ligação integrado da espécie BJ;
- (d) Gerar um mapa de ligação para a população CFM, a partir dos marcadores AFLP e SSR-EST;
- (e) Usar os marcadores comuns para alinhar o mapa CFM ao mapa referência BJ.

5 CONCLUSÕES

- O banco de EST de feijão é uma importante fonte de marcadores microssatélites para *Phaseolus*.
- Marcadores SSR-EST são úteis para estudos de diversidade genética e para a construção de mapas moleculares e particularmente importantes para o alinhamento de diferentes mapas genéticos de feijão-comum.
- Marcadores AFLP podem ser usados para a construção e a saturação de mapas de ligação em feijão-comum.
- Marcadores AFLP gerados com a enzima *Pst*-I estão mais uniformemente distribuídos no genoma do feijoeiro que aqueles gerados com a enzima *Eco*-RI.
- O uso combinado de marcadores SSR-EST e AFLP resulta em considerável saturação de mapas genéticos, como exemplificado, neste trabalho, para o feijão-comum.

REFERÊNCIAS

ABREU, A. D. B.; RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; MARTINS, L. A. Progresso do melhoramento genético do feijoeiro nas décadas de setenta e oitenta nas regiões Sul e Alto Paranaíba em Minas Gerais. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 29, p. 105-112, 1994.

ACOSTA-GALLEGOS, J. A.; KELLY, J. D.; GEPTS, P. Prebreeding in common bean and use of genetic diversity from wild germplasm. **Crop Science**, Madison, v. 47, p. S44-S59, 2007.

ADAM-BLONDON, A. F.; SEVIGNAC, M.; BANNEROT, H.; DRON, M. SCAR, RAPD and RFLP markers linked to a dominant gene (*Are*) conferring resistance to anthracnose in common bean. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 88, p. 865-870, 1994.

AKKAYA, M. S.; SHOEMAKER, R. C.; SPECHT, J. E.; BHAGWAT, A. A.; CREGAN, P. B. INTEGRATION OF SIMPLE SEQUENCE REPEAT DNA MARKERS INTO A SOYBEAN LINKAGE MAP. **Crop Science**, Madison, v. 35, p. 1439-1445, 1995.

ALTSCHUL, S. F.; GISH, W.; MILLER, W.; MYERS, E. W.; LIPMAN, D. J. Basic local alignment search tool. **Journal of Molecular Biology**, London, v. 215, p. 403-410, 1990.

ANDERSON, J. A.; CHURCHILL, G. A.; AUTRIQUE, J. E.; TANKSLEY, S. D.; SORRELLS, M. E. Optimizing parental selection for genetic linkage maps. **Genome**, Ottawa, v. 36, p. 181-186, 1993.

ARIYARATHNE, H. M.; COYNE, D. P.; JUNG, G.; SKROCH, P. W.; VIDAVER, A. K.; STEADMAN, J. R.; MIKLAS, P. N.; BASSETT, M. J. Molecular mapping of disease resistance genes for halo blight, common bacterial blight, and bean common mosaic virus in a segregating population of common bean. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, Alexandria, v. 124, p. 654-662, 1999.

BASSETT, M. J. List of genes – *Phaseolus vulgaris* L. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, East Lansing, v. 39, p. 1-19, 1996.

BASSETT, M. J. A revised linkage map of common bean. **Hortscience**, Alexandria, v. 26, p. 834-836, 1991.

BATESON, W.; PUNNETT, R. C. Experimental studies in the physiology of heredity. **Reports to the Evolution Committee of the Royal Society**, London, v. 3, p. 11-30, 1906.

- BEARZOTI, E. Mapeamento de QTL. In: PINHEIRO, J. B.; CARNEIRO, I. F. **Análise de QTL no melhoramento de plantas**. Goiânia: FUNAPE, 2000. p. 63-223.
- BEEBE, S. E.; ROJAS-PIERCE, M.; YAN, X.; BLAIR, M. W.; PEDRAZA, F.; MUÑOZ, F.; TOHME, J.; LYNCH, J. P. Quantitative trait loci for root architecture traits correlated with phosphorus acquisition in common bean. **Crop Science**, Madison, v. 46, p. 413-423, 2006.
- BENCHIMOL, L. L.; DE CAMPOS, T.; CARBONELL, S. A. M.; COLOMBO, C. A.; CHIORATTO, A. F.; FORMIGHIERI, E. F.; GOUVEA, L. R. L.; DE SOUZA, A. P. Structure of genetic diversity among common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) varieties of Mesoamerican and Andean origins using new developed microsatellite markers. **Genetic Resources and Crop Evolution**, Dordrecht, v. 54, p. 1747-1762, 2007.
- BENNETT, M. D.; LEITCH, I. J. Nuclear DNA amounts in angiosperms: Progress, problems and prospects. **Annals of Botany**, London, v. 95, p. 45-90, 2005.
- BLAIR, M. W.; PEDRAZA, F.; BUENDIA, H. F.; GAITAN-SOLIS, E.; BEEBE, S. E.; GEPTS, P.; TOHME, J. Development of a genome-wide anchored microsatellite map for common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 107, p. 1362-1374, 2003.
- BONIERBALE, M. W.; PLAISTED, R. L.; TANKSLEY, S. D. RFLP Maps Based on a Common Set of Clones Reveal Modes of Chromosomal Evolution in Potato and Tomato. **Genetics**, Austin, v. 120, p. 1095-1103, 1988.
- BOREVITZ, J. O.; LIANG, D.; PLOUFFE, D.; CHANG, H. S.; ZHU, T.; WEIGEL, D.; BERRY, C. C.; WINZELER, E.; CHORY, J. Large-scale identification of single-feature polymorphisms in complex genomes. **Genome Research**, Woodbury, v. 13, p. 513-523, 2003.
- BOTSTEIN, D.; WHITE, R. L.; SKOLNICK, M.; DAVIS, R. W. Construction of a genetic-linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. **American Journal of Human Genetics**, Chicago, v. 32, p. 314-331, 1980.
- BROUGHTON, W. J.; HERNANDEZ, G.; BLAIR, M.; BEEBE, S.; GEPTS, P.; VANDERLEYDEN, J. Beans (*Phaseolus* spp.) - model food legumes. **Plant and Soil**, The Hague, v. 252, p. 55-128, 2003.
- BUSO, G. S. C.; AMARAL, Z. P. S.; BRONDANI, R. P. V.; FERREIRA, M. E. Microsatellite markers for the common bean *Phaseolus vulgaris*. **Molecular Ecology Notes**, Oxford, v. 6, p. 252-254, 2006.

- BUTCHER, P. A.; WILLIAMS, E. R.; WHITAKER, D.; LING, S.; SPEED, T. P.; MORAN, G. F. Improving linkage analysis in outcrossed forest trees: an example from *Acacia mangium*. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 104, p. 1185-1191, 2002.
- CAIXETA, E. T.; OLIVEIRA, A. C. B.; BRITO, G. G.; SAKIYAMA, N. S. Tipos de Marcadores Moleculares. In: BORÉM, A.; CAIXETA, E. T. **Marcadores Moleculares**. Viçosa: UFV, 2006. cap. 1, p. 9-78.
- CAMPOS, T.; BENCHIMOL, L. L.; CARBONELL, S. A. M.; CHIORATTO, A. F.; FORMIGHIERI, E. F.; DE SOUZA, A. P. Microsatellites for genetic studies and breeding programs in common bean. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, p. 589-592, 2007.
- CARDLE, L.; RAMSAY, L.; MILBOURNE, D.; MACAULAY, M.; MARSHALL, D.; WAUGH, R. Computational and experimental characterization of physically clustered simple sequence repeats in plants. **Genetics**, Austin, v. 156, p. 847-854, 2000.
- CARNEIRO, M. S.; VIEIRA, M. L. C. Mapas genéticos em plantas. **Bragantia**, Campinas, v. 61, p. 89-100, 2002.
- CARNEIRO, M. S.; CAMARGO, L. E.; COELHO, A. S.; VENCOSKY, R.; RUI, P. L.; STENZEL, N. M.; VIEIRA, M. L. RAPD-based genetic linkage maps of yellow passion fruit (*Passiflora edulis* Sims. f. *flavicarpa* Deg.). **Genome**, Ottawa, v. 45, p. 470-478, 2002.
- CHACÓN, M. I.; PICKERSGILL, B.; DEBOUCK, D. G. Domestication patterns in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) and the origin of the Mesoamerican and Andean cultivated races. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 110, p. 432-444, 2005.
- CHAO, S.; SHARP, P. J.; GALE, M. D. A linkage map of wheat homoeologous group 7 chromosomes using RFLP markers. In: INTERNATIONAL WHEAT GENETICS SYMPOSIUM, 7., 1988, Cambridge. **Proceedings...** Cambridge: Bath Press, 1988. p. 493-498.
- CHASE, C. D.; ORTEGA, V. M.; VALLEJOS, C. E. DNA restriction fragment length polymorphisms correlate with isozyme diversity in *Phaseolus vulgaris* L. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 81, p. 806-811, 1991.

CHO, Y. G.; ISHII, T.; TEMNYKH, S.; CHEN, X.; LIPOVICH, L.; PARK, W. D.; AYRES, N.; CARTINHO, S.; MCCOUCH, S. R. Diversity of microsatellites derived from genomic libraries and GenBank sequences in rice (*Oryza sativa* L.). **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 100, p. 713-722, 2000.

CONAB. **Central de informações agropecuárias**. Disponível em: <<http://www.conab.gov.br/conabweb/index.php?PAG=101>>. Acesso em: 05 mai. 2008

CONCIBIDO, V.; VALLEE, B.; MCLAIRD, P.; PINEDA, N.; MEYER, J.; HUMMEL, L.; YANG, J.; WU, K.; DELANNAY, X. Introgression of a quantitative trait locus for yield from Glycine soja into commercial soybean cultivars. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 106, p. 575-582, 2003.

CORDEIRO, G. M.; CASU, R.; MCINTYRE, C. L.; MANNERS, J. M.; HENRY, R. J. Microsatellite markers from sugarcane (*Saccharum* spp) ESTs across transferable to erianthus and sorghum. **Plant Science**, Limerick, v. 160, p. 1115-1123, 2001a.

CORDEIRO, G. M.; CASU, R.; MCINTYRE, C. L.; MANNERS, J. M.; HENRY, R. J.; 160(6):1115-1123, M. M. F. S. S. S. E. C. T. T. E. A. S. P. S. Microsatellite markers from sugarcane (*Saccharum* spp.) ESTs cross transferable to erianthus and sorghum. **Plant Science**, Limerick, v. 160, p. 1115-1123, 2001b.

CORREA, R. X.; COSTA, M. R.; GOOD-GOD, P. I.; RAGAGNIN, V. A.; FALEIRO, F. G.; MOREIRA, M. A.; DE BARROS, E. G. Sequence Characterized Amplified Regions Linked to Rust Resistance Genes in the Common Bean. **Crop Science**, Madison, v. 40, p. 804-807, 2000.

CRESTE, S.; TULMANN-NETO, A.; FIGUEIRA, A. Detection of single sequence repeat polymorphisms in denaturing polyacrylamide sequencing gels by silver staining. **Plant Molecular Biology Reporter**, Athens, v. 19, p. 1-8, 2001.

DÍAZ, C. G.; BASSANEZI, R. B.; GODOY, C. V.; LOPES, D. B.; BERGAMIN FILHO, A. Quantificação do efeito do crestamento bacteriano comum na eficiência fotossintética e na produção do feijoeiro. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 26, p. 71-76, 2001.

DITA, M. A.; RISPAIL, N.; PRATS, E.; RUBIALES, D.; SINGH, A. B. Biotechnology approaches to overcome biotic and abiotic stress in legumes. **Euphytica**, Wageningen, v. 147, p. 1-24, 2006.

DOYLE, J. J.; DOYLE, J. L. A rapid DNA isolation procedure to small amounts of fresh leaf tissue. **Phytochemical Bulletin**, [s.l.], v. 19, p. 11-15, 1987.

EDWARDS, A.; CIVITELLO, A.; HAMMOND, H. A.; AND CASKEY, C. T. DNA typing and genetic mapping with trimeric and tetrameric tandem repeats. **American Journal of Human Genetics**, Chicago, v. 49, p. 746-756, 1991.

EMBRAPA. Cultivo do Feijoeiro Comum. Disponível em: <<http://sistemasdeproducao.cnptia.embrapa.br/FontesHTML/Feijao/CultivodoFeijoeiro>>. Acesso em: 05 mai de 2008.

ENDER, M.; TERPSTRA, K.; KELLY, J. D. Marker-assisted selection for white mold resistance in common bean. **Molecular Breeding**, Dordrecht, v. 21, p. 149-157, 2008.

EUJAYL, I.; BAUM, M.; POWELL, W.; ERSKINE, W.; PEHU, E. A genetic linkage map of lentil (*Lens sp.*) based on RAPD and AFLP markers using recombinant inbred lines. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 97, p. 83-89, 1998.

EUJAYL, I.; SORRELLS, M. E.; BAUM, M.; WOLTERS, P.; POWELL, W. Isolation of EST-derived microsatellite markers for genotyping the A and B genomes of wheat. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 104, p. 399-407, 2002.

EVANS, A. M. Beans. In: SIMMONDS, N. W. **Evolution of crop plants**. Hong Kong: Longman Scientific and Technical, 1986. p. 168-172.

FALK, C. T. A simple scheme for preliminary ordering of multiple loci: application 10 45 CF families. In: ELSTON, R. C.; A., S. M.; RODGE, S. E.; MCCLUE, J. W. **Multipoint mapping and linkage based upon affected pedigree members**. New York: Alan R Liss, 1989. chap. 6, p. 17-22.

FAO. **Food and Agriculture Organization of the United Nations**: Statistical database. Disponível em: <<http://faostat.fao.org/>>. Acesso em: 05 mai. 2008.

FEINGOLD, S.; LLOYD, J.; NORERO, N.; BONIERBALE, M.; LORENZEN, J. Mapping and characterization of new EST-derived microsatellites for potato (*Solanum tuberosum L.*). **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 111, p. 456-466, 2005.

FELSENSTEIN, J. **PHYLIP (Phylogeny Inference Package) 3.6**. Seattle: Department of Genetics, University of Washington. 2004. Disponível em: <<http://evolution.genetics.washington.edu/phylip.html>>.

- FERREIRA, M. E.; GRATTAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética**. Brasília: EMBRAPA/CENARGEM, 1998. 220 p.
- FREYRE, R.; SKROCH, P. W.; GEFFROY, V.; ADAM-BLONDOND, A. F.; SHIRMOHAMADALI, A.; JOHNSON, W. C.; LLACA, V.; NODARI, R. O.; PEREIRA, P. A.; TSAI, S. M.; TOHME, J.; DRON, M.; NIENHUIS, J.; VALLEJOS, V. A.; GEPTS, P. Towards an integrated linkage map of common bean. 4. Development of a core linkage map and alignment of RFLP. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 97, p. 847-856, 1998.
- GAITÁN-SOLÍS, E.; DUQUE, M. C.; EDWARDS, K. J.; TOHME, J. Microsatellite repeats in common bean (*Phaseolus vulgaris*): Isolation, characterization, and cross-species amplification in *Phaseolus* ssp. **Crop Science**, Madison, v. 42, p. 2128-2136, 2002.
- GALE, M. D.; DEVOS, K. M. Plant Comparative Genetics after 10 Years. **Science**, Washington, v. 282, p. 656-659, 1998.
- GAO, L. F.; TANG, J. F.; LI, H. W.; JIA, J. Z. Analysis of microsatellites in major crops assessed by computational and experimental approaches. **Molecular Breeding**, Dordrecht, v. 12, p. 245-261, 2003.
- GARCIA, R.; ROBINSON, R. A.; AGUILAR, J. A.; SANDOVAL, S.; GUZMAN, R. Recurrent selection for quantitative resistance to soil-borne diseases in beans in the Mixteca region, Mexico. **Euphytica**, Wageningen, v. 130, p. 241-247, 2003.
- GEPTS, P. Origin and evolution of common bean: past events and recent trends. **Hortscience**, Alexandria, v. 33, p. 1124-1130, 1998.
- GEPTS, P.; KMIETCIK, K.; PEREIRA, P.; BLISS, F. A. Dissemination pathways of common bean (*Phaseolus vulgaris*, Fabaceae) deduced from phaseolin electrophoretic variability. **Economic Botany**, Bronx, v. 40, p. 451-468, 1988.
- GRATTAPAGLIA, D.; SEDEROFF, R. Genetic Linkage Maps of *Eucalyptus grandis* and *Eucalyptus urophylla* Using a Pseudo-Testcross: Mapping Strategy and RAPD Markers. **Genetics**, Austin, v. 137, p. 1121-1137, 1994.
- GREEN, P.; FALLS, K.; CROOKS, S. **Documentation for CRI-MAP**. Saint Louis: Washington University School of Medicine. 1990. Disponível em: <<http://linkage.rockefeller.edu/soft/crimap/>>

- GRISI, M. C. M.; BLAIR, M. W.; GEPTS, P.; BRONDANI, C.; PEREIRA, P. A. A.; BRONDANI, R. P. V. Genetic mapping of a new set of microsatellite markers in a reference common bean (*Phaseolus vulgaris*) population BAT93 x Jalo EEP558. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 6, p. 691-706, 2007.
- GUERRA-SANZ, J. M. New SSR markers of *Phaseolus vulgaris* from sequence databases. **Plant Breeding**, Berlin, v. 123, p. 87-89, 2004.
- GUPTA, P. K.; KULWAL, P. L.; RUSTGI, S. Wheat cytogenetics in the genomics era and its relevance to breeding. **Cytogenetic and Genome Research**, Basel, v. 109, p. 315-327, 2005.
- HALDANE, J. B. S. The combination of linkage values, and the calculation of distance between the loci of linked factors. **Journal of Genetics**, Bangarole, v. 8, p. 299-309, 1919.
- HALL, R. **Compendium of Bean Disease**. St. Paul: APS Press, 1991. 73 p.
- HANAI, L. R.; CAMPOS, T.; CAMARGO, L. E. A.; BENCHIMOL, L. L.; DE SOUZA, A. P.; MELOTTO, M.; CARBONELL, S. A. M.; CHIORATTO, A. F.; CONSOLI, L.; FORMIGHIERI, E. F.; SIQUEIRA, M.; TSAI, S. M.; VIEIRA, M. L. C. Development, characterization, and comparative analysis of polymorphism at common bean SSR loci isolated from genic and genomic sources. **Genome**, Ottawa, v. 50, p. 266-277, 2007.
- HU, J.; NAKATANI, M.; MIZUNO, K.; FUJIMURA, T. Development and characterization of microsatellite markers in sweetpotato. **Breeding Science**, Tokyo, v. 54, p. 177-188, 2004.
- INNAN, H.; TERAUCHI, R.; MIYASHITA, N. T. Microsatellite Polymorphism in Natural Populations of the Wild Plant *Arabidopsis thaliana*. **Genetics**, Austin, v. 146, p. 1441-1452, 1997.
- IWATA, H.; NINOMIYA, S. AntMap: Constructing Genetic Linkage Maps Using an Ant Colony Optimization Algorithm. **Breeding Science**, Tokyo, v. 56, p. 371-377, 2006.
- JACCOUD, D.; PENG, K.; FEINSTEIN, D.; KILIAN, A. Diversity Arrays: a solid state technology for sequence information independent genotyping. **Nucleic Acids Research**, Oxford, v. 29, n. e25, 2001. Disponível em: <<http://nar.oxfordjournals.org/cgi/reprint/29/4/e25>>
- JACOB, H. J.; LINDPAINTNER, K.; LINCOLN, S. E.; KUSUMI, K.; BUNKER, R. K.; MAO, Y.-P.; GANTEN, D.; DZAU, V. J.; LANDER, E. S. Genetic mapping of a gene causing hypertensive rat. **Cell**, Cambridge, v. 67, p. 213-224, 1991.

JEFFREYS, A. J.; WILSON, V.; NEWUMANN, R.; KEYTE, J. Amplification of human minisatellites by the polymerase chain reaction: towards DNA fingerprinting of single cells. **Nucleic Acids Research**, Oxford, v. 16, p. 10953-10971, 1988.

JUNG, G.; SKROCH, P. W.; COYNE, D. P.; NIENHUIS, J.; ARNAUD-SANTANA, E.; ARIYARATHNE; KAEPLER, S. M. Molecular-marker-based genetic analysis of tepary bean-derived common bacterial blight resistance in different developmental stages of common bean. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, Alexandria, v. 122, p. 329-337, 1997.

JUNG, G.; SKROCH, P. W.; NIENHUIS, J.; COYNE, D. P.; ARNAUD-SANTANA, E.; ARIYARATHNE, H. M.; MARITA, J. M. Confirmation of QTL associated with common bacterial blight resistance in four different genetic backgrounds in common bean. **Crop Science**, Madison, v. 39, p. 1448-1455, 1999.

JUNG, G.; COYNE, D. P.; SKROCH, P. W.; NIENHUIS, J.; ARNAUD-SANTANA, E.; BOKOSI, J.; ARIYARATHNE, H. M.; STEADMAN, J. R.; BEAVER, J. S.; KAEPLER, S. M. Molecular markers associated with plant architecture and resistance to common blight, web blight, and rust in common beans. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, Alexandria, v. 121, p. 794-803, 1996.

KAGA, A.; OHNISHI, M.; ISHII, T.; KAMIJIMA, O. A genetic linkage map of azuki bean constructed with molecular and morphological markers using an interspecific population (*Vigna angularis* x *V-nakashimae*). **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 93, p. 658-663, 1996.

KELLY, J. D.; VALLEJO, V. A. A comprehensive review of the major genes conditioning resistance to anthracnose in common bean. **Hortscience**, Alexandria, v. 39, p. 1196-1207, 2004.

KELLY, J. D.; GEPTS, P.; MIKLAS, P. N.; COYNE, D. P. Tagging and mapping of genes and QTL and molecular marker-assisted selection for traits of economic importance in bean and cowpea. **Field Crops Research**, Amsterdam, v. 82, p. 135-154, 2003.

KIMATI, H.; RESENDE, J. A. M.; BERDAMIN FILHO, A.; CAMARGO, L. E. A. **Doenças das Plantas Cultivadas**. 4.ed. São Paulo: Agronômica Ceres, 2005. p.

KOINANGE, E. M. K.; SINGH, S. P.; GEPTS, P.; 36:1037-1045, G. C. O. T. D. S. I. C. B. C. S. Genetic control of the domestication syndrome in common bean. **Crop Science**, Madison, v. 36, p. 1037-1045, 1996.

KOLKMAN, J. M.; KELLY, J. D. QTL conferring resistance and avoidance to white mold in common bean. **Crop Science**, Madison, v. 43, p. 539-548, 2003.

KOSAMBI, D. D. The estimation of map distance from recombination values. **Annuaire of Eugenetics**, Washington, v. 12, p. 172-175, 1944.

KUMAR, L. S. DNA markers in plant improvement: An overview. **Biotechnology Advances**, New York, v. 17, p. 143-182, 1999.

LAGERCRANTZ, U.; ELLEGREN, H.; ANDERSSON, L. The abundance of various polymorphic microsatellite motifs differs between plants and vertebrates. **Nucleic Acids Research**, Oxford, v. 21, p. 1111-1115, 1993.

LAMPRECHT, H. Weitere kopplungsstudien an *Phaseolus vulgaris* mitt einer übersicht über die Koppelungsgruppen. **Agri Hortique Genetica**, Landskrona, v. 19, p. 319-332, 1961.

LANDER, E.; GREEN, P.; ABRAHAMSON, J.; BARLON, A.; DALEY, M.; LINCOLN, S.; NEWBURG, L. MAPMAKER: an interactive computer package for constructing primary genetic linkages maps of experimental and natural populations. **Genomics**, San Diego, v. 1, p. 174-181, 1987.

LANDER, E. S.; GREEN, P. Construction of multilocus genetic linkage maps in humans. **Proceeding of the National Academic Science of the USA**, Washington, v. 84, p. 2363-2367, 1987.

LANDER, E. S.; BOTSTEIN, D. Mapping Mendelian Factors Underlying Quantitative Traits Using RFLP Linkage Maps. **Genetics**, Austin, v. 121, p. 185-199, 1989.

LEAKEY, C. L. A. Genotypic and phenotypic markers in common bean. In: GEPTS, P. **Genetic resources of *Phaseolus* beans**. Dordrecht: Kluwer Academic, 1998. p. 245-327.

LEFEBVRE, V.; CHÈVRE, A. M. Tools for marking plant disease and pest resistance genes: a review. **Agronomie**, Paris, v. 15, p. 3-19, 1995.

LI, Y. C.; KOROL, A. B.; FAHIMA, T.; NEVO, E. Microsatellites within genes: Structure, function, and evolution. **Molecular Biology and Evolution**, Chicago, v. 21, p. 991-1007, 2004.

LITT, M.; LUTY, J. A. A hypervariable microsatellite revealed by in vitro amplification of a dinucleotide repeat within the cardiac muscle actin gene. **American Journal of Human Genetics**, Chicago, v. 44, p. 397-401, 1989.

LIU, B. H. **Statistical genomics**. New York: CRC, 1998. 610 p.

LIU, B. H.; KNAPP, S. J. GMENDEL, a program for Mendelian segregation and linkage analysis of individual or multiple progeny population using log-likelihood ratios. **Journal of Heredity**, Washington, v. 8, p. 407-418, 1992.

LOPES, R. **Mapas de ligação AFLP e identificação de genes de resistência à *Xanthomonas campestris* pv. *passiflorae* em maracujá-amarelo**. 2003. 126 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2003.

LOPES, R.; LOPES, M. T. G.; CARNEIRO, M. S.; MATTA, F. P.; CAMARGO, L. E. A.; VIEIRA, M. L. C. Linkage and mapping of resistance genes to *Xanthomonas axonopodis* pv. *passiflorae* in yellow passion fruit. **Genome**, Ottawa, v. 49, p. 17-29, 2006.

LYNCH, M.; WALSH, B. **Genetics and analysis of quantitative traits**. Sunderland: Sinauer Associates, 1998. 978 p.

LYONS, M. E.; DICKSON, M. H.; HUNTER, J. E. RECURRENT SELECTION FOR RESISTANCE TO WHITE MOLD IN PHASEOLUS SPECIES. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, Alexandria, v. 112, p. 149-152, 1987.

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

MARKERT, C. L.; MOLLER, F. Multiple forms of enzymes: tissue, ontogenetic and species specific patterns. **Proceedings of the National Academic Science of the USA**, Washington, v. 45, p. 753-763, 1959.

MATISE, T. C.; PERLIN, M.; CHAKRAVARTI, A. Automated construction of genetic-linkage maps using an expert-system (MULTIMAP) - a human genome linkage map. **Nature Genetics**, New York, v. 6, p. 384-390, 1994.

MELO, L. C.; SANTOS, J. B.; FERREIRA, D. F. Mapeamento de QTLs para florescimento do feijoeiro com marcadores RAPD em diferentes ambientes. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 26, p. 768-779, 2002a.

MELO, L. C.; SANTOS, J. B.; FERREIRA, D. F. Mapeamento de QTLs para reação ao oídio e mancha angular do feijoeiro comum em diferentes locais. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, p. 1115-1126, 2002b.

MELO, L. C.; DEL PELOSO, M. J.; FARIA, C. J. D.; YOKOYAMA, M.; ROSARIA, L.; BRONDANI, R. P. V.; BRONDANI, C.; FARIA, L. C. D. **Controle Genético da Reação do Feijoeiro Comum ao Vírus do Mosaico Dourado**. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2005. 16 p.

MELOTTO, M.; MONTEIRO-VITORELLO, C. B.; BRUSCHI, A. G.; CAMARGO, L. E. A. Comparative bioinformatic analysis of genes expressed in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) seedlings. **Genome**, Ottawa, v. 48, p. 562-570, 2005.

MICROSOFT. **Microsoft Office 97**. São Paulo: 1997. Disponível em: <1 CD-ROM>.

MIKLAS, P. N.; JOHNSON, W. C.; DELORME, R.; GEPTS, P. QTL conditioning physiological resistance and avoidance to white mold in dry bean. **Crop Science**, Madison, v. 41, p. 309-315, 2001.

MIKLAS, P. N.; HU, J. G.; GRUNWALD, N. J.; LARSEN, K. M. Potential application of TRAP (targeted region amplified polymorphism) markers for mapping and tagging disease resistance traits in common bean. **Crop Science**, Madison, v. 46, p. 910-916, 2006.

MIKLAS, P. N.; JOHNSON, E.; STONE, V.; BEAVER, J. S.; MONTOYA, C.; ZAPATA, M. Selective Mapping of QTL Conditioning Disease Resistance in Common Bean. **Crop Science**, Madison, v. 36, p. 1344-1351, 1996.

MIKLAS, P. N.; PASTOR-CORRALES, M. A.; JUNG, G.; COYNE, D. P.; KELLY, J. D.; MCCLEAN, P. E.; GEPTS, P. Comprehensive linkage map of bean rust resistance genes. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, East Lansing, v. 45, p. 125-129, 2002.

MIKLAS, P. N.; COYNE, D. P.; GRAFTON, K. F.; MUTLU, N.; REISER, J.; LINDGREN, D. T.; SINGH, S. P. A major QTL for common bacterial blight resistance derives from the common bean great northern landrace cultivar Montana No. 5. **Euphytica**, Wageningen, v. 131, p. 137-146, 2003.

MILLER, M. P. **Tools for population genetics analyses (TFPGA) 1.3:** a Windows program for the analysis of allozyme and molecular population genetic data. 1997. Disponível em: <<http://herb.bio.nau.edu/~miller/tfpga.htm>>.

MOLLINARI, M. **Comparação de algoritmos usados na construção de mapas genéticos.** 2007. 73 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2007.

MORETZSOHN, M. C.; LEOI, L.; PROITE, K.; GUIMARÃES, P. M.; LEAL-BERTIOLI, S. C.; GIMENES, M. A.; MARTINS, W. S.; F., V. J.; GRATTAPAGLIA, D.; BERTIOLI, D. J. A microsatellite-based, gene-rich linkage map for the AA genome of *Arachis* (Fabaceae). **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 111, p. 1060-1071, 2005.

MORGANTE, M.; HANAFEY, M.; POWELL, W. Microsatellites are preferentially associated with nonrepetitive DNA in plant genomes. **Nature Genetics**, New York, v. 30, p. 194-200, 2002.

MOSCONE, E. A.; KLEIN, F.; LAMBROU, M.; FUCHS, J.; SCHWEIZER, D. Quantitative karyotyping and dual-color FISH mapping of 5S and 18S-25S rDNA probes in the cultivated *Phaseolus* species (Leguminosae). **Genome**, Ottawa, v. 42, p. 1224-1233, 1999.

MULLIS, K. B.; FALOONA, F. A. Specific synthesis of DNA invitro via a polymerase-catalyzed chain-reaction. **Methods in Enzymology**, New York, v. 155, p. 335-350, 1987.

MUNDT, C. C. PROBABILITY OF MUTATION TO MULTIPLE VIRULENCE AND DURABILITY OF RESISTANCE GENE PYRAMIDS. **Phytopathology**, Saint Paul, v. 80, p. 221-223, 1990.

MURPHY, R. W.; SITES, J. W. J.; BUTH, D. G.; HAUFLE, C. H. Proteins I: Isozyme electrophoresis. In: HILLIS, D. M.; MORITZ, C. **Molecular Systematics**. Sunderland: Sinauer, 1990. p. 45-126.

MUTLU, N.; MIKLAS, P. N.; REISER, J.; COYNE, D. P. Backcross breeding for improved resistance to common bacterial blight in pinto bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Plant Breeding**, Berlin, v. 124, p. 282-287, 2005.

NAGL, W.; IGNACIMUTHU, S.; BECKER, J. Genetic engineering and regeneration of *Phaseolus* and *Vigna*. State of the art and new attempts. **Journal of Plant Physiology**, Stuttgart, v. 150, p. 625-644, 1997.

NAKAMURA, Y.; LEPPERT, M.; OCONNELL, P.; WOLFF, R.; HOLM, T.; CULVER, M.; MARTIN, C.; FUJIMOTO, E.; HOFF, M.; KUMLIN, E.; WHITE, R. Variable number of tandem repeat (VNTR) markers for human-gene mapping. **Science**, Washington, v. 235, p. 1616-1622, 1987.

NCBI. **National Center for Biotechnology Information**. Disponível em: <<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/sites/entrez?db=nucest>>. Acesso em: 15 dez. 2007.

NODARI, R. O.; TSAI, S. M.; GILBERTSON, R. L.; GEPTS, P. Towards an integrated linkage map of common bean. 2. Development of an RFLP-based linkage map. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 85, p. 513-520, 1993a.

NODARI, R. O.; TSAI, S. M.; GUZMÁN, P.; GILBERTSON, R. L.; GEPTS, P. Towards an integrated linkage map of common bean. 3. Mapping genetic factors controlling host-bacteria interactions. **Genetics**, Austin, v. 134, p. 341-350, 1993b.

OLIVEIRA, E. J. **Desenvolvimento e uso de marcadores microssatélites para construção e integração de mapas genéticos de maracujá-amarelo (*Passiflora edulis* Sims f. *flavicarpa* Deg)**. 2006. 152 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2006.

OOIJEN, J. W. van; VOORRIPS, R. E. **JoinMap 3.0 Software for the calculations of genetic linkage maps**. Wageningen: Plant Research International. 2001. 1 CD ROM.

PAPA, R.; ACOSTA, J.; DELGADO-SALINAS, A.; GEPTS, P. A genome-wide analysis of differentiation between wild and domesticated *Phaseolus vulgaris* from Mesoamerica. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 111, p. 1147-1158, 2005.

PAREDES, O. M.; GEPTS, P. Segregation and recombination in inter-gene pool crosses of *Phaseolus vulgaris* L. **Journal of Heredity**, Washington, v. 86, p. 98-106, 1995.

PARK, S. O.; COYNE, D. P.; JUNG, G.; W.SKROCH, P.; ARNAUD-SANTANA, E.; STEADMAN, J. R.; ARIYARATHNE, H. M.; NIENHUIS, J. Mapping of QTL for seed size and shape traits in common bean. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, Alexandria, v. 125, p. 466-475, 2000.

PARRELLA, N. N. L. D. **Seleção de famílias de feijão com resistência à antracnose, produtividade e tipo de grão carioca**. 2006. 50 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2006.

PATERSON, A. H. MOLECULAR DISSECTION OF QUANTITATIVE TRAITS - PROGRESS AND PROSPECTS. **Genome Research**, Woodbury, v. 5, p. 321-333, 1995.

PAULA JÚNIOR, T. J.; ZAMBOLIM, L. Doenças. In: VIEIRA, C.; PAULA JÚNIOR, T. J.; BORÉM, A. **Feijão: Aspéctos gerais e cultura no Estado de Minas**. Viçosa: UFV, 1998. p. 375-433.

PEAKALL, R.; GILMORE, S.; KEYS, W.; MORGANTE, M.; RAFALSKI, A. Cross-species amplification of soybean (*Glycine max*) simple sequence repeats (SSRs) within the genus and other legume genera: implications for the transferability of SSRs in plants. **Molecular Biology and Evolution**, Chicago, v. 15, p. 1275-1287, 1998.

PEDROSA-HARAND, A.; PORCH, T.; GEPTS, P. Standard nomenclature for common bean chromosomes and linkage groups. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, East Lansing, v. 51, p. 106-107, 2008.

PEDROSA-HARAND, A.; DE ALMEIDA, C. C. S.; MOSIOLEK, M.; BLAIR, M.; SCHWEIZER, D.; GUERRA, M. Extensive ribosomal DNA amplification during Andean common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) evolution. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 112, p. 924-933, 2006.

PEDROSA, A.; VALLEJOS, C. E.; BACHMAIR, A.; SCHWEIZER, D. Integration of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) linkage and chromosomal maps. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 106, p. 205-212, 2003.

PENG, J. H.; LAPITAN, N. L. V. Characterization of EST-derived microsatellites in the wheat genome and development of eSSR markers. **Functional and Integrative Genomics**, Berlin, v. 5, p. 80 - 96, 2005.

PHILIPP, U.; WEHLING, P.; WRICKE, G. A. A linkage map of rye. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 88, p. 234-248, 1994.

POSA-MACALINCAG, M. C. T.; HOSFIELD, G. L.; GRAFTON, K. F.; UEBERSAX, M. A.; KELLY, J. D. Quantitative trait loci (QTL) analysis of canning quality traits in kidney bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Journal of the American Society for Horticultural Science**, Alexandria, v. 127, p. 608-615, 2002.

PRIOLLI, R. H. G.; MENDES-JUNIOR, C. T.; ARANTES, N. E.; CONTEL, E. P. B. Characterization of Brazilian soybean cultivars using microsatellite markers. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 25, p. 185-193, 2002.

RAFALSKI, A. Applications of single nucleotide polymorphisms in crop genetics. **Current Opinion in Plant Biology**, London, v. 5, p. 94-100, 2002.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. D. F. B.; SANTOS, J. B. Melhoramento de espécies autógamias. In: NASS, L. L. E. A. **Recursos Genéticos e melhoramento**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. 1183 p.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. D. B.; DOS SANTOS, J. B. Genetic progress after four cycles of recurrent selection for yield and grain traits in common bean. **Euphytica**, Wageningen, v. 144, p. 23-29, 2005.

RAMIREZ, M.; GRAHAM, M. A.; BLANCO-LOPEZ, L.; SILVENTE, S.; MEDRANO-SOTO, A.; BLAIR, M. W.; HERNANDEZ, G.; VANCE, C. P.; LARA, M. Sequencing and Analysis of Common Bean ESTs. Building a Foundation for Functional Genomics. **Plant Physiology**, Washington, v. 137, p. 1211-1227, 2005.

RAVA, C. A.; PRUCHIO, A. F.; SARTORATO, A. Caracterização de patótipos de *Colletotrichum lindemuthianum* que ocorrem em algumas regiões produtoras de feijão comum. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 19, p. 167-172, 1993.

RAVA, C. A.; MOLINA, J.; KAUFFMANN, M.; BRIONES, I. Determinación de razas fisiológicas de *Colletotrichum lindemuthianum* en Nicaragua. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 18, p. 388-391, 1993.

RIELY, B. K.; ANÉ, J.-M.; PENMETSÁ, R. V.; COOK, D. R. Genetic and genomic analysis in model legumes bring Nod-factor signaling to center stage. **Current Opinion in Plant Biology**, London, v. 7, p. 408-413, 2004.

RODRIGUEZ-SUAREZ, C.; MENDEZ-VIGO, B.; PANEDA, A.; FERREIRA, J. J.; GIRALDEZ, R. A genetic linkage map of *Phaseolus vulgaris* L. and localization of genes for specific resistance to six races of anthracnose (*Colletotrichum lindemuthianum*). **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 114, p. 713-722, 2007.

RONALD, J.; AKEY, J. M.; WHITTLE, J.; SMITH, E. N.; YVERT, G.; KRUGLYAK, L. Simultaneous genotyping, gene-expression measurement, and detection of allele-specific expression with oligonucleotide arrays. **Genome Research**, Woodbury, v. 15, p. 284-291, 2005.

ROZEN, S.; SKALETSKY, H. J. Primer3 on the WWW for general users and for biologist programmers. In: KRAWETZ, S.; MISENER, S. **Bioinformatics Methods and Protocols: Methods in Molecular Biology**. Totowa: Humana Press, 2000. p. 365-386.

SANWEN, H.; BAOXI, Z.; MILBOURNE, D.; CARDLE, L.; GUIMEI, Y.; JIAZHEN, G. Development of pepper SSR markers from sequence databases. **Euphytica**, Wageningen, v. 117, p. 163-167, 2001.

SARTORATO, A.; RAVA, C. A. Influência da cultivar e do número de inoculações na severidade da mancha-angular (*Isariopsis griseola*) e nas perdas na população do feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris*). **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 17, p. 247-251, 1992.

SCHLÖTTERER, C. The evolution of molecular markers - just a matter of fashion? **Nature Reviews Genetics**, London, v. 5, p. 63-69, 2004.

SCHNEIDER, K. A.; GRAFTON, K. F.; KELLY, J. D. QTL analysis of resistance to fusarium root rot in bean. **Crop Science**, Madison, v. 41, p. 535-542, 2001.

SCOTT, K. D.; EGGLER, P.; SEATON, G.; ROSSETTO, M.; ABLETT, E. M.; LEE, L. S.; HENRY, R. J. Analysis of SSRs derived from grape ESTs. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 100, p. 723-726, 2000.

SHAROPOVA, N.; MCMULLEN, M. D.; SCHULTZ, L.; SCHROEDER, S.; SANCHEZ-VILLEDA, H.; GARDINER, J.; BERGSTROM, D.; HOUCHINS, K.; MELIA-HANCOCK, S.; MUSKET, T.; DURU, N.; POLACCO, M.; EDWARDS, K.; RUFF, T.; REGISTER, J. C.; BROUWER, C.; THOMPSON, R.; VELASCO, R.; CHIN, E.; LEE, M.; WOODMAN-CLIKEMAN, W.; LONG, M. J.; LISCUM, E.; CONE, K.; DAVIS, G.; COE, E. H. J. Development and mapping of SSR markers for maize. **Plant Molecular Biology**, Dordrecht, v. 48, p. 463-481, 2002.

SIMON, C. J.; MUEHIBAUER, F. J. Construction of a Chickpea Linkage Map and Its Comparison With Maps of Pea and Lentil. **The Journal of Heredity**, Oxford, v. 88, p. 115-119, 1997.

SINGH, P.; TERAN, H.; LEMA, M.; WEBSTER, D. M.; STRAUSBAUGH, C. A.; MIKLAS, P. N.; SCHWARTZ, H. F.; BRICK, M. A. Seventy-five years of breeding dry bean of the western USA. **Crop Science**, Madison, v. 47, p. 981-989, 2007.

SINGH, S. P. Patterns of variation in cultivated common bean (*Phaseolus vulgaris*, Fabaceae). **Economic Botany**, Bronx, v. 43, p. 39-57, 1989.

SINGH, S. P. Broadening the genetic base of common bean cultivars: A review. **Crop Science**, Madison, v. 41, p. 1659-1675, 2001.

SINGH, S. P.; GEPTS, P.; DEBOUCK, D. G. Races of common bean (*Phaseolus vulgaris*). **Economic Botany**, Bronx, v. 45, p. 379-396, 1991.

SONG, Q. J.; MAREK, L. F.; SHOEMAKER, R. C.; LARK, K. G.; CONCIBIDO, V. C.; DELANNAY, X.; SPECHT, J. E. A new integrated genetic linkage map of the soybean. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 109, p. 122-128, 2004.

SONNANTE, G.; STOCKTON, T.; NODARI, R. O.; BECERRA VELÁSQUEZ, V. L.; GEPTS, P. Evolution of genetic diversity during the domestication of common-bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 89, p. 629-635, 1994.

SPRUYT, M.; BUQUICCHIO, F. **Gene Runner 3.01**. Hastings Software. 1994. Disponível em: <<http://www.generunner.net/>>.

STAUB, J. E.; SERQUEN, F. C.; GUPTA, M. Genetic markers, map construction, and their application in plant breeding. **HortScience**, Alexandria, v. 31, p. 729-740, 1996.

STAVELY, J. R.; MCMILLAN, R. T.; BEAVER, J. S.; MIKLAS, P. N. Release of three McCaslan type, indeterminate, rust and golden mosaic resistant snap bean germplasm lines BelDade RGMR 4,5 and 6. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, East Lansing, v. 44, p. 197-198, 2001.

STURTEVANT, A. H. The linear arrangement of six sex-linked factors in *Drosophila*, as shown by their mode of association. **Journal of Experimental Zoology**, New York, v. 14, p. 43-59, 1913.

TANKSLEY, S. D. Mapping polygenes. **Annual Review of Genetics**, Palo Alto, v. 27, p. 205-233, 1993.

TANKSLEY, S. D.; RICK, C. M. Isozymic linkage map of the tomato; application in genetics and breeding. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 57, p. 161-170, 1980.

TAR'AN, B.; MICHAELS, T. E.; PAULS, K. P. Genetic mapping of agronomic traits in common bean. **Crop Science**, Madison, v. 42, p. 544-556, 2002.

THIEL, T.; MICHALEK, W.; VARSHNEY, R. K.; GRANER, A.; 106(3):411-422., E. E. D. F. T. D. A. C. O. G.-D. S.-M. I. B. H. V. L. T. A. G. Exploiting EST databases for the development and characterization of gene-derived SSR-markers in barley (*Hordeum vulgare* L.). **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 106, p. 411-422, 2003.

TIAN, A.-G.; WANG, J.; CUI, P.; HAN, Y.-J.; XU, H.; CONG, L.-J.; HUANG, X.-G.; WANG, X.-L.; JIAO, Y.-Z.; WANG, B.-J.; WANG, Y.-J.; ZHANG, J.-S.; CHEN, S.-Y. Characterization of soybean genomic features by analysis of its expressed sequence tags. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 108, p. 003-913, 2004.

TÓTH, G.; GASPARI, Z.; JURKA, J. Microsatellites in different eukaryotic genomes: survey and analysis. **Genome Research**, Woodbury, v. 10, p. 967-81., 2000.

VALLEJOS, C. E.; SAKIYAMA, N. S.; CHASE, C. D. A molecular marker-based linkage map of *Phaseolus-vulgaris* L. **Genetics**, Austin, v. 131, p. 733-740, 1992.

VALLEJOS, C. E.; MALANDRO, J. J.; SHEEHY, K.; ZIMMERMANN, M. J. Detection and cloning of expressed sequences linked to a target gene. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 101, p. 1109-1113, 2000.

VARSHNEY, R. K.; GRANER, A.; SORRELLS, M. E. Genic microsatellite markers in plants: features and applications. **Trends in Biotechnology**, Amsterdam, v. 23, p. 48-55, 2005.

VARSHNEY, R. K.; THIEL, T.; STEIN, N.; LANGRIDGE, P.; GRANER, A. *In silico* analysis on frequency and distribution of microsatellites in ESTs of some cereal species. **Cellular and Molecular Biology Letters**, Warsaw, v. 7, p. 537-46, 2002.

VARSHNEY, R. K.; SIGMUND, R.; BORNER, A.; KORZUN, V.; STEIN, N.; SORRELLS, M. E.; LANGRIDGE, P.; GRANER, A. Interspecific transferability and comparative mapping of barley EST-SSR markers in wheat, rye and rice. **Plant Science**, Limerick, v. 168, p. 195-202, 2005.

VIEIRA, C.; BORÉM, A.; RAMALHO, M. A. P.; CARNEIRO, J. E. S. Melhoramento do feijão. In: BORÉM, A. **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: UFV, 2005. cap. 9, p. 301-391.

VOORRIPS, R. E. MapChart: Software for the Graphical Presentation of Linkage Maps and QTLs. **Journal of Heredity**, Washington, v. 93, p. 77-78, 2002.

VOS, P.; HOGERS, R.; BLEEKER, M.; REIJANS, M.; VANDELEE, T.; HORNES, M.; FRIJTERS, A.; POT, J.; PELEMAN, J.; KUIPER, M.; ZABEAU, M. AFLP - A new technique for DNA-fingerprinting. **Nucleic Acids Research**, Oxford, v. 23, p. 4407-4414, 1995.

VUYLSTEKE, M.; MANK, R.; ANTONISE, R.; BASTIAANS, E.; SENIOR, M. L.; STUBER, C. W.; MELCHINGER, A. E.; LUBBERSTEDT, T.; XIA, X. C.; STAM, P.; ZABEAU, M.; KUIPER, M. Two high-density AFLP (R) linkage maps of *Zea mays* L.: analysis of distribution of AFLP markers. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 99, p. 921-935, 1999.

WALLEN, V. R.; JACKSON, H. R. Model for yield loss determination of bacterial blight of field beans utilizing infrared photography combined with field plot studies. **Phytopathology**, Saint Paul, v. 65, p. 942-948, 1975.

WANG, Z.; WEBER, J. L.; ZHONG, G.; TANKSLEY, S. D. Survey of plant short tandem repeats. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 88, p. 1-6, 1994.

WEEKS, D.; LANGE, K. Preliminary ranking procedure for multilocus ordering. **Genomics**, San Diego, v. 1, p. 236-242, 1987.

WEIR, B. **Genetic data analysis**. 2.ed. Sunderland: Sinauer Associates, 1996. 447 p.

WILLIAMS, J. G. K.; KUBELIK, A. R.; LIVAK, K. J.; RAFALSKI, J. A.; TINGEY, S. V. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic-markers. **Nucleic Acids Research**, Oxford, v. 18, p. 6531-6535, 1990.

WILSON, S. R. A major simplification in preliminary ordering of linked loci. **Genetic Epidemiology**, New York, v. 5, p. 75-80, 1988.

WRIGHT, S. **Evolution and the genetics of populations**. Chicago: Univ. Chicago Press, 1978. 511 p.

YOSHII, K.; GALVEZ, G. E.; ALVAREZ, G. Estimation of yield losses in beans caused by common blight. **Proceeding of the American Phytopathology Society**, Saint Paul, v. 3, p. 298-299, 1976.

YOUNG, R. A.; KELLY, J. D. RAPD markers linked to three major anthracnose resistance genes in common bean. **Crop Science**, Madison, v. 37, p. 940-946, 1997.

YOUNG, R. A.; MELOTTO, M.; NODARI, R. O.; KELLY, J. D. Marker-assisted dissection of the oligogenic anthracnose resistance in the common bean cultivar, 'G 2333'. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 96, p. 87-94, 1998.

YOUNG, W. P.; SCHUPP, J. M.; KEIM, P. DNA methylation and AFLP marker distribution in the soybean genome. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 99, p. 785-792, 1999.

YU, K.; PARK, S. J.; POYSA, V.; GEPTS, P. Integration of simple sequence repeat (SSR) markers into a molecular linkage map of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Journal of Heredity**, Washington, v. 91, p. 429-434, 2000.

YU, K. F.; PARK, S. J.; POYSA, V. Abundance and variation of microsatellite DNA sequences in beans (*Phaseolus* and *Vigna*). **Genome**, Ottawa, v. 42, p. 27-34, 1999.

YU, Z. H.; STALL, R. E.; VALLEJOS, C. E. Detection of genes for resistance to common bacterial blight of beans. **Crop Science**, Madison, v. 38, p. 1290-1296, 1998.

ZHU, H.; CANNON, S. B.; YOUNG, N. D.; COOK, D. R. Phylogeny and Genomic Organization of the TIR and Non-TIR NBS-LRR Resistance Gene Family in *Medicago truncatula*. **Molecular Plant-Microbe Interactions**, Saint Paul, v. 15, p. 529-539, 2002.