

UNIVERSIDADE DO ESTADO DE MATO GROSSO
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO DE
PLANTAS

HEITOR ANTONIO DA SILVA

**PARÂMETROS GENÉTICOS DA RESISTÊNCIA DO FEIJÃO COMUM
AO FUNGO *Sclerotinia sclerotiorum* (Lib.) de Bary**

CÁCERES
MATO GROSSO - BRASIL
FEVEREIRO – 2022



ESTADO DE MATO GROSSO
SECRETARIA DE ESTADO DE CIÊNCIA E TECNOLOGIA
UNIVERSIDADE DO ESTADO DE MATO GROSSO



HEITOR ANTONIO DA SILVA

**PARÂMETROS GENÉTICOS DA RESISTÊNCIA DO FEIJÃO COMUM
AO FUNGO *Sclerotinia sclerotiorum* (Lib.) de Bary**

Dissertação apresentada à Universidade do Estado de Mato Grosso como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, área de concentração em Melhoramento Vegetal, para obtenção do título de Mestre.

Orientador: Prof. Dr. Thiago Alexandre Santana Gilio

Coorientadores: Prof^a. Dr^a. Kelly Lana Araujo;

Prof^a. Dr^a. Leonarda Grillo Neves

CÁCERES
MATO GROSSO - BRASIL
FEVEREIRO - 2022

Luiz Kenji Umeno Alencar CRB 1/2037

S586p SILVA, Heitor Antonio Da.
Parâmetros Genéticos da Resistência do Feijão Comum ao Fungo Sclerotinia Sclerotiorum Lib. de (Bary) / Heitor Antonio da Silva - Alta Floresta/Cáceres/Tangará da Serra, 2022.
47 f.; 30 cm.

Trabalho de Conclusão de Curso
(Dissertação/Mestrado) - Curso de Pós-graduação Stricto Sensu (Mestrado Acadêmico) Genética e Melhoramento de Plantas, Faculdade de Ciências Biológicas e Agrárias, Multicampi, Universidade do Estado de Mato Grosso, 2022.

Orientador: Thiago Alexandre Santana Gilio

Coorientador: Kelly Lana Araújo

1. Phaseolus Vulgaris L.. 2. Mofo Branco. 3. Teste do Canudo em Plântulas. I. Heitor Antonio da Silva. II. Parâmetros Genéticos da Resistência do Feijão Comum ao Fungo Sclerotinia Sclerotiorum Lib. de (Bary): .

CDU 635.652


**Parâmetros genéticos da resistência do feijão comum ao fungo
Sclerotinia sclerotiorum (Lib.) de Bary**

HEITOR ANTONIO DA SILVA


Dissertação apresentada à UNIVERSIDADE DO ESTADO DE MATO GROSSO Carlos Alberto Reyes Maldonado, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas para a obtenção do título de Mestre.

Aprovado em 28 de fevereiro de 2022


Comissão Examinadora

Documento assinado digitalmente
 THIAGO ALEXANDRE SANTANA GÍLIO
Data: 31/03/2022 15:54:37-0300
Verifique em <https://verificador.itl.br>

Prof. Dr. Thiago Alexandre Santana Gílio
Orientador – UNEMAT- Universidade do Estado de Mato Grosso Carlos
Alberto Reyes Maldonado

Documento assinado digitalmente
 KELLY LANA ARAUJO
Data: 31/03/2022 15:09:31-0300
Verifique em <https://verificador.itl.br>

Profª. Drª. Kelly Lana Araújo
UNEMAT- Universidade do Estado de Mato Grosso Carlos Alberto Reyes Maldonado

Documento assinado digitalmente
 RAFHAEL FELIPIN AZEVEDO
Data: 24/03/2022 13:54:27-0300
Verifique em <https://verificador.itl.br>

Prof. Dr. Rafael Felipin Azevedo
UEM- Universidade Estadual de Maringá

A Deus, que em sua infinidade de amor e compaixão permitiu que eu
concluísse mais um desafio em minha vida!

A Minha noiva, por ter sido paciente, amorosa e resiliente neste processo!

A meus pais, irmão e cunhada, por terem tornado mais leve essa jornada,
pelos bons momentos de descanso e renovação!

A meu avô e madrinha, sempre com alegria me tirando dos pensamentos
ruins e me ajudando a voltar aos trilhos!

A meus queridos amigos e queridas amigas, que são parte fundamental de
mim, sempre me apoiando com conselhos e às vezes me lembrando que a
vida nunca para!

Dedico

AGRADECIMENTOS

Primeiramente a Deus, pela graça da vida e por seu infinito amor e compaixão!

A minha noiva, Blenda Pereira Lopes, você sempre esteve ao meu lado em todos os momentos, sempre me dando o seu apoio e conselho, os quais foram determinantes nesta caminhada. Te amo!

A meus pais, Antonio José da Silva e Lourdes Serafim da Silva, amo vocês imensamente, são inspiração na minha vida e sempre me apoiaram e foram base sólida para mim. Serão sempre meus heróis, amo vocês!

A meu irmão e cunhada, Everson Antonio da Silva e Evelyn Nunes Fonseca de Araújo, são sempre uma fonte de alegria. Vocês sempre me apoiaram e acreditaram em mim. Sou grato por tê-los em minha vida, amo vocês!

A meu avô e sua esposa, minha madrinha, Edilson Antonio da Silva e Maria do Carmo Silva, vocês são luz que ilumina minha vida, amo vocês eternamente, serão sempre pessoas que eu admiro e tenho como exemplos. Amo vocês!

A meus familiares de Barra do Bugres, Campo Grande e Toronto (Canadá), meus tios, tias, primos e primas, vocês são uma parte importante de mim. Obrigado por todo carinho e diversão quando a gente se encontra. Amo todos vocês!

A meus incríveis amigos e amigas, em especial a Everton Gonzaga, Raul Stevan de Miranda, Celso Luis Minholi Filho, Gabriel, Talita Cristina de Oliveira Santos e Pedro Henrique Pavão Arruda, são muitos nomes então sintam-se todos incluídos, é sempre um prazer tê-los em minha vida, cada momento junto foi especial nesta jornada, as risadas, as brincadeiras, as conversas e todos os momentos. Obrigado!

A Universidade do Estado do Mato Grosso, em especial aos ligados a pós graduação em Genética e melhoramento de plantas, por todo o suporte e conhecimento ao qual tive acesso. Obrigado!

Ao meu orientador, prof. Dr. Thiago Alexandre Santana Gilio, foram muitos os percalços nesta jornada, sempre procurou me levar a novos patamares, com muita paciência e dedicação, Obrigado!

Aos integrantes do Grupo de Estudos em Melhoramento Vegetal, em especial ao Laécio neves Cardoso Junior, foram sempre atenciosos e prestativos, sem vocês não conseguiria chegar onde estou.

A Capes pelo apoio que possibilitou dar o meu melhor e desenvolver esse trabalho. Obrigado!

BIOGRAFIA

HEITOR ANTONIO DA SILVA, filho de Antonio José da Silva e Lourdes Serafim da Silva, nasceu em 01 de outubro de 1997 na cidade de Cáceres - Mato Grosso.

Formado no ensino médio técnico em agropecuária pelo Instituto Federal de Ciências e Tecnologias *campus* Cáceres – Mato Grosso, com graduação em Engenharia Agrônômica pela Universidade do Estado de Mato Grosso, *campus* Cáceres – Mato Grosso.

Ingressou no ano de 2020 no programa de pós graduação em genética e Melhoramento de Plantas.

PARÂMETROS GENÉTICOS DA RESISTÊNCIA DO FEIJÃO COMUM AO FUNGO *Sclerotinia sclerotiorum* (Lib.) de Bary

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	2
2.1. Origem e domesticação do feijão comum	2
2.2. A cultura do feijão comum	4
2.3. Panorama mundial, nacional e mato-grossense da cultura do feijão comum.....	6
2.4. Mofo branco no feijão comum	8
2.5. Melhoramento de plantas autógamas	11
2.6. Melhoramento do feijão comum visando resistência ao Mofo branco	12
2.7. Parâmetros genéticos da resistência ao mofo branco	14
3. MATERIAL E MÉTODOS	15
3.1. Obtenção de Material Vegetal.....	15
3.2. Obtenção do isolado de <i>S. sclerotiorum</i> (Lib.) de Bary.....	18
3.3. Teste do canudo em plântulas “ <i>seedling straw test</i> ”	18
3.4. Variáveis analisadas	19
3.5. Parâmetros genéticos.....	20
4. RESULTADOS E DISCUSSÕES	21
5. CONCLUSÃO	39
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	41

RESUMO

DA SILVA, HEITOR ANTONIO M. Sc. Universidade do Estado de Mato Grosso, fevereiro de 2022; Parâmetros genéticos da resistência do feijão comum ao fungo *Sclerotinia sclerotiorum* (Lib.) de Bary. Orientador: Prof. Dr. Thiago Alexandre Santana Gilio; Coorientadores: Prof^a. Dr^a. Kelly Lana.

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma leguminosa com grande importância na alimentação humana para todas as classes sociais, especialmente em países subdesenvolvidos, devido as qualidades nutritivas e importância econômica e social. O cultivo é acometido por diversos fatores bióticos e abióticos que diminuem a produtividade e encarecem o produto ao consumidor final. Entre os principais agentes patogênicos, o fungo *Sclerotinia sclerotiorum* (Lib.) de Bary, fitopatógeno causador do mofo branco, destaca-se pela sua ampla disseminação, potencial danos a lavoura e estruturas de resistência. Este trabalho teve como objetivo determinar os parâmetros genéticos, sendo eles os componentes da variância, herdabilidade no sentido amplo e número de genes da resistência fisiológica do feijoeiro comum ao fungo *S. sclerotiorum* (Lib.) de Bary. Foram obtidos cruzamentos entre genótipos de feijão comum contrastantes quanto a resistência ao mofo branco previamente selecionados. As plantas F₂ foram inoculadas com o isolado SS-495 do fungo *S. sclerotiorum* (Lib.) de Bary pelo método teste do canudo em plântulas. As variáveis Nota ao 5º dia, Relação doença planta (RDP) e Área Abaixo da Curva de Progresso da doença (AACPD) foram determinadas. Os parâmetros genéticos foram determinados através do teste de escala conjunta. A variância ambiental representou, no geral, grande parte da variância fenotípica, indicando que a característica resistência ao fungo *S. sclerotiorum* (Lib.) de Bary é moderada a altamente influenciável pelo ambiente. A variância genotípica teve alta influência na variância fenotípica para a variável RDP nos cruzamentos entre BGF 13 × BGF 89 e BGF 20 × PI 207262, moderada influência para variável Nota ao 5º dia e AACPD para o BGF 20 × PI 207262. O teste do canudo em plântulas foi eficiente da distinção entre resistente e susceptíveis. A herdabilidade no sentido amplo foi moderada a alta para a resistência ao mofo branco. A estimativa indicou o número igual ou maior a dois genes na expressão da resistência ao mofo branco, indicando a ação de poligenes na determinação da resistência ao mofo branco. Os parâmetros genéticos analisados

indicaram alta influência ambiental, com alta a moderada herdabilidade no sentido amplo e natureza poligênica da característica resistência do feijoeiro ao fungo *S. sclerotiorum* (Lib.) de Bary.

PALAVRAS CHAVE: *Phaseolus vulgaris* L.; Mofo Branco; Teste do canudo em plântulas.

ABSTRACT

DA SILVA, HEITOR ANTONIO M. Sc. Mato Grosso State University, February 2022; Genetic parameters of common bean resistance to the phytopathogen that causes white mold. Advisor: Prof. Dr. Thiago Alexandre Santana Gilio; Co-advisors: Prof. Dr. Kelly Lana Araujo.

The common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) is a legume with great importance in human nutrition for all social classes, especially in underdeveloped countries, due to its nutritional qualities and economic and social importance. Its cultivation is affected by several biotic and abiotic factors that decrease productivity and make the product more expensive for the final consumer. Among the main pathogens, the fungus *Sclerotinia sclerotiorum* (Lib.) de Bary, the phytopathogen white mold causer, stands out for its wide dissemination, potential damage to crops and resistance structures. The objective of this work was to determine the genetic parameters, being the variance components, heritability in the broad sense and number of genes of the physiological resistance of common bean to the fungus *S. sclerotiorum* (Lib.) de Bary. Crosses were obtained between previously selected common bean genotypes contrasting as to white mold resistance. F₂ plants were inoculated with isolate SS-495 of the fungus *S. sclerotiorum* (Lib.) de Bary by the straw test method in seedlings. The variables Note at day 5, Plant Disease to Plant Ratio (PDR) and Area Under the Disease Progress Curve (AACPD) were determined. Genetic parameters were determined using the joint scale test. The environmental variance represented, overall, a large part of the phenotypic variance, indicating that the characteristic resistance to the fungus *S. sclerotiorum* (Lib.) de Bary is moderately to highly influenced by the environment. Genotypic variance had high influence on phenotypic variance for the variable RDP in the crosses between BGF 13 × BGF 89 and BGF 20 × PI 207262, moderate influence for variable Note at day 5 and AACPD for BGF 20 × PI 207262. The straw test on seedlings was efficient in distinguishing between resistant and susceptible. The broad-sense heritability was moderate to high for white mold resistance. The estimation indicated the number equal or greater than two genes in the expression of white mold resistance, indicating the action of polygenes in determining white mold resistance. The genetic parameters analyzed indicated high environmental influence, with high to moderate heritability in

the broad sense and polygenic nature of the characteristic resistance of bean to the fungus *S. sclerotiorum* (Lib.) de Bary.

KEYWORDS: *Phaseolus vulgaris* L.; White mold; straw test on seedlings.

1. INTRODUÇÃO

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma leguminosa do gênero *Phabaceae*, que possui grande importância econômica e alimentar a nível mundial, sendo cultivada em todo o mundo, exceto na Antártida. O feijão comum é um alimento muito difundido em vários continentes do mundo, sendo muito consumido em todo território do Brasil, principalmente acompanhado do arroz (*Oryza sativa*).

O feijão comum possui aproximadamente 25% de proteína, além de ferro e outros nutrientes, sendo este um dos motivos que tornou o feijão comum um alimento indispensável na mesa do brasileiro e de outros países como a Índia, Myanmar, Estados Unidos entre outros (CONAB, 2018; PINTO, 2016; FAOSTAT, 2020). A hipótese mais aceita para a origem do feijão comum é de que o feijão comum possui dois centros de origem diferentes, sendo eles o centro de origem mesoamericano, principalmente no México e o centro de origem andino, principalmente na região dos Andes da América do Sul (BITOCCHI *et al.*, 2012).

A alta produtividade do feijão comum atualmente é resultado dos avanços do melhoramento genético, resultando em cultivares com alta produtividade e resistência aos fatores abióticos e bióticos, como pragas e doenças. Entre as principais doenças que afetam o feijoeiro comum, destaca-se o mofo branco, causado pelo fungo que ocorre em condições de alta umidade e temperaturas moderadas, sendo favorecido na terceira safra do feijão comum pela irrigação que geralmente é feita por pivô central (TEIXEIRA, 2018).

O mofo branco é uma doença polífaga com mais de 400 espécies hospedeiras conhecidas, entre elas diversas culturas de interesse agrônomo como o feijão comum, soja, canola, girassol, algodão, alface, entre outras (WENDLAND *et al.*, 2016).

O trabalho realizado por Ricardo *et al.* (2008) evidenciou perdas de aproximadamente R\$674,57 por hectare causado pela doença do mofo branco na 3ª safra do feijoeiro comum no estado de Goiás, com perdas totais em torno de R\$36.413.416,17. Entre os gastos indicados está a perda da produtividade que pode chegar a uma redução de 394 kg.ha⁻¹, gastos com tratamento químico e biológico, na ordem de R\$206,79 .ha⁻¹, e custo de aplicação, na ordem de R\$11,21 por hectare (RICARDO *et al.*, 2008).

O controle do mofo branco é dificultado pela produção do escleródio, pela ampla gama de hospedeiro e pela ineficiência dos fungicidas quando utilizados de forma individual (JULIATTI *et al.*, 2015). O manejo integrado é especialmente indicado ao mofo branco, pois a utilização de um método isolado é ineficiente. O uso de cultivares resistentes configuram o principal método de controle da doença do mofo branco, porém não há cultivares de feijão comum com resistência completa ao mofo branco, somente cultivares com resistência parcial (BARBOSA e GONZAGA, 2012).

O conhecimento dos parâmetros genéticos relacionados a característica a ser estudada é de suma importância na determinação dos métodos de melhoramento a ser empregado, tendo em vista que o feijão comum é uma planta autógama e a seleção somente atua na variação existente e é efetiva quando há variação genética para a característica (BALDISSERA *et al.*, 2014; BESPALHOK *et al.*, 2007).

Entre os principais aspectos estudados nos parâmetros genéticos destaca-se a herdabilidade no sentido amplo e restrito, variância genotípica composta pela variância aditiva, variância de dominância e variância epistática, estimativa do número de genes envolvidos na expressão da característica (BALDISSERA *et al.*, 2014; CARNEIRO *et al.*, 2011).

Tendo em vista o exposto acima objetivou-se com o presente trabalho determinar os parâmetros genéticos, sendo eles os componentes da variância, herdabilidade no sentido amplo e número de genes da resistência fisiológica do feijoeiro comum ao fungo *S. sclerotiorum* (Lib.) de Bary.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Origem e domesticação do feijão comum

O principal centro de origem do feijão comum e de outras espécies de feijão é a América Central, seguido da América do Sul, com 30% e 24% dos genomas das quatro principais espécies do feijão correspondendo, respectivamente, a esses centros de origem (SCHOONHOVEN E VOYSEST, 1991).

Koenig e Gepts (1989) evidenciou diferenças entre acessos de feijão comum provenientes de diferentes países da América do Sul e da América Central, sendo possível classificá-las em dois pools gênicos distintos, denominados pool Mesoamericano (acessos do México, Guatemala, Costa Rica, Colômbia e sul do Peru) e pool Andino (Sul do Peru ao norte da Argentina). Ainda segundo Koenig e Gepts (1989), a separação foi quase completa, sendo quebrada por acessos de feijão comum do norte do Peru, considerado por eles uma região de transição entre os dois pools gênicos.

O trabalho realizado por Bitocchi *et al.* (2012) baseou-se na caracterização do tipo de proteína *Phaseolina* de diversos genótipos de feijão comum de diferentes países de origem. Foram encontradas uma origem mesoamericana do feijão comum, com gargalo antes da domesticação, formando assim a população andina, em acordo com o proposto por Rossi *et al.* (2009). O trabalho de Bitocchi *et al.* (2012) demonstra que na região do norte do Peru e Equador há a presença de cultivares relíquias, que apresentam a proteína *Phaseolina* do tipo “I”, não sendo encontrada em nenhum dos outros pool gênicos.

Schmutz *et al.* (2014) indicou que o feijão comum tem um único ancestral comum, com provável origem da região do atual México. Houve separação em dois centros de origem e domesticação diferentes, mesoamericano e andino, em torno de 168.000 anos atrás, com intervalo de confiança entre 146.000 à 184.000, acordando com o encontrado por Bitocchi *et al.* (2012) e Rossi *et al.* (2009).

A domesticação do feijão comum é sugerida como sendo individual e diferente dentro dos pool gênicos mesoamericano e andino. Sujan Mamidi *et al.* (2011) descrevem a domesticação com um gargalo de aproximadamente 50% do tamanho efetivo da população a cerca de 2000 e 1500 anos para os pool gênicos mesoamericano e andino, respectivamente, tendo ocorrido a diversificação das raças locais com diferenças morfológica e fisiológica.

De Ron *et al.* (2015) relata que o feijão comum disseminou-se para diversas regiões do mundo, sendo domesticado de acordo com o interesse de mercado local. Em geral, os de origem andina são mais consumidos pelo mundo, apenas na Ásia e no Brasil há uma preferência pelo consumo de feijão comum de origem mesoamericana.

O feijão comum, proveniente do pool Andino, possui, em sua maior parte, hábito de crescimento indeterminado, com sementes arredondadas e ampla gama de cores. As principais são o creme, o amarelo, o rajado, o vermelho e o branco. O tamanho do grão do grupo Andino é grande ou médio, com média de peso de 100 sementes acima de 37g, possivelmente, desse pool gênico, tendo predominantemente proteínas faseolinas do tipo “T”. Os feijões do pool Mesoamericano tem grãos de tamanho pequeno, genótipos com média de peso de 100 sementes inferior a 25g, possivelmente pertencendo a esse pool gênico e apresentam proteínas faseolina predominantemente do tipo “S” (FRANCO *et al.*, 2001; SCHOONHOVEN E VOYSEST 1991; KAMI *et al.*, 1995; COELHO *et al.*, 2007).

O feijoeiro comum é de extrema importância e seu cultivo muito tecnificado, sendo uma cultura caracterizada por mecanização e altos investimentos para sua produção.

2.2. A cultura do feijão comum

O gênero *Phaseolus*, que compreende 55 espécies conhecidas, destaca-se por representar cerca de 75% das espécies de interesse agrônomo pertencente à família das leguminosas (*Fabaceae*), com destaque ao feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) e a soja (*Glycine max*).

A importância do feijão comum transcende apenas a econômica, fazendo importante papel na segurança alimentar mundial. Está presente em todos os continentes, com exceção da Antártida; é um alimento muito consumido na mesa de diversos países, sendo no Brasil um prato típico junto ao arroz (*Oriza sativa*). Na cultura do feijão comum, tem-se atualmente um aumento no interesse econômico do plantio em larga escala, principalmente com o uso da tecnologia de irrigação no inverno, permitindo que o feijão comum possa ser cultivado em três safras distintas (CONAB, 2018; DINIZ, 2012; SALVADOR, 2012).

O feijão pode ser plantado em três safras diferentes, sendo elas: 1ª safra, das águas, principalmente nas regiões Sul, Sudeste e Centro-Oeste; 2ª safra, da seca, principalmente no Sul, Sudeste e Centro-Oeste; e 3ª safra, irrigada ou de inverno, no

Centro-Oeste e Sudeste principalmente. O feijão possui diversificado nível técnico de produção, porém nota-se maior importância da agricultura familiar para a produção do feijão no Brasil (SILVA e WANDER, 2013). Segundo avaliações dos dados do senso do IBGE (2005/2006) realizado por Silva e Wander (2013), o cultivo de feijão comum ocorria em propriedades com até 50 hectares de área de produção, dos quais em torno de 27,64% eram destinados ao auto-consumo, sendo responsável por 21,71% da produção de feijão comum.

Bonett (2007), em estudo sobre o feijão comum e seus aspectos nutricionais e antinutricionais, bem como a importância do feijão, destacou a relevância do feijão comum como fonte de proteínas, minerais, fibras, vitaminas e carboidratos. Ainda, segundo o autor, o feijão comum é uma fonte de proteína muito consumida no mundo todo, principalmente no Brasil, sendo consumida diariamente pelas diversas classes sociais. Para Diniz (2012) o feijão apresenta benefícios para a saúde, podendo ser indicado para o combate a obesidade, distúrbios cardíacos, entre outros.

O feijão possui grande diversidade morfológica como o hábito de crescimento que pode ser classificado em quatro (4) tipos pelo CIAT (Centro Internacional de Agricultura Internacional). O tipo I apresenta crescimento determinado com porte arbustivo e ereto; o tipo II apresenta crescimento indeterminado, porte arbustivo e ereto com poucas ramificações no caule; o hábito de tipo III corresponde a crescimento indeterminado, possui porte prostrado ou semi prostrado com ramificações abertas e bem desenvolvidas; e por último, o hábito de tipo IV com crescimento indeterminado, com porte trepador, tendo o caule dominância apical com poucos ramos laterais, pouco desenvolvidos (DA SILVA, 2005; DE OLIVEIRA *et al.*, 2018).

O tamanho do grão do feijão comum tem grande amplitude, definido pelas Regras para Análise de Sementes (BRASIL, 1992), e podem variar desde muito pequeno com menos de 20g/100 sementes a muito grande com 40g/100 sementes. Os grãos de feijão comum podem ter diferentes formatos, entre eles arredondado, elíptico achatado, semi chato, entre outros, com grande divergência em relação a cores, sendo os principais tipos cultivados o carioca e o preto (DA SILVA, 2005).

O feijão comum pode ser cultivado solteiro ou em consórcio, através de semeadura convencional, plantio direto e cultivo mínimo, sendo principalmente

produzido em cultivo solteiro de semeadura convencional (SILVA e WANDER, 2013). O nitrogênio é o nutriente que deve-se ter maior atenção na cultura do feijão comum, podendo ser parcialmente suprido pela fixação biológica, a qual deve-se atentar para a recomendação com base na análise de solo (BARBOSA e GONZAGA, 2012).

Os métodos mais utilizados para o controle de pragas e doenças são o uso de cultivares resistentes e o uso de defensivos químicos com aplicação por tratores ou avião. A irrigação é feita principalmente por pivô central, sendo muito utilizada na terceira safra do feijão comum (BARBOSA e GONZAGA, 2012).

O consumo e produção do feijão comum teve um aumento expressivo ao longo dos últimos anos, sendo o Brasil um país de destaque na sua produção.

2.3. Panorama mundial, nacional e mato-grossense da cultura do feijão comum

De acordo com a FAOSTAT (2019), em todo o mundo um total de 33.066.183 ha foram colhidos, com produtividade de 874,1 kg.ha⁻¹ gerando um total de 28.902.672 toneladas de feijão seco. Desse total, o Brasil representou 2.610.585 ha de área colhida, 1.134 kg.ha⁻¹ de produtividade e 2.906.508 toneladas de produção.

Os principais países produtores de feijão seco no ano de 2020 foram a Índia, Myanmar, Brasil, Estados Unidos, China, Tanzânia, México, Kenya, Argentina e Uganda com o equivalente a 67,76% da produção mundial, sendo a Índia o principal produtor de feijão a nível mundial (FAOSTAT, 2020). A Índia e Myanmar se destacam quanto a produção de feijão seco, enquanto o Brasil é tido como principal produtor e consumidor do feijão comum.

O Brasil produziu na safra 2019/2020 um total de 3.180.800 toneladas de feijão comum cores, com crescimento de 5,4% em relação à safra passada, enquanto a área cultivada teve queda de 2.920.700 ha, redução de 0,15% em relação à safra passada, já a produtividade foi de 1.089 kg.ha⁻¹ teve crescimento de 5,5% em relação à safra passada (CONAB, 2020). Ainda segundo a CONAB (2020), a perspectiva para toda safra 2020/2021 no Brasil é de que haja produção total de 30.400.000 toneladas de grãos, com estabilidade no total da área plantada em 29.207.000 ha e redução de 4,4% na produtividade, cerca de 1.041 Kg/ ha

O Brasil é o maior produtor dentre os países do Mercosul (Mercado comum do Sul), além de ser o maior consumidor para vários tipos de feijão, incluindo o feijão cores, feijão preto e feijão caupi. O Brasil apresenta alta produtividade em todas as três safras, com ampla distribuição de produção no território nacional, sendo os principais tipos de feijão produzido, em 2018/2019, o feijão comum cores com cerca de 62,8%, feijão preto com cerca de 16,4% e feijão caupi com cerca de 20,8% (RUAS, 2019).

De acordo com o IBGE (2018), o Centro-Oeste produziu cerca de 173.414 toneladas na 1ª safra, 336.137 toneladas na 2ª safra e 205.741 toneladas na 3ª safra, sendo responsável por 715.292 toneladas, é a 4ª maior região em produção de feijão. O Centro-Oeste aparece como 3º maior produtor de feijão irrigado (3ª safra) no ano de 2018.

O estado de Mato Grosso possui maior produção na safra da seca ou segunda safra, com ênfase no feijão caupi (RUAS, 2019). O Mato Grosso é o principal estado em área plantada dentro da região Centro-Oeste com um total de 247,1 mil hectares previstos para safra 2020/2021. A previsão para o estado é que seja o terceiro com maior produção na safra atual, porém com menor produtividade que os demais estados, sendo o sétimo estado neste quesito (CONAB, 2021). Nota-se uma evolução gradual na participação do estado na cultura do feijão, pois é um estado com grande relevância no cenário atual da produção desta leguminosa.

O comércio externo do feijão comum é pouco significativo, pois o feijão é um produto de alto consumo interno, de forma que a maior parte da produção seja direcionada para o mercado nacional. A exportação entre os anos de 2015, 2016 e 2017 foi de 13,36%, 13,82% e 12,39% respectivamente (WANDER *et al.*, 2021).

O Brasil produz em torno de 3,1 milhões de toneladas de feijão comum, sendo o principal produtor e consumidor da América do Sul (CONAB, 2018; RUAS, 2019). Devido a pandemia causada pela Covid-19 no ano de 2020, os preços do feijão tiveram alta volatilidade ligada a fatores climáticos e ao aumento do consumo, principalmente na composição de cestas básicas e na compra excessiva pelas famílias (RUAS, 2020).

Diversos aspectos favorecem esse crescimento, incluindo o aumento da produtividade, da tecnologia empregada e principalmente do efetivo controle de doenças e pragas que incidem na cultura.

2.4. Mofo branco no feijão comum

Na primeira safra, o feijão comum tem maior ocorrência de doenças fúngicas e bacterianas, como o mofo branco, a antracnose, murcha-de-curtobacterium e crestamento bacteriano comum, já nas demais safras (safrinha e safra irrigada) a ocorrência da mancha angular e do mosaico dourado é maior, com maiores danos à cultura (WENDLAND *et al.*, 2016). A partir do mês de abril a chuva diminui e conseqüentemente as doenças também, pois o período de molhamento foliar diminui, sendo esporádicos os problemas com doenças, porém o uso de irrigação novamente deixa as doenças bacterianas e fúngicas com ótimas condições de desenvolvimento (WENDLAND *et al.*, 2016).

O Mofo branco, causado pelo fungo *Sclerotinia sclerotiorum* (Lib.) de Bary, é uma doença problemática e que pode causar grandes prejuízos em plantios sob irrigação por pivô central (WENDLAND *et al.*, 2016). A doença do mofo branco teve seus primeiros relatos no feijão comum em meados da década 1920 e a primeira epidemia ocorreu na década de 70, agravando-se com o avanço da agricultura pelo cerrado nas décadas de 80 e 90, tornando-se, então, uma das principais doenças do feijoeiro comum (WENDLAND *et al.*, 2016).

A doença do mofo branco é atualmente uma das doenças com maiores danos à cultura do feijoeiro comum, com danos de até 100% do rendimento. Relatos de 2009 indicam 45% da área plantada colonizada pelo fungo no estado de Goiás. Já em 2011 subiu para 65% da área cultivada no estado, enquanto na Bahia os registros apontam dispersão da doença em 80% da área cultivada (CAMPOS *et al.* 2012).

Em trabalho realizado por dos Santos (2013), avaliando-se períodos de molhamento foliar em combinação com diferentes temperaturas, constatou-se que o fungo se desenvolve melhor em temperaturas entre 20°C a 25°C em um mínimo de 12 horas de molhamento foliar. Em contrapartida temperaturas de 10°C e período de molhamento de até 28 horas não apresentaram sintomas da doença, destacando a interferência positiva de técnicas de manejo como “evitar alta umidade no dossel da planta na fase de florescimento”.

O fungo afeta toda a parte aérea da planta. Um sintoma característico da doença é a massa de hifas do fungo com coloração branca, tendo um aspecto cotonoso sobre os tecidos da planta. A infecção causada pelo patógeno ocorre entre 10 a 15 cm do solo, na haste e pecíolo, passando a formar lesões encharcadas, espalhando-se para as hastes e ramos (CARDOSO 1994; BIANCHINI *et. al.*, 1997).

O mofo branco possui um amplo arsenal de infecção, sendo por meio dos escleródios uma das principais vias de infecção. Juliatti *et al.* (2015) descrevem como agravantes para a disseminação da doença o uso de monocultivos, rotação de culturas com sucessivas espécies hospedeiras e a formação de escleródio pelo fungo.

Segundo Dos Santos (2013) uma das principais fonte de contaminação vem por meio das sementes e destaca um melhor beneficiamento da semente visando a eliminação dos agentes patológicos presentes, de modo a não contaminar os campos de produção. Outro ponto destacado pela autora refere-se à ineficácia da adoção de práticas de manejo da doença de forma isolada, sendo recomendada uma adoção conjunta das principais técnicas de controle da doença.

A contaminação de um novo campo através de lotes de semente pode-se dar através de escleródios ou ainda por micélios dentro da semente; a presença do fungo afeta consideravelmente a germinação e vigor da semente, sendo crescente a interferência de acordo com o potencial de inóculo da doença (JULIATTI, 2015; WENDLAND *et al.*, 2016).

Segundo Wendland *et al.* (2016) o mofo branco é um fungo necrotrófico que apresentam hifas hialinas e septadas que são multinucleadas e ramificadas. O fungo produz apotécios com diâmetro entre 2 e 10 mm. Inicialmente seu formato é chato e côncavo, já a estrutura de resistência denominada escleródios são pretos e irregulares, com dimensões de 2 a 5 x 2 a 30 mm (BIANCHINI *et. al.*, 1997; WENDLAND *et al.*, 2016).

A dispersão dos ascósporos ocorre durante o início da floração do feijão comum, quando as condições climáticas são mais favoráveis, apresentando temperaturas mais amenas e também maior umidade no solo (WENDLAND *et al.*, 2016). A disseminação do mofo branco através de sementes tem sido mitigado através do beneficiamento de

sementes em Unidades de Beneficamento de Sementes (UBS), principalmente retirando-se sementes menores, leves, deformadas e escleródios (Juliante *et al.*, 2015).

Foram relatadas diferenças na expressão da resistência ao mofo branco na avaliação a campo comparado com a avaliação na casa de vegetação, o que pode ser explicado pelos mecanismos de escapes do feijoeiro comum, como o porte arbustivo de crescimento determinado, limitando a umidade no dossel da planta e conseqüentemente diminuindo a severidade da doença, além de dossel menos denso e resistência ao acamamento (ANTONIO *et al.*, 2008; MIKLAS *et al.*, 2001; CARNEIRO *et al.*, 2011).

O controle químico do mofo branco deve ser realizado preferencialmente de forma preventiva, pois, assim, obtém-se a maior efetividade, atentando-se para que o produto cubra hastes, folhas, flores, vagens e ramos. O controle químico é possível no tratamento de sementes, com aplicação via irrigação ou convencional via terrestre e aérea (Menten *et al.*, 2015).

O controle biológico do mofo branco é descrito como crescente e com eficiência. No Brasil há seis produtos registrados específicos ao controle do fitopatógeno *S. Sclerotiorum* (CARDOSO *et al.*, 2015). Diversos mecanismos de resistência são relatados no feijoeiro comum: o porte arbustivo, resistência ao acamamento e densidade do dossel. Importantes características para obter-se resistência parcial aos patógenos, sendo eficazes quando em conjunto com a resistência fisiológica ao mofo branco (LOBO JUNIOR *et al.*, 2015; MIKLAS *et al.*, 2001).

A estratégia de controle deve levar em consideração o manejo integrado, pois o controle através de apenas um método tem-se mostrado ineficiente. Deve-se redobrar a atenção, pois o patógeno produz escleródios que podem continuar viáveis no solo até 8 anos após sua produção. A adoção de um controle integrado é a melhor alternativa para reduzir os danos que o patógeno acarreta, sendo recomendada a adoção de controle físico, químico e biológico, além do correto tratamento das sementes.

Um método com destaque no controle da doença é o desenvolvimento de cultivares com resistência fisiológica ao patógeno, através do melhoramento genético (CAMPOS *et al.*, 2012; CARDOSO, 1994).

O melhoramento de plantas tem sido considerado por muitos, uma das maiores ferramentas para atendimento dos constantes aumentos de demandas alimentares por

todo o mundo, principalmente no tocante a produtividade, a qualidades nutricionais e a resistência a pragas e a doenças.

2.5. Melhoramento de plantas autógamas

Espécies autógamas são aquelas que apresentam autofecundação igual ou maior que 95% do total de cruzamentos (BESPALHOK *et al.*, 2007), tendo como exemplo o feijão comum. Em autógamas ocorre pouca troca de material genético entre indivíduos e a hibridação manual é uma forma de aumentar essa troca de material genético e aumentar a variabilidade genética (BÓREM *et al.*, 2017). A heterozigose de plantas autógamas é perdida através de sucessivas gerações, no entanto, estima-se que em torno de oito a nove gerações segregantes a população volta a homozigose (BÓREM *et al.*, 2017; BESPALHOK *et al.*, 2007).

Quando plantas homozigotas – plantas que apresentam os pares de alelos iguais em todo os seus genes de todos os seus cromossomos – são autofecundadas obtém-se linhagens puras, sendo plantas que após a autofecundação resultam em plantas geneticamente idênticas (BESPALHOK *et al.*, 2007). As principais cultivares de autógamas são obtidas de linhagens puras, muito estáveis por sua genética idêntica, porém uma das desvantagens é a maior vulnerabilidade de plantas ao ataque de doenças (BESPALHOK *et al.*, 2007).

Entre os principais métodos de melhoramento empregados em plantas autógamas podemos citar o método genealógico, *Single Seed Descent* (Descendente de uma Única Semente) SSD, o retrocruzamento e a seleção recorrente. Além disso, a introdução de plantas é muito importante principalmente quanto a características de resistência a pragas e doenças (BÓREM *et al.*, 2017).

Características como a cleistogamia, que é a abertura da flor posteriormente à fecundação, são importantes mecanismos que aumentam a taxa de autofecundação. Esta característica ocorre na soja e no feijão comum por exemplo (BORÉM *et al.*, 2017). Por isso, faz-se necessário o uso de hibridação manual, para aumentar a variabilidade genética a ser explorada pelos diferentes métodos de seleção.

Em plantas autógamas a determinação dos parâmetros genéticos são de extrema importância, sendo os estudos resultantes de cruzamentos controlados, nos quais deve haver parentais contrastantes para a característica analisada (BALDISSERA *et al.*, 2014). A estimativa da herdabilidade é importante na determinação no método de melhoramento, sendo alguns métodos destinados a características que apresentam alta herdabilidade, como é o caso da seleção massal, na qual plantas de fenótipo superior são selecionadas para prosseguimento da população melhorada (BESPALHOK *et al.*, 2007; BÓREM *et al.*, 2017).

A herdabilidade em plantas autógamas tende a reduzir com o sucessivo autocruzamento, visto que a variância genética diminui pela homozigose dos genes que aumenta a cada autofecundação. A variância fenotípica é totalmente resultante da variância ambiental em gerações avançadas, sendo desprezível a variância genotípica (BORÉM *et al.*, 2017).

O controle do mofo branco no feijoeiro comum, tem o manejo integrado como principal método de controle, com destaque para o uso de cultivares que apresentam mecanismo de escapes e principalmente resistência fisiológica.

2.6. Melhoramento do feijão comum visando resistência ao Mofo branco

Há, cada vez mais, interesse no cultivo do feijão comum, nos últimos anos, por grandes produtores que utilizam alta tecnologia para a produção, com ênfase na maior produtividade, adaptabilidade, melhoria de características agrônômicas e morfológicas. O feijão comum tem passado por diversos avanços ao longo das últimas décadas, tanto no Brasil, quanto em outros países, principalmente quanto à resistência a pragas e a doenças (de RON *et al.*, 2015; COELHO *et al.*, 2017).

Um importante método de controle das doenças é o uso de cultivares resistentes, que apresentam menores custos e danos ao meio ambiente (COSTA, 2008). Para Lobo Junior *et al.* (2009) cultivares com porte ereto e com ciclo precoce são importantes para a redução da severidade da doença. Foi constatado por Lobo Junior *et al.* (2009) que cultivares brasileiras apresentaram menor severidade quando apresentam porte ereto e

ciclo precoce, e as cultivares com ciclo normal e crescimento prostrado apresentaram maior severidade.

Conforme exposto por Costa (2008), um empecilho ao desenvolvimento do melhoramento relacionado à doença do mofo branco no feijoeiro comum é a obtenção de fontes de resistência ao patógeno. Uma ampla variedade do germoplasma aumenta a chance de identificação de novas fontes de resistência. É importante adicionar genótipos crioulos, de espécies diferentes que possam ser utilizados como fonte de resistência, para posterior etapas do melhoramento genético (COSTA, 2008).

Em trabalho realizado por Silva (2021) avaliando-se genótipos de feijão comum através do método do canudo “*straw test*” e pelo método do canudo em plantula “*Seedling straw test*” para resistência a mofo branco conclui-se que a utilização destes métodos possibilita a seleção de genótipos com resistência, sendo os genótipos BL 10, BL 14, BL 15, BL 18, BL 67 e BL 98 considerados bons genitores para programas de melhoramento visando cultivares resistentes.

Diversos trabalhos relatam a resistência parcial do feijão comum ao fungo mofo branco com diversos QTL's identificados. Segundo Silva (2021) posteriormente realizando a genotipagem via GBS, encontrou nos cromossomos Pv02, Pv03, Pv09 e Pv10, SNPs associados significativamente a resistência fisiológica ao mofo branco e sugere que há haplótipos das QTLs WM2.2^{BV, R31} e WM3.1^{AN, XC, AP} além dos genes ainda não reportados relacionados ao estresse biótico no Pv02, o gene *Phvul.002G023400* e no Pv09, os genes *Phvul.009G230200* e *Phvul_009G232100*.

Trabalhos como os realizados por Miklas *et al.*, (2001), Soules *et al.* (2011), Miklas *et al.* (2013) e Schwartz e Singh (2013) encontraram mais de 30 QTL's ligados à resistência fisiológica e ao mecanismo de escape do feijoeiro comum ao mofo branco. Em estudo mais recente, ESCOBAR *et al.* (2022) propôs três novos QTL's de efeito maior, denominados por eles WM11.2, WM11.3 e WM11.4, além de validar outros QTL's encontrados em estudos anteriores como o QTL WM7.4 (PEREZ-VEJA *et al.*, 2012; MIKLAS *et al.*, 2013), QTL WM8.3 (MIKLAS e DELORME *et al.*, 2003; MAXWELL *et al.*, 2007; SOULES *et al.*, 2011) e QTL WM7.1 (MAMIDI *et al.* 2016).

As características morfológicas, crescimento determinado e dossel menos denso são fatores que auxiliam na expressão de resistência a campo do mofo branco, sendo

considerado mecanismos de escapes da cultura, conforme mencionado por Miklas *et al.* (2001); avaliações a campo e em casa de vegetação foram usados em cruzamentos de feijão comum. O autor indica que a avaliação pelo método do canudo é eficiente na caracterização dos genótipos quanto à resistência fisiológica, sendo essa, importante na expressão a campo de resistência junto aos mecanismos de escape do feijão comum.

A determinação dos parâmetros genéticos constituem uma etapa crucial do programa de melhoramento, apresentando como principal vantagem a separação dos métodos mais eficientes para a característica estudada.

2.7. Parâmetros genéticos da resistência ao mofo branco

Os estudos dos parâmetros genéticos possibilitam o conhecimento da estrutura de uma população e do seu potencial genético (BALDISSERA *et al.*, 2014). A estimativa da herdabilidade no sentido amplo e no sentido restrito, o número de genes, a variância ambiental e a variância genética, que é dividida entre variância aditiva, variância de dominância e variância de epistasia, são alguns parâmetros genéticos estudados.

A herdabilidade no sentido restrito é uma importante estimativa da proporção da variação fenotípica que é explicada pela variância aditiva, enquanto a herdabilidade, no sentido amplo, refere-se a toda a variância genotípica. A herdabilidade da resistência ao mofo branco é descrita como sendo de magnitude baixa a média (ANTONIO *et al.*, 2008; CARNEIRO *et al.*, 2011; BALDISSERA *et al.*, 2014). Antonio *et al.* (2008) sugerem que a severidade da doença na avaliação, o método de avaliação, os genótipos parentais e as interações entre os fatores ambientais afetam a estimativa da herdabilidade.

A resistência do feijão comum ao mofo branco, descrita na literatura, apresenta divergência, principalmente quanto ao número de genes envolvidos na expressão da resistência. Alguns dos estudos indicam que a resistência é definida por um único gene, como os trabalhos de Antonio *et al.* (2008) e Carneiro *et al.* (2011). Schwartz *et al.* (2006) encontraram um único gene dominante na expressão da resistência quando realizou cruzamentos entre *P. vulgaris* e *P. Coccineous*. Miklas *et al.* (2013) encontraram

13 QTL's ligados a resistência do feijão comum, com ligações a mecanismos de escape da doença. Soules *et al.* (2011) avaliaram cruzamentos de feijão comum a campo e em casa de vegetação, sendo indicado pelos autores a presença de 2 QTL's ligados à resistência ao mofo branco.

O trabalho realizado por Antonio *et al.*(2008) obteve resultados que indicaram o efeito da variância aditiva predominantemente, com controle genético caracterizado pela dominância parcial e a avaliação ao nível de progênes mais efetiva em comparação a avaliação a nível de plantas, enquanto o trabalho realizado por Carneiro *et al.* (2011) evidenciou uma predominância da variância aditiva em relação à variância de dominância, indicando que a seleção de genótipos resistentes é mais efetiva avaliando-se progênes com sucessivas inoculações.

3. MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi desenvolvido nos anos de 2020 e 2021 na Universidade do Estado de Mato Grosso *campus* Jane Vanine/Cáceres-MT, em casa de vegetação e no laboratório de Recursos genéticos e Biotecnologia da universidade do Estado de Mato Grosso. A cidade de Cáceres, Mato Grosso, é localizada em 15° 27' e 17° 37' sul e longitudes 57° 00' e 58° 48' oeste, com clima classificado como tropical quente e úmido segundo Köppen (1931) *apud* da Silva Neves *et al.* (2011).

3.1. Obtenção de Material Vegetal

Foram utilizados cinco genótipos para o cruzamento, sendo dois de origem andina (BGF 20 e BGF 89) e três de origem Mesoamericana (BGF 13, BRS FC 402 e PI 207262), mais detalhes foram apresentados na tabela 1.

Tabela 1. Descrição de identificação, nome popular, pool gênico e estado de origem dos genótipos utilizados no cruzamento em Cáceres-MT, entre os anos de 2020 a 2022.

Identificação	Nome popular	Pool gênico	Estado de Origem
BGF 13	Pirixum	M	Paraná
BGF 20	-	A	Paraná
			Continua

Continuação				
BGF 89	Carnaval Mix SC		A	Santa Catarina
BRS FC 402	-		M	Distrito Federal
PI 207262	-		M	S/I

S/I- Local não identificado.

Os genótipos resistentes foram obtidos em trabalho anterior, realizado por dos Santos (2020). Neste trabalho foram avaliados um plantel de 97 genótipos de feijão comum provenientes do pool genético Andino e do pool genético Mesoamericano. A avaliação da resistência fisiológica ao mofo branco foi realizada através do método de inoculação “*seedling straw test*” (teste do canudo em plantulas), sendo os genótipos BGF 11 e BGF 165 de origem Andina e o genótipo BGF 13 de origem Mesoamericana considerados resistentes.

Os genótipos selecionados foram plantados em casa de vegetação em vasos com capacidade de 10L de volume, sendo perfurados furos de mais ou menos 2 cm de diâmetro para evitar a acumulação da água. Os vasos foram preenchidos em torno de 9L de volume, com mistura de 50% de substrato comercial PlantMax e 50% de terra preta esterilizada em autoclave por um período de 40 a 50 minutos. A adubação de semeadura foi realizada com 0,8 g de formulado comercial 4-14-8 de NPK por vaso. A adubação de cobertura foi realizada com 0,57g de uréia (44%) e 0,38g de KCl por vaso diluído em 50 ml de água, a cada 15 dias após a emergência.

Foram realizados, durante o cultivo, a retirada manual de plantas daninhas dos vasos, aplicação de inseticida e fungicida, irrigação diária no início da manhã e final da tarde com o auxílio de regador até atingir a capacidade de campo e tutoramento utilizando-se barbantes e estacas de 2 metros de madeira. Para manutenção da casa de vegetação foram realizadas a retirada de plantas daninhas do chão dentro e no entorno da casa de vegetação e a limpeza da colméia a cada 3 meses.

Os cruzamentos foram realizados nos períodos mais frescos do dia, entre as 6 horas e as 9 horas e 30 minutos e entre as 16 horas e 30 minutos até as 18 horas, visando aumentar a taxa de pegamento dos cruzamentos. Foram colhidas flores recém abertas para a retirada do estigma, constituindo a fonte de grãos de pólen viáveis, gameta masculino, utilizando-se de pinça de ponta curva 90° serrilhada com guia e esterilizadas

com álcool 70° a cada passo, evitando a contaminação com grãos de pólen de outros genitores.

Logo após a coleta do estigma do genitor masculino foi realizada a abertura de botões florais do genitor feminino e retirada de todas as anteras (emasculação) para que não ocorra a autofecundação. Foi inserido dentro do botão floral o estigma contendo os grãos de pólen do doador masculino, obtendo assim os híbridos F₁. Utilizou-se genitores de grupos de origem diferentes, nos quais o genitor masculino é de centro de origem diferente do genitor feminino e contrastantes quanto à resistência ao mofo branco.

Os botões foram identificados por meio de placa de papel escrito a lápis, descrevendo os genitores masculino e feminino, além da data da realização do cruzamento. A placa foi amarrada em torno do pecíolo do botão floral com linha de costura comum de modo que o botão floral do cruzamento fosse identificado através da placa.

Foram obtidas três populações provenientes do cruzamento entre os genótipos do pool gênico Andino (BGF 20 e BGF 89) e Mesoamericano (BGF 13, PI 20 72 62 e BRS FC 402), sendo elas o cruzamento entre BGF 20 X PI 20 72 62, BGF 20 X BRS FC 402 e BGF 89 X BGF 13.

As vagens provenientes dos cruzamentos, progênie F₁, foram colhidas de acordo com o cruzamento, sendo separadas cada combinação de híbridos possíveis. Após a colheita foram secadas em temperatura de 33°C durante 2 dias ainda em vagem e após a secagem foi realizada a debulha manual das vagens. As sementes foram colocadas em sacos de papel e armazenadas em geladeira comum com temperatura média de 10°C. As sementes F₁ foram novamente plantadas seguindo a mesma metodologia descrita acima, porém não houve hibridação, assim obteve-se as sementes F₂ sendo a autofecundação das sementes F₁.

As sementes F₂ foram semeadas em copos de 440 ml preenchidos de substrato comercial até atingir 95% do volume total, sendo distribuída uma semente por copo em adubação com formulado comercial NPK 4 – 14 – 8 com cerca de 0,1 g por copo. Os parentais foram semeados em copos de 440 ml preenchidos de substrato comercial até atingir 95% do volume total, sendo distribuídas duas sementes por copo com adubação em formulado comercial NPK 4 – 14 – 8 com cerca de 0,1 g por copo. Foi realizada a

marcação feita por caneta permanente na lateral do copo o mais próximo possível do local onde a semente foi colocada.

3.2. Obtenção do isolado de *S. Slerotiorum* (Lib.) de Bary

O isolado de *S. Slerotiorum* (Lib.) de Bary SS – 495 foi obtido pelo prof. Dr. Eduardo Seiti Gomide Mizubuti da Universidade Federal de Viçosa, proveniente do estado de Minas Gerais. O isolado foi mantido inativo em forma de escleródio, com temperatura em torno de 10° C, evitando que o mesmo fosse sucessivamente repicado e perdesse a capacidade de infecção.

O escleródio foi novamente ativado ao ser colocado em condições ideais de desenvolvimento antes do plantio das plantas F₂, com as condições ideais consideradas: temperatura em torno de 25° C e fotoperíodo de 12h. O isolado foi cultivado em placa de petri contendo meio BDA (Batata Dextrose Ágar) e foi realizada a repicagem em torno de 4 – 5 dias antes da data de inoculação, de modo que não houvesse total preenchimento da placa de petri, estando o fungo em crescimento ativo.

3.3. Teste do canudo em plântulas “*seedling straw test*”

Foi adotado o método do canudo em plantas (*seedling straw test*) adaptado por Arkwazee e Myers (2017) para avaliação de resistência da população F₂. Plantas com 12 – 15 dias após a semeadura, que apresentaram as folhas cotiledonares totalmente desenvolvidas, porém com o primeiro trifólio não totalmente desenvolvido, tiveram um corte, realizado com bisturi esterilizado, no ápice da haste principal com entorno de um (1) cm acima do internódio das folhas cotiledonares.

O disco de BDA, contendo o fungo, foi então invertido na placa de petri e com auxílio de ponteira de 2 µl foram colocados em contato direto com o corte, para que haja contato direto do micélio do fungo com a lesão provocada. As plantas foram então levadas à câmara úmida por um período de 48 horas, com umidade acima de 95%, temperatura em torno de 25° C e fotoperíodo de 12 horas. Após a retirada das plantas

aguardou-se 24 horas para proceder a primeira avaliação no 3º dia, seguido de avaliação no 5º dia, 7º dia e 9º dia.

3.4. Variáveis analisadas

Foram avaliadas a altura de planta e altura de lesão em centímetros, nota em escala descritiva conforme proposto por Petzoldt e Dickson (1996) e adaptada por Arkwazee e Myers (2017), apresentado na tabela 1.

Tabela 2. Escala de notas para avaliação de resistência do feijão comum ao fitopatógeno *S. Sclerotiorum* (Lib.) de Bary proposto por Petzoldt e Dickson (1996) e adaptada por Arkwazee e Myers (2017).

Nota	Descrição
1	Sem sintomas além da área do corte;
2	Lesão entre o corte e a folha primária;
3	A lesão alcança o nó das folhas primárias;
4	A lesão ultrapassa o nó primário (apresenta um quarto de distância entre o nó primário e o nó cotiledonar);
5	A lesão alcança a metade do internódio entre a folha primária e o nó cotiledonar;
6	A lesão ultrapassa a metade do internódio entre a folha primária e o nó cotiledonar;
7	A lesão alcança o nó cotiledonar;
8	A lesão ultrapassa o nó cotiledonar e alcança a metade da haste entre o cotilédone e a superfície do solo;
9	A plântula se encontra colapsada e morre.

Com a nota do terceiro, quinto, sétimo e nono dia foi calculada a Área Abaixo da Curva de Progresso da Doença (AACPD) através do proposto por Shaner e Finney (1977), conforme fórmula abaixo.

$$AACPD = \sum_{1}^{n-1} \left(\frac{Y_i + Y_{i+1}}{2} \right) \cdot (t_{i+1} - t_i)$$

Onde:

n = número de observações;

Y_i = severidade da doença na “i”-ésima observação;

t_i = tempo em dias na “i”-ésima observação.

Com a altura da planta e altura da lesão foi calculada a Relação Doença Planta (RDP) no 5° dia, como proposta por dos Santos (2020), conforme a fórmula abaixo:

$$RDP = \frac{\text{comprimento da lesão na haste (cm)}}{\text{comprimento da haste da planta (cm)}} \times 100$$

3.5. Parâmetros genéticos

Foi utilizado o método do X^2 (qui-quadrado) para a identificar a proporção de segregação que mais se adequa aos dados obtidos através da análise no 5° dia através do software computacional Genes (2006), sendo consideradas as proporções indicadas na tabela 2.

Tabela 3. Proporções de segregação genética com diferentes interações alélicas

Número de genes	Interação alélica	Proporção de segregação
1	Dominância completa	2:1
1	Dominância incompleta	1:2:1
2	Epistasia	13:3
2	Dominância completa	56,25:37,5:6,25

Foi realizado o teste de escala conjunto desenvolvido por Mather e Jinks (1971) para as variáveis nota ao 3° dia, nota ao 5° dia, nota ao 7° dia, nota ao 9° dia, RDP e AACPD, onde foi obtida a variância ambiental através da fórmula:

$$VM_{F_2} = \frac{VM_{P_1} + VM_{P_2}}{2}$$

Onde:

VM_{F_2} = variância ambiental na população F_2

VM_{P_1} = Variância ambiental na população P_1 .

VM_{P_2} = variância ambiental na população P_1 .

Foi obtida a variância fenotípica em F_2 sendo definida através da fórmula:

$$\hat{\sigma}_{f(F_2)}^2 = \hat{\sigma}_{F_2}^2.$$

Onde:

$\hat{\sigma}_{f(F_2)}^2$ = variância fenotípica em F_2 .

$\hat{\sigma}_{F_2}^2$ = variância da F_2 .

A variância genotípica através da fórmula:

$$\hat{\sigma}_{g(F_2)}^2 = \hat{\sigma}_{F_2}^2 - \hat{\sigma}_{m(F_2)}^2$$

Onde:

$\hat{\sigma}_{g(F_2)}^2$ = variância genotípica.

$\hat{\sigma}_{F_2}^2$ = variância da F₂.

$\hat{\sigma}_{m(F_2)}^2$ = variância do meio.

A herdabilidade no sentido amplo foi obtida por:

$$h_a^2 = \frac{\hat{\sigma}_{g(F_2)}^2}{\hat{\sigma}_{g(F_2)}^2 + \hat{\sigma}_{m(F_2)}^2}$$

Onde:

h_a^2 = herdabilidade no sentido amplo.

$\hat{\sigma}_{g(F_2)}^2$ = variância genotípica.

$\hat{\sigma}_{m(F_2)}^2$ = variância do meio.

A determinação do número de genes (n) foi realizada através da fórmula desenvolvida por Wright (1934):

$$n = \frac{R^2 (1 + 0,5K^2)}{8 * \hat{\sigma}_g^2}$$

Onde:

n = número mínimo de genes envolvidos na determinação do caráter.

R = calculado de duas maneira diferentes, sendo $R = \bar{P}_1 - \bar{P}_1$ ou $R = \max_{F_2} - \min_{F_2}$.

$\hat{\sigma}_g^2$ = variância genética.

Todas as análises foram feitas utilizando-se o software computacional genes (2006).

4. RESULTADOS E DISCUSSÕES

A tabela 3 apresenta o *p-valor* obtido no teste de qui-quadrado para proporção de segregação para os diferentes tipos de interações alélicas analisadas.

O cruzamento entre os genótipos BGF 13 X BGF 89 e BGF 20 X PI207262 apresentou diferença significativa para todos as proporções, rejeitando-se a hipótese dos tipos de segregação aqui analisados. Para o cruzamento entre os genótipos BGF 20 X

BRS FC 402 não houve diferença significativa apenas para dois genes dominantes com proporção de 56,25:37,5:6,25.

Tabela 4. P-valor obtido através do teste de qui-quadrado para estimação da proporção de segregação das F₂ de diferentes cruzamentos de feijão comum em Cáceres – MT, 2021.

	1 gene dominância completa	1 gene dominância incompleta	2 genes epistasia	2 genes dominantes
BGF13 x BGF89	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001
BGF20 X PI 207262	0,0234	0,0001	0,0001	0,0052
BGF20 X BRS FC 402	0,0048	0,0001	0,0001	0,0802

A ação de dois genes dominantes não havia sido relatada, sendo a resistência fisiológica do mofo branco considerada parcial, com relatos que indicaram a provável ação de apenas 1 gene na expressão da resistência fisiológica do feijoeiro comum ao mofo branco (Carneiro *et al.*, 2011; Antonio *et al.*, 2008), em contrapartida foram encontrados diversos QTL's relacionados a essa característica (Miklas *et al.*, 2001; Soules *et al.*, 2011; Miklas *et al.*, 2013; Schwartz e Singh, 2013).

A expressão de dois genes dominantes indica a presença de gene de efeito maior, ainda que muitos genes estejam envolvidos na expressão da característica resistência do feijoeiro comum ao mofo branco

Tabela 5. Resumo dos dados obtidos pelo cruzamento entre genótipos BGF 13 X BGF 89 em casa de vegetação na cidade de Cáceres – MT, entre janeiro de 2020 e agosto de 2021.

Indivíduos / médias	Nota_5º dia	AACPD	RDP
Médias	5,87	19	61,60
Médias	6,83	18,5	65,01
1	1	4	0
2	7	26	100
3	1	4	0
4	2	9	12,82
5	8	28	100
6	3	17	100
7	8	30	100
8	8	29	100
9	3	16	50,81
10	5	22	100

Continua

Continuação

11	2	9	15,38
12	3	17	57,81
13	8	29	0
14	8	30	100
15	8	28	100
16	3	11	16,12
17	8	29	100
18	8	29	100
19	3	14	27,27
20	3	16	54,71
21	8	28	100
22	4	17	44
23	4	20	100
24	8	29	100
25	7	27	100
26	1	4	0
27	7	26	100
28	7	26	100
29	5	22	100
30	9	32	100
31	9	31	100
32	6	23	100
33	7	26	100
34	1	6	16,98
35	4	20	100
36	3	14	38,46
37	2	9	15,87
38	2	8	5,88
39	5	21	80
40	6	24	100
41	3	12	14,03
42	7	26	100
43	3	16	40
44	3	11	11,11
45	2	8	7,35
46	6	23	83,60
47	9	34	100
48	1	4	0
49	8	28	100
50	2	8	4,47
51	7	26	100
52	5	21	100

Continua

Continuação

53	3	11	17,54
54	3	12	11,66
55	7	25	100
56	1	4	0
57	3	11	10,22
58	9	34	100
59	8	30	100
60	8	31	100
61	6	24	100
62	5	21	100
63	3	12	9,33
64	7	26	100
65	3	16	42
66	2	8	8,33
67	4	19	84,31
68	8	29	100
69	8	28	100
70	3	13	16,92
71	7	26	100
72	2	9	11,47
73	7	27	100
74	3	10	14,28
75	6	24	100
76	3	11	18,18
77	1	4	0
78	3	12	10,66
79	4	19	100
80	5	21	100
81	7	26	100
82	8	29	100
83	6	23	72,85
84	3	17	70,68
85	3	14	33,33
86	1	4	0
87	3	13	37,03
88	1	4	0
89	3	15	73,17
90	3	12	14,67
91	6	24	100
92	3	16	53,33
93	1	6	11,67
94	1	6	13,46

Continua

Continuação

95	2	8	13,63
96	3	12	18,18
97	1	4	0
98	3	16	79,54
99	1	4	0
100	3	10	11,42
101	2	6	10
102	1	4	0
103	3	17	55,55
104	3	16	73,77
105	1	4	0
106	3	11	8,43
107	8	28	100
108	5	22	100
109	3	13	26,82
110	3	16	100
111	3	14	33,87
112	9	31	100
113	3	17	71,42
114	9	29	100
115	8	28	100
116	3	16	58,97
117	2	8	4,28
118	3	11	13,33
119	3	17	100
120	5	22	100
121	7	26	100
122	8	30	100
123	3	12	24,07
124	6	24	100
125	2	12	36,36
126	2	10	18,84
127	5	21	80,28
128	4	19	33,33
129	8	28	100
130	7	26	100
131	6	23	84,21
132	3	16	48,78
133	2	7	0
134	3	13	16,66
135	8	28	100
136	7	26	100

Continua

Continuação

137	8	30	100
138	4	19	75
139	5	21	81,42
140	3	15	44,44
141	1	7	18,33
142	2	8	11,76
143	3	15	54,34
144	1	4	0
145	8	28	100
146	2	8	5
147	2	8	10,90
148	8	29	100
149	7	26	100
150	3	14	33,87
151	6	24	100
152	3	17	100
153	3	16	46,66
154	2	9	12,19
155	7	26	100
156	4	19	67,39
157	4	19	70
158	1	4	0
159	3	16	43,05
160	3	11	16
161	7	26	100
162	7	26	100
163	2	8	4,61
164	5	22	64
165	3	16	44,87
166	2	9	16,66
167	2	8	10,16
168	5	21	73,75
169	7	26	100
170	1	4	0
171	9	32	100
172	3	12	27,58
173	2	8	4,61
174	9	32	100
175	2	8	16,66
176	6	23	65,55
177	3	16	58,33
178	3	17	66,19

Continua

Continuação

179	5	21	69,33
180	3	14	40
181	8	29	100
182	2	9	12,98
183	3	11	7,95
184	6	24	100
185	3	11	11,42
186	3	15	40,27
187	7	26	100
188	3	16	83,33
189	8	29	100
190	1	4	0
191	1	5	5,45
192	3	17	54,28
193	3	11	16,92
194	5	20	79,41

AACPD – Área Abaixo da Curva de Progresso da Doença, RDP – Relação Doença Planta.

Para o cruzamento entre os genótipos BGF 13 x BGF 89, apresentados na tabela 5 acima, foram encontrados 21 indivíduos classificados com nota 1; 24 indivíduos classificados com nota 2 e 59 indivíduos classificados com nota 3, totalizando 104 indivíduos resistentes para nota ao 5º dia. Para a variável RDP foram encontrados 18 indivíduos que não apresentaram desenvolvimento da doença e um total de 30 indivíduos classificados como resistentes pela variável RDP. Um total de 43 indivíduos foram considerados resistentes pela baixa magnitude de AACPD.

Tabela 6. Resumo dos dados obtidos pelo cruzamento entre genótipos BGF 20 x BRS FC 402 em casa de vegetação na cidade de Cáceres – MT, entre janeiro de 2020 e agosto de 2021.

Indivíduos / médias	Nota_5º dia	AACPD	RDP
MÉDIA	4,5	8,95	23,50
MÉDIA	3,37	10,86	20,47
1	3	9	4,70
2	3	11	15,62
3	2	8	8,82
4	4	13	10,76
5	7	17	14,92
6	3	9	12,5
7	3	8	3,75
8	3	9	11,49

Continua

Continuação

9	3	9	5
10	1	4	0
11	5	11	3,26
12	3	11	8,23
13	7	14	14,28
14	4	10	5,74
15	4	10	4,61
16	4	10	6,66
17	9	31	36,11
18	3	8	7,14
19	7	15	19,73
20	1	4	0
21	3	9	5,26
22	3	11	22,22
23	1	4	0
24	3	11	23,18
25	3	9	11,66
26	2	8	7,14
27	3	6	0
28	6	12	8,88
29	2	8	3,48
30	3	11	20
31	5	14	11,36
32	5	14	8,57
33	4	12	25
34	4	13	19,48
35	3	9	12,82
36	3	6	0
37	6	15	11,66
38	3	6	0
39	1	4	0
40	2	8	8,19
41	7	15	7,35
42	4	12	12,30
43	4	10	12,12
44	3	9	6,06
45	4	10	5,37
46	7	16	10
47	3	9	7,46
48	2	8	4,47
49	3	11	25,86
50	3	8	14,28

Continua

Continuação

51	3	12	18,18
52	6	14	11,47
53	8	16	16,92
54	3	9	5,81
55	4	12	10,41
56	4	13	10
57	3	10	11,25
58	5	14	13,33
59	4	12	10,60
60	3	7	0
61	4	11	9,23
62	7	22	30,35
63	3	12	9,72
64	4	12	15,38
65	7	14	15,38
66	9	33	58,49
67	2	8	2,60
68	4	12	22,72
69	3	9	7,27
70	9	31	38,46
71	3	9	12,90
72	9	24	36,36
73	8	23	33,33
74	9	18	9,67

AACPD – Área Abaixo da Curva de Progresso da Doença, RDP – Relação Doença Planta.

Para a variável Nota ao 5º dia do cruzamento BGF 20 x BRS FC 402, apresentados na tabela 6 acima, um total de 38 indivíduos foram classificados como resistentes, sendo quatro indivíduos classificados com nota 1, seis indivíduos obtiveram classificação de nota 2 e 28 foram classificados com nota 3. Oito indivíduos apresentaram RDP igual a 0, indicando nenhum desenvolvimento da doença na planta e um total de 35 indivíduos foram considerados resistentes pela RDP. Foram obtidos 29 indivíduos resistentes quanto à variável AACPD, indicado pelos menores valores de AACPD.

Tabela 7. Resumo dos dados obtidos pelo cruzamento entre genótipos BGF 20 x PI em casa de vegetação na cidade de Cáceres – MT, entre janeiro de 2020 e agosto de 2021,

Indivíduos / médias	Nota_5º dia	AACPD	RDP
Médias	3,37	16,25	20,47

Continua

Continuação

Médias	4,87	20,87	31,63
1	1	4	0
2	2	8	6,38
3	3	14	14
4	4	24	21,81
5	1	4	0
6	3	12	12,76
7	2	10	8,06
8	3	12	10,60
9	3	12	15
10	8	34	68,62
11	2	8	9,80
12	1	4	0
13	1	4	0
14	3	12	14,63
15	3	12	9,19
16	9	36	100
17	3	12	15
18	2	8	5,71
19	2	8	6,55
20	3	12	12,98
21	9	36	100
22	2	8	4,68
23	2	8	6,15
24	3	12	11,76
25	3	12	20
26	8	34	78,43
27	3	12	13,95
28	9	36	100
29	2	8	5
30	2	8	3,75
31	3	12	16,07
32	2	8	8,75
33	2	8	7,69
34	4	22	23,07
35	3	14	12,5
36	3	14	12
37	6	28	36,36
38	2	8	8,33
39	1	8	0
40	3	12	11,11

Continua

Continuação

41	4	22	17,91
42	1	6	0
43	2	8	7,27
44	3	12	9,09
45	3	12	15,38
46	8	34	76,92
47	3	12	18,18
48	2	8	6,09
49	3	14	14,58
50	1	4	0
51	3	12	15
52	3	12	10,66
53	4	20	18,86
54	4	22	19,27
55	7	30	41,66
56	7	32	48,14
57	3	12	17,77
58	3	12	13,33
59	1	4	0
60	1	4	0
61	3	12	15,38
62	3	12	7,81
63	5	26	31,25
64	3	12	15,87
65	4	22	18,57
66	3	12	12,72
67	2	8	5,97
68	7	32	51,11
69	2	8	8,06
70	7	32	36,66
71	8	34	45,71
72	7	30	34,14
73	7	32	42,85
74	2	8	5,45
75	2	8	8
76	5	20	32,72
77	3	12	22,22
78	8	32	46,80
79	1	4	0
80	3	12	17,85
81	2	8	5,12
82	3	12	15,55

Continua

Continuação

83	9	36	100
84	8	34	58,18
85	5	24	22,80

AACPD – Área Abaixo da Curva de Progresso da Doença, RDP – Relação Doença Planta.

No cruzamento entre os genótipos BGF 20 x PI 207262, apresentados na tabela 7 acima, um total de 59 indivíduos foram classificados como resistentes pela Nota ao 5º dia, sendo que 10 indivíduos apresentaram como nota 1, 19 indivíduos apresentaram classificação como nota 2 e 30 indivíduos apresentaram classificação como nota 3. Para a variável RDP foram obtidos um total de 10 indivíduos com magnitude 0, indicando a falta de área lesada. 32 indivíduos foram considerados resistentes pela variável. 28 indivíduos foram considerados resistentes pela AACPD, sendo estes os que apresentaram a menor magnitude para esta variável.

Para todos os cruzamentos a maioria dos indivíduos F₂ apresentaram resistência pela nota ao 5º dia, com 89,19%, 69,41% e 53,61% de indivíduos resistentes para os cruzamentos BGF 20 x BRS FC 402, BGF20 x PI 207262 e BGF 13 x BGF 89, respectivamente. Nota-se uma grande quantidade de indivíduos resistentes no cruzamento entre os genótipos BGF 20 x BRS FC 402 através da análise de nota ao 5º dia.

O amplo número de indivíduos resistentes observados no presente trabalho pode estar relacionado a idade das plantas e ao tempo decorrido entre a inoculação e a avaliação, sendo feita a inoculação em plântulas em torno de 15 dias após o plantio e as avaliações no 5º dia após a inoculação. Podemos supor que uma avaliação mais tardia poderia apresentar números diferentes de indivíduos resistentes, bem como maior tempo entre o plantio e a inoculação. O melhor uso do espaço, com conseqüente redução de custo, maior praticidade na execução e o menor tempo de obtenção dos dados são algumas das vantagens da utilização do método do canudo em plântulas, possibilitando maior volume de avaliações em curto espaço físico e temporal.

Tabela 8. Parâmetros genéticos da resistência de três diferentes cruzamentos entre genótipos de feijão comum ao fitopatógeno causador do mofo branco realizados em Cáceres – MT, 2021.

		BGF 13 X BGF 89	BGF 20 X PI 207262	BGF 20 X BRS FC 402
Variância Ambiental	Nota_5° dia	8,069	2,625	4,27
	RDP	79,745	18,026	33,151
	AACPD	102,292	668,207	372,009
Variância genotípica	Nota_5° dia	-1,945	2,633	-2,090
	RDP	602,6	81,577	-1,013
	AACPD	-30,307	529,608	106,051
Variância fenotípica	Nota_5° dia	6,124	5,258	2,186
	RDP	681,745	99,604	32,137
	AACPD	71,985	1,197,816	478,061
Herdabilidade no sentido amplo	Nota_5° dia	-31,762	50,07	-95,59
	RDP	88,39	81,90	-3,15
	AACPD	-42,10	44,21	22,18
Número de genes	Nota_5° dia	-4,112	3,038	-2,930
	RDP	2,074	1,569	-103,712
	AACPD	-3,711	2,360	11,786

RDP – Relação Doença Planta; AACPD – Área Abaixo da Curva de Progresso da Doença.

A variância ambiental, descrita na tabela 8, para o cruzamento BGF 13 x BGF 89 foi o maior componente da variação fenotípica para as variáveis Nota ao 5° dia e AACPD com respectivamente 77,14% e 80,57%, já para a variável RDP a variância ambiental foi de 11,14% da variação fenotípica.

O cruzamento entre os genótipos BGF 20 X PI 207262 teve variância ambiental considerada mediana, segundo Carneiro *et al.* (2011), explicando 49,92%, 55,78%, respectivamente, para as variáveis Nota ao 5° dia, AACPD e baixa variância ambiental para a variável RDP 18,09%.

A variância ambiental do cruzamento entre os genótipos BGF 20 X BRS FC 402 para as variáveis Nota ao 5° dia, RDP e AACPD explicou, respectivamente, 67,14%, 97,04% e 77,82% do fenótipo apresentado. Destaca-se no cruzamento entre BGF 20 X BR FC 402 uma grande divergência das proporções de RDP em relação aos

demais cruzamentos, sendo que o RDP apresentado para os outros dois cruzamentos apresentaram-se bem inferiores ao RDP apresentado por este cruzamento.

A alta influência da variância ambiental na variável RDP do cruzamento BGF 20 x BRS FC 402, na variável nota ao 5º dia para os cruzamentos BGF 13 x BGF 89 e BGF 20 x BRS FC 402 e ainda na variável AACPD no cruzamento BGF 13 x BGF 89, pode ser explicada pela superestimação da variância ambiental, o que pode ser confirmado pelo valor negativo apresentado pela variância genotípica para as variáveis indicadas. Searle (1971) indica que valores negativos da variância genotípica podem ser devido a superestimação da variância ambiental ou então a nulidade da influência genética na expressão dessa característica.

Os valores encontrados nesse experimento indicaram, no geral, moderada a alta influência do ambiente na reação a doença. A elevada influência dos fatores ambientais encontradas dificultam a precisão das estimativas dos parâmetros genéticos envolvidos na resistência do feijoeiro comum ao mofo branco, sendo necessário um maior número de indivíduos na progênie e avaliações consecutivas para aumentar a precisão dos resultados.

Outro fator que pode ser atribuído a variância ambiental encontrada neste experimento é a natureza poligênica da característica resistência ao mofo branco. Os genótipos de feijão comum apresentam resistência parcial ao mofo (JULIATTI *et al.*, 2015), sendo outro fator da alta variância ambiental encontrada nesse experimento.

A magnitude da herdabilidade foi mais elevada do que o relatado por Carneiro *et al.* (2011), na qual houve uma considerável influência da variância ambiental na variância fenotípica, com uma participação de 54,37% e 55,92% utilizando o método do canudo (*straw test*) com plantas de 28 e 38 dias respectivamente. Segundo Antonio *et al.* (2008), para garantir a identificação dos indivíduos resistentes recomendam-se várias avaliações com maior número de plantas avaliadas e em diferentes locais, uma vez que a resistência do feijoeiro comum ao mofo branco é muito influenciada pelo ambiente.

A alta influência do ambiente também foi relatada por Polloni-Barros *et al.* (2021) avaliando-se a resistência ao mofo branco em cruzamentos de soja pelo método do canudo. Encontrou-se baixa a moderada herdabilidade para essa característica, tornando-se necessários ensaios em condições ambientais diferentes e com múltiplos

isolados da doença para uma melhor identificação dos indivíduos resistentes, porém não podendo desprezar os dados de parâmetros genéticos encontrados.

A variância genotípica assumiu valores negativos para a variável RDP do cruzamento BGF 20 x BRS FC 402, na variável nota ao 5º dia para os cruzamentos BGF 13 x BGF 89 e BGF 20 x BRS FC 402 e ainda na variável AACPD no cruzamento BGF 13 x BGF 89. Segundo Searle (1971) a estimação parâmetros genéticos com magnitude negativa deve-se pela superestimação da variância ambiental e, portanto, deve-se assumir que o valor da variância genotípica seja zero (0). Nesse caso, entende-se que a variância ambiental teve total influência na expressão da resistência ao mofo branco pelo feijoeiro comum, ou ainda que a variância genotípica não teve importância na expressão da resistência ao mofo branco.

A variância genética obtida por Antonio *et al.* (2008) foi de magnitude negativa, semelhante ao encontrado nesse experimento o que indicou, segundo o autor uma redução da murcha causada pela doença, ou seja, a variância genética confere resistência ao mofo branco. A baixa magnitude da variância genotípica influencia diretamente a herdabilidade apresentada, sendo sugerido por Kandel *et al.* (2018) que a variância genotípica, o tamanho da população, o número de repetições e a frequência alélica interferem na herdabilidade.

A baixa variância ambiental é característica de que a resistência do feijoeiro comum ao mofo branco é governada por múltiplos genes, sendo provável a presença de genes de efeito maior.

Houve grande variância fenotípica entre os indivíduos F₂, conforme apresentado no Apêndice A, sendo possível classificar entre resistentes e susceptíveis através do teste do canudo em plântulas, constituindo um método de avaliação eficaz na obtenção de genótipos superiores. Os parentais BGF 20 apresentaram resistência ao mofo branco pela Nota ao 5º dia, com média de 3,37, enquanto os genótipos BGF 13 com média 5,12, BGF 89 com média 4,5, BRS FC 402 com média 4,5 e PI 207262 com média 4,87, foram considerados susceptíveis ao mofo branco.

Entre os métodos de avaliação em casa de vegetação já utilizados para a reação do feijão comum ao mofo branco tem-se destaque para o teste do canudo (*straw test*) e o teste do canudo em plântulas (*seedling straw test*). Podemos sugerir que este método

é eficiente na distinção dos genótipos resistentes e susceptíveis, tornando-se um meio importante na avaliação de progênies de feijão comum quanto a reação ao mofo branco, visto que foram eficientes na distinção dos indivíduos resistentes e susceptíveis através da escala diagramática sugerida. A eficiência do teste do canudo é indicada em trabalhos anteriores, gerando dados confiáveis da expressão da resistência ao mofo branco (PETZOLDT e DICKSON, 1996; TERAN *et al.*, 2006; SCHWARTZ *et al.*, 2006; CARNEIRO *et al.*, 2011; ARKWAZEE e MYERS, 2017).

O método de inoculação direta em casa de vegetação, como o teste do canudo em plântulas, tem se sobressaído aos testes a campo na determinação da resistência fisiológica, principalmente pela natureza poligênica da reação de resistência ao mofo branco e da interferência dos mecanismos de resistência, como porte ereto, resistência ao acamamento e dossel da planta (MIKLAS *et al.*, 2001; CARNEIRO *et al.*, 2011; LOBO JUNIOR *et al.*, 2015).

A herdabilidade no sentido amplo foi muito divergente, tendo alta magnitude para a variável RDP dos cruzamentos BGF 13 X BGF 89 e BGF 20 X PI 207262, sendo de 88,39% e 81,90%, respectivamente. De acordo com Stansfield (1974), a herdabilidade encontrada neste experimento foi moderada a alta e herdabilidade com magnitude negativa para as variáveis Nota ao 5º dia nos cruzamentos variável RDP do cruzamento BGF 13 X BGF 89 e BGF 20 X BRS FC 402, variável RDP no cruzamento entre BGF 20 X BRS FC 402 e variável AACPD no cruzamento BGF 13 X BGF 89.

A herdabilidade moderada indica que, apesar de ser considerável a ação da variância genotípica na expressão da característica, o efeito ambiental é mais expressivo, ou seja, a característica é altamente influenciada pelo ambiente. A herdabilidade apresentada neste experimento indica que a seleção dos fenótipos superiores quanto a resistência ao mofo branco é viável em programas de melhoramento baseados na seleção. Deve-se ter atenção a pressão de seleção a ser utilizada, pois, pode-se frequentemente selecionar genótipos que se expressaram mais resistentes devido a influência ambiental.

A herdabilidade encontrada por Polloni-Barros *et al.* (2021) foi semelhante a literatura, com magnitude de 47%. Os autores afirmam que esses resultados indicam alta

a moderada influência do ambiente na expressão da característica, de acordo com o observado no experimento.

A herdabilidade encontrada nesse experimento indica que a seleção pelo fenótipo resistente é também responsável pela seleção dos alelos favoráveis à essa característica, porém deve ser realizada com baixa pressão de seleção (LEITE *et al.*, 2016; POLLONI-BARROS *et al.*, 2021). A herdabilidade negativa indica uma superestimação da variância ambiental ou ainda que a variância da característica diminuiu expressivamente (AZEVEDO, 2000; ROSSMANN, 2001).

A herdabilidade de magnitude negativa indica que a variância ambiental foi determinante na expressão de resistente, sendo a variância genotípica pouco expressiva ou mesmo nula.

Carneiro *et al.* (2011) encontrou herdabilidade no sentido amplo de 31% e 44%, enquanto a herdabilidade no sentido restrito foi de 33% pelo método do teste do canudo. Antonio *et al.* (2008) obtiveram herdabilidade no sentido amplo de 33% e herdabilidade no sentido restrito de 30% pelo método do ácido oxálico. Esses resultados indicam que o efeito dominante foi mais pronunciado do que o efeito aditivo, pois a herdabilidade no sentido amplo teve maior magnitude do que a herdabilidade no sentido restrito.

Nesse experimento, somente a herdabilidade no sentido amplo foi obtida, sendo necessária a continuação de experimentos envolvendo, além dos parentais, as gerações F₁, F₂, RC₁ e RC₂, sendo possível, também, encontrar a magnitude da herdabilidade no sentido restrito.

A herdabilidade no sentido amplo encontrada nesse experimento é significativamente importante, pois indica que a seleção de fenótipos resistentes em gerações segregantes permite a seleção de alelos favoráveis, sendo recomendado por Leite *et al.* (2016) e Polloni-Barros *et al.* (2021) a baixa pressão de seleção em gerações precoces, devido, principalmente, à influência ambiental na característica.

Para todas as variáveis analisadas o número de genes indicados pela metodologia de Wright (1934) foi maior que dois (2), exceto na característica RDP para o cruzamento BGF 20 X PI 207262, indicando a natureza poligênica da resistência fisiológica do feijoeiro comum ao mofo branco. A estimativa do número de genes foi subestimada para algumas variáveis, assumindo valores negativos, sendo elas Nota ao

5º dia para os cruzamentos BGF 13 X BGF 89 e BGF 20 X BRS FC 402, RDP para o cruzamento BGF 20 X BRS FC 402 e AACPD para o cruzamento BGF 13 X BGF 89.

Os resultados obtidos por Carneiro *et al.* (2011) e Antonio *et al.* (2008) são discordantes dos obtidos no presente estudo, sendo indicada a ação de um gene na expressão da resistência ao mofo branco. Diversos são os estudos em que a expressão da resistência ao mofo branco pela ação de múltiplos genes é indicada, tanto para o feijoeiro comum (MIKLAS *et al.*, 2001; SOULES *et al.*, 2011; MIKLAS *et al.*, 2013; SCHWARTZ e SINGH, 2013; MAXWELL *et al.*, 2007) quanto para a soja (KANDEL *et al.*, 2018; ANTWI – BOASIAKO *et al.*, 2021; ZHAO *et al.*, 2019; KIM e DIERS, 2000).

Segundo Polloni-Barros *et al.* (2021), a presença de indivíduos resistentes e susceptíveis é indicativo de herdabilidade moderada e da natureza poligênica da característica resistência ao mofo branco. A estimativa do número de genes é influenciada pela variância ambiental, portanto uma subestimação do número de genes pode ocorrer, porém os dados obtidos ainda são uma boa estimativa do número mínimo de genes envolvidos na expressão da resistência ao mofo branco (CARNEIRO *et al.*, 2011).

Portanto, os dados obtidos corroboram a teoria da presença de múltiplos genes na expressão da característica resistência do feijoeiro comum ao mofo branco, como a alta variância ambiental em relação a variância genotípica demonstra a natureza poligênica. Diferente do que ocorre em características governadas por um único gene, a variância genética é, no geral, menor do que a variância ambiental.

A determinação dos parâmetros genéticos é determinante na decisão do método de melhoramento a ser seguido (BALDISSERA *et al.*, 2014). Recomenda-se evitar o emprego da seleção massal no melhoramento visando resistência fisiológica do feijoeiro comum ao fungo mofo branco. Alguns critérios como a alta influência ambiental e a herdabilidade moderada são parâmetros genéticos que dificultam o emprego deste método. Recomenda-se o prosseguimento de programas de melhoramento pelo método genealógico e Método SSD (descendente de uma única semente), em detrimento do uso do método de População (Bulk) e do método de retrocruzamento.

Importantes resultados foram obtidos nesse experimento, fundamentais na determinação da sequência do programa de melhoramento para obter o maior ganho em

relação a resistência genética do feijoeiro comum ao mofo branco. Esclarecimento acerca da natureza poligênica pôde ser observada nos dados obtidos nesse experimento, no qual o número de genes indicados pela metodologia de Wright (1934) foi empregado e um número mínimo de genes superior a dois foram encontrados.

A ação de dois genes dominantes obtidos pelo teste de qui-quadrado pode ser indicativa da ação de efeito maior em genes relacionados a resistência ao mofo branco pelo feijoeiro comum. Este resultado é importante principalmente quando analisado junto ao número de genes obtidos nesse experimento, que, para algumas variáveis, indicavam o número genes igual ou superior a dois.

Essa hipótese é compatível com os diferentes fenótipos observados, nos quais houve grande variação da expressão de resistência ao mofo branco. A variância ambiental em caracteres controlados por múltiplos genes são, no geral, moderadas a alta, assim como o encontrado neste experimento, o que corrobora a nossa teoria.

Recomenda-se o uso de maior número de plantas F_2 por cruzamento obtido, pois há um aumento na precisão das estimativas dos parâmetros genéticos, principalmente por diminuir a chance de superestimação da variância ambiental. Outra recomendação para trabalhos futuros é a utilização dos retrocruzamentos para a obtenção da herdabilidade do sentido restrito e assim estimar a herdabilidade resultante da variância aditiva, ou seja, dos alelos que são passados a sua progênie.

A magnitude da variância ambiental pode ser mais precisamente estimada com um maior controle do ambiente, sendo possível o controle de temperatura, fotoperíodo e irrigação em trabalhos futuros. A estimativa da herdabilidade no sentido restrito é de fundamental importância no avanço dos conhecimentos acerca dos parâmetros genéticos relacionados à resistência genética do feijoeiro comum ao fungo mofo branco.

5. CONCLUSÃO

Os parâmetros genéticos obtidos acerca do número mínimo de genes, herdabilidade no sentido amplo e variâncias, obtidos nesse experimento, permitem concluir que a característica resistência do feijoeiro comum ao fungo mofo branco possui natureza poligênica, sendo governado possivelmente por dois genes de efeito

maior com moderada a alta herdabilidade e alta influência ambiental na expressão da característica.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ANTONIO, R. P. et al. Genetic control of the resistance of common beans to white mold using the reaction to oxalic acid. **Genetics and Molecular Research**, v. 7, n. 3, p. 733-740, 2008.
- ANTWI-BOASIAKO, A. *et al.* Progress towards germplasm evaluation and genetic improvement for resistance to Sclerotinia white mold in soybean. **Euphytica**, v. 217, n. 9, p. 1-18, 2021.
- ARKWAZEE, H. & MYERS, J. R. **Seedling straw test: A rapid and resource-efficient method for evaluating white mold resistance**. 2017.
- BALDISSERA, J. N. da C. *et al.* Fatores genéticos relacionados com a herança em populações de plantas autógamas. **Revista de Ciências Agroveterinárias**, v. 13, n. 2, p. 181-189, 2014.
- BARBOSA, F. R. *et al.* Feijão resistente ao mosaico-dourado. **Embrapa Arroz e Feijão-Circular Técnica (INFOTECA-E)**, 2021.
- BARBOSA, F. R.; GONZAGA, A. C. de O. Informações técnicas para o cultivo do feijoeiro-comum na Região Central-Brasileira: 2012-2014. **Embrapa Arroz e Feijão-Documentos (INFOTECA-E)**, 2012.
- BESPALHOK F., J. C.; GUERRA, E. P.; OLIVEIRA, R. Melhoramento de plantas autógamas. In: BESPALHOK F., J.C.; GUERRA, E.P.; OLIVEIRA, R. **Melhoramento de Plantas**.
- BIANCHINI, A.; MARINGONI, A. C.; CARNEIRO, S. M. T. P. G. Doenças do feijoeiro In: KIMARI, H. *et al.* **Manual de fitopatologia**, v. 2, 3 ed, editora Agronômica Ceres Ltda. São Paulo, 1997.
- BITOCCHI, E. *et al.* Mesoamerican origin of the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) is revealed by sequence data. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 109, n. 14, p. E788-E796, 2012.
- BONETT, L. P. *et al.* Compostos nutricionais e fatores antinutricionais do feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.). **Arquivos de Ciências da Saúde da UNIPAR**, v. 11, n. 3, 2007.
- BRASIL, Ministério da Agricultura e Reforma Agrária. Regras para análise de sementes. Brasília: SNDA/DNDV/CLAV, 1992. 365p.
- CAMPOS, E. D.; SILVA, L. H. C.; SILVA, J. Avanço branco. **Cultivar: Grandes Culturas**, nº153, p14-17, 2012.
- CARDOSO, J. E. Mofo Branco In: SARTORATO, A.; RAVA, C.A. **Principais doenças do feijoeiro comum e seu controle**. EMBRAPA-SPI, Brasília; 1994. 300p. (EMBRAPA-CNPAF. Documentos, 50).
- CARDOSO, C. R.; OLIVEIRA, C. B.; FLOR, I. da M. Agentes Biológicos como Alternativa no Controle do Mofo Branco. In: JACCOUD FILHO, D.S; HENNENBERG, L.; GRABICOSKI, E. M. G.; **Mofo Branco**. Ponta Grosso: Todapalavra, 2015. P. 245 - 257.

- CARNEIRO, F. F. *et al.* Genetics of common bean resistance to white mold. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 11, p. 165-173, 2011.
- CARNEIRO, H. S. Comida e sociedade: significados sociais na história da alimentação. **História: questões & debates**, v. 42, n. 1, 2005.
- CASTRO, É. De C.; FIDELIS, A. C.; WANDER, A. E. MERCADO DE CULTIVARES DE FEIJÃO-COMUM (*Phaseolus vulgaris*) NO BRASIL. **Informe Gepec**, v. 23, n. 1, p. 181-198, 2019.
- COELHO, C. G.; OLIVEIRA, L. Dos S. G.; BERNARDES, L. MELHORAMENTO DO FEIJOEIRO NO BRASIL: UMA REVISÃO DE LITERATURA. **Encontro Latino Americano de Iniciação Científica**. Alegre- ES. 2017.
- COELHO, C. M. M. *et al.* Diversidade genética em acessos de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.). **Ciência Rural**, v. 37, n. 5, p. 1241-1247, 2007.
- CONAB - Companhia Nacional de Abastecimento. **Perspectiva para a agropecuária safra 2020/2021 edição grãos** – v.8 – Brasília: Conab 2020.
- CONAB - Companhia Nacional de Abastecimento. **SÉRIE HISTÓRICA DAS SAFRAS** – Brasília: Conab 2021. Disponível em: < <https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/serie-historica-das-safras>>. Acessado em: 24 de abril de 2021.
- CONAB, COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **A cultura do feijão** – Brasília: Conab, 2018.
- COSTA, J. G. C. Melhoramento para resistência a doenças e pragas do feijoeiro comum. In: **CONGRESSO NACIONAL DE PESQUISA DE FEIJÃO**, 2008, Campinas. Ciência e tecnologia na cadeia produtiva do feijão. Campinas: Instituto Agrônomo, 2008.
- DA SILVA NEVES, S. M. A., NUNES, M. C. M., & NEVES, R. J. Caracterização das condições climáticas de Cáceres/MT-Brasil, no período de 1971 a 2009: subsídio às atividades agropecuárias e turísticas municipais. **Boletim goiano de geografia**, v. 31, n. 2, p. 55-68, 2011.
- DA SILVA, H. T. Descritores mínimos indicados para caracterizar cultivares/variedades de feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.). **Embrapa Arroz e Feijão-Documents (INFOTECA-E)**, 2005.
- DE AZEVEDO, V. H. **Herança da resistência da soja ao Diaporthe phaseolorum f. sp. meridionalis e eficiência na seleção de caracteres agrônômicos**. 2000. Tese de Doutorado. Universidade Federal de Viçosa.
- DE OLIVEIRA, L. F. C. *et al.* Conhecendo a fenologia do feijoeiro e seus aspectos fitotécnicos. **Embrapa Arroz e Feijão-Livro técnico (INFOTECA-E)**, 2018.
- DE RON, A. M. *et al.* Common bean. In: **Grain legumes**. Springer, New York, NY, 2015. p. 1-36.
- DEBOUCK, D. G.; HIDALGO H., R. 1986. The root In: _____ **Morphology of the Common Bean Plant Phaseolus vulgaris**. Cali, colômbia 1986. CIAT 56p.

- DEMANT, L. A. R; MARINGONI, A. C. Controle da mancha angular do feijoeiro com uso de fungicidas e seu efeito na produção das plantas. **Idesia (Arica)**, v. 30, n. 2, p. 93-100, 2012.
- DINIZ, A. L. **Diversidade genética entre acessos cultivados de feijão comum (Phaseolus vulgaris L.): uma abordagem in silico a partir dos genes-Phs e FR01.** 2012. Tese de Doutorado. Universidade de São Paulo.
- DOS SANTOS, L. R. Z. **Identificação de fontes de resistência do feijão comum ao fitopatógeno *Sclerotinia sclerotiorum* (Lib.) de Bary.** 2020.
- DOS SANTOS, P. F. dos *et al.* **Aspectos epidemiológicos do mofo-branco e feijão comum.** 2013.
- ESCOBAR, E. *et al.* New genomic regions associated with white mold resistance in dry bean using a MAGIC population. **The Plant Genome**, p. e20190, 2022.
- FAO – Food and Agriculture Organization of the United Nations. **Crops**, 2019. Disponível em < <http://www.fao.org/faostat/en/#data>>. Acessado em: 25 de abril de 2021.
- FAO – Food and Agriculture Organization of the United Nations. **Crops and livestock products**, 2020. Disponível em < <https://www.fao.org/faostat/en/#data/QCL/visualize>>. Acessado em: 03 de março de 2022.
- FARIA, L. C. de *et al.* Progresso genético em 22 anos de melhoramento do feijoeiro-comum do grupo carioca no Brasil. In: **Embrapa Semiárido-Artigo em anais de congresso (ALICE)**. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS, 7., 2013, Uberlândia. Variedade melhorada: a força da nossa agricultura: anais. Viçosa, MG: SBMP, 2013., 2013.
- FRANCO, M. C. Et. Al. Caracterização da diversidade genética em feijão por meio de marcadores RAPD **Pesq. agropec. bras.**, Brasília, 2001. v. 36, n. 2, p. 381-385.
- GONÇALVES-VIDIGAL, M. C. *et al.* New Andean source of resistance to anthracnose and angular leaf spot: Fine-mapping of disease-resistance genes in California Dark Red Kidney common bean cultivar. **PLoS one**, v. 15, n. 6, p. e0235215, 2020.
- GRIGOLO, S.; FIOREZE, A. C. C. L. Potencial de hibridação entre cultivares de feijão comum de diferentes grupos gênicos. In: **Colloquium Agrariae**. ISSN: 1809-8215. 2018. p. 67-78. Grosso: Todapalavra - ISBN: 978-85-62450-49-5, 2017. P. 29 73.
- IBGE. **Área plantada, área colhida e produção, por ano da safra e produto das lavouras**, 2018. Disponível em: <https://sidra.ibge.gov.br/tabela/1618#resultado>. Acesso em: 01/10/2018.
- JACCOUD FILHO, D.S.; NASSER, L. C. B.; HENNENBERG, L.; GRABICOSKI, E. M. G.; JULIATTI, F. C. Mofo-Branco: Introdução, Histórico, Situação Atual e Perspectivas. In: JACCOUD FILHO, D.S; HENNENBERG, L.; GRABICOSKI, E. M. G.; **Mofo Branco**. Ponta Grosso: Todapalavra, 2017. P. 29 – 73.
- JULIATTI, F. C. *et al.* *Sclerotinia sclerotiorum* e Mofo branco: Estudos básicos e aplicados. Ver. **Anual de Patol. Plantas**, v. 23, p. 159-194, 2015.

- KAMI, J.; VELÁSQUEZ, V. B.; DEBOUCK, D. G.; GEPTS P. **Identification of presumed ancestral DNA sequences of phaseolin in Phaseolus vulgaris**. USA, 1995. Proc. Natl. Acad. Sci.
- KANDEL, R. *et al.* Soybean resistance to white mold: evaluation of soybean germplasm under different conditions and validation of QTL. **Frontiers in plant science**, v. 9, p. 505, 2018.
- KIM, H. S.; DIERS, B. W. Inheritance of partial resistance to *Sclerotinia* stem rot in soybean. **Crop Science**, v. 40, n. 1, p. 55-61, 2000.
- KNAPP, S. J.; STROUP, W. W.; ROSS, W. M. Exact confidence intervals for heritability on a progeny mean basis 1. **Crop Science**, v. 25, n. 1, p. 192-194, 1985.
- KOENIG, R.; GEPTS, P. Allozyme diversity in wild Phaseolus vulgaris: further evidence for two major centers of genetic diversity. **Theoret. Appl. Genetics** v78, ed. 6: 809-817, 1989. <https://doi.org/10.1007/BF00266663>.
- KÖPPEN, W. Grundriss der klimakunde. **de Gruyter**, 1931.
- LEITE, M. E. *et al.* Increasing the resistance of common bean to white mold through recurrent selection. **Scientia Agricola**, v. 73, p. 71-78, 2016.
- LOBO JUNIOR, M.; GERALDINE, A.M.; CARVALHO, D.D.C.; COBUCCI, T. **Uso de cultivares de feijão comum com arquitetura ereta e ciclo precoce para escape do mofo branco**. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2009. 4p. (Embrapa Arroz e Feijão. Comunicado técnico, 182).
- LOBO JUNIOR, M.; DOS SANTOS, P. F.; CIVARDI, E. A. O Mofo-Branco na cultura do Feijão: Situação Atual e Perspectivas. In: JACCOUD FILHO, D.S; HENNENBERG, L.; GRABICOSKI, E. M. G.; **Mofo Branco**. Ponta Grosso: Todapalavra, 2015. P. 141 – 146.
- MAMIDI, S. *et al.* Investigation of the domestication of common bean (*Phaseolus vulgaris*) using multilocus sequence data. **Functional Plant Biology**, v. 38, n. 12, p. 953-967, 2011.
- MAMIDI, S., MIKLAS, P. N., TRAPP, J., FELICETTI, E., GRIMWOOD, J., SCHMUTZ, J., LEE, R., & MCCLEAN, P. E. Sequence-based introgression mapping identifies candidate white mold tolerance genes in common bean. **The Plant Genome**, 2016. 9.
- MATHER, K.; JINKS, J. L. Components of means: additive and dominance effects. In: **Biometrical Genetics**. Springer, Boston, MA, 1971. p. 65-82.
- MAXWELL, J. J. *et al.* Quantitative trait loci linked to white mold resistance in common bean. **Crop Science**, v. 47, n. 6, p. 2285-2294, 2007.
- MENTEN, J. Ó. M.; KREYCI, P. F.; STASIEVSKI, H. C. O Uso de Produtos Químicos no Manejo do mofo-Branco: Situação Atual e Perspectivas. In: JACCOUD FILHO, D.S; HENNENBERG, L.; GRABICOSKI, E. M. G.; **Mofo Branco**. Ponta Grosso: Todapalavra, 2015. P. 141 – 146.

- MIKLAS, P. N. *et al.* QTL conditioning physiological resistance and avoidance to white mold in dry bean. **Crop Science**, v. 41, n. 2, p. 309-315, 2001.
- MIKLAS, P. N., DELORME, R., & RILEY, R. Identification of QTL conditioning resistance to white mold in snap bean. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, 2003. 128, 564– 570.
- MIKLAS, P. N. *et al.* Characterization of white mold disease avoidance in common bean. **European Journal of Plant Pathology**, v. 135, n. 3, p. 525-543, 2013.
- PÉREZ-VEGA, E., PASCUAL, A., CAMPA, A., GIRALDEZ, R., MIKLAS, P. N., & FERREIRA, J. J. Mapping quantitative trait loci conferring partial physiological resistance to white mold in the common bean RIL population Xana × Cornell 49242. **Molecular Breeding**, 2012. 29, 31– 41.
- PETZOLDT, R.; DICKSON, M. H. **Straw test for white mold in beans**. 1996. <https://naldc.nal.usda.gov/download/IND20562675/PDF> Acesso em: 26/09/2018.
- PINTO, J. V. *et al.* **Propriedades físicas, químicas, nutricionais e tecnológicas de feijões (Phaseolus vulgaris L.) de diferentes grupos de cor**. 2016.
- POLLONI-BARROS, L. C. *et al.* Soybean genotypes selection with resistance to White Mold and agronomic performance from moderately resistant parents. **Scientia Agricola**, v. 79, 2021.
- RAVA, C. A. *et al.* Fontes de resistência à antracnose, crestamento-bacteriano-comum e murcha-de-*curtobacterium* em coletas de feijoeiro-comum. **Embrapa Arroz e Feijão-Artigo em periódico indexado (ALICE)**, 2003.
- RAVA, C. A.; SARTORATO, A. **Crestamento bacteriano comum**. In: SARTORATO, A.; RAVA, CA (Ed.). **Principais doenças do feijoeiro comum e seu controle**. Brasília, DF: EMBRAPA-SPI, 1994.
- RICARDO, T. R.; WANDER, A. E.; LOBO JÚNIOR, M. Custos associados ao mofo branco (*Sclerotinia sclerotiorum*) em feijoeiro comum de 3. safra em Goiás. In: **Embrapa Arroz e Feijão-Artigo em anais de congresso (ALICE)**. In: CONGRESSO NACIONAL DE PESQUISA DE FEIJÃO, 9., 2008, Campinas. Ciência e tecnologia na cadeia produtiva do feijão. Campinas: Instituto Agrônômico, 2008.
- ROSSI, M. *et al.* Linkage disequilibrium and population structure in wild and domesticated populations of *Phaseolus vulgaris* L. **Evolutionary Applications**, v. 2, n. 4, p. 504-522, 2009.
- ROSSMANN, H. **Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos de uma população de soja avaliada em quatro anos**. 2001. Tese de Doutorado. Universidade de São Paulo.
- RUAS, J. F. Companhia Nacional de Abastecimento. **Perspectiva para a agropecuária safra 2020/2021 edição grãos – v.8 – Brasília: Conab 2020a**.
- RUAS, J. F. Companhia Nacional de Abastecimento. **Perspectiva para a agropecuária safra 2019/2020 edição grãos – v.7 – Brasília: Conab 2019**.

- RUAS, J. F. CONAB. COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Análise mensal – Feijão: julho/agosto/setembro/2020** – safra 2020/2021; Brasília: Conab 2020.
- SALVADOR, C. A. Feijão: Análise da Conjuntura Agropecuária. **Curitiba: SEAB**, 2012.
- SARTORATO, A. Novas fontes de resistência do feijoeiro comum à mancha angular. **Fitopatologia Brasileira**, v. 31, p. 192-194, 2006.
- SCHMUTZ, J. *et al.* A reference genome for common bean and genome-wide analysis of dual domestications. **Nature genetics**, v. 46, n. 7, p. 707-713, 2014.
- SCHOONHOVEN, A. V.; VOYSEST, O. (Ed.). Common beans: research for crop improvement. **Wallingford: CAB/CIAT**, 1991. p. 7-53.
- SCHWARTZ, H. F. *et al.* Inheritance of white mold resistance in *Phaseolus vulgaris* × *P. coccineus* crosses. **Plant Disease**, v. 90, n. 9, p. 1167-1170, 2006.
- SCHWARTZ, H. F.; SINGH, S. P. Breeding common bean for resistance to white mold: A review. **Crop science**, v. 53, n. 5, p. 1832-1844, 2013.
- SEARLE, S. R. **Linear Models**. Nova Iorque. 1971. John Wiley, 532p.
- SHANER, G.; FINNEY, R. E. The effect of nitrogen fertilization on the expression of slow-mildewing resistance in Knox wheat. **Phytopathology**, v. 67, n. 8, p. 1051-1056, 1977.
- SILVA, G. R. **Seleção de Genitores e Mapeamento Associativo da Resistência Fisiológica ao Mofo Branco e da Tolerância ao Estresse Hídrico em Feijão Comum**. Alta Floresta/Cáceres/Tangará da Serra: Universidade do Estado de Mato Grosso, 2021. 122 p. (Dissertação – Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- SILVA, O. F.; WANDER, A. E. **O feijão-comum no Brasil: passado, presente e futuro**. Documentos / Embrapa Arroz e Feijão, ISSN 1678-9644; 287 2018.
- SOULE, M. *et al.* Comparative QTL map for white mold resistance in common bean, and characterization of partial resistance in dry bean lines VA19 and I9365-3. **Crop Science**, v. 51, n. 1, p. 123-139, 2011.
- Stansfield, W.D. (1974). **Genética**. McGraw-Hill do Brasil, São Paulo.
- TEIXEIRA, P. H. *et al.* **Desempenho de genótipos de feijão-comum selecionados para resistência parcial ao mofo-branco**. 2018.
- TERÁN, H. *et al.* Modified Petzoldt and Dickson scale for white mold rating of common bean. **Annual Report-Bean Improvement Cooperative**, v. 49, p. 115, 2006.
- THEODORO, G. de F.; HERBES, D. H.; MARINGONI, A. C. Fontes de resistência à *murcha-de-curtobacterium* em cultivares locais de feijoeiro, coletadas em Santa Catarina. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 31, p. 1333-1339, 2007.
- TSUTSUMI, C. Y.; BULEGON, L. G.; PIANO, J. T. Melhoramento genético do feijoeiro, avanços, perspectivas e novos estudos. **Nativa**, v. 3, n. 3, p. 217-223, 2015.

WANDER, A. E.; DA SILVA, O. F.; FERREIRA, C. M. O arroz e o feijão no Brasil e no mundo In: FERREIRA, C. M.; BARRIGOSI, J. A. F. Arroz e feijão: tradição e segurança alimentar. **Embrapa Arroz e Feijão**. 2021.

WENDLAND, A. *et al.* Doenças do feijoeiro. **Manual de fitopatologia: doenças das plantas cultivadas**, v. 2, p. 3, 2016.

WRIGHT, S. The results of crosses between inbred strains of guinea pigs, differing in number of digits. **Genetics**, v. 19, n. 6, p. 537, 1934.

ZHAO, X. *et al.* Identification of QTL and analysis QTL with tolerance to *Sclerotinia sclerotiorum* in soybean. **Journal of Northeast Agricultural University (English Edition)**, v. 26, n. 3, p. 9-17, 2019.