

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

LIDIANE RENATA ZOCAL DOS SANTOS

**Identificação de fontes de resistência do feijão comum ao fitopatógeno
Sclerotinia sclerotiorum (Lib.) de Bary**

**CÁCERES
MATO GROSSO – BRASIL
FEVEREIRO – 2020**

LIDIANE RENATA ZOCAL DOS SANTOS

**Identificação de fontes de resistência do feijão comum ao fitopatógeno
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, para a obtenção do título de Mestre.

Orientador: Prof. Dr. Thiago Alexandre Santana Gilio

Coorientador: Prof^a. Dr^a Leonarda Grillo Neves

CÁCERES
MATO GROSSO – BRASIL
FEVEREIRO – 2020

- S237i SANTOS, Lidiane Renata Zocal Dos.
Identificação de Fontes de Resistência do Feijão Comum ao Fitopatógeno *Sclerotinia Sclerotiorum* (Lib.) de Bary / Lidiane Renata Zocal dos Santos - Alta Floresta/Cáceres/Tangará da Serra, 2020.
42 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, 2020.
Orientador: Thiago Alexandre Santana Gilio
Coorientador: Leonarda Grillo Neves
1. Phaseolus Vulgaris. 2. Sclerotinia Sclerotiorum. 3. Resistência Genética. I. Lidiane Renata Zocal dos Santos. II. Identificação de Fontes de Resistência do Feijão Comum ao Fitopatógeno *Sclerotinia Sclerotiorum* (Lib.) de Bary: .
CDU 633.35

À minha mãe Nair Zocal dos Santos, aos meus irmãos Aline Zocal e Alan Zocal, e a todos que de alguma forma contribuíram para que eu pudesse realizar esse sonho.

DEDICO.

AGRADECIMENTOS

A Deus em primeiro lugar por todas as bênçãos conquistadas.

Ao professor Dr. Thiago Alexandre Santana Gilio pela orientação, conselhos, paciência, conhecimentos transmitidos e compreensão nos momentos difíceis que passei. Sou muita grata a ele.

À professora Dra. Leonarda Grilo Neves pelo conhecimento adquirido e ao professor Dr. Marco Antonio Aparecido Barelli por disponibilizar seu laboratório para que pudéssemos realizar nossa pesquisa e pelo conhecimento adquirido também. E a todos os professores do programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas.

Aos colegas Alice, Julia, Juliellen, Maicon, Heitor, Vanessa, Wilder, Junior, Thalysson e Givanildo por sua colaboração com a minha pesquisa.

À minha mãe Nair Zocal, que amo muito, por toda a dedicação e ajuda para que eu permanecesse estudando. E minha irmã Aline Zocal por sempre me ajudar em tudo!

À minha prima Marta Regina que me apoiou e me concedeu várias vezes uma breve moradia em sua casa, para que eu pudesse realizar uma das disciplinas do programa. Sou muito grata a ela também.

À Daniela Bernardes, pois tenho enorme gratidão a ela pela ajuda e disponibilidade dadas a mim, para que eu pudesse permanecer no curso de mestrado e por me manter financeiramente por algum tempo e Regiane Cristina também.

Enfim, agradeço a todos amigos e parentes que me apoiaram e torceram por mim nessa jornada.

BIOGRAFIA

LIDIANE RENATA ZOCAL DOS SANTOS, filha de Nair Zocal dos Santos e José Neto dos Santos, nascida em 05 de outubro de 1985 na cidade de Rio Branco, Mato Grosso.

Formada no curso superior em Tecnologia em Biocombustível no ano de 2015, fez curso de Pós-Graduação (*lato senso*) em Educação de Jovens e Adultos pela Faculdade São Brás.

No ano de 2018, ingressou no curso de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas pela Universidade de Mato Grosso, sob orientação do Professor Dr. Thiago Alexandre Santa Gilio.

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA.....	3
2.1. A cultura do feijão comum.....	3
2.2. Origem e domesticação do feijão comum.....	5
2.3. O mofo branco no feijão comum.....	6
2.4. Controle do mofo branco.....	8
3. MATERIAL E MÉTODOS.....	11
3.1. Local do experimento.....	11
3.2. Material vegetal e semeadura.....	11
3.3. Inoculação do fungo <i>Sclerotinia sclerotiorum</i> em plantas de feijão comum.....	14
3.4. Análises estatísticas.....	16
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	17
5. CONCLUSÃO.	23
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	24

RESUMO

DOS SANTOS, LIDIANE RENATA ZOCAL; M. Sc. Universidade do Estado de Mato Grosso, fevereiro de 2020; **Identificação de fontes de resistência do feijão comum ao fitopatógeno *Sclerotinia sclerotiorum* (Lib.) de Bary.** Orientador: Prof. Dr. Thiago Alexandre Santana Gilio; Conselheiros: Prof^a. Dr^a. Leonarda Grillo Neves e Prof. Dr. Marco Antonio Aparecido Barelli.

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é de grande importância na alimentação mundial devido ao seu baixo custo e qualidade nutricional, porém diversos fatores limitam a produção da cultura. Entre estes fatores, destaca-se a ocorrência de doenças como o mofo branco, o qual é causado pelo fungo *Sclerotinia sclerotiorum* (Lib.) de Bary. Um dos métodos de controle mais indicados, e que proporciona maior economia e menores riscos ao meio ambiente, é o uso de cultivares resistentes. No entanto, para que isso ocorra, fontes de resistência do feijão comum ao *S. sclerotiorum* precisam ser identificadas, para serem utilizadas como doadores em programas de melhoramento de feijão comum. Sendo assim, este trabalho teve como objetivo a identificação de fontes de resistência ao mofo branco entre cultivares de feijão comum de origem Andina e Mesoamericana. Para isso foram fenotipados 109 genótipos de feijão comum desta origem quanto à resistência/suscetibilidade ao mofo branco. O experimento foi realizado no Laboratório de Recursos Genéticos e Biotecnologia, no campus Cáceres da Universidade do Estado de Mato Grosso. Os 109 genótipos foram semeados em casa de vegetação e as inoculações foram conduzidas em laboratório, no delineamento em blocos casualizados (DBC), com 109 tratamentos e 6 repetições. Para a inoculação, foi utilizado o isolado UFV-Ss493. Para o método de inoculação foram utilizadas plantas com o primeiro trifólio expandido, realizando corte na haste e colocando um disco de micélio sobre o ferimento. Foram analisadas a relação entre planta sadia e doente através de notas conforme a metodologia proposta por Arkwazee e Myers e a área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD). As diferenças entre as médias dos genótipos para as características avaliadas foram significativas ($p \leq 0,01$). Os genótipos BGF 13, BGF 165, BGF 76 e o BGF 11 se destacaram quanto à resistência, pois apresentaram os menores valores genotípicos para as características relacionadas à resistência do feijão em relação ao mofo branco quando comparados aos demais genótipos analisados neste

trabalho. Sendo assim estes genótipos podem ser considerados como fonte de resistência ao patógeno causador do mofo branco e assim utilizados em programas de melhoramento de feijão comum.

Palavras Chaves: *Phaseolus vulgaris*, *Sclerotinia sclerotiorum*, Resistência genética

ABSTRACT

DOS SANTOS, LIDIANE RENATA ZOCAL; M. Sc. Universidade do Estado de Mato Grosso, February, 2020; **Identification resistance sources of common bean against the phytopathogen *Sclerotinia sclerotiorum* (Lib.) de Bary.** Advisor: Prof. Dr. Thiago Alexandre Santana Gilio; Counselors: Prof. Dr. Leonarda Grillo Neves and Prof. Dr. Marco Antonio Aparecido Barelli.

The common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) is of great importance in the global diet due to its low cost and nutritional quality, but various factors limit the production of the crop. Among these factors is the occurrence of diseases such as white mold, which is caused by the fungus *Sclerotinia sclerotiorum* (Lib.) de Bary. One of the most suitable control methods, which provides greater economy and lower risks to the environment, is the use of resistant cultivars. However, for this to occur, strains of common beans that are resistant to *S. sclerotiorum* need to be identified, in order to be used as donors in common bean breeding programs. Therefore, this study aimed to identify sources of resistance to white mold among cultivars of common beans of Andean and Mesoamerican origin. For this, 109 genotypes of common beans of this origin were phenotyped regarding resistance/susceptibility to white mold. The experiment was carried out in the Laboratory of Genetic Resources and Biotechnology, on the campus Cáceres of the State University of Mato Grosso. The 109 genotypes were sown in a greenhouse and inoculations were conducted in the laboratory, in randomized block design (RBD), with 109 treatments and 6 replications. For inoculation, the isolate UFV-Ss493 was used. For the inoculation method, plants with the first expanded trifolium were used, performing cutting on the stem and placing a mycelium disc over the wound. We analyzed the relationship between healthy plants and sick plants using the points system according to the methodology proposed by Arkwazee and Myers and the area below the disease progress curve (AACPD). The differences between the mean genotypes for the evaluated characteristics were significant ($p \leq 0.01$). The genotypes BGF 13, BGF 165, BGF 76 and BGF 11 can be highlighted in regards to their resistance, since they presented the lowest genotypic values for the characteristics related to resistance of the bean in relation to white mold when compared to the other genotypes

analyzed in this study. Thus, these genotypes can be considered as a source of resistance to the pathogen which causes white mold and can therefore be used in common bean breeding programs.

Keywords: *Phaseolus vulgaris*; *Sclerotinia sclerotiorum*; genetic resistance.

1. INTRODUÇÃO

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma das leguminosas mais consumidas no Brasil, estando presente em diversos pratos brasileiros, e considerado um importante alimento na dieta da população por ser rico em nutrientes essenciais. (Moraes e Menelau, 2017). Segundo a Food and Agriculture Organization (FAO, 2017), o Brasil é o segundo maior produtor mundial de feijão, onde a maior parte do feijão brasileiro é produzida por pequenos agricultores com pouca tecnologia e geralmente com adubação e controle de pragas deficientes (Pereira et al., 2014). O estado de Mato Grosso é o terceiro maior produtor nacional e responde por 11,5% da produção nacional, que, junto com os estados do Paraná e Minas Gerais, é responsável por mais de 50% da produção brasileira (CONAB, 2017).

Além da sua relevância na dieta do brasileiro, o feijão é um dos produtos agrícolas de maior importância socioeconômica, podendo ser cultivado por grandes produtores, altamente tecnificados ou por pequenos produtores, que empregam basicamente a mão-de-obra familiar. Porém, um dos principais desafios para o cultivo sustentável do feijão é a ocorrência de doenças como o mofo branco, o qual é causado pelo fungo *Sclerotinia sclerotiorum* (Lib.) de Bary. É uma das doenças mais prejudiciais ao feijoeiro na safra de outono-inverno; a época que o feijão comum é mais cultivado no estado de Mato Grosso.

O mofo branco é de difícil controle e, na atualidade, a medida mais utilizada para controlá-lo é a aplicação de fungicidas, geralmente pouco eficazes. Ainda, o alto custo desses insumos e seus efeitos deletérios ao meio ambiente e ao homem têm motivado a procura por novas opções de manejo da doença (Paula Júnior et al., 2006; Vieira et al., 2012). As pesquisas sobre fontes de resistência ao mofo branco em feijão ainda são incipientes no Brasil. Nas pesquisas disponíveis, foram avaliadas a resistência fisiológica (Carvalho et al., 2013; Souza et al., 2014; Lehner et al., 2015) e a resistência associada ao escape em experimentos de campo (Vieira et al., 2012; Lehner et al., 2015).

Embora materiais de feijão comum com níveis de resistência fisiológicas tenham sido identificados, os resultados sobre a resistência do feijão comum ao mofo

branco vêm se mostrando controversos (Gonçalves e Santos, 2008; Miklas et al., 2013; Leite et al., 2016; Miklas et al., 2017)

O controle genético é condicionado por vários genes, ou seja, é um controle poligênico (Soule et al., 2011; Miklas et al., 2013; Schwartz e Singh, 2013; Vasconcelos et al., 2017). Isso torna o controle genético para o mofo branco no feijão comum bastante difícil e cheio de detalhes, o qual inclui não só as questões dos genes de resistência, mas também a resistência fisiológica, o hábito de crescimento estabelecido, e principalmente densidade de plantio (Ender e Kelly, 2005; Antonio et al., 2008; Soule et al., 2011; Miklas et al., 2013). Ao todo, já foram identificados 17 QTLs (Quantitative Trait Loci) que condicionam resistência ao mofo branco, tanto para resistência em ensaios de laboratório quanto em campo (Vasconcelos et al., 2017).

A avaliação e identificação de genótipos em campo é sempre dificultada pela ausência de irrigação e inoculação artificial, uma vez que não é fácil distinguir a resistência fisiológica dos mecanismos de escape (Steadman e Higgins, 2011). Visando contornar estes problemas, outras metodologias de inoculação foram propostas, como o “*Straw test*”, o qual foi proposta por Petzold e Dickson (1996), que posteriormente foi adaptado por Terán et al. (2008). Posteriormente, Arkwazee e Myers (2017) propuseram um método mais eficiente na discriminação entre as plantas resistentes e as suscetíveis ao mofo branco.

Desta forma, este trabalho realizou a identificação de fontes de resistência fisiológica ao fitopatógeno *Sclerotinia sclerotiorum* em feijão comum por meio do método de inoculação proposto por Arkwazee e Myers (2017)

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. A cultura do feijão comum

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma das leguminosas mais consumidas no Brasil, estando presente em diversos pratos brasileiros como um importante alimento na dieta da população. Além do seu uso na alimentação humana, o feijão pode ser utilizado na dieta de animais (Moraes e Menelau, 2017). Pertencente à família Fabacea, é uma das leguminosas mais estudadas na América Latina por ser considerada uma das principais fontes de proteínas e de grande importância para a indústria de alimentos (Quintana et al., 2002).

Segundo a Food and Agriculture Organization (FAO, 2017), o Brasil é o segundo maior produtor mundial de feijão, e, desta forma, torna-se de grande importância socioeconômica. Apesar da alta produtividade, a produção ainda é considerada pequena, pois diversos fatores contribuem para essa limitação, incluindo o manejo e a resistência genética na cultura (Ferreira, 2013)

O feijão comum é uma planta autógama, com ciclo médio entre 61 e 101 dias, dependendo da variedade. Ele pertence à família das leguminosas de origem mesoamericanas ou andinas. Pode apresentar baixa produtividade por vários fatores, como a ausência de calagem, adubação, tratos culturais inadequados, excesso de água durante a colheita, ocorrência de pragas e doenças e, principalmente, por fatores genéticos.

As fases vegetativas, segundo Quintela (2001), as fases vegetativas, segundo Quintela (2001), iniciam-se em V0, em que semente de feijão inicia a germinação através do processo de absorção de água, correspondente a cerca de 50% de seu peso, evidenciando o crescimento da radícula e logo após se transformando em raiz primário; Em V1 ocorre a emergência, onde há o aparecimento dos cotilédones ao nível do solo e começam a se separar. Em V2, o aparecimento das folhas primárias completamente abertas. Em V3, surge a primeira folha trifoliada aberta. Em V4, há a abertura da terceira folha trifoliada, os genes dão início à produção de ramas, a fase reprodutiva inicia-se em R5 com o pré-floração e vai até o R9 com o ponto de maturação fisiológica onde as

vagens perdem a pigmentação e começam a secar as sementes, adquirindo coloração específica do cultivar.

O plantio do feijão pode ser realizado em até três safras anuais: a primeira safra compreende os meses de agosto a dezembro nas regiões Sul, Sudeste e Sul da Bahia; a segunda safra ocorre nos meses de janeiro a julho para todas as regiões brasileiras; e a terceira safra (que pode ser conduzida em sistema irrigado ou de sequeiro) entre os meses de maio a agosto, principalmente nos estados de Minas Gerais, São Paulo, Goiás e Bahia (Caramori et al., 2001).

A região Sul do Brasil é considerada a maior região produtora do feijão comum, contribuindo com mais de 28% da produção nacional. Dentre estes estados, o Paraná destaca-se como principal produtor nacional, contribuindo aproximadamente com 21% da produção brasileira em uma área plantada de 445 mil hectares. Recentemente, na safra 2015/2016, foram produzidas 714,9 mil toneladas, alcançando rendimento médio de 1607 kg/ha (CONAB, 2017).

A tecnologia empregada na produção torna-se fator importante em relação à produtividade, estando limitado às condições econômicas dos produtores, além disso, fatores bióticos e abióticos são responsáveis pela queda na produtividade, inviabilizando o cultivo. O que se pode observar é que na safra há maior investimento tecnológico acarretando em aumento na produção e maior valorização do produto (Ferreira, 2013). De acordo com Santos (2013), a seca é o principal fator abiótico responsável pela queda na produção, e o ataque de fitopatógenos é apontado como o fator biótico que causa maior redução na produtividade.

O uso de cultivares resistentes certamente é a prática mais eficaz e mais econômica para os produtores, sendo de grande relevância, pois é inofensivo ao meio ambiente, aos agricultores e ao consumidor final. Entretanto, as cultivares disponíveis não são resistentes ao fungo *S. sclerotiorum*. Para impedir a entrada do patógeno, medidas de controle devem ser implantadas, as quais incluem o controle cultural, controle biológico e o controle químico, e devem promover resultados positivos em relação à prevenção da doença (Sartorato, 2006).

2.2. Origem e domesticação do feijão comum

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma das culturas mais antigas do mundo, apresentando diversos métodos de cultivo, alta adaptabilidade ambiental e elevada variabilidade morfológica (Gepts, 1998; Broughton et al., 2003). O gênero *Phaseolus* compreende mais de 100 espécies e, entre as quais, cinco possuem importância para o consumo humano. Estas são o feijão comum (*P. vulgaris* L.), o feijão Ayocote (*P. coccineus* L.), o feijão lima (*P. lunatus* L.), o feijão tepari (*P. acutifolius*); e o *P. polyanthus* (Debouck, 1999).

O gênero *Phaseolus* é membro da tribo Phaseoleae, que também inclui o feijão caupi, feijão guandu e feijão soja (Lavin et al., 2005). Análises moleculares revelaram que sequências do genoma do feijão comum e do feijão soja possuem elevado grau de homologia. Baseado no fato de que as sequências sintênicas presentes nas duas culturas possuem uma cópia no genoma do feijão comum e duas cópias no genoma da soja, há evidências de que a soja passou por um grande processo de duplicação dos cromossomos, seguido por rearranjos, sugerindo que o feijão comum é a espécie diploide ($2n = 2x = 22$), modelo para a soja (Mc Clean et al., 2010; Schmutz et al., 2014).

Os primeiros estudos baseados em isoenzimas (Singh et al., 1991), proteínas de sementes (Gepts e Bliss, 1986), características morfológicas (Durán et al., 2005) e marcadores de DNA (Blair et al., 2009) comprovam a existência de dois centros de origem geograficamente diferentes para o feijão comum: Mesoamericano e Andino (Gepts et al., 1986). Acredita-se que a diferenciação do feijão comum silvestre para o feijão comum cultivado ocorreu aproximadamente 165.000 anos atrás (Schmutz et al., 2014). O *pool* gênico Mesoamericano inclui genótipos de sementes pequenas, e representa os genótipos oriundos da região Norte do México até a Colômbia. Os genótipos Andinos possuem seu centro de origem distribuído do Sul do Peru ao Noroeste da Argentina, e são caracterizados por genótipos de sementes grandes (Gepts et al., 1986; Schmutz et al., 2014).

Por meio de análises utilizando marcadores moleculares, verificou-se que a subdivisão das raças dentro do *pool* gênico Mesoamericano. A raça Mesoamerica é

composta pelas raças: Mesoamerica, Durango e Jalisco (Blair et al., 2006; Blair et al., 2009).

O *pool* Andino pode ser estreitamente dividido em três raças, com base em dados morfológicos descritos por Singh et al. (1991). Segundo os mesmos autores, a raça Nueva Granada representa os genótipos com sementes médias a grandes, de hábitos de crescimento I, II, ou III, e inclui a maioria das cultivares comerciais andinas em uso hoje. A raça Nueva Granada é o tipo Andino, mais cultivado em regiões de média altitude dos Andes, e na África, em ambientes de várzea quente do Brasil, México e do Caribe, e em clima temperado da América do Norte e da Europa.

2.3. O mofo branco no feijão comum

O fungo responsável por causar a doença do mofo branco é denominado *Sclerotinia Sclerotiorum* (Lib.) de Bary, sendo considerado doença primária em múltiplas culturas, inclusive no feijão comum. Este patógeno é distribuído mundialmente, principalmente em regiões com condições climáticas amenas. A doença recebe o nome de mofo branco por apresentar sintomas e sinais externos com micélio de coloração branca abundante e um aspecto que lembra algodão, além de encharcamento de cor parda e consistência amolecida (Leite, 2005). O fungo coloniza primeiro as pétalas, e em seguida invade outros órgãos da planta atacada. A flor morta serve de alimento primário para o fungo, assim fornecendo energia para seu desenvolvimento (Oliveira, 2005).

Seu desenvolvimento é favorecido em locais onde a umidade relativa do ar é alta e as temperaturas são ótimas de desenvolvimento, ou seja, em torno de 18 °C e 25 °C. O fungo, na presença do hospedeiro susceptível e condições favoráveis ao seu desenvolvimento, inicia a infestação germinando o escleródio (Leite, 2005).

Por possuir alta variabilidade genética e ser um fungo polífago, ele pode atacar mais de 408 espécies. As lesões com aspecto de encharcamento iniciam-se a aproximadamente 10 – 20 cm do solo, progredindo para a parte aérea e a parte inferior da planta, produzindo micélio de coloração branca com aspecto de algodão (Demant, 2010).

O patógeno *S. sclerotiorum* pertence ao filo Ascomycota, subdivisão Ascomycotina, classe Discomycetes e ordem Helotiales (Bolton et al., 2006). As estruturas de resistência permanecem viáveis por anos. Os esporos produzidos podem germinar de forma miceliogênica ou carpogênica, sendo que, na primeira, o micélio é formado a partir do escleródio, e na forma carpogênica se tem a formação do apotécio (Lobo, 1999).

O ciclo de vida do fungo *S. sclerotiorum* ocorre desde o momento em que os escleródios oriundos de plantações anteriores permanecem no solo, e podem durar até por mais de 10 anos. O fungo também pode ser implantado nas áreas de cultivo através de sementes contaminadas (Cezar et al., 2015). Os escleródios podem germinar de duas formas: produzindo apotécios ou quando germinar e dar origem ao micélio que infecta as plantas ao seu redor. No primeiro caso, os apotécios são dispersos pelo vento, chegando até as flores, infectando as pétalas que caem no chão ou quando ficam presas. Em seguida, o fungo coloniza os tecidos da planta, causando lesões com aspecto de encharcamento e produção de micélio branco. Em ambas as situações, o tecido infectado apodrece deixando escleródios dentro e fora do caule, que caem ao solo permanecendo viáveis por vários anos, dando origem a um novo ciclo da doença (Marques, 2014).

Como dito anteriormente, fatores como umidade relativa do ar elevada e temperaturas ótimas de desenvolvimento se tornam parâmetros fundamentais para desenvolvimento da doença, e nessas condições, os escleródios germinam os apotécios que em seguida produzem uma grande quantidade de ascósporos. Estes são liberados e transportados através do vento, podendo infectar plantas a uma distância de 50 a 100 metros (Lobo, 1999).

Por permanecer um longo período viável no solo, o micélio pode desenvolver-se sobre tecidos mortos e, desta forma, o controle da doença se torna difícil. Aliado ao manejo inadequado, à patogenicidade do fungo e à alta suscetibilidade, esses fatores tornam a doença ainda mais devastadora (Leite, 2005).

O mofo branco é de difícil controle, a medida mais utilizada para controlá-lo é a aplicação de fungicidas, que é geralmente pouco eficaz. Ainda, o alto custo desses insumos e seus efeitos deletérios ao ambiente e ao homem têm motivado a procura de novas opções de manejo da doença (Paula Júnior et al., 2006; Vieira et al., 2012). Além

das aplicações de fungicida, outras medidas como uso de cultivares de porte ereto, redução da população de plantas (Vieira et al., 2010) e resistência genética (Miklas et al., 2013; Schwartz e Singh, 2013) estão entre as medidas mais importantes no controle dessa doença. Nas áreas irrigadas, predomina o uso do feijão do tipo III (hábito de crescimento indeterminado, prostrado). No entanto, o uso de feijões do tipo II (hábito de crescimento indeterminado, porte ereto) tem aumentado, principalmente para facilitar a colheita mecânica, mas também por reduzir os prejuízos com o mofo branco. (Ramalho et al., 2004).

No entanto, entre as estratégias de controle de doenças em plantas, o uso da resistência genética é considerado o mais eficiente, pela sua economicidade e por ser ambientalmente mais o seguro (Priestley e Bayles, 1988).

2.4. Controle do mofo branco

O uso de fungicidas é um importante método de controle do mofo branco, porém há limitações devido ao difícil controle do patógeno *S. sclerotiorum*, às suas estruturas de resistência, às diferentes formas de colonização da planta e à variabilidade genética. Além disso, os impactos ecológicos do uso de fungicidas químicos, seus resíduos tóxicos e o custo elevado devem ser considerados (Paula Júnior et al., 2012; Vieira et al., 2012).

Em estudos genéticos de resistência do feijão comum ao mofo branco, a resistência parcial de campo apresentou de baixa a moderada herdabilidade, influenciada pelo ambiente e condicionada por genes de efeito menor (Miklas et al., 2004). Nos resultados de Antonio et al. (2008), a resistência ao mofo branco foi caracterizada por dominância parcial, com predominância de efeitos aditivos. Em feijão comum não existe resistência total à doença (Leite et al., 2014), pois o controle genético é poligênico e evidenciado pela identificação de 30 regiões genômicas de caracteres quantitativos (QTLs) em diferentes estudos (Soule et al., 2011; Miklas et al., 2013; Schwartz e Singh 2013; Vasconcelos et al., 2017). O controle genético da resistência ao mofo branco é bastante complexo, com a participação de resistência fisiológica e de um hábito de crescimento mais compacto (menor densidade de folhas e menor índice de área foliar),

o que permite a penetração de mais luz no dossel (Ender e Kelly, 2005; Antonio et al., 2008; Soule et al., 2011; Miklas et al., 2013).

As pesquisas sobre fontes de resistência ao mofo branco em feijão ainda são incipientes no Brasil. Nessas pesquisas, foram avaliadas a resistência fisiológica (Souza et al., 2014; Lehner et al., 2015) e a resistência associada ao escape em experimentos de campo (Vieira et al., 2012; Lehner et al., 2015). Em outros países, diversas cultivares já foram registrados como parcialmente resistentes ao mofo branco (Singh et al., 2007; Griffiths, 2009; Pascual et al., 2010; Miklas et al., 2013; Schwartz et al., 2013; Miklas et al., 2014). De acordo com Schwartz e Singh et al. (2013), genótipos de origem andina de feijão comum possuem maior resistência fisiológica quando comparados aos genótipos de origem mesoamericanos.

Como o feijão apresenta baixos níveis de resistência ao *S. sclerotiorum*, a utilização de um método confiável, rápido, de baixo custo e com alto poder de resolução de detecção da resistência fisiológica tem sido uma meta de vários pesquisadores. Muitos fatores, incluindo métodos de avaliação do germoplasma, podem afetar o resultado do melhoramento do feijão comum para a resistência ao mofo branco (Schwartz e Singh, 2013).

Diversos pesquisadores têm utilizado e descrito vários métodos de inoculação para avaliar a reação dos acessos de feijão comum submetidos ao inóculo, como por exemplo, por meio dos cotilédones (Grau e Bissonnette, 1974; Kim et al., 2000; Kull et al., 2003), corte do pecíolo (Del Rio et al., 2000), *straw test* (Petzoldt e Dickson, 1996; Del Rio et al., 2000; Vuong et al., 2004; Teran et al., 2006), inoculação por semente no caule (Adams et al., 1973; Teran and Singh, 2009b), raiz de aipo (*Apium graveolens* L.) infectado por micélios para inoculação no caule limitado entre 24 a 48 horas (Hunter et al., 1981; Pennypacker e Hatley, 1995), cenoura (*Daucus carota* L.) com micélios para inoculação em caule (Steadman et al., 2001), inoculação de micélios nas folhas (Wegulo et al., 1998), flores com micélio para inoculação no caule (Schwartz et al., 1978; Teran e Singh, 2009b), e inoculação de plantas em florescimento por meio de ascósporos (Abawi et al., 1978; Schwartz et al., 1978; Cline e Jacobsen, 1983).

Inoculações feitas diretamente em órgãos das plantas destacados também foram realizados, em que foi utilizado suspensões de esporos ou micélios em folhas, flores e

hastes que foram removidas (Chun et al., 1987; Leone e Tonneijck, 1990; Miklas et al., 1992a; Steadman et al., 1997; Olivier et al., 2008), inoculação em flores utilizando suspensão de ascósporos e inoculação na haste utilizando palito colonizado pelo fungo (Toledo-Souza e Costa, 2003).

Há ainda os métodos indiretos, que incluem o uso de métodos para realizar o experimento para detectar resistência ou susceptibilidade (Miklas et al., 1992b), e o uso de ácido oxálico ($\text{H}_2\text{C}_2\text{O}_4$) (Tu, 1985).

Entretanto, diante de diversos métodos, a baixa repetibilidade ou reduzida relação com a reação observado em condições de campo por conta dos escapes, o método do canudo ou *Straw test*, descrito por Petzold e Dickson (1996), apresenta alta correlação com a reação do feijão sob condição de campo (Park et al., 2001) quando considera-se a resistência fisiológica, ou genética. Torna-se, assim, o método com maior correlação à resistência fisiológica, e sendo menos dispendioso quando comparado aos citados anteriormente. Baseados neste métodos, Arkwazee e Myers (2017) propuseram um método mais eficiente na discriminação entre plantas resistentes e suscetíveis ao mofo branco. O uso deste método apresenta, com principal vantagem ao melhorista, a rápida avaliação dos materiais inoculados, podendo ser completada em até 30 dias após o plantio das sementes de feijão.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Local do experimento

O experimento foi conduzido na casa de vegetação e no laboratório de Recursos Genéticos e Biotecnologia, Campus Cáceres da Universidade Estadual de Mato Grosso (UNEMAT) - MT, localizado nas seguintes coordenadas geográficas latitude 16° 07' 78.78" S e 57° 65' 30.31" N. Foram utilizados 109 acessos de feijão coletados em diferentes regiões do Brasil e, para a inoculação, foi utilizado o fungo *S. sclerotiorum*.

3.2. Material vegetal e semeadura

Os 109 genótipos de feijão comum foram plantados em duas etapas, sendo acondicionados em copos de 500 ml com seis repetições para cada genótipo, em que cada planta foi considerada uma repetição. O substrato utilizado foi PlantMax, o qual foi esterilizado em autoclave vertical a uma temperatura de 121 °C por uma hora. Para o plantio também foi utilizado o adubo comercial NPK 4-14-8, conforme as proporções recomendadas. O experimento seguiu o delineamento em blocos casualizados com seis repetições. Aos 12 dias após a germinação, as plantas foram inoculadas com o isolado Ss493 de *S. sclerotiorum*, cedidos pelo Dr. Eduardo Seiti Gomedi Mizubuti, da Universidade Federal de Viçosa-MG. Antes das inoculações, o isolado Ss493 foi cultivado em meio de cultura BDA (batata, dextrose e ágar) por 4 dias a 25°C em fotoperíodo de 12 horas, onde se obtiveram os discos de BDA com micélio. O procedimento da inoculação foi realizado nos meses de janeiro a agosto de 2019, utilizando o método do canudo ou "straw test".

Tabela 1. Identificação, nome popular, pool gênico e estado de origem dos acessos de *Phaseolus vulgaris* L. utilizados neste estudo

Id	Nome comum	Pool Gênico	Estado de origem
BGF 1	-	M	Paraná
BGF 2	-	A	Paraná

BGF 3	-	A	Paraná
BGF 5	-	M	Paraná
BGF 6	-	A	Paraná
BGF 11	-	A	Paraná
BGF 12	-	M	Paraná
BGF 13	Pixirum	M	Paraná
BGF 15	Pitanga	A	Paraná
BGF 20	-	A	Paraná
BGF 22	Carioca II	M	Paraná
BGF 23	Carioca III	M	Paraná
BGF 24	Carioca IV	M	Paraná
BGF 25	Carioca V	M	Paraná
BGF 26	Carioca VI	M	Paraná
BGF 27	Carioca Claro	M	Paraná
BGF 28	Carioca Pintado I	M	Paraná
BGF 29	Carioca Pintado II	M	Paraná
BGF 30	Carioca Pitoko	M	Paraná
BGF 32	Preto I	M	Paraná
BGF 33	Preto II	M	Paraná
BGF 34	Preto III	M	Paraná
BGF 35	Preto IV	M	Paraná
BGF 36	Rosinha Paraná	M	Paraná
BGF 37	Roxinho Paraná	A	Paraná
BGF 38	Jalo Listra Pretas	A	Paraná
BGF 39	Jalo Pardo	A	Paraná
BGF 40	Jalo Pintado I	A	Paraná
BGF 41	Jalo Paintado II	A	Paraná
BGF 42	Jalo Mulato	A	Paraná
BGF 43	Bolinha	A	Paraná
BGF 44	Rosinha Opaco	M	Mato Grosso do Sul
BGF 45	Rosinha A	M	Mato Grosso do Sul
BGF 46	Rosinha B	M	Mato Grosso do Sul
BGF 47	Rosinha C	M	Mato Grosso do Sul
BGF 49	Roxinho A	M	Mato Grosso do Sul
BGF 51	Rosado	A	Mato Grosso do Sul
BGF 52	Mulatão Lustroso	M	Mato Grosso do Sul
BGF 56	Mulatinho Vagem Roxa B	M	Mato Grosso do Sul
BGF 57	Carioca Vagem Rosada	M	Mato Grosso do Sul
BGF 58	Rosinha	M	Mato Grosso do Sul
BGF 60	Uberabinha Preto	M	Mato Grosso do Sul
BGF 61	Manteiguinha de Cipó	A	Mato Grosso do Sul
BGF 62	Jalo sem Cipó	A	Mato Grosso do Sul
BGF 63	Carioca sem Cipó	M	Mato Grosso do Sul
BGF 64	Bodoquena	A	Mato Grosso do Sul
BGF 65	Chita Bonita	A	Mato Grosso do Sul
BGF 66	Rosinha sem cipó	M	Mato Grosso do Sul

BGF 67	Manteiga sem cipó	A	Mato Grosso do Sul
BGF 69	Carioca com Cipó	M	Mato Grosso do Sul
BGF 70	Bolinha	A	Mato Grosso do Sul
BGF 71	Roxinho Mineiro	M	Mato Grosso do Sul
BGF 72	Preto Guamirim	M	Mato Grosso do Sul
BGF 73	Manteigão	A	Mato Grosso do Sul
BGF 74	Rosinha Guaicucos	M	Mato Grosso do Sul
BGF 75	Cara Suja	M	Mato Grosso do Sul
BGF 82	Carnaval 1 SC	A	Santa Catarina
BGF 83	Carnaval 2 SC	A	Santa Catarina
BGF 85	Preto SC	M	Santa Catarina
BGF 89	Carnaval Mix SC	A	Santa Catarina
BGF 91	Preto Brilhoso Achatado	A	Santa Catarina
BGF 93	Crioulo Manteiga	A	Santa Catarina
BGF 94	Crioulo Brilhoso	M	Santa Catarina
BGF 95	Crioulo 159	M	Santa Catarina
BGF 97	FC 2016	A	Santa Catarina
BGF 98	FC 2001	A	Santa Catarina
BGF 99	FC 2045	A	Santa Catarina
	Crioulo Brilhoso Ponte		
BGF 100	Serrada	M	Santa Catarina
BGF 101	FC 2063	A	Santa Catarina
BGF 102	FC 2010	A	Santa Catarina
	Preto Redondo CN 694 FC		
BGF 104	1212	A	Santa Catarina
BGF 105	FC 117	M	Santa Catarina
BGF 107	Preto Chatinho	A	Santa Catarina
BGF 110	Azulão ponte Serrada	A	Santa Catarina
BGF 111	Azulão Ab. Luz	A	Santa Catarina
BGF 112	Porto Real	M	Santa Catarina
BGF 113	Safira	M	Santa Catarina
BGF 114	Amendoim Cavalo	A	Santa Catarina
BGF 115	Vermelho Tozzo	A	Santa Catarina
BGF 117	SC 1	M	Santa Catarina
BGF 119	Jalo Listras Vermelhas	A	Paraná
BGF 120	Rosa	M/A	Paraná
BGF 121	Guarumbé	M/A	Paraná
BGF 128	Jalo Precoce	A	Paraná
BGF 138	Princesa	M	Paraná
BGF 139	Jalo Vermelho	A	Paraná
BGF 144	Bat 93	M	Paraná
BGF 153	Mãezinha	M	Paraná
BGF 154	Bolinha Rajado	A	Paraná
BGF 155	Roxinho SC	M	Paraná
BGF 156	Carioca Novo	M	Paraná
BGF 161	Bolinha Vermelho	A	Paraná

BGF 162	Bolinha amendoim	A	Paraná
BGF 163	Branco PR	A	Paraná
BGF 164	Roxo Mineiro	M	Paraná
BGF 165	Jalo B	A	Paraná
BGF 166	Branco Argentino	A/M	Paraná
BGF 167	Cavalo	A	Paraná
BGF 168	Preto Argentino	M	Paraná
BGF 169	Roxinho PR	M	Paraná
BGF 170	Uberabinha PR	M	Paraná
BGF 172	Carnaval 1 PR	A	Paraná
BGF 174	Bolinha 1 PR	A	Paraná
BGF 175	Bolinha 2 PR	M	Paraná
BGF 188	Jalo A	A	Paraná
BGF 191	Jalo BR	A	Paraná
BGF 194	Jalo	A	Paraná
BGF 197	Jalo EEP558	A	Minas Gerais
BGF 198	Jalo Bordo	M	Minas Gerais
BGF 199	Feijão Cara Suja	M	Minas Gerais
BGF 200	Feijão Rosinha	M	S/I
BGF 201	Feijão Moro	M	S/I
BGF 203	Feijão Enxofre	A	S/I
BGF 205	Rosa	M	S/I

S/I= Sem identificação de local de coleta. M = Mesoamericano, A= Andino.

3.3. Inoculação do fungo *Sclerotinia sclerotiorum* em plantas de feijão comum

Inoculações e avaliações foram realizadas em 109 genótipos de feijão comum através do método de inoculação das hastes de feijão conforme proposto por Arkawazee e Myers (2017). Neste método, as plantas de feijão foram inoculadas entre 12 a 15 dias após o plantio, logo após a abertura completa do primeiro trifólio. Para a inoculação, um corte com bisturi esterilizado foi realizado a 2 cm após o primeiro nó da plântula de feijão. Foram utilizados ponteiros de 200 µl contendo um disco de BDA de 6 mm invertido com micélios do fungo *S. sclerotiorum* para baixo, em contato com a lesão na haste principal (Figura 1). Os discos de micélio do isolado Ss 493 foram retirados de placas repicadas e mantidas em uma câmara incubadora tipo BOD a uma temperatura entre 22 e 23°C e na ausência de luz por quatro dias após a repicagem.



Figura 1. Plantas inoculadas após o período de acondicionamento em câmara úmida por 72 horas.

Logo após a inoculação, as plantas foram acondicionadas em câmara úmida a 98% de umidade por 48 horas. Nesse período foram retiradas e mantidas em casa de vegetação a 25°C. A primeira avaliação deu-se 72 horas após a inoculação das plantas. As demais avaliações foram realizadas a cada dois dias até o 9º dia após a inoculação. Para a avaliação, foi utilizada a escala de notas proposta por Arkwazee e Myers (2017), conforme a Tabela 2.

Tabela 2. Escala de notas para avaliação do teste do canudo em plantas de feijão em estado V3 conforme proposta por Arkwazee e Myers (2017)

Escalas de notas	Reação do genótipo
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 $\frac{1}{4}$ (um quarto) da 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 o nó 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

Além da escala de notas, foram mensuradas o tamanho da lesão e o tamanho da planta. A partir destas mensurações realizadas no período de nove dias após a inoculação, a relação entre tecido lesionado e sadio foi calculada da seguinte forma:

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

As três avaliações realizadas ao terceiro, sétimo e nono dia após a inoculação foram utilizadas para calcular a área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD):

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

Onde:

n = número de observações;

Y_i = severidade da doença na i -ésima observação;

t_i = tempo em dias na i -ésima observação.

O delineamento experimental foi em blocos casualizados, com 6 repetições e 109 tratamentos. A unidade experimental foi composta por uma planta.

3.4. Análises estatísticas

O delineamento experimental foi realizado em blocos casualizados com 6 repetições e 109 tratamentos. Cada unidade experimental foi composta por uma planta. As análises de variância foram realizadas através do Software Genes (Cruz et al., 2013).

Os resultados foram submetidos a análise de variância, atendendo-se aos pressupostos básicos e programas estatísticos, em que se utilizou o software Selegen (Resende, 2016). Os componentes de variância e os valores genotípicos foram estimados

via REML/BLUP (Restricted Maximum Likelihood/Best Linear Unbiased Predictor) conforme o modelo abaixo:

$$y = Xr + Zg + e$$

Em que y é o vetor das características relacionadas à resistência ao mofo branco, r é o vetor dos efeitos de repetição assumidos como fixos somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos assumidos como aleatórios, e é o vetor de erros ou resíduos que são aleatórios. As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

A herdabilidade no sentido amplo foi calculada com base nos seguintes componentes:

$$h_g^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \frac{\sigma_e^2}{r}}$$

Em que: σ_g^2 é a variância genotípica, σ_e^2 é a variância do erro e r é o número de repetições.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

As diferenças entre as médias foram significativas para as três variáveis analisadas, através da análise de variância ($P \leq 0,01$). O coeficiente de variação experimental foi elevado para a relação doença/planta com valor de 50,39%. Para a nota no último dia de avaliação, o coeficiente de variação foi de 37,02% e para a área abaixo da curva de progresso (AACPD), o coeficiente de variação foi de 22,07%, conforme demonstrado na Tabela 3. Esses resultados, quanto ao coeficiente de variação, são indicativos de que o uso de notas, e principalmente a AACPD, são mais eficientes na classificação dos genótipos quanto à sua resistência, em que uma vez que o resíduo é menor, utilizando estas variáveis como forma de avaliar a resistência do feijão comum ao mofo branco, as avaliações sofreram um menor efeito do ambiente.

Tabela 3. Resumo da análise de variância para as variáveis relação planta/doença, nota no sétimo dia e área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD)

FV	GL	Relação		
		doença/planta	Nota no sétimo dia	AACPD
Blocos	5	908,81	39,26	282,98
Genótipos	108	1012,99***	10,31***	92,07***
Resíduo	540	337,37	3,75	73,74
Média		36,45	5,23	16,49
CV (%)		50,39	37,02	22,07

(FV) fonte de variação; (GL) grau de liberdade ; (CV) coeficiente de variação significativos a $P \leq 0,01$ pelo teste de F

As estimativas do coeficiente de variação experimental obtidas nas análises de variância deste trabalho têm sido relatadas na literatura em trabalhos que visaram a identificação de resistência fisiológica no feijão (Terán, 2008; Miklas, 2013; Arkwazee e Myers, 2017; Souza et al., 2018)

Tabela 4. Estimativas dos componentes de variância através do método Máxima Verossimilhança Restrita (REML)

Parâmetro genético	σ_g^2	σ_e^2	σ_f^2	h_g^2
Relação doença/planta	112,54	337,38	449,97	0,25
Nota no sétimo dia	0,98	3,04	4,02	0,24
AACPD	23,68	44,69	68,38	0,35

σ_g^2 : variância genética aditiva entre as progênies; σ_e^2 : variância residual; σ_f^2 : variância fenotípica individual; h_g^2 : herdabilidade no sentido amplo

A herdabilidade no sentido amplo (h_g^2), variou entre 0,24 e 0,35. A herdabilidade pode ser considerada de baixa magnitude quando $h_g^2 \leq 0,15$, magnitude média entre $0,15 < h_g^2 < 0,50$ e alta magnitude com $h_g^2 \geq 0,50$ (Resende, 2002). Sendo assim, as estimativas de h_g^2 indicam uma precisão aceitável na seleção dos genótipos mais resistentes (Tabela 4). Ainda, em estudos genéticos de resistência do feijão comum

ao mofo branco, há relatos de baixa a moderada herdabilidade, influenciada pelo ambiente e condicionada por genes de efeito menor (Miklas et al., 2004).

Os genótipos que tiveram os menores valores genotípicos (u+g) para esta característica foram o BGF165, seguido pelo BGF 13, BGF 11, BGF 70, BGF 105, BGF 99, BGF 175, BGF 203, BGF 115 e BGF 83. Já para nota obtida na avaliação do sétimo dia após a inoculação, os menores valores genotípicos foram obtidos pelos genótipos BGF 165, BGF 13, BGF 203, BGF 200, BGF 11, BGF 119, BGF 105, BGF 115, BGF 76 e BGF 99. Quanto à AACPD calculada por meio de três avaliações até o nono dia, os menores valores genotípicos de AACPD foram obtidos pelos genótipos BGF 13, BGF 11, BGF 165, BGF 76, BGF 100, BGF 115, BGF 45, BGF 175, BGF 70 e BGF 114 (Tabela 5).

Tabela 5. Ranqueamento via Best Linear Unbiased Predictor (BLUP) dos 109 genótipos mediante as características relacionadas à resistência do feijão comum ao mofo branco

Relação doença/planta			Nota no sétimo dia			AACPD***		
Genótipo	g	u+g	Genótipo	G	u+g	Genótipo	g	u+g
BGF 165	-19.2338	17.2142	BGF 165	-2.3619	2.4551	BGF 13	-1.5678	14.9252
BGF 13	-18.8526	17.5955	BGF 13	-2.3196	2.4975	BGF 11	-1.5678	14.9252
BGF 11	-17.1419	19.3061	BGF 203	-1.922	2.8951	BGF 165	-1.5344	14.9586
BGF 70	-16.3705	20.0775	BGF 200	-1.5322	3.2849	BGF 76	-1.4009	15.0922
BGF 105	-15.7177	20.7303	BGF 11	-1.5253	3.2918	BGF 100	-1.2482	15.2448
BGF 99	-15.2845	21.1635	BGF 119	-1.5253	3.2918	BGF 115	-1.1671	15.3259
BGF 175	-13.8395	22.6085	BGF 105	-1.5089	3.3081	BGF 45	-1.067	15.426
BGF 203	-12.6315	23.8165	BGF 115	-1.4723	3.3447	BGF 175	-1.0336	15.4594
BGF 115	-12.3556	24.0924	BGF 76	-1.3135	3.5036	BGF 70	-1.0336	15.4594
BGF 83	-12.286	24.162	BGF 99	-1.1976	3.6195	BGF 114	-0.9	15.593
BGF 200	-12.2857	24.1623	BGF 60	-1.1467	3.6703	BGF 105	-0.8876	15.6054
BGF 119	-11.5398	24.9083	BGF 30	-1.0959	3.7211	BGF 65	-0.8667	15.6264
BGF 25	-11.0251	25.4229	BGF 175	-1.0593	3.7578	BGF 43	-0.8096	15.6834
BGF 85	-10.8128	25.6352	BGF 70	-1.0063	3.8107	BGF 119	-0.7999	15.6931
BGF 09	-10.3326	26.1154	BGF 107	-0.9958	3.8213	BGF 47	-0.7875	15.7055
BGF 194	-10.1009	26.3472	BGF 28	-0.9322	3.8848	BGF 64	-0.7668	15.7262
BGF 12	-9.5768	26.8712	BGF 19	-0.8793	3.9378	BGF 85	-0.7331	15.7599
BGF 36	-8.7937	27.6543	BGF 24	-0.8173	3.9997	BGF 194	-0.7273	15.7657
BGF 42	-7.2561	29.1919	BGF 25	-0.7945	4.0225	BGF 107	-0.6997	15.7933
BGF 65	-6.9224	29.5256	BGF 65	-0.731	4.0861	BGF 09	-0.6997	15.7933
BGF 111	-6.6993	29.7487	BGF 194	-0.6828	4.1342	BGF 30	-0.6673	15.8257
BGF 76	-6.599	29.849	BGF 43	-0.6752	4.1419	BGF 40	-0.6663	15.8267
BGF 98	-6.4189	30.0291	BGF 66	-0.6257	4.1914	BGF 32	-0.6663	15.8267
BGF 138	-6.3963	30.0517	BGF 89	-0.6145	4.2026	BGF 62	-0.6348	15.8582

BFG 64	-6.0583	30.3897	BGF 91	-0.5812	4.2359	BGF 25	-0.633	15.8601
BGF 40	-5.8876	30.5604	BGF 63	-0.579	4.238	BGF 66	-0.6273	15.8657
BGF 22	-5.8487	30.5993	BGF 61	-0.579	4.238	BGF 155	-0.6025	15.8905
BGF 60	-5.6488	30.7992	BGF 104	-0.4859	4.3312	BGF 111	-0.568	15.925
BGF 75	-5.6197	30.8283	BGF 98	-0.4662	4.3508	BGF 104	-0.5471	15.9459
BGF 104	-5.5915	30.8566	BGF 85	-0.4556	4.3614	BGF 98	-0.5328	15.9602
BGF 28	-5.353	31.0951	BGF 39	-0.4345	4.3826	BGF 12	-0.5328	15.9602
BGF 61	-5.0646	31.3834	BFG 64	-0.4202	4.3969	BGF 92	-0.4994	15.9936
BGF 102	-4.8318	31.6163	BGF 12	-0.4133	4.4038	BGF 102	-0.4433	16.0497
BGF 30	-4.6991	31.7489	BGF 111	-0.4058	4.4113	BGF 139	-0.4326	16.0604
BGF 47	-4.4417	32.0063	BGF 47	-0.3969	4.4201	BGF 24	-0.4162	16.0768
BGF 93	-4.3704	32.0777	BGF 114	-0.3921	4.425	BGF 53	-0.3659	16.1272
BGF 53	-4.2725	32.1755	BGF 03	-0.3921	4.425	BFG 19	-0.3659	16.1272
BGF 114	-4.0914	32.3567	BGF 83	-0.3842	4.4328	BGF 93	-0.3325	16.1605
BGF 67	-3.8346	32.6134	BGF 93	-0.3074	4.5097	BGF 61	-0.316	16.177
BGF 92	-3.699	32.749	BGF 191	-0.2862	4.5309	BGF 39	-0.2991	16.1939
BGF 139	-3.5245	32.9236	BGF 45	-0.265	4.552	BGF 63	-0.266	16.227
BGF 191	-3.3722	33.0758	BGF 101	-0.2613	4.5557	BGF 121	-0.2657	16.2273
BGF 62	-2.9624	33.4857	BGF 42	-0.2444	4.5726	BGF 05	-0.2657	16.2273
BGF 107	-2.0862	34.3619	BGF 32	-0.2121	4.605	BGF 116	-0.2266	16.2664
BGF 04	-1.6246	34.8234	BGF 139	-0.2015	4.6156	BGF 138	-0.2248	16.2682
BGF 34	-1.1151	35.3329	BGF 05	-0.2015	4.6156	BGF 101	-0.2159	16.2771
BGF 153	-0.8446	35.6035	BGF 170	-0.1909	4.6262	BGF 110	-0.2065	16.2865
BGF 45	-0.7356	35.7124	BGF 56	-0.1872	4.6298	BGF 27	-0.1989	16.2941
BGF 110	-0.2905	36.1576	BGF 97	-0.1809	4.6362	BGF 97	-0.1866	16.3064
BGF 112	-0.0998	36.3482	BGF 110	-0.1618	4.6553	BGF 06	-0.1692	16.3238
BGF 121	0.1336	36.5816	BGF 128	-0.1485	4.6685	BGF 71	-0.1664	16.3266
BGF 82	0.5471	36.9951	BGF 41	-0.1485	4.6685	BGF 75	-0.1655	16.3275
BGF 144	0.6404	37.0885	BGF 57	-0.1167	4.7003	BGF 67	-0.1655	16.3275
BGF 56	0.6446	37.0926	BGF 92	-0.1167	4.7003	BGF 01	-0.1655	16.3275
BGF 94	0.6938	37.1418	BGF 26	-0.1025	4.7146	BGF 42	-0.1465	16.3465
BGF 63	0.7076	37.1556	BGF 15	-0.1025	4.7146	BGF 36	-0.1264	16.3666
BGF 35	0.8916	37.3397	BGF 06	-0.0975	4.7195	BGF 73	-0.0988	16.3943
BGF 05	0.9506	37.3986	BGF 197	-0.0956	4.7215	BGF 154	-0.0863	16.4067
BGF 38	1.0697	37.5178	BGF 102	-0.0944	4.7227	BGF 20	-0.0664	16.4266
BGF 32	1.0795	37.5275	BGF 67	-0.0744	4.7427	BGF 22	0.0014	16.4944
BGF 169	1.1562	37.6042	BGF 62	-0.0669	4.7502	BGF 04	0.0138	16.5068
BGF 39	1.423	37.871	BGF 73	-0.0002	4.8168	BGF 26	0.0345	16.5275
BGF 02	1.4385	37.8866	BGF 75	0.0103	4.8274	BGF 15	0.0345	16.5275
BGF 43	1.5757	38.0238	BGF 280	0.0209	4.838	BGF 191	0.0348	16.5278
BGF 20	1.6713	38.1193	BGF 40	0.0527	4.8698	BGF 28	0.0348	16.5278
BGF 74	1.7486	38.1967	BGF 36	0.067	4.884	BGF 74	0.0682	16.5612
BGF 97	2.0514	38.4995	BGF 29	0.0924	4.9094	BGF 38	0.0939	16.5869
BGF 44	2.71	39.158	BGF 09	0.1163	4.9333	BGF 144	0.1349	16.628
BGF 26	2.8618	39.3098	BGF 168	0.2539	5.071	BGF 82	0.1349	16.628
BGF 15	2.8618	39.3098	BGF 35	0.2857	5.1028	BGF 44	0.153	16.646
BGF 46	3.0028	39.4508	BFG 201	0.2947	5.1117	BGF 57	0.1683	16.6613
BGF 06	3.0208	39.4688	BGF 01	0.3069	5.1239	BGF 56	0.2743	16.7673

BGF 69	3.1436	39.5917	BGF 71	0.3338	5.1509	BGF 34	0.2942	16.7872
BGF 27	3.2437	39.6917	BGF 100	0.3466	5.1636	BGF 112	0.3019	16.7949
BGF 33	3.4226	39.8707	BGF 04	0.3783	5.1954	BGF 35	0.3019	16.7949
BGF 117	3.6227	40.0707	BGF 33	0.3916	5.2087	BGF 02	0.3353	16.8283
BGF 24	3.8555	40.3035	BGF 74	0.4128	5.2298	BGF 203	0.4254	16.9184
BGF 72	4.0976	40.5456	BGF 82	0.4869	5.304	BFG 89	0.4688	16.9618
BGF 154	4.2686	40.7166	BGF 116	0.4927	5.3097	BGF 03	0.4688	16.9618
BGF 95	4.323	40.771	BGF 156	0.5399	5.3569	BGF 169	0.5022	16.9952
BGF 49	4.9646	41.4126	BGF 72	0.5689	5.386	BGF 153	0.5022	16.9952
BGF 03	5.1322	41.5802	BGF 53	0.5928	5.4099	BGF 117	0.6024	17.0954
BGF 168	5.7535	42.2015	BGF 154	0.6015	5.4185	BGF 72	0.6147	17.1077
BFG 89	6.406	42.854	BGF 95	0.6458	5.4628	BGF 69	0.6691	17.1622
BGF 205	6.546	42.9941	BGF 02	0.6458	5.4628	BGF 49	0.6948	17.1879
BGF 100	6.8643	43.3123	BGF 198	0.6918	5.5089	BGF 280	0.7025	17.1955
BGF 57	7.1827	43.6308	BGF 144	0.7729	5.5899	BGF 99	0.7259	17.2189
BGF 73	7.2074	43.6554	BGF 121	0.794	5.6111	BGF 33	0.7359	17.2289
BGF 101	7.4902	43.9382	BGF 113	0.8439	5.6609	BGF 199	0.7526	17.2456
BGF 197	7.5542	44.0022	BGF 22	0.9423	5.7594	BGF 46	0.7551	17.2481
BGF 128	7.6075	44.0556	BGF 117	0.9529	5.77	BGF 128	0.7693	17.2623
BFG 201	8.1121	44.5601	BGF 37	0.9635	5.7805	BGF 95	0.7693	17.2623
BFG 19	8.5001	44.9481	BGF 138	0.9882	5.8053	BGF 94	0.8027	17.2957
BGF 66	9.0074	45.4555	BGF 49	1.0137	5.8308	BGF 91	0.8352	17.3282
BGF 41	9.4883	45.9363	BGF 112	1.0164	5.8335	BGF 29	0.8352	17.3282
BGF 170	10.8921	47.3402	BGF 94	1.0164	5.8335	BGF 37	0.8361	17.3291
BGF 37	10.9866	47.4347	BGF 69	1.027	5.8441	BGF 41	0.8528	17.3458
BGF 01	11.0644	47.5125	BGF 20	1.1789	5.996	BGF 113	0.9678	17.4608
BGF 155	11.8796	48.3277	BGF 46	1.1853	6.0024	BGF 168	1.003	17.496
BGF 91	12.6545	49.1025	BGF 27	1.2177	6.0347	BGF 198	1.0361	17.5291
BGF 280	13.2819	49.73	BGF 169	1.3342	6.1512	BGF 197	1.0865	17.5795
BGF 29	13.7162	50.1642	BGF 44	1.3925	6.2095	BGF 156	1.1699	17.663
BGF 156	14.1823	50.6303	BGF 34	1.4331	6.2502	BGF 170	1.2033	17.6963
BGF 116	15.5913	52.0393	BGF 199	1.4401	6.2571	BGF 205	1.2701	17.7631
BGF 113	16.783	53.231	BGF 38	1.7635	6.5806	BFG 201	1.2865	17.7795
BGF 199	16.8188	53.2669	BGF 52	1.7643	6.5813	BGF 52	1.5098	18.0028
BGF 198	16.9121	53.3602	BGF 153	1.8319	6.649	BGF 60	1.9278	18.4208
BGF 52	17.28	53.728	BGF 155	2.7188	7.5358	BGF 83	2.028	18.521
BGF 71	21.7246	58.1726	BGF 205	2.7639	7.5809	BGF 200	2.6363	19.1293

(g) ganho genotípico; (u+g) média do ganho genotípico; (AACPD) área abaixo da curva de progresso da doença

A maioria das fontes de resistência fisiológica ao mofo branco são de origem andina ou ainda de outras espécies relacionadas ao *Phaseolus vulgaris* L., como é o caso da espécie *Phaseolus coccineus* L. (Gilmore et al., 2002; Viteri e Singh, 2014). Considerando as variáveis utilizadas quanto à resistência do feijão comum ao fungo *S. sclerotiorum*, os genótipos BGF 13, BGF 165, BGF 76 e o BGF 11 foram considerados os mais resistentes (Tabela 5). Os genótipos BGF 11, BGF 76 e BGF 165 são de origem

andina, enquanto o genótipo BGF 13 é de origem mesoamericana. O achado de uma fonte de resistência mesoamericana pode ser muito interessante pelo fato da maioria dos tipos de feijão cultivados no Brasil ser de origem mesoamericana. Isso facilitaria a transferência desta resistência em um programa de melhoramento de feijão comum devido à proximidade genética maior entre cruzamentos de genótipos de feijão de origem mesoamericano.

Vários são os genótipos de feijão comum identificados como resistentes ao *S. Sclerotiorum*, como o Tacargua, PI 169787, Ex rico 23, ICA Bunsí, PC50, ND 88-106-04, AN 37, A 195, G 122, AN37, VA19, Olathe, Raven, entre outros, porém todos estes têm resistência parcial, são de origem andina e são governados por múltiplos genes (Dickson e Hunter, 1982; Miklas et al., 1998; Miklas et al., 2006; Ender et al., 2007; Miklas et al., 2007; Soule et al. 2011; Vasconcellos, 2017).

É importante mencionar que na literatura há relatos de variações entre os resultados obtidos sob condições controladas e os resultados obtidos em campo. Algumas fontes genótipos resistentes podem variar suas estratégias de defesa, dependendo das condições ambientais ou do método de avaliação empregado (Martison, 1998; Pennypacker e Risius, 1999; Miklas et al., 2013; Vasconcelos et al., 2017).

Os trabalhos realizados com inoculações em casa de vegetação para identificação de genótipos de feijão comum com resistência fisiológica ao *S. sclerotium* classificam a resistência e suscetibilidade arbitrariamente por meio de notas que vão de 1 a 3 para os resistentes e de 4 a 9 para os suscetíveis (Petzoldt e Dickson, 1996; Arkwazee e Myers, 2017). Porém, este trabalho visou a aplicação de análises estatísticas e avaliação do progresso da doença para uma separação mais adequada dos resistentes visando refletir estes atributos no campo.

5. CONCLUSÃO

As avaliações por notas e a AACPD são mais eficientes na discriminação dos genótipos de feijão comum entre os que são resistentes e os que são suscetíveis.

Os genótipos de feijão comum BGF 13, BGF 165, BGF 76 e o BGF 11 possuem resistência fisiológica ao fungo *Sclerotinia sclerotiorum* e são recomendados como fontes de resistência ao mofo branco em programas de melhoramento de feijão comum. Acredita-se ainda que o genótipo BGF 13, por ser de origem mesoamericana, seja a melhor opção no melhoramento genético de feijão comum do tipo comercial carioca e preto.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ABREU, M. J.; MENDONÇA, T. R.; SOUZA, E. A. Caracterização morfológica de isolados de *Sclerotinia sclerotiorum*. In: CONGRESSO NACIONAL DE PESQUISA EM FEIJÃO, 10, 2011, Goiânia: UFG, 2011. 1 CD ROM.
- ANDRADE, Gabriela.C.G; Reação de genótipos de soja ao mofo branco. (Tese: Doutorado em Agronomia) – Universidade Federal de Goiás, UFG, 2015 LXXIV, 74 f.: il.<<http://repositoriobcufgbr//tede/handle/tede/7092>>
- ANTONIO, R.; SANTOS, J.; SOUZA, T.; CARNEIRO, F. Genetic control of the resistance of common beans to white mold using the reaction to oxalic acid. **Genetics and Molecular Research**, v. 7, Nº. 3, p. 733-740, 2008.
- BENJAMINI Y; HOCHBERG Y (1995) Controlling the false Discovery Rate: A Practical and Powerful Approach to Multiple Testing. **Journal of the Royal Statistical Society** 7:289-300.
- BERTOLDO, J. G. Melhoramento de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) para condições de cultivo da Serra Catarinense com o uso de germoplasma promissores: ciclo de planta prolongado e elevada estatura. – (Tese: Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas), Universidade Federal de Santa Catarina, Centro de Ciências Agrárias, Florianópolis, SC, 2011. p.165.
- BLAIR, M.W. et al .Development of a genome-wide anchored microsatellite map for common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin,v. 107,p.1362-1374,2003.
- BOLAND, G. J.; HALL, R. Index of plant hosts *Sclerotinea sclerotiorum*. **Can. J. Plant Pathol.** 16:93 – 108, 1994.
- BOLTON, M. D; THOMMA, B. P. H. J; NELSON, B. D. *Sclerotinia sclerotiorum* (Lib.) de Bary: Biology and molecular traits of a cosmopolitan pathogen. **Molecular Plant Pathology**, 2006 v. 7, n. 1, p. 1–16.

- BURT, A.J.; WILLIAM, H.M.; PERRY, G.; KHANAL, R.; PAULS, K.P.; KELLY, J.D.; NAVABI, A. Candidate gene identification with SNP marker-based fine mapping of anthracnose resistance gene *Co-4* in common bean. **PloS One**, 10:1-19, 2015.
- CARNEIRO MS & VIEIRA MLC (2002) Mapas genéticos em plantas. **Bragantia** 61:89-100.
- CASTAÑO, F.; HÉMERY-TARDIN, M.; TOURVIEILLE D.; VEAR, F. The genetics of resistance in sunflower capitula to *Sclerotinia sclerotiorum* measured by mycelium infections combined with ascospore tests. **Euphytica** 122:373-380. 2001.
- CEZAR, J. F.; SANTOS, J. B. DOS; FIGUEIRÓ, A. DE A.; POZZA, E. ***Sclerotinia sclerotiorum* e mofo branco: estudos básicos e aplicados**. 2015.
- CONAB, COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO - **Perspectiva Agropecuária**, Brasília, v.6, p. 1-112, ago. 2018.
- CONAB. **Companhia Nacional de Abastecimento**. Disponível em: <<http://www.conab.gov.br/>>. Acesso em: 11 nov. 2017.
- CÓRDOBA, J. M. et al. Integration of physical and genetic maps of common bean through BAC-derived microsatellite markers. **BMC Genomics**, London, v.11, p. 436-2010.
- COSTA, J. G. C. DA. Melhoramento para resistência a doenças e pragas do feijoeiro comum. **Documentos, IAC**, Campinas, 85, 2008.
- COYNE, D.; STEADMAN, J.; ANDERSON, F. Effect of modified plant architecture of greatb northern dry bean varieties (*Phaseolus vulgaris*) on white mold severity, and components of yield. **Plant Disease Reporter**, v. 58, n. 4, p. 379-382, 1974.
- CRUZ, C.D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**. v.35, n.3, p. 271-276, 2013.
- CUNHA, W. G; **Resistencia ao *Sclerotinia sclerotiorum* em plantas de soja geneticamente modificado para expressar o gene da oxalato descarboxilase de *Flammulina velutipes***. Distrito Federal – Brasília 2010.
- CUNHA, W. G; **Resistencia ao *Sclerotinia sclerotiorum* em plantas de soja geneticamente modificado para expressar o gene da oxalato descarboxilase de *Flammulina velutipes***. Distrito Federal – Brasília 2010.

DEMANT, C. A. R. **Mofo branco e seu manejo no Oeste baiano**. Boletim Passarela da soja, fundação BA Março/2010 - Ano 02 - Nº 02. Disponível em: <<https://pt.scribd.com/document/440279382/Anais-Mofo-Branco>> Acesso em: 10 jun. 2018

DICKSON, M.; HUNTER, J.; BETTER, M.; CIGNA, J. Selection for resistance in *Phaseolus vulgaris* L. to white mold disease caused by *Sclerotinia sclerotiorum* (Lib.) de Bary. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, 107:231-234, 1982.

Dickson M.H.; Hunter J.F. Sources of white mold resistance and breeding for resistance. **Annual Reports - Bean Improvement Cooperative**. 25:104-105, 1982.

ENDER M, KELLY JD. Identification of QTL associated with white mold resistance in common bean. **Crop Science**, 45:6:2482-2489, 2005.

ENDER M.; TERPSTRA K.; KELLY J.D. Marker-assisted selection for white mold resistance in common bean. **Molecular Breeding**, 21:149-157, 2007.

FAO (Food and Agriculture Organization). Produção mundial de feijão comum. Roma: Annual Report, FAO, 2017.

FERRAZ, L.; FILHO, A. C. C.; NASSER, L.; AZEVEDO, J. Effects of soil moisture, organic matter and grass mulching on the carpogenic germination of sclerotia and infection of bean by *Sclerotinia sclerotiorum*. **Plant Pathology**, 48:77-82, 1999.

FERREIRA, J. J. Screening common bean for resistance to four *Sclerotinia sclerotiorum* isolates collected in northern Spain. **Plant Disease**, 94:885-890, 2010.

FERREIRA, L. U. **Resistência do feijoeiro comum ao mofo-branco: comparação de métodos de inoculação e seleção de populações e linhagens resistentes**. Goiás: Universidade Federal de Goiás, 2013. p. 69 (Tese: Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).

GARCIA, R. Á.; MAYER, M.C; CUNHA, M.G. Métodos de inoculação de *Sclerotinia sclerotiorum* para triagem de cultivares de soja resistentes ao mofo-branco. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, 50:726-729, 2015.

GENCHEV, D.; KIRYAKOV, I. Inheritance of resistance to white mold disease (*Sclerotinia sclerotiorum* (Lib.) de Bary) in the breeding line A 195 of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Bulgarian Journal of Agricultural Science**, 8:181-187, 2002.

GEPTS, P.; BEAVIS, W.D.; BRUMMER, E.C.; SHOEMAKER, R.C.; STALKER, H.T.; WEEDEN, N.F.; YOUNG, N.D. Legumes as a model plant family. Genomics for food and feed report of the cross-legume advances through genomics conference. **Plant Physiology**, 137:1228-1235, 2005.

GILMORE B; MYERS J.R.; KEAN D. Completion of testing of *Phaseolus coccineus* plant introductions (PIs) for white mold, *Sclerotinia sclerotiorum*, resistance. **Annual Reports Bean Improvement Cooperative**, 45:64-65, 2002.

HANAI, L.R. et al. Extension of the core map of common bean with EST-SSR RGA, AFLP, and putative functional markers. **Molecular Breeding**, 25:25-45, 2010.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA (IBGE). Levantamento sistemático da produção agrícola. **IBGE**, 2017.

JUNIOR, T. J. DE P.; MORANDI, M. A. B.; JÚNIOR, M. L. J.; VIEIRA, R. F.; ZAMBOLIM, L. Controle alternativo do mofo branco no feijoeiro, Guia Técnico.1.ed. Embrapa Meio Ambiente, 2-34, 2018.

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

KULL, L. S. et al., Mycelial compatibility grouping and aggressiveness of *Sclerotinia sclerotiorum*. **Plant disease**, Saint Paul, v. 88, n. 4, p. 325-332, 2004.

LEITE ME, SANTOS JB, RIBEIRO JÚNIOR PM, SOUZA DA, LARA LAC, RESENDE MLV. Biochemical responses associated with common bean defence against *Sclerotinia sclerotiorum*. **European Journal of Plant Pathology** 138:391-404, 2014.

LEITE, R. M. V. B DE C. **Ocorrência de doenças causadas por *Sclerotinia sclerotiorum* em girassol e soja**. Londrina - EMBRAPA, 2005. p. 3. (Comunicado Técnico, 76).

LIMA, IGOR ALMEIDA. **Mapeamento Associativo para reação do feijoeiro ao mofo branco**, Lavras - UFPA, 2014. p. 64 (Tese - Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas)

Liu,S.; Yu K.; S,J. Park. S.J. Development of STS markers and QTL validation for common bacterial blight resistance in common bean. **Plant Breeding**. 127:62-68, 2008.

- LOBO, J. M. Epidemiologia da esclerotínia em tomateiro processamento industrial. 1999. 117 f. (Tese - Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade de Brasília, Brasília, DF.
- LOPES, L. **Mapas de ligação AFLP e identificação de genes de resistência a *Xanthomonas campestris* pv.*passiflorae* em maracujá-amarelo.** 2003. p. 126. (Tese - Doutorado em Genética e melhoramento de Plantas) – Escola Superior" Luiz de Queiroz", Universidade de São Pulo, Piracicaba, 2003.
- MARQUES, J. S. Compostos ativos de folhas de *Eugenia uniflora* e seus efeitos contra mofo branco causado por *Esclerotinea sclerotiorum* em plantas de feijoeiro. 2014. p. 96 (Dissertação - Mestrado em Biologia), Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2014.
- McKINNEY, H. H. Influence of soil, temperature and moisture on infection of wheat seedlings by *Helminthosporium sativum*. **Journal of Agricultural Research**, Washington, v.26. 1923.
- MIKLAS PN, LARSEN KM, TERPSTRA KA, HAUF DC, GRAFTON KF, KELLY JD. QTL analysis of ICA Bunsu-derived resistance to white mold in a pinto x navy bean cross. **Crop Science**, 47:174-179, 2007
- MIKLAS, P. N.; GRAFTON K.F.; KELLY J. D.; STEADMAN J.R.; SILBERNAGEL M.J. Registration of four white mold resistant dry bean germplasm lines: I9365-3, I9365-5, I9365-31, and 92BG-7. **Crop Sci.** 38:1728, 1998.
- MIKLAS, P. N.; PORTER, L. D.; KELLY, J. D.; MYERS, J. R. Characterization of white mold disease avoidance in common bean. **European Journal of Plant Pathology**. 135:525–543, 2013.
- MIKLAS P.N.; GRAFTON K.F.; HAUF D.; KELLY J.D. Registration of partial white mold resistant pinto bean germplasm line USPT-WM-1. **Crop Science**, 46:23-39, 2006.
- MORAES, E. DA S.; MENELAU, A. S. Análise do mercado de feijão comum. **Revista de Política Agrícola**, p. 81-91, 2017.
- OTTO-HANSON, L.; ESKRIDGE, K.M.; STEADMAN, J. R.; MADISA, G. The sensitivity ratio: a superior method to compare plant and pathogen screening tests. **Crop science**, v. 49, n. 1, p. 153-160, 2009.

PASCUAL, A.; CAMPA, A.; PÉREZ-VEGA, E.; GIRALDEZ, R.; MIKLAS, P. N.; PAULA JÚNIOR TJ, VIEIRA RF, LOBO JÚNIOR M, MORANDI MAB, CARNEIRO JES, ZAMBOLIM L (2006) **Manejo integrado do mofo-branco do Feijoeiro**. Viçosa MG. EPAMIG. 15 p. 48

PEREIRA, H.S.; ALMEIDA, V.M.; MELO, L.C.; WENDLAND, A.; FARIA, L.C.; DEL PELOSO, M.J.; MAGALDI, M.C.S. Influência do ambiente em cultivares de feijoeiro-comum em cerrado com baixa altitude. **Bragantia**, 71:165-172, 2012.

PEREIRA, H.S.; ALVARES, R.C.; MELO, L.C.; COSTA, A.F.; CARVALHO, H.W.L. Culinary and nutritional quality of common bean lines with Carioca grain type and interaction with environments. **Revista Ceres**, 64:159-166, 2017.

Petzoldt R, Dickson EMH (1996) Straw test for resistance to white mold in beans. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, 39:142–143, 1996.

PETZOLDT, R.; DICKSON, M. H. Straw test for resistance to white mold in beans. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, East Lansing, v. 39, p. 142-143, 1996.

PORTO, A. C. M.; GWINNER, R; MIRANDA, R. N.; LOPES, F. S.; PEREIRA, W. A.; PASQUAL, M.; SANTOS, J. B. Choice of improved phenotyping methods for bean plant reactions to white mold by non-linear model adjustments of symptom progression. **Australasian Plant Pathology**, 48, 257-266, 2019.

QUINTELA, E.D. Manejo integrado de pragas do feijoeiro no plantio de inverno. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2000. p. 2 (Embrapa Arroz e Feijão. Pesquisa em Foco, 38, ISSN 1678 - 9636).

RAMALHO M.A.P.; ABREU A.F.B.; CARNEIRO J.E.S. Cultivares. **Informe Agropecuário**, EPAMIG, 25, 21-32, 2004

RICHARD, M.S.; PFLIEGER, S.; SÉVIGNAC, M.; THAREAU, V.; BLANCHET, S.; LI, Y.; JACKSON, S.A.; GEFFROY, V. Fine mapping of *Co-x*, an anthracnose resistance gene to a highly virulent strain of *Colletotrichum lindemuthianum* in common bean. **Theoretical and Applied Genetics**, 127:1653-1666, 2014.

RIOU, C.; FREYSSINET, G.; FEVRE, M. Production of cell wall-degrading enzymes by the phytopathogenic fungus *Sclerotinia sclerotiorum*. **Applied and Environmental Microbiology**, 57:5: 1478-1484, 1991.

SANTOS, P. F. DOS. Aspectos epidemiológicos do mofo-branco em feijão comum. Goiania: (Universidade Federal de Goiás) UFG, 2013. p. 71 (Dissertação – Mestrado em Agronomia).

SARTORATO, A. **Desafios no Controle de Doenças na Cultura do Feijoeiro na região Centro-Oeste**. 2006. Artigo em Hypertexto. Disponível em: < <https://www.bdpa.cnpia.embrapa.br/> >. Acesso em: 05 jul. 2018.

SCHWARTZ HF, SINGH SP. Breeding common bean for resistance to white mold: a review. **Crop Science** 53:1832-1844, 2013.

SILVA P.H.; SANTOS J.B.; LIMA I.A.; LARA L.A.C.; ALVES F.C. Reaction of common bean lines and aggressiveness of *Sclerotinia sclerotiorum* isolates. **Genetic and Molecular Research** 13:4:9138-9151, 2014.

SINGH, S. P.; SCHWARTZ, H. F. Breeding common bean for resistance to diseases: a review. **Crop Science**, v. 50, n. 6, p. 2199-2223, 2010.

SOULE M, PORTER L, MEDINA J, SANTANA GP, BLAIR MW, MIKLAS PN. 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** 51:123–139, 2011.

SOUZA DAD, PEREIRA FAC, DIAS JÁ, LEITE ME, SANTOS JB. Reaction of common bean progenies to white mold derived from recurrent selection. **Ciência Rural**, 44:583-587, 2014.

TERÁN, H.; LEMA, M.; SCHWARTZ, H. F.; DUNCAN, R.; GILBERTSON, R. SINGH, S. P. Modified Petzoldt and Dickson scale for white mold rating of common bean. **Annual Report-Bean Improvement Cooperative**, 49:115, 2006.

TERAN, H.; SIGNH, S. P. Response of dry bean genotypes with different levels of resistance to *Sclerotinia sclerotiorum* to three inoculation methods. **Annual report of Bean Improvement Cooperative**, Fort Collins, 51:218-219, 2008.

- TERAN, H.; SINGH, S. P. Gamete selection for improving physiological resistance to white mold in common bean. **Euphytica**, 25:271-280, 2009.
- THIEL T, MICHALEK W, VARSHNEY RK, GRANER A. Exploiting EST databases for the development and characterization of gene-derived SSR-markers in barley (*Hordeum vulgare* L.). **Theoretical Applied Genetics**. 106:411-422, 20.
- PEREIRA V.G.C.; GRIS D.J.; MARANGONI T, FRIGO J.P.; AZEVEDO K.D.; GRZESIUCK A.E. Exigências Agroclimáticas para a Cultura do Feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) **Revista Brasileira de Energias Renováveis**, 3:32-42, 2014.
- VITERI DM, SINGH SP. Inheritance of White Mold Resistance in an Andean Common Bean A 195 and its Relationship with Andean G 122. **Crop Science**. 2014; 55(1):44-49.]
- WER B. Genetic data analysis. 2. ed. Sunderland: Sinauer Associates, 1996.447p. Disponível < <https://searchworks.stanford.edu/view/11085057>>.
- ZUIDERVEEN, G.H.; PADDER, B.A.; KAMFWA, K.; SONG, Q.; KELLY, J.D. Genome-wide association study of anthracnose resistance in Andean beans (*Phaseolus vulgaris*). **PloS One**, 11:1-17, 2016.