

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

CRISLEI FERREIRA ALVES

**Identificação de fontes de resistência fisiológica a isolados de alta
variabilidade genética de *Sclerotinia sclerotiorum* em feijão comum**

CÁCERES
MATO GROSSO, BRASIL
FEVEREIRO – 2022

CRISLEI FERREIRA ALVES

Identificação de fontes de resistência fisiológica a isolados de alta variabilidade genética de *Sclerotinia sclerotiorum* em feijão comum

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 obtenção do título de Mestre.

Orientador:

Prof^a. Dra. Leonarda Grillo Neves

Coorientadores:

Prof. Dr. Thiago Alexandre Santana Gilio

Prof^a. Dra. Kelly Lana de Araujo

CÁCERES
MATO GROSSO, BRASIL
FEVEREIRO – 2022

CIP – CATALOGAÇÃO NA PUBLICAÇÃO

A474i Alves, Crislei Ferreira.

Identificação de fontes de resistência fisiológica a isolados de alta variabilidade genética de *Sclerotinia sclerotiorum* em feijão comum / Crislei Ferreira Alves. – Alta Floresta/Cáceres/Tangará da Serra, 2022.

46 f. ; 30 cm. il. Color.

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.

Orientadora: Dra. Leonarda Grillo Neves.

Coorientador: Dr. Thiago Alexandre Santana Gilio.

Coorientadora: Dra. Kelly Lana de Araújo.

1. *Phaseolus vulgaris* L. 2. Resistência Fisiológica. 3. Mofo Branco. I. Neves, L. G., Dra. II. Gilio, T. A. S., Dr. III. Araújo, K. L., Dra. IV. Título.

CDU 635.652


Identificação de fontes de resistência fisiológica a isolados de alta variabilidade genética de *Sclerotinia sclerotiorum* em feijão comum

CRISLEI FERREIRA ALVES


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.

Aprovada em 24 de fevereiro de 2022


Comissão Examinadora

Documento assinado digitalmente
 LEONARDA GRILLO NEVES
Data: 26/03/2022 20:08:43-0300
Verifique em <https://verificador.iti.br>

Prof.^a Dra. Leonarda Grillo Neves
Orientadora – UNEMAT – Universidade do Estado de Mato Grosso Carlos
Alberto Reyes Maldonado

Documento assinado digitalmente
 THIAGO ALEXANDRE SANTANA GILIO
Data: 25/03/2022 11:56:56-0300
Verifique em <https://verificador.iti.br>

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

Documento assinado digitalmente
 GISELI VALENTINI
Data: 26/03/2022 09:52:29-0300
Verifique em <https://verificador.iti.br>

Prof.^a Dr.^a Giseli Valentini
USDA, ARS – U. S. Department of Agriculture, Agriculture Reserch
Center, Beltsville, MD

BIOGRAFIA

Crislei Ferreira Alves, nascida em 22 de maio de 1993 na cidade de Alta Floresta em Mato Grosso. Engenheira agrônoma pela Universidade do estado de Mato Grosso, campus de Alta Floresta. De 2015 a 2017 foi voluntária no laboratório de fitopatologia, onde realizou trabalho de controle alternativo e controle biológico de patógenos. Em 2020 ingressou no Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas- PGMP da Unemat, sob a orientação da Dr^a. Leonarda Grillo Neves.

AGRADECIMENTO

À universidade do Estado de Mato Grosso (UNEMAT) e o Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas (PGMP), pela oportunidade de realização do curso de mestrado.

Ao conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pelo financiamento desta pesquisa e à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela concessão da bolsa.

Aos meus orientadores Leonarda Grillo Neves, Thiago Alexandre Santana Gilio e Kelly Lana de Araujo, grata pelos ensinamentos, confiança e apoio.

A Deus pela vida e saúde em um ano tão atípico.

Aos meus pais, Santos José Alves e Shirlei Ferreira do Rosário, que sempre me acompanharam em todos os desafios, vitórias e alegrias que a vida acadêmica me proporcionou. Ao meu esposo Marcio Valentin, pelo incentivo, carinho e compreensão e força em todos os momentos. Aos amigos que sempre estiveram ao meu lado torcendo por mim.

As amigas que o mestrado me deu, Ana Paula Rodrigues da Silva, Fabrícia Armando Favaretto e Mirian da Silva Almici, agradeço pelos conselhos, incentivo, apoio, pelas mensagens de carinho nos momentos difíceis, vocês foram essenciais nessa jornada.

Aos meus amigos do feijão, Heitor A. Silva, Laécio N. C. Júnior, Vanessa R. S. Arruda, Vítor C. F. Rocha e Lucas A. S. G. Cruz, pela amizade, ajuda na realização e condução do experimento.

A todos os demais que não foram citados, mas que de alguma forma direta ou indireta contribuíram para a realização deste trabalho.

Meus sinceros agradecimentos!

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	3
2.1. Feijão comum (<i>Phaseolus vulgaris</i> L.)	3
2.2. Origem e domesticação do feijão comum	4
2.4. O fungo <i>Sclerotinia sclerotiorum</i> (Lib.) de Bary como doença.....	6
2.5. Variabilidade genética do fungo <i>Sclerotinia sclerotiorum</i>	8
2.6. Resistência genética de feijão comum ao mofo branco	9
3. MATERIAIS E MÉTODOS	11
3.1. Local do Experimento	11
3.2. Material vegetal	11
3.3. Semeadura	14
3.4. Origem dos isolados de <i>Sclerotinia sclerotiorum</i>	14
3.5. Inoculação plântulas de feijão comum	14
3.6. Análise estatística.....	16
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	18
5. CONCLUSÃO	25
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	26
7. ANEXOS	34

RESUMO

ALVES, CRISLEI FERREIRA. MSc. Universidade do Estado de Mato Grosso Carlos Alberto Reyes Maldonado, Fevereiro de 2022. Identificação de fontes de resistência fisiológica a isolados de alta variabilidade genética de *Sclerotinia sclerotiorum* em feijão comum. Orientadora: Leonarda Grillo Neves, coorientadores: Thiago Alexandre Santana Gilio e Kelly Lana Araujo.

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) está entre as principais culturas do mundo, justo a sua importância econômica, social e nutricional. Por outro enfoque, diversos fatores causam instabilidade a cultura, dentre eles o mofo branco, doença causada pelo patógeno de solo *Sclerotinia sclerotiorum* (Lib.) de Bary. Assim, o objetivo deste trabalho foi identificar genótipos com resistência fisiológica a isolados de alta variabilidade de *S. Sclerotiorum* para serem utilizados em programas de melhoramento genético desse feijão. Dessa forma, o experimento foi conduzido em casa de vegetação e foram semeados 112 acessos ao feijão comum, como resultado, quando as plântulas apresentavam o primeiro trifólio completamente expandido, as mesmas foram inoculadas *S. sclerotiorum* (S.s 486, S.s 463 e S.s 597). Então, o delineamento experimental foi blocos ao acaso com seis repetições, e a identificação de resistência dos acessos foi realizada através da atribuição de notas proposta por Arkwazee e Myers, área abaixo da curva de progresso da doença e relação doença/planta. Em síntese, houve diferença significativa entre as médias dos genótipos ($p \leq 0,01$). A saber, os genótipos de feijão comum BGF 26 e BGF 155 foram resistentes ao isolado de *S. sclerotiorum* 486, enquanto os BGF 74 e BGF 200 destacaram-se como resistentes ao isolado S.s 463, ao passo que os BGF 47 e BGF 105 foram resistentes ao isolado S.s 597. Já os BGF 6, BGF 30 e BGF 197, apresentaram resistência aos isolados S.s 486 e S.s 463. Em suma, esses genótipos são considerados boas fontes de resistência a *Sclerotinia sclerotiorum*, para serem trabalhados em programas de melhoramento genético do feijão comum.

Palavras chaves: *Phaseolus vulgaris* L., resistência fisiológica, mofo branco.

ABSTRACT

ALVES, CRISLEI FERREIRA. MSc. Universidade do Estado de Mato Grosso Carlos Alberto Reyes Maldonado, February, 2022. Identification of sources of physiological resistance to high genetic variability isolates of *Sclerotinia sclerotiorum* in common beans. Supervisor: Leonarda Grillo Neves. Co-supervisors: Thiago Alexandre Santana Gilio e Kelly Lana Araujo.

The common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) is among the main crops grown in the world, due to its economical, social and nutritional importance. Conversely, sundry factors cause crop cultivation instability, among them the white mold disease caused by the soil pathogen *Sclerotinia sclerotiorum* (Lib.) de Bary. Therefore, this project assignment objective was to identify genotypes with physiological resistance to isolates of high variability of *S. Sclerotiorum* to be used in genetic improvement programs of these beans. Thus, the experiment was managed in a greenhouse and 112 accesses to the common bean were sown, as a result, when the seedlings exhibited the first trefoil completely expanded, the same were inoculated *S. sclerotiorum* (S.s 486, S.s 463 and S.s 597). Then, the trial design was random blocks with six repetitions and the resistance identification of the accesses was accomplished through the attribution of proposed notes by Arkwazee and Myers, area under the disease progress curve and disease/plant correlation. In short, there was a meaningful difference among the genotypes rate ($p \leq 0,01$). The common bean genotypes BGF 26 and BGF 155 were resistant to the *S. sclerotiorum* 486 isolate whereas the BGF 74 and BGF 200 were highlighted as resistant to the S.s 463 isolate as long as the BGF 47 and BGF 105 were resistant to the S.s 597 isolate. Although the BGF 6, BGF 30 and BGF 197 exhibited resistance to the S.s 486 and S.s 463 isolates. To sum up, these genotypes are considered good sources of resistance to *Sclerotinia sclerotiorum* to be labored in genetic improvement programs of common beans.

Keywords: *Phaseolus vulgaris* L., physiological resistance, white mold.

1. INTRODUÇÃO

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.), é a espécie mais cultivada do gênero *Phaseolus* (Barbosa e Gonzaga, 2012), está entre as principais culturas produzidas mundialmente, sua importância extrapola o aspecto econômico, dada sua relevância enquanto fator de segurança alimentar, nutricional e cultural na culinária de diversos países (Fasolo et al., 2013).

Em países, o qual o consumo de proteína animal é escasso, essa leguminosa é considerada a principal fonte proteica (Siviero et al. 2016), especialmente em países da África e das Américas (Schmutz et al., 2014). Neste passo, o Brasil é um dos maiores produtores e consumidores mundiais de feijão comum, em 2019 o consumo era de 2,84 milhões de toneladas, estima-se que até 2025 chegue a 3,48 milhões de toneladas, tendo um crescimento de 3,6 % ao ano (Coelho e Ximenes, 2020).

A par disso, os maiores produtores mundiais de feijão comum são Myanmar, Índia e o Brasil, ocupando a terceira posição com aproximadamente 3.103,8 milhões de toneladas, distribuída em uma área de 2.909 milhões de hectares, com produtividade de 1.067 kg/ha⁻¹ (CONAB, 2021).

No Brasil, a cultura ainda apresenta grande importância social, por ser produzido em três safras distintas, tendo oferta do produto o ano inteiro (Conab, 2021), e por gerar mão-de-obra durante todo o seu ciclo produtivo (Dalvachivon et al., 2011). Mas, apesar do alto potencial, a produtividade está aquém do esperado, e diversos fatores tem contribuído para isso, dentre eles as doenças, podendo levar a perdas significativas na produção (Rodríguez et al., 2019).

Por tais razões, o feijão comum pode ser acometido por doenças em todas as fases de desenvolvimento (Kataki et al., 2013), entre elas o mofo branco, que é causado pelo fungo necrotrófico *Sclerotinia sclerotiorum* (Lib) de Bary (Paula Junior et al., 2018). O patógeno possui mais 400 espécies de plantas hospedeiras (Wendland et al., 2016), além das plantas cultivadas, pode ser encontrado em diversas espécies de plantas daninhas (Pereira et al., 2013).

Em linhas gerais, estudos tem evidenciado a existência de ampla variabilidade genética de populações de *S. sclerotiorum* entre diferentes regiões geográficas (Nascimento et al., 2010; Koga et al., 2014; Peripoli et al., 2017). O conhecimento da variabilidade de populações e estrutura genética deste patógeno podem contribuir

com o processo de melhoramento na busca por fontes de resistência (Lehner et al., 2015), o estudo da dinâmica representa uma parte essencial para o entendimento da epidemiologia da doença, e assim estabelecer medidas para seu controle (Magalhães et al., 2011).

Posto isto, Lehner et al. (2015), investigando 118 isolados de *S. sclerotiorum* em lavouras de feijão comum, encontraram variabilidade genética entre 10 isolados e formaram 14 grupos de compatibilidade micelial (MCGs) entre os isolados avaliados. Assim, dois grupos corresponderam a 70% de MCGs, além disso houve diferenciação genética entre os isolados coletados em diferentes regiões. De acordo com os autores, a resistência de feijão comum a *S. sclerotiorum* devem ser avaliadas considerando os isolados representativos encontrados no trabalho.

Neste passo, diversos métodos têm sido descritos para avaliar a reação de feijão comum a *S. sclerotiorum* como: inoculação dos cotilédones (Grau e Bissonete, 1974; Kim et al., 2000; Kull et al., 2003), corte do pecíolo (Del Rio et al., 2000), *Straw test* (Petzold e Dickson, 1996; Terán et al., 2006; Arkwazee e Meyers, 2017), inoculação na folha (Wegulo et al., 1998), flores com micélio para inoculação no caule (Schwartz et al., 1978, Terán e Singh, 2009), e inoculação de plantas no estágio do florescimento por meio de ascósporos (Abawi et al., 1978; Cline e Jacobsen, 1983; Schwartz et al., 1978).

A par disso, as principais medidas de controle utilizadas tem sido o cultivo em épocas desfavorável ao patógeno, uso de sementes sadias e tratadas (Wendland et al., 2016), controle biológico de forma preventiva, plantio direto e rotação de cultura com plantas não hospedeiras (Fernandes et al., 2018). Por fim, o emprego de genótipos com resistência ao acamamento pode reduzir a infecção do patógeno (Miklas et al., 2013), além da resistência fisiológica já relatada por alguns autores (Abawi et al., 1978; Vasconcellos et al., 2017).

Em suma, esse tipo de resistência está relacionado a mecanismos físicos e bioquímicos, sendo dividido em pré e pós-formado em reação a presença do patógeno (Dallagnol e Araujo Filho, 2018). Por isso, alguns cultivares e linhagens descritas apresentam resistência parcial a doença, apresentando nível baixo a moderado (Paula Júnior et al., 2018; Santos, 2014). Diante do exposto, o objetivo do presente estudo foi identificar fontes de feijão comum com resistência fisiológica a isolados *Sclerotinia sclerotiorum* (Lib.) de Bary de alta variabilidade patogênica, visando a seleção para

uso em programas de melhoramento genético.

2. REVISÃO BIBLIOGRAFICA

2.1. Feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.)

O feijão comum pertence à família Fabaceae (Coelho et al., 2017), subfamília Papilionoideae e gênero *Phaseolus* L., possui cerca de 55 espécies, sendo apenas cinco delas cultivadas: *P. lunatus* L., *P. coccineus* L., *P. acutifolius*, *P. polyanthus* Greenman e *P. vulgaris* L., esta última de maior importância econômica e a mais cultivada (Santos e Gavilanes, 2011).

Neste passo, é uma planta anual herbácea (Santos e Gavilanes, 2011), autógama, diploíde, com porcentagem de fecundação cruzada entre 3 % à 5 % (Burle et al., 2010), possui uma ampla variabilidade morfológica, desde hábito de crescimento, tamanho de folhas, flores, vagens e coloração da semente, possibilitando separar as formas cultivadas das silvéticas (Singh et al., 1991). O ciclo fisiológico do feijão comum é dividido em duas fases distintas: a fase vegetativa que compreende desde a germinação até o surgimento do primeiro trifólio completamente expandido, enquanto a fase reprodutiva inicia-se na pré-floração finalizando com a maturação das vagens (Didoet e Carvalho, 2014).

No caso em tela, no Brasil historicamente, a produção de feijão comum era tida como uma cultura de pequenas áreas e produzidas por produtores descapitalizados, vale lembrar, que também houve o interesse de produtores de outras classes econômicas, que adotaram o uso de tecnologias sofisticadas, como irrigação por aspersão, pivô central, colheita mecanizada e cultivos em grandes escalas (Barbosa e Gonzaga, 2012).

Ademais, as regiões sudeste e centro-oeste são as principais produtoras de feijão comum irrigado de terceira safra, nos estados de Goiás e Mato Grosso a produção se concentra em municípios com tradição no cultivo desta leguminosa. Os municípios mato-grossense que se destacam são Sorriso, Lucas do Rio verde, Primavera do Leste, Nova Uiratã, Ipiranga do Norte, Nova Mutum, Campo Novo do Parecis, Tapurah, Sapezal e Santa Rita do Trivelato (Silva e Wander, 2018).

É inegável, que o feijão comum se tornou uma das culturas de maior importância econômica no panorama do agronegócio brasileiro, pela sua elevada variabilidade genética, possibilidade de cultivo nas mais diversas condições

edafoclimáticas e por ser um dos grãos mais importantes na alimentação humana, tendo o melhoramento genético contribuído para este cenário tão promissor (Tsutsumi; Bulegon e Piana, 2015).

O melhoramento genético no feijão comum começou a ser realizado a partir de meados de 1970, na busca por resultados para interações complexas como características morfológicas, resistência a pragas, doenças, tolerância a estresse, questões relacionadas ao manejo da cultura, qualidade e rendimento de grãos (Coelho; Oliveira; Bernardes, 2017).

Além desse fator, o melhoramento genético brasileiro no feijão comum é realizado principalmente por instituições públicas como a Embrapa, Instituto agrônomo de Campinas, Instituto Agrônomo do Paraná e as universidades (Coelho; Oliveira; Bernardes, 2017), tendo como os principais objetivos a busca por genótipos resistentes a pragas e doenças, que permitam boa fixação biológica de nitrogênio, cultivares que não sofram com as variações ambientais, e que tenham uma produtividade elevada e estável, aliada a uma qualidade nutricional dos seus grãos (Tsutsumi; Bulegon e Piana, 2015).

É certo, que com relação ao gosto e tipos de grãos consumidos a uma grande variação, com destaque para o grupo carioca, que é de preferência dos brasileiros, seguido do feijão preto, jalo, rajado, roxo, rosinha, mulatinho, entre outros. O feijão preto tem maior consumo nos estados do Rio Grande do sul, Paraná, Santa Catarina e Rio de Janeiro, enquanto que os demais tipos são ligados a preferências regionais, tendo nichos específicos de mercado (Del Peloso e Melo, 2005).

2.2. Origem e domesticação do feijão comum

A espécie *Phaseolus vulgaris* L. originou-se no México (Bitocchi et al., 2012), ocorrendo seu processo de domesticação, a partir de feijões silvestres (Hernandez-López et al., 2013), e por meio de evidências botânicas, arqueológicas, moleculares (Becerra et al., 2011), estudos bioquímicos de variabilidade de faseolina na semente (Gepts e Bliss, 1986) e aloenzimas (Singh et al., 1991), indicaram dois centros de domesticação, sendo eles a Mesoamérica e os Andes (Hernandez-López et al., 2013).

Ademais, esses dois *pools* gênicos, são geograficamente e geneticamente divergentes da população ancestral comum, indicando que à domesticação ocorreu de forma independente. O *pool* gênico andino divergiu do grupo gênico

mesoamericano aproximadamente há 165.000 anos atrás, e o fluxo gênico entre eles teve papel fundamental para a manutenção da diversidade genética de feijão comum (Schmutz et al., 2014).

Em estudos de origem e diversidade de feijão comum, a faseolina tem papel fundamental, pois cada grupo gênico possui um padrão específico, sendo esta proteína encontrada somente no cromossomo PV07. Os primeiros padrões de faseolina identificados foram o tipo “S” (Sanilac) em genótipos da América Central, “T” (Tenderfreen) e “C” (Contender) em feijões cultivados nos Andes (Bliss e Brow, 1983).

Posteriormente Gepts et al. (1986), descreveu mais três padrões de faseolina, sendo denominado “H” (Huevo Huanco) e “A” (Ayacudo), pertencente ao *pool* gênico andino, e o tipo “M” (Middle America) pertencente ao grupo mesoamericano. Gepts e Bliss (1986) também identificaram mais um novo padrão de faseolina, o tipo “B” (Boyacá), em feijões cultivados e silvestres na Colômbia (*pool* gênico mesoamericano). Koenig et al. (1990) descreveu outros dois novos padrões, “I” (Inca) e “J” (Jujuy) pertencentes ao *pool* gênico andino.

O grupo Mesoamericano é caracterizado por apresentar sementes pequenas com peso inferior a 25g/100 sementes (Singh, 1999). Sendo dividido em três raças: Durango, Jalisco e Mesoamérica. A raça Durango é caracterizada por apresentar hábito de crescimento prostrado tipo III, possui faseolina do tipo “S”, maturação precoce, e seu cultivo ocorre do norte do México e sudeste dos Estados Unidos. Já a Jalisco apresenta hábito de crescimento IV, faseolinas do tipo “S” e são naturais de terras altas e úmidas da região central do México e Guatemala. A raça Mesoamérica encontram-se sementes de várias cores e hábitos de crescimento, possui faseolina do tipo “S” e “B”, esta distribuída do México, América Central, Colômbia, Venezuela e Brasil (Singh et al., 1991).

O grupo gênico andino possui sementes grandes (30-40g/100 sementes) em clima seco e 50-60g/100 sementes em clima temperado (Beaver, 1999). E foi dividido em três raças andinas: Chile, Nueva Granada e Peru. O genótipo Nueva Granada apresenta hábito de crescimento I, II e III, padrão de faseolina tipo “T”, encontrada na Colômbia, Equador, Peru, Argentina, Belize, Bolívia, Brasil, Chile, Panamá e alguns países do Caribe. A raça Chile caracteriza-se pelo hábito de crescimento III, padrões de faseolina tipo “C” e “H”, ocorrem nas regiões de altitudes baixas como Peru, Bolívia, Chile e Argentina. A raça Peru possui hábito de crescimento trepador IV determinado

padrões de faseolina tipo “C”, “H” e “T”, ocorrem ao norte do Peru, Equador, Colômbia e Argentina (Singh et al., 1991).

O processo de domesticação de feijão comum trouxe modificações importantes relacionadas à perda da dispersão de sementes, redução na maturação, perda de dormência, mudança no hábito de crescimento, entre outras alterações (Bertoldo et al., 2012). De acordo com Bitocchi et al. (2012), o processo de domesticação do feijão comum induziu a perda de diversidade genética, em que as populações domesticadas apresentam perda de 72 % de diversidade.

Em suma, com relação a introdução de *Phaseolus vulgaris* L. no Brasil, Gepts et al. (1988), acreditam que possam ter ocorrido de duas formas: a primeira vinda de feijões de grãos pequenos, sendo eles o preto, marrom claro e mulatinho, oriundos do México, seguindo para Colômbia, Venezuela e posteriormente Brasil. E a segunda rota, os grãos de sementes maiores, partiram dos Andes para a Europa, os quais foram trazidos pelos primeiros colonizadores, que introduziram os feijões do tipo jalo, pintado, entre outras variedades.

2.4. O fungo *Sclerotinia sclerotiorum* (Lib.) de Bary como doença

O mofo branco é considerada a doença mais destrutiva do feijoeiro (Wendland et al., 2018), o agente causal é o fungo *S. sclerotiorum* (Lib.) de Bary, pertencente à divisão Ascomycota, classe Discomycetes e ordem Leotiales (Paula Junior et al., 2018). Os primeiros relatos deste patógeno ocorreram em plantas de trevo em 1800 na Inglaterra e em 1880 na Alemanha, no Brasil o primeiro relato da doença foi no ano de 1921 pelo pesquisador Saccá em batata, no estado de São Paulo (Jaccoud Filho et al., 2017).

Antes de tudo, o fungo produz apotécios de 2-10 µm de diâmetro, de formato chato a côncavo quando jovens, ascos cilíndricos medindo de 7 a 10 µm de diâmetro por 112 a 156 µm de comprimento, possui ascósporos elipsoides, hialinos, com dimensões de 4 - 6 x 9 -14 µm de comprimento (Bianchini et al., 1997). O patógeno produz estrutura de resistência chamada de escleródios, estes apresentam coloração negra, duras e relativamente grandes com formato irregular (Paula Junior et al., 2018).

A germinação destas estruturas pode ser miceliogênica (hifas) ou carpogênica (produção de apotécios) (Figura 1), além disso, cada escleródio pode produzir mais de 20 apotécios (Paula Junior et al., 2018). Os apotécios são lisos, coloração clara,

produzindo muitos esporos que são lançados ao ar. As flores de feijão comum infectada, quando caem sobre folhas ou hastes, inicia-se um novo ciclo infeccioso (Wendland et al., 2018).

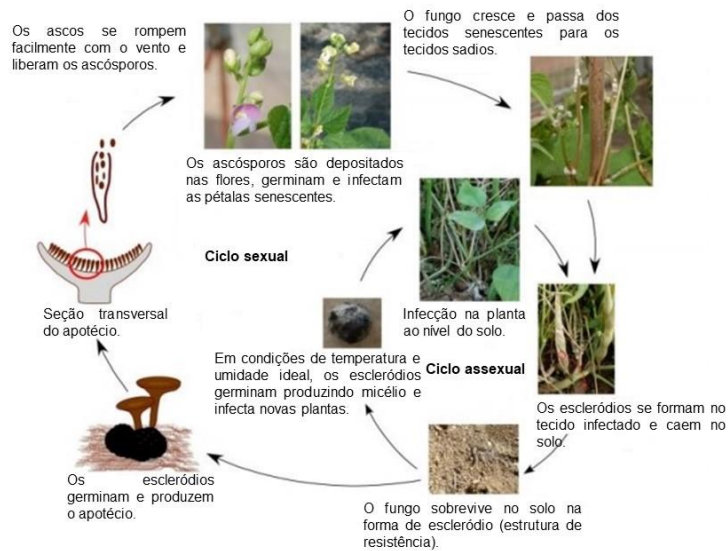


Figura 1. Ciclo de vida do fungo *Sclerotinia sclerotiorum*: Germinação Miceliogênica e Carpogênica. Adaptado: Giannini, 2016.

A infecção se inicia na junção do pecíolo com a haste, cerca de 10 a 15 cm acima do solo, com a formação do micélio cotonoso de coloração branca, que coincide com o fechamento do florescimento, quando as pétalas senescentes são colonizadas pelo patógeno que invade os demais órgãos da planta (Wendland et al., 2018). Em estágio mais avançado da doença o patógeno provoca o apodrecimento do caule e da base das folhas, causando necrose total do tecido (Pavan e Kurozawa, 1997), dependendo da extensão da necrose a planta pode ficar amarelada e morrer (Wendland et al., 2018).

Para penetrar nos tecidos do hospedeiro o fungo libera diversas enzimas de diferentes especificidades, como poligalacturonases, pectinases, xilanases, ácido oxálico, entre outras. A poligalacturonases (PGs) é considerado o fator de virulência importante para o início do processo infeccioso (Do Nascimento et al., 2010), atuando na degradação de polímeros de pectinas na lamela média e enfraquecendo as células da parede celular (Sella et al., 2005), que é favorecido pela ação do ácido

oxálico (Noyes e Hancock, 1981), que impede a atividade das proteínas inibidoras de PGs e mecanismos de defesa do hospedeiro (Favaron et al., 2004).

O escleródio é o principal componente epidemiológico da doença, pois este pode ficar no solo por um período de quatro a cinco anos e posteriormente iniciar uma nova infecção. Além disso, o micélio de *S. sclerotiorum* pode também sobreviver em resto de cultura, porém por um período de tempo relativamente menor que o escleródio (Lourenço et al., 2020).

Posto isso, as principais técnicas de manejo para a doença no feijoeiro são controle químico preventivo, durante a queda das primeiras flores, e em áreas com apotécios formados no solo, uso de cultivares de porte ereto, o plantio em palhada de gramíneas pode atuar como barreira física afim de reduzir a produção de apotécios, aplicação de agentes biológicos como *Trichoderma* spp. para a redução do inóculo no solo, além disso deve-se evitar o adensamento de plantas e excesso de nitrogenada (Wendland et al., 2016).

2.5. Variabilidade genética do fungo *Sclerotinia sclerotiorum*

A análise da estrutura e dinâmica de *Sclerotinia sclerotiorum* é essencial para a compreensão da epidemiologia do patógeno, bem como estabelecer métodos de manejo da doença (Magalhães et al., 2011). Estudos com diferentes marcadores moleculares e grupos de compatibilidade micelial (MCGs), tem sido utilizado para identificar populações de *S. sclerotiorum*, e através deste estudos foi possível identificar diversas populações clonais do patógeno em diversas culturas (Lehner et al., 2015) como em canola (Kohn et al., 1991; Kohli et al., 1992), soja no Canadá (Hambleton et al., 2002), e repolho no Estados Unidos (Cubeta et al., 1997).

Magalhães et al., (2011), utilizando marcador RAPD e 30 isolados de três populações de campo obtidas nos estados de Goiás, Minas Gerais e Mato Grosso para estudar a diversidade genética do patógeno em feijoeiro, observou um alto grau de diversidade, sendo os isolados divididos em quatro grupos indicando a introdução de novos genótipos deste fungo nas áreas analisadas.

Do Nascimento et al. (2010), avaliando 31 isolados de *S. sclerotiorum* em feijão das regiões de Goiás, Mato Grosso e Minas Gerais e 19 isolados obtidos da cultura da soja, no estados do Paraná, identificou 10 grupos de MCGs, e um único grupo correspondeu por 47% dos isolados de todas as regiões, os demais grupos de

isolados responderam a locais específicos, sendo possível correlacionar a origem do isolado com o grupo de compatibilidade micelial, os resultados deste autores também indicaram a existência de variabilidade entre as regiões geográficas e entre os isolados.

Silva et al. (2021), analisando a estrutura genética de uma população de *S. sclerotiorum*, utilizando 288 indivíduos, identificaram 39 grupos presentes no Brasil, e oito novos MCGs descritos, os resultados ainda indicaram acasalamento aleatório em subpopulações do MCGs 1 e 2, as linhagens oriundas de reprodução assexuada ou autofecundação prevaleceram e estão amplamente distribuídas, são persistentes no tempo e afetam diversos hospedeiros, mas há evidências de que o cruzamento desses grupos, podem levar a uma população com maior variabilidade genética no futuro.

Segundo Jaccoud Filho et al. (2017), os resultados obtidos em trabalhos de pesquisa sobre a variabilidade do patógeno *S. sclerotiorum* em diferentes regiões do Brasil e do mundo também relataram a reprodução do fungo predominantemente sexual em regiões de clima tropical e subtropical e reprodução assexuada em clima temperado.

Por tais razões, análises de compatibilidade micelial bem como de diversidade genética entre e dentro de populações de *S. sclerotiorum*, podem contribuir para o desenvolvimento de cultivares resistentes, levando em consideração o comportamento de genótipos quando exposto a diferentes isolados patógeno, já que o feijão comum pode apresentar resistência a um determinado isolado e suscetibilidade a outro.

2.6. Resistência genética de feijão comum ao mofo branco

Para o feijão comum ainda não há resistência genética completa a *S. sclerotiorum* (Leite et al., 2014), a resistência está relacionada a mecanismos fisiológicos de defesa, que inibem a infecção e colonização dos tecidos do hospedeiro (Pérez-Vega et al., 2012), ou de evitação por características relacionadas à arquitetura da planta (Miklas et al., 2013), e traços fenológicos (Pérez-Vega et al., 2012).

A resistência fisiológica envolve mecanismos físicos e bioquímicos, podendo ser morfofisiológico da planta ou serem produzidos após a detecção do patógeno. Os

primeiros mecanismos que atuam como barreira física à penetração dos microrganismos é a cutícula, parede celular e citoesqueleto. Já os mecanismos que atuam como barreira bioquímica aos microrganismos temos a produção de metabolitos secundários por algumas espécies vegetais, fitoanticipinas, fitoalexinas entre outros compostos (Dallagnol e Araujo Filho, 2018).

Um fator que têm dificultado a obtenção de genótipos resistentes é devido a característica ser poligênica, envolvendo resistência horizontal e mecanismos de escape (Antonio et al., 2008; Soule et al., 2011; Miklas et al., 2013). A interação patógeno-hospedeiro para *S. sclerotiorum* é considerada complexa (Vasconcellos et al., 2017), ainda assim, vários QTLs vem sendo mapeados através de populações biparentais de feijão comum ao longo dos anos para identificação de resistência (Campa et al., 2020).

Campa et al. (2020), identificaram vinte e duas associações significativas para características quantitativas localizados nos cromossomos Pv01, Pv02, Pv03, Pv04, Pv08 e Pv09 para resistência ao mofo branco, totalizando 468 genes mapeados nessas regiões, dos quais 61 foram propostos como genes candidatos potenciais para resistência ao patógeno, com funções relacionadas aos três principais estágios de defesa no hospedeiros, sendo eles de reconhecimento, transdução de sinal e resposta de defesa.

Altos níveis de resistência a *S. sclerotiorum* tem sido relatado em *pools* gênicos secundários do gênero de *Phaseolus*, como em *P. coccineus* (Singh et al., 2009), poucas linhagens mesoamericanas tem sido relatadas com resistência parcial, como a ICA Bunsi (TU e Beversdorf, 1982; Grafton et al., 2002), porém vários genótipos andinos de feijão comum já foram identificados como fontes de resistência, como PI 169787, Tacargua, Ex rico 23, Olathe, Raven, entre outros acessos (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).

Para cultivares comerciais de feijão comum o nível de resistência ao mofo branco é considerada baixa, principalmente as de origem mesoamericana (Schwartz e Signh, 2013). Além disso, cultivares que apresentam porte ereto, permitem boa areação do dossel, poucas ramificações, e maiores espaçamentos entre plantas são alternativas que também contribuem para a redução na incidência da doença (kolkman e Kelly, 2003; Miklas et al., 2001; Miklas et al., 2013).

3. MATERIAIS E MÉTODOS

3.1. Local do Experimento

O experimento foi conduzido em casa de vegetação e no laboratório de Recursos Genéticos & Biotecnologia, da Universidade do Estado de Mato Grosso-UNEMAT, Campus de Cáceres - MT.

3.2. Material vegetal

Para o presente estudo foram avaliados 112 acessos de feijão comum (Tabela 1), cedidos pelo Núcleo de Pesquisa Aplicada à Agricultura – Nupagri. Essa coleção é composta por acessos oriundos dos estados do Mato Grosso do Sul, Paraná e Santa Catarina.

Tabela 1. Identificação dos genótipos avaliados no estudo

Acesso	Nome comum	Pool gênico	Origem	Grupo comercial
BGF 1	Rosinha	M	PR	Rosa
BGF 3	Preto	A	PR	Preto
BGF 4	-	-	PR	-
BGF 5	-	M	PR	Rosa
BGF 6	Rajado	A	PR	Jalo marrom claro listrado
BGF 9	-	A	PR	-
BGF 11	Manteigão Rajado	A	PR	Jalo marrom claro listrado
BGF 12	Mesclado	M	PR	Pinto
BGF 13	Pixirum	M	PR	Carioca
BGF 20	Beija-flor	A	PR	Jalo marrom claro listrado
BGF 22	Carioca II	M	PR	Carioca
BGF 23	Carioca III	M	PR	Carioca
BGF 24	Carioca IV	M	PR	Carioca
BGF 25	Carioca V	M	PR	Carioca
BGF 26	Carioca VI	M	PR	Carioca
BGF 28	Carioca Pintado I	M	PR	Pinto
BGF 29	Carioca Pintado II	M	PR	Pinto
BGF 30	Carioca Pitoko	M	PR	Carioca
BGF 32	Preto I	M	PR	Preto
BGF 33	Preto II	M	PR	Preto
BGF 34	Preto III	M	PR	Preto
BGF 35	Preto IV	M	PR	Preto
BGF 36	Rosinha Paraná	M	PR	rosa
BGF 37	Roxinho Paraná	A	PR	Roxo

Continua..

Tabela 1, Cont...

BGF 38	Jalo Listras Pretas	A	PR	Jalo marrom claro listrado
BGF 39	Jalo Pardo	A	PR	Jalo castanho claro
BGF 40	Jalo Pintado I	A	PR	Jalo marrom claro listrado
BGF 41	Jalo Pintado II	A	PR	Jalo marrom claro listrado
BGF 42	Jalo Mulato	A	PR	Jalo castanho claro
BGF 43	Bolinha	A	PR	Jalo marrom claro listrado
BGF 44	Rosinha Opaco	M	MS	Rosa
BGF 45	Rosinha A	M	MS	Rosa
BGF 46	Rosinha B	-	-	Rosa
BGF 47	Rosinha C	M	MS	Rosa
BGF 49	Roxinho A	M	MS	roxo
BGF 52	Mulatão Lustroso	M	MS	Vermelho
BGF 53	-	-	-	-
BGF 56	Mulatinho Vagem Roxa B	M	MS	Marrom claro
BGF 57	Carioca Vagem Rosada	M	MS	Carioca
BGF 59	-	-	-	-
BGF 60	Uberabinha	M	MS	Preto
BGF 61	Manteiguinha de cipó	A	MS	Jalo marrom claro listrado
BGF 62	Jalo sem Cipó	A	MS	Jalo marrom claro listrado
BGF 63	Carioca sem cipó	M	MS	Carioca
BGF 64	Bodoque	A	MS	Jalo marrom claro listrado
BGF 65	Chita Bonita	A	MS	Carioca
BGF 66	Rosinha sem Cipó	M	MS	Rosa
BGF 67	Manteiga sem Cipó	A	MS	Jalo marrom claro listrado
BGF 69	Carioca com Cipó	M	MS	Carioca
BGF 70	Bolinha	A	MS	Jalo castanho claro
BGF 71	Roxinho Mineiro	M	MS	Roxo
BGF 72	Preto Guamirim	M	MS	Preto
BGF 73	Manteigão	A	MS	Jalo castanho claro
BGF 74	Rosinha Guaicucos	M	MS	rosa
BGF 75	Cara Suja	M	MS	Marrom escuro
BGF 82	Carnaval 1 SC	A	SC	Jalo redondo amarelo claro
BGF 83	Carnaval 2 SC	A	SC	Jalo redondo amarelo claro
BGF 85	Preto SC	M	SC	Preto
BGF 89	Carnaval Mix SC	A	SC	Jalo redondo amarelo claro
BGF 91	Preto Brilhoso achatado	A	SC	Preto
BGF 92	Preto Precoce	M	SC	-
BGF 93	Crioulo Manteiga	A	SC	Preto
BGF 94	Crioulo Brilhoso	M	SC	Preto
BGF 95	Crioulo 159	M	SC	Preto
BGF 97	FC 2016	A	SC	Preto
BGF 98	FC 2001	A	SC	Preto
BGF 99	FC 2045	A	SC	Preto
BGF 100	Crioulo Brilhoso Ponta Serrada	M	SC	Preto

Continua...

Tabela 1, Cont...

BGF 101	C 2063	-	SC	Preto
BGF 102	FC 2010	A	SC	Preto
BGF 104	Preto Redondo CN 694 FC1212	A	SC	Preto
BGF 105	FC 117	M	SC	Preto
BGF 107	Preto Chatinho	A	SC	Preto
BGF 110	Azulão Ponte Serrada	A	SC	Preto
BGF 111	Azulão Ab. Luz	A	SC	Preto
BGF 112	Porto Real	M	SC	Carioca
BGF 113	Safira		MS	Carioca
BGF 115	Vermelho Tozzo	A	SC	-
BGF 116	-	-	-	-
BGF 117	SC 1	M	SC	Marrom escuro
BGF 119	Jalo Listras Vermelhas	A	PR	-
BGF 121	Guarumbé	M	PR	Carioca
BGF 128	Jalo Precoce	A	PR	Jalo castanho claro
BGF 138	Princesa	M	Go	Carioca
BGF 139	Jalo Vermelho	A	PR	Jalo vermelho
BGF 144	Bat 93	M	MG	Marrom claro
BGF 153	Mãezinha	M	SC	Marrom claro
BGF 154	Bolinha Rajado	A	PR	Carioca
BGF 155	Roxinho	M	-	-
BGF 156	Carioca Novo	M	SC	Carioca
BGF 161	Bolinha Vermelho	A	PR	Jalo vermelho
BGF 162	Bolinha Amendoim	A	PR	Jalo vermelho
BGF 163	Branco PR	A	PR	Jalo vermelho
BGF 164	Roxo Mineiro	M	PR	Roxo
BGF 165	Jalo B	A	PR	Jalo castanho claro
BGF 168	Preto Argentino	M	PR	Preto
BGF 169	Roxinho PR	M	PR	Roxo
BGF 170	Uberabinha	M	PR	Preto
BGF 172	Carnaval 1 PR	A	PR	Carioca
BGF 174	Bolinha 1 PR	A	PR	Jalo amarelo claro
BGF 175	Bolinha 2 PR	M/A	PR	Jalo amarelo claro
BGF 188	Jalo A	A	PR	Jalo amarelo claro
BGF 191	Jalo BR	A	PR	Jalo amarelo claro
BGF 194	Jalo	A	PR	Jalo amarelo claro
BGF 197	Jalo EEP 558	A	MG	Jalo amarelo claro
BGF 199	Feijão Cara Suja	M	PR	Marrom escuro
BGF 200	Feijão Rosinha	M	PR	Rosa
BGF 201	Feijão Moro	M	PR	Marrom escuro
BGF 203	Feijão Enxofre	A	-	-
BGF 204	-	M	-	-
BGF 205	Rosa	-	PR	Rosa

A= andino; M= mesoamericano; MG=Minas Gerais; MS= Mato Grosso do Sul; PR=Paraná; SC= Santa Catarina.

3.3. Semeadura

Os genótipos de feijão comum foram semeados em copos descartáveis de 400 cm³, utilizando o substrato Vivatto plus, em que foram semeadas seis sementes do mesmo genótipo a cada três copos, distribuindo duas sementes por copo. O experimento foi conduzido em blocos ao acaso com seis repetições. As plantas foram mantidas em casa de vegetação até o surgimento do primeiro trifólio completamente expandido.

3.4. Origem dos isolados de *Sclerotinia sclerotiorum*

As plântulas de feijão comum foram inoculadas com isolados de *S. sclerotiorum* de alta variabilidade genética sendo eles: S.s 486, S.s 463 e S.s 597 cedidos pelo Prof. Dr. Eduardo Seiti Gomedí Mizubuti, da Universidade Federal de Viçosa-MG.

Os isolados são pertencentes a um estudo sobre populações de *Sclerotinia sclerotiorum* no Brasil e sua estrutura através dos grupos de compatibilidade micelial, realizado por Silva et al. (2021), assim, foram analisado 238 indivíduos de diferentes hospedeiros.

Em seguida, os indivíduos foram caracterizados quanto aos genótipos de microssatélites e grupos de compatibilidade micelial (MCGs), formando um total de 22 MCGs e 64 linhagens multilocus (MLLs). Pelo menos 39 MCGs estão presentes no Brasil, e 68,5% dos isolados foram atribuídos a MCG 1 ou MCG 2, em que estão inseridos os isolados testado no trabalho.

Pelo exposto, todos os isolados do patógeno foram coletados em lavouras de feijão comum no estado de Minas Gerais, o isolado S.s 486 no município de Viçosa, o S.s 463 em Carandaí e o S.s 597 em Serra do Salitre.

3.5. Inoculação plântulas de feijão comum

Quando as plântulas apresentavam o primeiro trifólio completamente expandido, estas foram levadas ao laboratório para a realização da inoculação. O procedimento de inoculação foi realizado pelo método do canudo em plântulas (“straw test”).

Os isolados foram cultivados em BDA (Batata Dextrose Ágar), por um período

de quatro dias, a uma temperatura de $25^{\circ}\text{C} \pm 1$, e fotoperíodo de 12 horas, para que ocorresse a produção de micélio.

Para o procedimento de inoculação, o BDA com micélio do patógeno foi invertido na placa de Petri e com ponteiros de 200 μl , foram feitos pequenos discos do fungo (Figura 2).

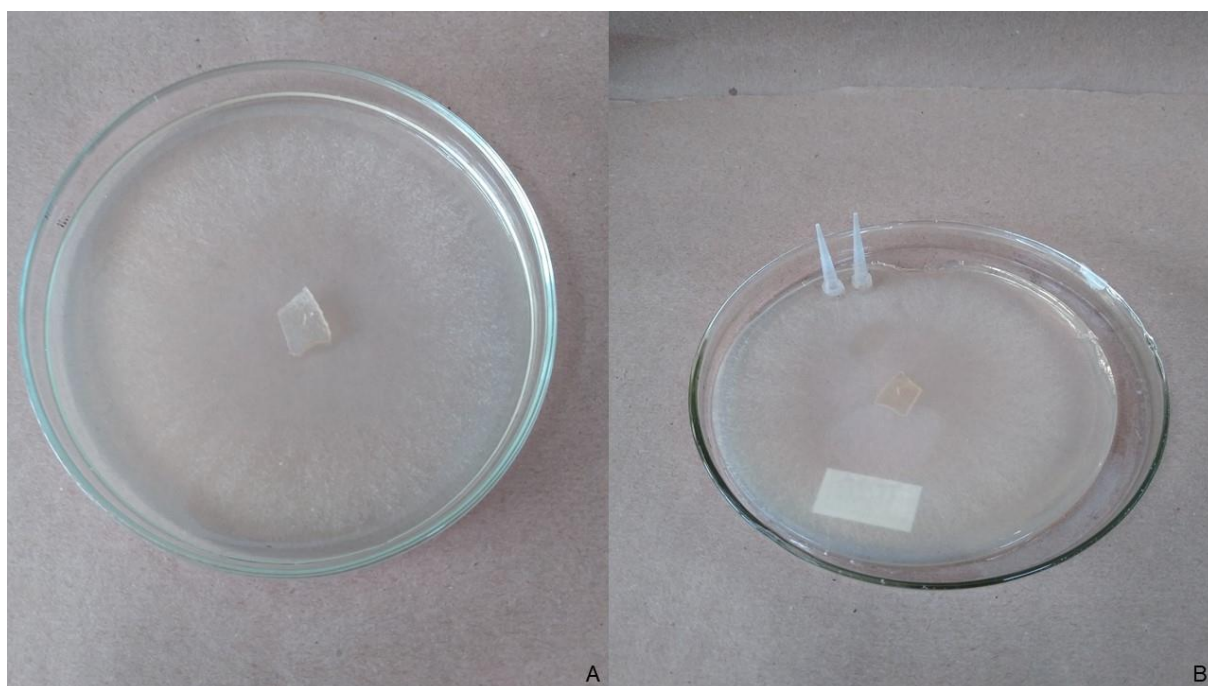


Figura 2. Em A colônia micelial de *sclerotinia sclerotiorum* com 3 dias de idade e em B colônia do patógeno invertida na placa de petri, método de inoculação com ponteira (*Straw test*).

Com auxílio de uma tesoura higienizada, o trifólio foi retirado, aproximadamente 2 cm após o primeiro nó da plântula e colocado em contato com a área de corte na haste principal a ponteira com micélio do patógeno (Figura 3).

Após a inoculação, as plântulas foram mantidas em câmara úmida a 98% de umidade por 48 horas. Após este período foram retiradas e mantidas em uma sala de crescimento a 25°C . As avaliações ocorreram a partir do terceiro dia após a inoculação, e posteriormente a cada um dia até o sétimo dia após a inoculação.

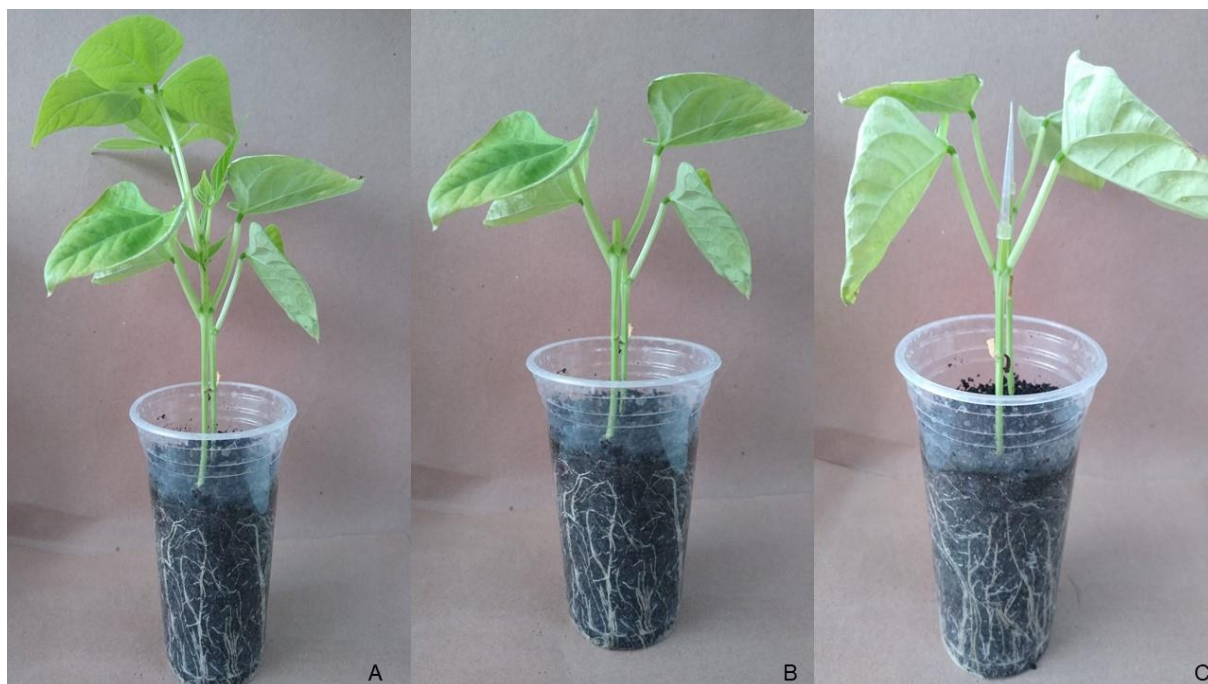


Figura 3. Em A plântulas com o primeiro trifólio completamente expandido, B plântulas com o trifólio retirado e C haste principal com ponteiros contendo micélio do patógeno.

3.6. Análise estatística

As avaliações foi baseada na escala de notas proposta por Arkawazee e Myers (2017) (Tabela 2).

Tabela 2. Escala de notas proposta por Arkawazee e Myers (2017), para avaliação do teste do canudo em plântulas em estágio V3

Escala de notas	Reação do genótipo
1	Sem sintomas na haste cortada;
2	Lesão entre o corte e o nó da folha primária;
3	A lesão alcança o nó das folhas primárias;
4	A lesão ultrapassa o nó primário, ¼ 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 o nó da 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 cotiléone e a superfície do solo;
9	A plântula se encontra colapsada/ morta.

Além da atribuição da escala de notas, foi mensurado o comprimento da lesão

e altura de planta, e a partir dessas mensurações foi calculada a relação do tecido lesionado e sadio através 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 avaliações ao terceiro, quinto e sétimo dia após a inoculação, foram utilizadas para calcular a área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD):

$$\text{AACPD} = \sum \left[\left(\frac{y_1 + y_2}{2} \right) \cdot (t_2 - t_1) \right]$$

Qual:

Y_i = severidade da doença na i -ésima observação;

T_i = tempo em dias na i -ésima observação.

Os componentes de variância e os valores genotípicos foram estimados utilizando o software SELEGEN-REML/BLUP (Resende, 2014) modelo 96, onde:

$$Y = Xr + Zg + e$$

Em que:

Y = vetor das características relacionadas a resistência ao patógeno;

r = vetor dos efeitos da repetição assumidos como fixos somados à média geral;

g = vetor dos efeitos genotípicos assumidos como aleatórios;

e = vetor de erros ou resíduos que são aleatórios.

As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados indicaram que houve diferença significativa entre as médias das variáveis analisadas ($p \leq 0,01$), para os três isolados de *Sclerotinia sclerotiorum* testados conforme a Tabela 3, indicando a existência de variabilidade quanto a resistência dos genótipos de feijão comum.

A saber, os menores coeficientes de variação experimental (CVe) foram observados para a característica nota ao sétimo dia, sendo o isolado S. s 486 com um cv de 62,33 %, para o isolado S. s 463 56,25 % e S. s 597 com 112,57 %. No panorama geral para CV os valores foram mais altos para as características avaliadas relação doença/planta e AACPD, com CVe variando de 102,96 à 162,03 % e 61,21 à 202,69 % respectivamente (Tabela 3).

Assim, comparando as médias entres os isolados para a característica relação doença/planta a maior média foi observado com o isolado S. s 597 com média de 13,64 cm, seguido pelo isolado S. s 486 com 17,54 cm e o isolado S. s 463 com 23,20 cm.

Tabela 3. Resumo da análise de variância conjunta para a severidade de mofo branco para a variável relação doença/planta, nota no sétimo dia e área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD), a isolados S. *Sclerotiorum* S. s 486, S. s 463 e S. s 597 respectivamente

F.V s.s 486	G.L	Relação doença/planta	Nota ao 7º dia	AACPD
Bloco	5	1.135,86	13,57	720,17
Genótipo	111	1.712,38**	15,07**	1.233,69**
Resíduo	555	718,59	5,77	1.180,30
Média		17,54	3,85	16,94
CV(%)		152,75	62,33	202,69
F.V s.s 463	G.L	Relação doença/planta	Nota ao 7º dia	AACPD
Bloco	5	2.727,52	27,80	649,41
Genótipo	111	3.149,88**	29,03**	622,07**
Resíduo	555	570,85	6,95	116,97
Média		23,20	4,68	17,66
CV(%)		102,96	56,25	61,21

Continua...

Cont. Tab. 3

F.V s.s 597	G.L	Relação doença/planta	Nota ao 7º dia	AACPD
Bloco	5	1.047,57	76,66	460,26
Genótipo	111	805,81**	35,55**	229,39**
Resíduo	555	489,05	22,24	139,35
Média		13,64	4,18	13,74
CV(%)		162,03	112,57	85,87

Como se nota, comparando os valores de CVe obtidos neste experimento, foi observado uma amplitude superior ao encontrado por Carneiro (2009), que observou um CVe de cerca de 16%, Kull et al. (2003), com CVe de 16,7%, Porto et al. (2019), com 14,16% e Souza e Costa (2003), que observaram um CVe de 42,4%. Isso indica que o experimento ficou exposto a uma alta variação ambiental. Valores assim podem retratar a precisão do experimento, uma vez que se considera a interação de dois fatores biológicos. Essa amplitude pode ser explicada pelo fato do coeficiente de variação estar sujeito a grande variabilidade, em virtude da influência de vários fatores, como a suscetibilidade dos genótipos avaliados, a influência da acuidade visual dos avaliadores na determinação das notas e o número de repetições utilizadas (Pimentel-Gomes, 1991).

A par disso, na Tabela 4, os genótipos de feijão comum foram ordenados via REML/BLUP, considerando o valor genotípico predito (u+g) para classificar os genótipos de feijão quanto a reação a cada isolado testado para que haja a seleção dos melhores indivíduos (Carvalho et al., 2016), em que quanto menores os valores, maior nível de resistência observada do genótipo ao patógeno.

Tabela 4. Ranqueamento via Best Linear Unbiased Predictor (BLUP), dos 5 genótipos que apresentaram maior resistência ao isolado 486 de *Sclerotinia sclerotiorum*

AACPD		Relação doença planta		Nota ao 7º dia	
Genot.	u+g	Genot.	u+g	Genot.	u+g
BGF 26	16.4751	BGF 26	7.3643	BGF 26	2.0944
BGF 155	16.4824	BGF 197	7.4610	BGF 30	2.1851
BGF 6	16.5030	BGF 155	7.7512	BGF 155	2.1972
BGF 39	16.5030	BGF 62	8.0030	BGF 197	2.2950
BGF 62	16.5037	BGF 39	8.2842	BGF 165	2.3000

(Genot.) genótipo; (u+g) média do ganho genotípico.

Neste passo, os valores genotípicos preditos para os cinco genótipos com as maiores reações de resistência são mostrados na tabela 4, podemos observar que para o isolado S. s 486 destacou-se o BGF 26, seguido dos BGF 155, BGF 6, BGF 39 e BGF 62. Já para a relação doença/planta quanto para nota se destacaram os BGF 197, BGF 155, BGF 62 e BGF 39.

Já, o ranqueamento para o isolado 463 na tabela 5, os BGF 74 e BGF 200 se sobressaíram, para relação doença/planta e nota ao sétimo dia. Para AACPD os menores valores genotípicos foram apresentados pelos BGF 15, BGF 30, BGF 104, BGF 6 e BGF 29.

Tabela 5. Ranqueamento via Best Linear Unbiased Predictor (BLUP), dos 5 genótipos que apresentaram maior resistência ao isolado S. s 463 de *Sclerotinia sclerotiorum*

Nota		AACPD		Relação doença/planta	
Genot.	u+g	Genot.	u+g	Genot.	u+g
BGF 74	1.8843	BGF 30	7.0881	BGF 74	4.2055
BGF 200	1.8843	BGF 104	7.5063	BGF 99	4.2055
BGF 34	2.0111	BGF 6	7.6691	BGF168	4.2055
BGF 73	2.1378	BGF 29	7.8771	BGF 200	4.2055
BGF23	2.1798	BGF 74	7.1942	BGF 197	5.1837

(Genot.) genótipo; (u+g) média do ganho genotípico.

Por sua vez, para relação doença/plantas foi observados os BGF 99 e BGF 168, enquanto para nota ao sétimo dia, os BGF 34, BGF 73 e BGF 23. Além disso, os BGF 26, BGF 30, BGF 155, BGF 74 e BGF 200 são pertencentes ao *pool* gênico mesoamericano, o fato desses genótipos terem apresentadas as maiores reações de resistência é considerada interessante, pois de acordo com Campa et al. (2020), fontes de resistência ao mofo branco de origem mesoamericana é um achado significativo, já que a maioria das fontes identificadas são de origem andina ou de *pool* gênico secundário, como o *P. coccineus* (Viteri e Singh, 2015).

Siqueira et al. (2021), avaliando a resistência fisiológica de feijão comum em reação a um isolados de *S. Sclerotiorum* (UFV-S.s 493), através da área abaixo da curva de progresso da doença e atribuição de nota ao nono dia após a inoculação, obtiveram resultados semelhantes, identificaram sete genótipos resistente dentre 109 acessos avaliados, dentre eles o BGF 200. Lehner et al. (2015), avaliando a reação de 23 linhagens de feijão comum com resistência a *Sclerotinia sclerotiorum* em casa

de vegetação e a campo em três locais diferentes no estado de Minas Gerais, obtiveram através de uma escala de notas de 1 a 9, para discriminação de plantas saudáveis e com sintomas, duas linhagens com resistência a condições de campo e três linhagens com resistência parcial ao *S. sclerotiorum* em casa de vegetação.

Portanto, para o isolado 597 (Tabela 6), para nota ao sétimo dia, relação doença/planta e AACPD sobressaíram os BGF 47 e BGF 105, que também são acessos mesoamericanos, os BGF 65, BGF 161, BGF 53 para AACPD. O BGF 91 se destacou tanto para relação/doença planta quanto para nota, sendo que esses acessos são pertencentes ao pool gênico andino. De modo geral genótipos andinos possuem maiores níveis de resistência fisiológica em relação aos genótipos mesoamericanos, em contrapartida o potencial produtivo ocorre ao inverso (Lenher et al., 2015).

Tabela 6. Ranqueamento via Best Linear Unbiased Predictor (BLUP), dos 5 genótipos que apresentaram maior resistência ao isolado 597 de *Sclerotinia sclerotiorum*

Nota ao 7º		AACPD		Relação doença/planta	
Genot.	u+g	Genot.	u+g	Genot.	u+g
BGF 47	2.9954	BGF 47	10.3784	BGF 105	8.2830
BGF 105	2.9954	BGF 65	10.3935	BGF 47	8.6761
BGF 91	3.2450	BGF 161	10.3935	BGF 91	8.8726
BGF 25	3.3074	BGF 53	10.5359	BGF 170	8.8726
BGF 100	3.3300	BGF 105	10.7056	BGF 165	9.0231

(Genot.) genótipo; (u+g) média do ganho genotípico.

Antes de tudo, vários genótipos de feijão comum já foram identificados como fontes de resistência parcial a *S. sclerotiorum*, em sua maioria de origem andina (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).

A par disso, considerando somente a escala de notas atribuídas aos acessos ao sétimo dia de após a inoculação, foram realizadas as médias de notas que os genótipos de feijão comum obtiveram em reação aos isolados testados (Tabela 7). De acordo com Arkwazee e Myers (2017), plantas que obtiverem nota 1, não possuem nenhum sintoma na área de corte, notas a partir de 2 são aquelas que expressaram algum sintoma da doença.

Tabela 7. Médias das notas ao sétimo dia após a inoculação dos genótipos de feijão comum aos isolados de *S. sclerotiorum*

acesso	S.s 486	Potencial de resistência	S.s 463	Potencial de resistência	S.s 597	Potencial de resistência
BGF 1	5.00	S	5.00	S	5.80	S
BGF 3	9.00	S	2.00	R	4.00	S
BGF 4	9.00	S	3.00	R	6.80	S
BGF 5	5.80	S	4.17	S	1.67	R
BGF 6	1.40	R	1.67	R	2.20	R
BGF 9	7.00	S	1.33	R	4.60	S
BGF 11	1.00	R	2.60	R	4.20	S
BGF 12	3.33	R	3.83	R	3.00	R
BGF 13	5.50	S	3.00	R	5.20	S
BGF 20	3.17	R	3.50	R	6.00	S
BGF 22	3.40	R	3.80	R	2.80	R
BGF 23	3.67	R	1.17	R	2.75	R
BGF 24	5.80	S	6.50	S	3.00	R
BGF 25	3.60	R	3.17	R	2.00	R
BGF 26	1.00	R	5.50	S	3.00	R
BGF 28	1.00	R	5.25	S	3.40	R
BGF 29	2.00	R	3.25	R	2.80	R
BGF 30	1.00	R	2.00	R	2.00	R
BGF 32	1.75	R	4.17	S	4.33	S
BGF 33	2.60	R	3.67	R	6.20	S
BGF 34	7.60	S	1.20	R	1.67	R
BGF 35	3.50	R	5.50	S	5.00	S
BGF 36	3.20	R	3.33	R	1.25	R
BGF 37	9.00	S	3.80	R	4.83	S
BGF 38	3.67	R	1.17	R	5.25	S
BGF 39	1.00	R	2.20	R	3.20	R
BGF 40	5.50	S	2.40	R	5.50	S
BGF 41	3.33	R	2.60	R	5.75	S
BGF 42	6.67	S	4.67	S	4.20	S
BGF 43	2.80	R	2.67	R	2.67	R
BGF 44	7.75	S	5.75	S	2.80	R
BGF 45	3.00	R	9.00	S	6.25	S
BGF 46	3.50	S	6.33	S	6.50	S
BGF 47	3.00	R	4.50	S	1.00	R
BGF 49	2.75	R	1.83	R	4.83	S
BGF 52	3.33	R	2.00	R	3.67	R
BGF 53	5.25	S	4.33	S	2.33	R
BGF 56	4.50	S	5.33	S	6.00	S
BGF 57	2.50	R	6.33	S	4.33	S

Continua...

Tabela 7, Cont...

BGF 59	6.75	S	1.00	R	1.75	R
BGF 60	9.00	S	6.00	S	4.75	S
BGF 61	5.25	S	6.83	S	4.50	S
BGF 62	1.00	R	2.67	R	4.00	S
BGF 63	5.20	S	3.83	R	2.33	R
BGF 64	4.33	S	2.83	R	5.50	S
BGF 65	4.00	S	4.00	S	1.50	R
BGF 66	4.75	S	5.40	S	5.25	S
BGF 67	3.60	R	1.83	R	2.50	R
BGF 69	5.80	S	4.67	S	3.83	R
BGF 70	1.75	R	2.00	R	3.67	R
BGF 71	2.50	R	4.00	S	8.50	S
BGF 72	6.40	S	3.50	R	4.00	S
BGF 73	1.80	R	1.33	R	3.00	R
BGF 74	3.00	R	1.00	R	1.60	R
BGF 75	1.00	R	2.83	R	3.67	R
BGF 82	5.00	S	5.00	S	4.67	S
BGF 83	5.83	S	7.50	S	2.75	R
BGF 85	3.17	R	8.20	S	2.17	R
BGF 89	7.00	S	6.40	S	5.50	S
BGF 91	4.67	S	8.17	S	1.80	R
BGF 92	4.00	S	5.83	S	2.17	R
BGF 93	3.60	R	5.50	S	2.40	R
BGF 94	4.50	S	6.33	S	3.50	R
BGF 95	5.00	S	8.50	S	9.00	S
BGF 97	6.00	S	8.00	S	1.80	R
BGF 98	4.00	S	6.67	S	3.33	R
BGF 99	2.17	R	2.33	R	4.60	S
BGF 100	4.00	S	6.50	S	1.50	R
BGF 101	4.60	S	2.20	R	3.83	R
BGF 102	3.17	R	2.17	R	1.00	R
BGF 104	1.67	R	1.00	R	3.40	R
BGF 105	4.00	S	3.50	R	1.00	R
BGF 107	3.83	R	4.33	S	2.00	R
BGF 110	2.00	R	4.60	S	4.00	S
BGF 111	3.75	R	3.00	R	3.40	R
BGF 112	3.50	R	5.83	S	3.67	R
BGF 113	3.00	R	7.17	S	7.00	S
BGF 115	3.50	R	3.20	R	5.67	S
BGF 116	2.67	R	3.80	R	.	.
BGF 117	7.17	S	9.00	S	3.00	R
BGF 119	4.33	S	5.83	S	6.20	S
BGF 121	2.17	R	7.00	S	7.75	S
BGF 128	3.17	R	5.00	S	6.00	S

Continua..

Tabela 7, Cont...

BGF 138	4.50	R	9.00	S	7.33	S
BGF 139	3.17	R	6.00	S	5.20	S
BGF 144	6.33	S	2.67	R	5.00	S
BGF 153	5.17	S	8.67	S	5.00	S
BGF 154	4.33	S	5.83	S	1.50	R
BGF 155	1.20	R	6.50	S	3.67	R
BGF 156	5.50	S	9.00	S	3.50	R
BGF 161	5.25	S	5.00	S	3.00	R
BGF 162	5.00	S	7.00	S	1.60	R
BGF 163	4.75	S	7.83	S	1.50	R
BGF 164	2.83	R	8.83	S	4.20	S
BGF 165	1.33	R	7.40	S	1.00	R
BGF 168	2.83	R	1.83	R	1.50	R
BGF 169	5.80	S	9.00	S	5.60	S
BGF 170	2.33	R	7.67	S	2.17	R
BGF 172	2.50	R	2.67	R	2.33	R
BGF 174	4.17	S	6.33	S	8.50	S
BGF 175	3.50	R	8.67	S	6.00	S
BGF 188	3.60	R	7.83	S	5.00	S
BGF 191	2.67	R	4.67	S	4.50	S
BGF 194	3.40	R	2.75	R	4.00	S
BGF 197	1.33	R	1.50	R	4.75	S
BGF 199	6.33	S	7.17	S	2.60	R
BGF 200	5.33	S	1.00	R	5.80	S
BGF 201	5.17	S	9.00	S	3.00	R
BGF 203	4.33	S	6.00	S	4.17	S
BGF 204	6.67	S	9.00	S	4.25	S
BGF 205	7.75	S	9.00	S	4.17	S

S.s= *Sclerotinia sclerotiorum*; verde: resistente; vermelho: suscetível

Entrementes, o acesso BGF 26 foi resistente ao isolado S. s 486 e S. s 597, enquanto para o isolado 463, apresentou reação de suscetibilidade, o BGF 25 através das médias de notas foi resistente para os três isolados testados. O BGF 6 e BGF 30 foi resistente aos três isolados, enquanto que o BGF 197, foi resistente ao isolados S.s 486 e S. s 463. Essas médias corroboram ao observado no ranqueamento dos genótipos baseados nos valores genótipicos. De acordo com Petzoldt e Dickson (1996), avaliando reações de cultivares de feijão comum a *S. sclerotiorum*, observou que plantas que apresentavam tolerância ao patógeno recebiam notas entre 1 a 3, enquanto que plantas com sintomas de maior suscetibilidade eram atribuídas notas entre 7 a 9.

Em linhas gerais, considerando somente a média de notas atribuídas ao sétimo

dia após a inoculação, o número de genótipos resistentes foram 58,38 e 57, para os isolados S.s 486, S.s 463 e S.s 597 respectivamente, e 22 acessos apresentaram resistência aos três isolados do patógeno avaliado, e outros genótipos apresentaram resistência apenas a dois isolados como os BGF 38 (Jalo listras pretas), BGF 20 (beija-flor), BGF 41 (Jalo pintado II) e BGF 197 (Jalo EEP 558), pertencentes ao *pool* gênico andino, além disso, nesses genótipos já foram mapeados genes de resistência a antracnose (Geffrow et al., 1999; Geffrow et al., 2008; Gonçalves-Vidigal et al., 2009; Paulino et al., 2020). Estudos de feijão comum visando a resistência a doenças, são uns dos principais objetivos do melhoramento genético, aliado a obtenção de cultivares produtivas, com grãos de ótima qualidade, de ampla adaptabilidade edafoclimática, entre outros aspectos.

Finalmente, a caracterização de isolados de *S. sclerotiorum* permitem investigar como os genótipos de feijão comum se comportam em contato com o patógeno, visto que em uma mesma área ou região geográfica podem ocorrer isolados de alta variabilidade genética. Gomes et al. (2011). utilizando 10 locos de microssatélites para caracterizar a diversidade e estrutura de 79 amostras de *Sclerotinia sclerotiorum* de quatro populações brasileiras de feijão, identificaram variabilidade dentro e entre os isolados, essa alta variabilidade pode indicar a introdução de novos genótipos do patógeno.

Posto isso, é importante frisar que podem ocorrer variações na expressão de reações de resistência em relação aos resultados obtidos em campo quando comparado aos obtidos em ambiente controlado, podendo influenciar o método de inoculação empregado, método de avaliação, hábito de crescimento e condições ambientais (Schwartz et al., 1978; Dos Santos, 2016; Geraldine e Lobo Junior, 2012).

5. CONCLUSÃO

Em análise última, houve variabilidade patogênica entre os isolados de *S. sclerotiorum*, demonstrando assim a necessidade de uso de diferentes fontes de resistência de feijão comum ao patógeno em um programa de melhoramento, demonstrando também a necessidade de estudo de resistência nas diferentes regiões para onde se pretende desenvolver e cultivar.

Nesse passo, genótipos de feijão comum resistentes a *S. sclerotiorum* de

origem mesoamericana são achados significativos, e devem ser usados como fonte de resistência, pois permitem uma maior facilidade na transferência dessa resistência.

Pelo exposto, os genótipos de feijão comum BGF 26 e BGF 155 são indicados como fonte de resistência ao isolado de *S. sclerotiorum* 486, os genótipos BGF 74 e BGF 200 para o isolado 463 e para o S.s 597 os genótipos BGF 47 e BGF 105. Além dos genótipos que expressaram reação de resistência a mais de um isolado do patógeno.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABAWI, G. S.; PROVVIDENTI, R.; CROSIER, D. C.; HUNTER, J. E. (1978). Inheritance of resistance to white mold disease in *Phaseolus coccineus*. **Journal of Heredity**, 69(3), 200-202.

ANTONIO, R.P.; SANTOS, J.B.; SOUZA, T.P.; CARNEIRO, F.F. Genetic control of the resistance of common beans to white mold using the reaction to oxalic acid. *Genet. Mol. Res.* 7 (3): **gmr466** (2008). <https://doi.org/10.4238/vol7-3gmr466>.

ARKWAZEE, H; MYERS, J.R. **Seedling straw test: A rapid and resource-efficient method for evaluating white mold resistance**. Annual report of the bean improvement cooperative, Nº 60, March 2017, USDA.

BARBORA, F.R.; GONZAGA, A.C.O. Informações técnicas para o cultivo do feijoeiro-comum na Região Central-Brasileira: 2012-2014. Santo Antônio de Goiás: **Embrapa Arroz e Feijão**, 2012.

BEAVER, J.S. Improvement of large-seeded race Nueva Granada cultivars. . In: SINGH, S.P. **Common Bean improvement in the twenty-first century**. Kimberly, USA, v.07, p.275-288, 1999.

BECERRA, V. V.; PAREDES, M. C.; DEBOUCK, D. (2011). Genetic relationships of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) race Chile with wild Andean and Mesoamerican germplasm. **Chilean Journal of Agricultural Research**, 71(1), 3.

BERTOLDO, J. G.; SILVA, R. P.; FAVRETO, R. (2012). Consequências da domesticação em feijão-comum para o melhoramento de plantas. **Pesquisa Agropecuária Gaúcha**, 18(1), 17-23.

BIANCHINI, A.; MARINGONI, A.C.; CARNEIRO, B.S.M.T.P.G. Doenças do feijoeiro. In: KIMATI, H.; AMORIM, L.; BERGAMIN FILHO, A.; CAMARGO, L.E.A.; REZENDE, J.A.M **Manual de Fitopatologia: doenças das plantas cultivadas**. São Paulo: Agronômica Ceres, 1997. p.353-375.

BITOCCHI, E. NANNI, L., BELLUCCI, E., ROSSI, M., GIARDINI, A., ZEULI, P. S., LOGOZZO, G., STOUGAARD, J., MCCLEAN, P., ATTENE, G., PAPA, R. Mesoamerican origin of the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) is revealed by

sequence data. **Proc. Natl. Acad. Sci. USA** 109, 788–796, 2012.

Blair, M. W.; Brondani, R. V.; Díaz, L. M.; Del Peloso, M. J. Diversity and population structure of common bean from Brazil. **Crop Science**, 53(5), 1983-1993. BORÉM, A.; MIRANDA, G.V. **Melhoramento de plantas**. 6. Ed. Viçosa: UFV, 2013. 523 p.

BLISS, F.A.; BROWN, W.S. Melhoramento do feijão comum para melhorar a quantidade e qualidade da proteína da semente. In: Revisões de melhoramento de plantas **Springer**,. Boston, MA, 1983. p. 59-102.

BURLE, M.L.; FONSECA, J.R.; KAMI, J.A.; GEPTS, P. Microsatélites diversity and genetic structure among bean (*Phaseolus vulgaris* L.) landraces in Brazil, a secondary center of diversity. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v.121, p.801-913, 2010.

CAMPA, A .; GARCÍA-FERNÁNDEZ, C .; FERREIRA, J.J. Genome-Wide Association Study (GWAS) para Resistência a *Sclerotinia sclerotiorum* em Feijão. **Genes** 2020 , 11 , 1496. <https://doi.org/10.3390/genes11121496>.

CHAVES, M.O.; BASSINELLO, P.Z. **O feijão na alimentação humana**. Feijão: o produtor pergunta, a Embrapa responde. Brasília, DF: Embrapa, 2014.

COELHO, C.G.; OLIVEIRA, L.S.G.; BERNARDES, L. **Melhoramento do feijoeiro no Brasil: uma revisão de literatura**. XXI Encontro Latino Americano de Iniciação Científica, XVII Encontro Latino Americano de Pós-Graduação, VII Encontro de Iniciação à Docência. Universidade do Vale do Paraíba, 2017.p.1-4.

COELHO, J. d. Produção de grãos: feijão, milho e soja. **Caderno Setorial Etene**, nº 81, 2019.

Companhia Nacional de Abastecimento. Acompanhamento da safra brasileira de grãos. Safra 2020/21, **6º levantamento**, v.8, n.6, 2021.

COSTA, L.C. **Mapeamento de genes de resistência a diferentes isolados de *Colletotrichum lindemuthianum* e seleção recorrente visando à resistência a antracnose do feijoeiro**. (Tese em Genética e Melhoramento de Plantas). Universidade Federal de Lavras, Lavras – MG, 2019.

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.

CUBETA, M. A.; CODY, B.R.; KOHLI, Y.; KOHN, L.M. Clonality in *Sclerotinia sclerotiorum* on infected cabbage in eastern North Carolina. **Phytopathology**, v. 87, n. 10, p. 1000-1004, 1997.

DA SILVA, O. F.; WANDER, A. E. Caracterização e avaliação econômica do sistema de cultivo de feijão-comum irrigado no Cerrado o caso da cultivar BRS Estilo. **Embrapa Arroz e Feijão-Capítulo em livro técnico (INFOTECA-E)**, 2018.

DALCHIAVON, F.C.; CARVALHO, M.P.; FREDDI, O. S.; ANDREOTTI, M.;

...MOTANARI, R. Variabilidade espacial da produtividade do feijoeiro correlacionada com atributos químicos de um Latossolo Vermelho Distroférico sob sistema de semeadura direta. **Bragantia**, v. 70, n. 4, P. 908-916, 2011.

DALLAGNOL, L.J.; ARAUJO FILHO, J.V. **Uma visão geral da resistência genética da planta a microrfanismos**. In: Ceresini, P.C, et al., Resistência genética de plantas a patógenos. Pelotas, 2018.

DEL PELOSO, M. J.; MELO, L. C. Potencial de rendimento da cultura do feijoeiro DELGADO-SALINAS, A.; BIBLER, R.; LAVIN, M. (2006). Phylogeny of the genus *Phaseolus* (Leguminosae): a recent diversification in an ancient landscape. **Systematic Botany**, 31(4), 779-791.

DIDONET, A.D.; CARVALHO, M.A.F. **Fisiologia**. In: GONZAGA, A.C. Feijão: o produtor pergunta, a Embrapa responde. 2 ed. Brasília, DF: Embrapa, 2014

DO NASCIMENTO, L. B. et al. Variabilidade em populações de *Sclerotinia sclerotiorum* em regiões do Brasil. In: **Embrapa Arroz e Feijão-Resumo em anais de congresso (ALICE)**. In: CONGRESSO DE GENÉTICA DO CENTRO-OESTE, 2., 2010, Anais... Goiânia. Goiânia: Universidade Federal de Goiás, 2010., 2010.

DOS SANTOS, J.M. C. Caracterização de linhagens elite de feijoeiro-comum quanto à reação ao mofo-branco em ambiente protegido. 2016.

FASOLO, L.M.; POSSE, S.; RIVA-SOUZA, E.M.; SILVA, M.B.; ROCHA, M.; DA SILVA, G.M. **Informações técnicas para o cultivo do feijoeiro-comum na região central brasileira: 2009-2011**. 2013.

FAVARON, F.; SELLA, L.; D'OVIDIO, R. Relationships among endopolygalacturonase, oxalate, pH, and plant polygalacturonase-inhibiting protein (PGIP) in the interaction between *Sclerotinia sclerotiorum* and soybean. **Molecular Plant-Microbe Interactions**, v. 17, n. 12, p. 1402-1409, 2004.

FUSCALDI, K. D. C.; Prado, G. R. (2005). Análise econômica da cultura do feijão. **Revista de Política Agrícola**, 14(1), 17-30.

GEFFROY, V.; CREUSOT, F.; FALQUET, J.; SÉVIGNAC, M.; ADAM-BLONDON, A.F.; BANNEROT, H.; GEPTS, P.; DRON, M. A family of LRR sequences in the vicinity of the Co-2 locus for anthracnose resistance in *Phaseolus vulgaris* and its potential use in marker-assisted selection. **Theoretical and Applied Genetics**, 96:494-502, 1998.

GEFFROY, V.; SÉVIGNAC, M.; BILLANT, P.; DRON, M.; LANGIN, T. Resistance to *Colletotrichum lindemuthianum* in *Phaseolus vulgaris*: a case study for mapping two independent genes. **Theoretical and Applied Genetics**, 116:407-415, 2008.

GEPTS, P.; BLISS, F. A. Phaseolin variability among wild and cultivated common beans (*Phaseolus vulgaris*) from Colombia. **Economic Botany**, v. 40, n. 4, p. 469-478, 1986.

GEPTS, P.; OSBORN, T.C.; RASHKA, K.; BLISS, F.A. Phaseolin-protein variability in wild forms and landraces of the common bean (*Phaseolus vulgaris*): evidence for multiple centers of domestication. **Botânica econômica**, v. 40, n. 4, pág. 451-468, 1986.

GEPTS, Paul. Origin and evolution of common bean: past events and recent trends. **HortScience**, v. 33, n. 7, p. 1124-1130, 1998.

GERALDINE, A. M.; LOBO JUNIOR, M. Metodologia de inoculação de *Sclerotinia sclerotiorum* em feijão comum com flores e ascósporos. In Embrapa Arroz e Feijão-Resumo em anais de congresso (ALICE). In: SEMINÁRIO JOVENS TALENTOS, 6., 2012, Santo Antônio de Goiás. Resumos apresentados. Santo Antônio de Goiás: **Embrapa Arroz e Feijão**, 2012.

GIANNINI, L.S. V. ***Sclerotinia sclerotiorum* (mofo branco): avaliação das propriedades mutagênicas in vivo**. 2016.

GOMES, E.V.; DO NASCIMENTO, L.B.; FREITAS, M.A.; NASSER, L.C.B.; PETROFEZA, S. Microsatellite markers reveal genetic variation within *Sclerotinia sclerotiorum* populations in irrigated dry bean crops in Brazil. **Journal of Phytopathology**, v. 159, n. 2, p. 94-99, 2011.

GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; VIDIGAL FILHO, P.S.; MEDEIROS, A.F.; PASTORCORRALES, M.A. Common bean landrace Jalo Listras Pretas is the source of a New Andean anthracnose resistance gene. **Crop Science**, 49:133-138, 2009.

HAMBLETON, S.; WALKER, C.; KOHN, L.M. Clonal lineages of *Sclerotinia sclerotiorum* previously known from other crops predominate in 1999-2000 samples from Ontario and Quebec soybean. **Canadian Journal of Plant Pathology**, 24 (3), 309-315.

HERNÁNDEZ-LÓPEZ, V. M., VARGAS-VÁZQUEZ, M., LUISA, P., MURUAGA-MARTÍNEZ, J. S., HERNÁNDEZ-DELGADO, S., & MAYEK-PÉREZ, N. (2013). Origen, domesticación y diversificación del frijol común: Avances y perspectivas. **Revista fitotecnia mexicana**, 36(2), 95-104.

ITO, M.A. Patogenicidade de *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*, adubação nitrogenada e produtividade de feijão. (Dissertação- Fitotecnia). Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo. Piracicaba, 2004.

JACCOUD FILHO, D. S. et al. Mofo-branco: introdução, histórico, situação atual e perspectivas. Mofo-branco. Ponta Grossa: **Todapalavra**, p. 29-73, 2017.

JUNIOR, M.L; WENDLAND, A; COSTA, J.L.S. **Doenças com origem no solo**. In: GONZAGA, A.C.O Feijão: o produtor pergunta, a Embrapa responde. Brasília, DF: Embrapa, 2014.

KAPLA,L.; KAPLA, L.N. **Phaseolus in archaeology**. In: GEPTS, P.L. Genetic resources of *Phaseolus* beans: their maintenance, domestication, evolution, and utilization. California, USA, 1988.

KATAKI, L.A; GONÇALVES,F.J; PEREIRA, R.J; CORTES, M.V.B; WENDLAND, A. Novas raças de *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli* identificadas em Goiás e Minas Gerais, Brasil. 7º **Seminário jovens talentos**, 2013.

KOENIG, R.L.; SINGH, S.P.; GEPTS, P. Novos tipos de faseolina no feijoeiro selvagem e cultivado (*Phaseolus vulgaris*, Fabaceae). **Botânica econômica** , v. 44, n. 1, pág. 50-60, 1990.

KOHLI, Y.; MORRALL, R.A.A.; ANDERSON, J.B; KOHN, L. Mocal and trans-Canadian clonal distribution of *Sclerotinia sclerotiorum* on canola. **Phytopathology**, 82 (8), 875-880,1992.

KOHN, L.M.; STASOVSKI, E.; CARBONE, I.; ROYER, J.; ANDERSON, J.B. Mycelial incompatibility and molecular markers identify genetic variability in field populations of *Sclerotinia sclerotiorum*. **Phytopathology**, 81 (4), 480-485, 1991.

KULL, L. S., VUONG, T. D., POWERS, K. S., ESKRIDGE, K. M., STEADMAN, J. R., AND HARTMAN, G. L. 2003. Evaluation of resistance screening methods for *Sclerotinia* stem rot of soybean and dry bean. *Plant Dis.* 87:1471-1476.

LEHNER, M. D. S.; SILVA, R. A.; JÚNIOR, T. J. P.; CARNEIRO, J. E. S.; MIZUBUTI, E. S. The population of *Sclerotinia sclerotiorum* affecting common bean in Brazil is structured by mycelial compatibility groups. **Tropical Plant Pathology**, 44(1), 41-52, 2019.

LEHNER, M. S.; PAULA JÚNIOR, T. J.; HORA JÚNIOR, B. T.; TEIXEIRA, H.; VIEIRA, R. F.; CARNEIRO, J. E. S.; MIZUBUTI, E. S. G. Low genetic variability in *Sclerotinia sclerotiorum* populations from common bean fields in Minas Gerais State, Brazil, at regional, local and micro-scales. **Plant Pathology**, v. 64, n. 4, p. 921-931, 2015.

LEITE, M.E., DOS SANTOS, J.B., RIBEIRO, P.M. et al. Biochemical responses associated with common bean defence against *Sclerotinia sclerotiorum* . **Eur J Plant Pathol** 138, 391–404 (2014). <https://doi.org/10.1007/s10658-013-0341-1>.

LIMA, R. C.; SOUZA, A. F. F.; TEIXEIRA, P. H.; RODRIGUES, L. B.; ORLANDO JÚNIOR, W. A.; SOUSA, L. R. V.; ... VIEIRA, R. F. PHYSIOLOGICAL RESISTANCE OF COMMON BEAN LINES TO *Sclerotinia sclerotiorum*. ANNUAL REPORT OF THE BEAN IMPROVEMENT COOPERATIVE, No. 60, March 2017. Published by USDA.

LOURENÇO JUNIOR, V.; REIS, A.; LOPES, C. A. Podridão de *Sclerotínia* em batata. Embrapa Hortaliças-Comunicado Técnico (**INFOTECA-E**), 2020.

MAGALHÃES, L.; CUNHA, C.; LOBO JUNIOR, M.; PETROFEZA, S.. Diversidade genética em populações de *Sclerotinia sclerotiorum* na cultura de feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.). In: Embrapa Arroz e Feijão-Resumo em anais de congresso (ALICE). **Tropical Plant Pathology**, Brasília, DF, v. 36, p. 1124, ago. 2011. Suplemento, ref. 1576. Edição dos Resumos do 44 Congresso Brasileiro de Fitopatologia, Bento Gonçalves, ago. 2011., 2011.

MCOOY, S.; HIGGINS, B.; STEADMAN, J.R. Use of multi site screening to identify

and verify partial resistance to white mold in common bean in 2011. **Annual report bean improvement cooperative**, Fort Collins, v.55, p.153-154, 2012.

MIKLAS, P.N.; PORTER, L.D.; KELLY, J.D.; MEYERS, J.R. Characterization of white mold disease avoidance in common bean. **Eur J Plant Pathol** 135, 525–543 (2013). <https://doi.org/10.1007/s10658-012-0153-8>.

NASCIMENTO, L. B. D. Análise da diversidade genética em populações de *Sclerotinia sclerotiorum*. Instituto de Ciências Biológicas. Universidade Federal de Goiás, Programa de Pós-Graduação em Biologia, 2010.

NOYES, R. D.; HANCOCK, J. G. Role of oxalic acid in the *Sclerotinia* wilt of sunflower. **Physiological Plant Pathology**, v. 18, n. 2, p. 123-132, 1981.

PAULA JUNIOR, T.J.; VIEIRA, R.F.; JUNIOR, M.L.; MORANDI, M.A.B.; CARNEIRO, J.E.S. Mofo-Branco. In: PRIA, M.D.; SILVA, O.C. **Cultura do feijão: doenças e controle**. Ponta Grossa: Editora UEPA, 2018.

PAULINO, P. P. S., POLETINE, J. P., BRONDANI, S. T., BARELLI, M. A. A.; SILVA, V. P. (2020). Mapeamento do gene de resistência ao *Colletotrichum lindemuthianum* na cultivar andina de feijão comum jalo pintado 2. **Journal of Agronomic Sciences**, 9, 81-107.

PAVAN, M.A.; KUROZAWA, C. Doenças da alface. In: KIMATI, H.; AMORIM, L.; BERGAMIN FILHO, A.; CAMARGO, L.E.A.; REZENDE, J.A.M **Manual de Fitopatologia: doenças das plantas cultivadas**. São Paulo: Agronômica Ceres, 1997. p.

PEREIRA, F.; BORGES, L.; GUIMARÃES, G.; SILVA, A.; GONÇALVES, R.; CARVALHO, L. R.; TEIXEIRA, I. (2013). Estratégias de controle de mofo branco do feijoeiro. **ENCICLOPÉDIA BIOSFERA**, 9 (17).

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.

PÉREZ-VEGA, E.; PASCUAL, A.; CAMPA, A. et al. Mapping quantitative trait loci conferring partial physiological resistance to white mold in the common bean RIL population Xana × Cornell 49242. **Mol Breeding** 29, 31–41 (2012). <https://doi.org/10.1007/s11032-010-9522-1>.

PETZOLDT, R.; DICKSON, M. H. Straw test for resistance to white mold in beans. **ANNUAL REPORT-BEAN IMPROVEMENT COOPERATIVE**, v. 39, p. 142-143, 1996.

POSSE, S.C.P; SOUZA-RIVA, E.M; SILVA, G.M; FASOLO, L.M; SILVA, M.B; ROCHA, M.A.M. Informações técnicas para o cultivo do feijoeiro-comum na região central-brasileira: 2009 – 2011. Vitória, ES: **Incaper**, 2010.

QUINTELA, E.D. Manejo integrado de pragas do feijoeiro. Embrapa Arroz e Feijão-

Circular Técnica (**INFOTECA-E**), 2001.

RESENDE M.L.V. Biochemical responses associated with common bean defence against *Sclerotinia sclerotiorum*. **European Journal of Plant Pathology** 138:391-404, 2014.

ROGRIGUES, J.D.S.; TORRES, M.H.R.M.; PEREIRA, H.S.; DE SOUZA, T.L.P.O.; MELO, L.; BRONDANI, C.; VIANELLO, R. Validação de marvadores associados à resistência à murcha de Fusarium em feijão. In: Embrapa Arroz e Feijão-Resumo em anais de congresso (ALICE). Semiárido Jovens Talentos, 13, 2019. Santo Antônio de Goiás. Resumos..... Santo Antônio de Goiás: **Embrapa Arroz e Feijão**, 2019.

SANTOS, J. B.; GAVILANES, M. L. **Botânica**. In: Vieira, C.; Júnior, T. J. P.; Borém. (Ed.). Feijão. 2ª edição, p.41-65. UFV, 2011.

SCHMUTZ, J., MCCLEAN, PE, MAMIDI, S., WU, G.A; CANNON, S.B; GRIMWOOD, J.; JACKSON, S.A (2014). A reference genome for common bean and genome-wide analysis of dual domestications. **Nature genetics** , 46 (7), 707-713.

SCHWARTZ, HOWARD F.; SINGH, SHREE P. Breeding common bean for resistance to white mold: A review. **Crop Science**, v. 53, n. 5, p. 1832-1844, 2013.

SELLA, L.; TOMASSINI, A.; D'OVIDIO, R.;FAVARON, F. (2005). Expression Of Two Sclerotinia Sclerotiorum Endo-Pg Genes Correlates With Endo-Polygalacturonase Activity During Glycine Maxcolonization. **Journal of Plant Pathology**, 199-205.

SILVA, A. V.; SILVA FILHO, J. F., SILVA, M. C. T.; VAZ, N. C. A.;SILVA, M. L. G. Aptidão edafoclimática e ambientes de produção agrícola da cultura do feijão Edaphoclimatic aptitude and agricultural production environments of the bean culture. **Scientific Eletronic Archives**, v.13 (20), 2020.

Silva, L. I. D. M., Melo, P. G. S., LOBO JUNIOR, M., Pereira, H. S., Melo, L. C., & de Souza, T. L. P. O. (2019). Parâmetros genéticos e variabilidade do feijão carioca quanto à resistência fisiológica ao mofo-branco. In Embrapa Arroz e Feijão-Resumo em anais de congresso (ALICE). In: SEMINÁRIO JOVENS TALENTOS, 13., 2019, Santo Antônio de Goiás. Resumos... Santo Antônio de Goiás: **Embrapa Arroz e Feijão**, 2019.

Singh, S. P.; Gepts, P.; Debouck, D. G. (1991). Races of common bean (*Phaseolus vulgaris*, Fabaceae). **Economic Botany**, 45(3), 379-396.

SINGH, S. P.; TERÁN, H.; SCHWARTZ, H. F., OTTO, K.; LEMA, M. Introgressing white mold resistance from *Phaseolus* species of the secondary gene pool into common bean. **Crop Science**, 49(5), 1629-1637 (2009).

SINGH, S.P. Improvement of small-seeded race Mesoamerica cultivars. In: SINGH, S.P. **Common Bean improvement in the twenty-first century**. Kimberly, USA, v.07, p.255-274, 1999.

SINGH, S.P.; GUTIÉRREZ, A.J.; MOLINA, A.; URREA, C.; GEPTS, P. Genetic diversity in cultivated common bean. II Marker-based analysis of morphological and agronomic traits. **Crop Sciences**, v.31, p.23-29, 1991.

SIQUEIRA, T. A.; GILIO, T. A. S.; SILVA, H. A. D.; DUARTE, W. M.; RODRIGUES, L. G. . (2021). Avaliação de resistência fisiológica do feijão comum ao mofo branco. **Revista multidisciplinar de educação e meio ambiente**, 2(3), 38. <https://doi.org/10.51189/rema/2009>.

SIVIERO, A.; BRAGA, M.; SANTOS, R.C.; SANTOS, V.B. Aspectos nutricionais e culinários do feijão comum e do caupi consumidos no Acre. In: MATTAR, E.P.L.; OLIVEIRA, E.; SANTOS, R.C.; SIVIERO, A. **Feijões do Vale do Juruá**. Embrapa Acre, 2016.

SOULE, M.; PORTER, L.; SANTANA, G.P.; BLAIR, M.; MIKLAS, P.N. Comparative QTL Map for White Mold Resistance in Common Bean, and Characterization of Resistance in Dry Bean Lines VA19 and I9365-31. **Crop Science**. 51. 123-139(2011). [10.2135/cropsci2010.06.0356](https://doi.org/10.2135/cropsci2010.06.0356).

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**, v. 49, p. 115, 2006.

TSUTSUMI, Claudio Yuji; BULEGON, Lucas Guilherme; PIANO, Jeferson Tiago. Melhoramento genético do feijoeiro, avanços, perspectivas e novos estudos. *Nativa*, v. 3, n. 3, p. 217-223, 2015.

TU, J. C. Tolerance of white bean (*Phaseolus vulgaris*) to white mold (*Sclerotinia sclerotiorum*) associated with tolerance to oxalic acid. **Physiological Plant Pathology**, v. 26, n. 1, p. 111-117, 1985.

VASCONCELLOS, R. C.; ORAGUZIE, O. B.; SOLER, A.; ARKWAZEE, H.; MYERS, J. R.; FERREIRA, J. J.; SONG, Q.; MCCLEAN, P.; MIKLAS, P. N. Meta-QTL for resistance to white mold in common bean. **PLoS One**, 12: 2017.

VASCONCELLOS, Renato CC et al. Meta-QTL for resistance to white mold in common bean. **PLoS One**, v. 12, n. 2, p. e0171685, 2017.

VIANA, T.E.F. Aspectos produtivos da cultura do feijoeiro sob diferentes lâminas via pivô central. (Dissertação em irrigação). Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Goiano, Campus Ceres, 2017.

VITERI, D.; SINGH, S. (2015). Inheritance of White Mold Resistance in an Andean Common Bean A 195 and its Relationship with Andean G 122. **Crop Science**. 55. 44. [10.2135/cropsci2014.02.0145](https://doi.org/10.2135/cropsci2014.02.0145).

WENDLAND, A.; LOBO JUNIOR, M.; DE FARIA, J. C. Manual de identificação das principais doenças do feijoeiro-comum. **Embrapa Arroz e Feijão-Livro técnico INFOTECA-E**, 2018.

7. ANEXOS

Ranqueamento via Best Linear Unbiased Predictor (BLUP), dos genótipos que aos isolados de *Sclerotinia sclerotiorum*: Tabelas 8, 9 e 10.

Tabela 8

Nota		AACPD		Relação doença/planta	
Genot.	u+g	Genot.	u+g	Genot.	u+g
74	1.8843	30	7.0881	74	4.2055
200	1.8843	104	7.5063	99	4.2055
34	2.0111	6	7.6691	168	4.2055
73	2.1378	29	7.8771	200	4.2055
23	2.1798	74	8.1942	197	5.1837
38	2.1798	200	8.1942	38	5.4997
197	2.1798	34	8.3295	34	5.7066
9	2.3249	168	8.8708	23	5.9738
49	2.5179	197	8.9728	64	5.9795
67	2.5179	4	9.1111	73	6.1160
168	2.5179	175	9.1534	39	6.2524
29	2.6241	99	9.2768	9	6.2899
3	2.6447	73	9.5474	67	6.3889
39	2.6447	67	9.6828	104	7.0440
102	2.7714	23	9.7553	3	7.0712
59	2.8017	38	9.7553	115	7.2371
99	2.8981	39	9.8181	6	7.8770
52	3.0920	9	9.9118	102	7.8900
43	3.1515	59	10.1217	29	8.0658
172	3.1515	70	10.2058	59	8.2159
101	3.2371	101	10.4348	101	8.3739
64	3.2783	52	10.5913	75	8.5723
75	3.2783	111	10.6378	41	8.6593
70	3.3219	28	10.7478	25	8.7087
104	3.4013	3	10.7654	172	8.8452
13	3.4050	64	10.7654	82	8.9754
62	3.4050	102	10.7654	105	8.9763
6	3.4508	49	10.9007	43	8.9817
144	3.4858	89	10.9455	52	9.0060
11	3.5273	11	11.0608	4	9.0889
25	3.5317	82	11.3014	22	9.2546
41	3.6121	194	11.3205	40	9.3432
22	3.6584	115	11.4579	70	9.4494
36	3.6584	65	11.5882	30	9.6934
37	3.6584	40	11.6877	89	9.7185
116	3.6584	22	11.7127	37	9.9369
28	3.6724	41	12.0839	47	9.9369

Continua...

Tabela 8, Cont...

194	3.7149	25	12.1186	194	10.0122
40	3.7417	43	12.1186	116	10.0734
105	3.7760	172	12.1186	20	10.2098
30	3.7784	116	12.2540	11	10.2702
20	3.7852	62	12.6599	15	10.6115
72	3.7852	75	12.7953	72	10.6192
15	3.9114	37	12.9306	42	10.7557
33	3.9119	20	13.3366	49	10.8921
4	3.9250	66	13.4434	28	11.5344
12	4.0386	13	13.4719	13	11.7109
63	4.0386	105	13.6679	65	11.7361
66	4.1518	72	14.1485	110	12.4519
71	4.1653	110	14.4315	33	12.8026
115	4.1925	71	14.5545	111	12.9445
111	4.2995	144	14.6070	175	13.6952
82	4.3376	33	14.6898	36	14.1672
161	4.3979	42	15.0958	53	14.8495
53	4.4188	47	15.3665	191	15.1224
107	4.4188	36	16.3137	144	15.6134
47	4.5455	53	16.3137	107	15.8047
175	4.6390	161	16.3819	66	15.9486
42	4.6722	32	16.4850	71	16.0776
69	4.6722	60	16.5752	35	16.7196
191	4.6722	12	16.5844	12	17.3058
89	4.7602	5	16.6415	32	18.1418
44	4.7730	35	16.9545	62	18.5339
110	4.7730	139	17.6340	5	19.5640
5	4.7918	63	17.6670	44	22.0819
32	4.7918	44	17.8746	26	24.4018
35	4.7918	107	17.9376	92	24.4018
139	4.8333	56	18.2083	119	25.0841
1	4.9256	201	18.6388	61	25.7664
65	4.9290	191	18.7496	56	25.9029
128	4.9784	69	18.8849	161	26.7049
56	5.1791	1	19.2909	154	27.1310
26	5.3058	26	19.5615	174	27.2675
93	5.3058	92	19.9675	69	27.5404
60	5.3180	154	20.7795	63	27.6769
92	5.5593	24	20.9148	1	27.9498
112	5.5593	119	20.9148	188	28.4134
119	5.5593	128	21.0771	139	28.4432
154	5.5593	57	21.7268	97	28.9050
203	5.6624	83	22.1194	24	29.3144
46	5.9394	174	22.2681	112	29.4508

Continua...

Tabela 8, Cont...

57	5.9394	61	22.4034	45	30.6258
94	5.9394	112	22.5387	203	30.6258
174	5.9394	93	23.6213	60	31.3376
24	6.0661	97	24.0273	57	31.6342
100	6.0661	203	24.1538	128	31.7617
155	6.0661	188	25.2493	93	32.5895
85	6.0977	94	25.6512	201	33.1321
201	6.1172	46	26.1925	205	35.6124
98	6.1929	45	26.3448	162	37.8950
61	6.3196	85	26.6578	83	39.8791
162	6.3880	98	27.0045	94	40.3677
121	6.4463	100	27.4104	165	42.1914
83	6.4720	165	27.6503	98	42.5511
113	6.5730	162	27.7534	163	43.5064
199	6.5730	205	27.9101	113	44.0522
188	6.8233	113	28.6284	85	46.7444
170	6.9532	121	28.7637	121	47.3273
165	7.0099	163	28.7637	100	48.0096
163	7.0799	170	29.9816	91	48.1460
97	7.2066	199	30.2523	199	48.1460
138	7.2398	91	30.6583	46	50.7388
204	7.2398	155	31.0642	153	51.9670
91	7.3334	153	31.4702	170	56.3337
95	7.5868	204	31.4905	155	58.7900
153	7.7135	138	32.5860	95	59.6088
205	7.7780	95	32.8235	204	61.7559
45	7.8391	117	35.7351	117	66.4976
117	7.8391	156	37.9658	138	67.1288
164	7.8402	164	38.3718	156	72.4361
156	7.9670	169	40.6724	164	77.7581
169	7.9670	15	406.825	169	86.0823

(Genot.) genótipo; (u+g) média do ganho genotípico.

Tabela 9. Isolado 597.

Nota ao 7 ^o		AACPD		Relação doença/planta	
Genot.	u+g	Genot.	u+g	Genot.	u+g
47	2.9954	47	10.3784	105	8.2830
105	2.9954	65	10.3935	47	8.6761
91	3.2450	161	10.3935	91	8.8726
25	3.3074	53	10.5359	170	8.8726
100	3.3300	105	10.7056	165	9.0231
97	3.3336	98	10.9269	162	9.1355
111	3.3336	110	10.9269	36	9.3214

Continua...

Tabela 9, Cont...

85	3.4322	100	10.9298	155	9.4160
170	3.4322	34	10.9875	100	9.4437
65	3.4660	75	10.9875	63	9.4623
161	3.4660	5	11.1077	92	9.4861
92	3.4667	60	11.1398	65	9.6221
63	3.4946	36	11.1561	161	9.6221
172	3.4946	43	11.3253	60	9.6541
74	3.5023	97	11.4038	168	9.6719
36	3.5189	15	11.5364	29	9.6923
6	3.5854	24	11.5575	85	9.7899
168	3.5854	44	11.5644	6	9.8122
30	3.5963	6	11.5761	111	9.8367
67	3.5998	168	11.5761	117	9.8641
44	3.6333	91	11.6215	97	9.9068
66	3.6449	201	11.6999	154	10.0149
107	3.6477	116	11.7243	74	10.1465
73	3.6664	59	11.8075	44	10.1657
155	3.6664	107	11.8173	25	10.1830
154	3.7046	170	11.8177	201	10.4253
93	3.7294	163	11.8599	5	10.4762
201	3.7294	29	11.8635	12	10.4954
26	3.7329	162	11.8991	30	10.4954
53	3.7868	117	12.0160	53	10.5190
104	3.7959	154	12.0160	199	10.6400
112	3.7995	111	12.0338	75	10.7452
34	3.8581	74	12.1491	52	10.8398
75	3.8581	63	12.2102	93	10.9862
60	3.8625	165	12.2176	43	11.0170
29	3.8654	104	12.2599	59	11.0250
59	3.9147	23	12.2671	172	11.0348
43	3.9148	25	12.3411	24	11.0458
98	3.9306	40	12.3423	23	11.1222
110	3.9306	52	12.5103	98	11.1222
102	3.9314	92	12.5238	107	11.3561
156	3.9314	66	12.5255	110	11.3668
199	3.9332	38	12.5681	144	11.3750
5	3.9338	199	12.6261	61	11.3791
165	3.9740	89	12.6738	69	11.4279
22	3.9848	85	12.7336	163	11.5830
70	3.9938	155	12.7338	116	12.0439
12	3.9956	72	12.7513	67	12.0803
28	3.9956	99	12.7767	153	12.0831

Continua...

Tabela 9, Cont...

94	3.9985	172	12.9299	22	12.1259
42	3.9991	113	12.9445	66	12.1823
23	4.0007	30	12.9599	15	12.2523
72	4.0014	73	13.1538	73	12.2906
153	4.0082	197	13.2561	40	12.3286
24	4.0412	83	13.3063	83	12.5250
69	4.0562	41	13.5673	104	12.8092
117	4.0611	28	13.5899	62	12.8793
163	4.0676	22	13.6061	41	12.8986
15	4.0839	94	13.6135	42	12.9216
41	4.1136	144	13.6135	112	12.9216
39	4.1179	191	13.6135	11	13.0117
9	4.1186	102	13.7804	164	13.0389
62	4.1287	93	13.7999	34	13.1580
205	4.1810	69	13.9112	113	13.1580
3	4.1988	188	13.9230	156	13.1969
101	4.1988	62	13.9399	99	13.2036
52	4.2030	11	14.1061	197	13.2477
116	4.2242	61	14.2038	26	13.5527
32	4.2434	194	14.2068	102	13.8521
13	4.2618	175	14.2199	38	13.9120
144	4.2647	164	14.2674	203	14.0434
49	4.2653	67	14.2738	138	14.1142
40	4.2859	42	14.3438	89	14.2741
99	4.2897	39	14.3761	101	14.3940
83	4.3020	82	14.5812	194	14.4100
191	4.3313	13	14.7099	72	14.4443
57	4.3319	26	14.7638	128	14.4919
203	4.3319	153	14.7829	1	14.5073
38	4.3572	101	14.8338	35	14.5342
113	4.3572	203	14.8338	28	14.7022
188	4.3572	156	14.8925	70	15.1625
164	4.3798	20	14.8974	3	15.2354
175	4.3949	32	14.9579	20	15.4227
61	4.3985	70	15.2850	45	15.5614
197	4.4507	128	15.3399	13	15.6838
200	4.4615	3	15.3938	49	15.7262
56	4.4650	45	15.4961	32	15.8177
1	4.4930	112	15.5338	204	15.8177
11	4.5005	1	15.5467	205	16.0797
139	4.5005	115	15.7042	175	16.1746
194	4.5036	174	15.9553	37	16.3572

Continua...

Tabela 9, Cont...

20	4.5129	9	16.0047	94	16.7036
33	4.5280	35	16.0625	191	16.7036
89	4.5283	204	16.1233	56	16.9181
82	4.5290	49	16.3738	169	17.4790
95	4.5316	37	16.4438	188	17.9836
37	4.5981	57	16.6538	200	18.2780
169	4.5981	139	16.6653	39	18.6464
64	4.6802	33	16.6699	115	18.9970
35	4.7312	205	16.7897	82	19.0087
46	4.7978	12	16.8099	57	19.0215
119	4.7978	169	16.8638	119	20.1433
45	4.8500	200	16.8799	33	20.3113
128	4.8608	95	16.9338	46	21.1950
174	4.9276	46	17.0038	121	21.3310
115	4.9831	56	17.0738	9	21.7144
4	5.0002	119	17.3538	95	22.2467
71	5.4490	138	19.1199	174	22.4321
121	5.7955	121	19.1436	64	22.8282
162	7.3934	71	19.2762	139	25.3772
138	7.8627	64	19.3412	71	28.1116
204	9.4227	4	19.4693	4	30.1008

(Genot.) genótipo; (u+g) média do ganho genotípico.

Tabela 10. Isolado 486

AACPD		Relação doença planta		Nota ao 7º dia	
Genot.	u+g	Genot.	u+g	Genot.	u+g
26	16.4751	26	7.3643	26	2.0944
155	16.4824	197	7.4610	30	2.1851
6	16.5030	155	7.7512	155	2.1972
39	16.5030	62	8.0030	197	2.2950
62	16.5037	39	8.2842	165	2.3000
46	16.5070	165	8.3316	104	2.5056
74	16.5156	30	8.4422	74	2.5916
70	16.5215	6	8.4984	6	2.6135
11	16.5286	104	8.6217	39	2.6135
30	16.5304	121	8.6217	70	2.6453
73	16.5374	70	8.6852	62	2.7072
60	16.5573	28	8.7772	194	2.7599
165	16.5618	11	8.8393	46	2.7852
28	16.5699	73	8.8403	99	2.8140
110	16.5732	99	8.9119	121	2.8140
36	16.5837	46	9.4347	170	2.9168

Continua...

Tabela 10, cont...

43	16.5909	110	9.5274	73	2.9353
52	16.5939	43	9.8233	75	3.0055
32	16.6308	170	9.8791	57	3.0196
29	16.6328	194	9.9701	172	3.0196
99	16.6340	115	10.1843	11	3.0204
104	16.6340	113	10.4595	36	3.0509
33	16.6524	75	10.4972	28	3.0725
75	16.6583	116	10.5562	116	3.1224
121	16.6701	36	10.6800	191	3.1224
194	16.6743	74	10.7677	29	3.1477
49	16.6828	33	10.9339	43	3.1655
22	16.6846	93	10.9431	115	3.2072
170	16.6846	191	10.9431	71	3.2163
25	16.6928	172	11.6202	33	3.2182
66	16.6965	29	11.6851	168	3.2252
154	16.7076	32	11.6994	60	3.2368
3	16.7087	111	11.9124	113	3.3280
4	16.7087	154	12.0743	22	3.3280
15	16.7087	49	12.4449	23	3.3309
111	16.7112	92	12.4810	45	3.3309
57	16.7134	102	12.4907	164	3.3309
172	16.7134	52	12.5169	110	3.4247
71	16.7486	57	12.5874	20	3.4308
113	16.7495	85	12.6841	67	3.4308
175	16.7619	23	12.7254	85	3.4308
20	16.7640	139	12.8776	93	3.4308
92	16.7702	60	12.9361	102	3.4308
67	16.7712	3	13.1272	128	3.4308
93	16.7712	4	13.1272	139	3.4308
188	16.7722	15	13.1272	32	3.5033
116	16.7784	188	13.3170	52	3.5033
191	16.7929	12	13.3612	25	3.5092
168	16.8073	175	13.5978	12	3.5336
69	16.8087	71	13.6891	41	3.533
139	16.8145	128	13.9415	49	3.5553
1	16.8297	25	13.9995	111	3.5616
23	16.8359	164	14.0104	35	3.6364
85	16.8434	64	14.2141	112	3.6364
164	16.8505	66	14.3109	3	3.7085
53	16.8670	107	14.7153	4	3.7085
64	16.8704	45	14.7599	15	3.7085
65	16.8723	94	15.2953	38	3.7392

Continua...

Tabela 10, cont...

45	16.8723	95	15.2956	64	3.7957
38	16.8795	22	15.3924	66	3.8204
61	16.8838	41	15.3924	47	3.8276
12	16.8940	161	15.7525	107	3.8420
41	16.9012	98	15.7793	92	3.8519
161	16.9216	168	16.2629	175	3.8641
205	16.9276	20	16.6498	188	3.8738
102	16.9301	1	16.8426	69	3.9241
107	16.9517	69	16.9617	65	3.9448
56	16.9590	203	17.2301	98	3.9448
163	16.9592	82	17.4658	100	3.9448
82	16.9652	105	17.5203	105	3.9448
203	16.9662	67	17.6170	154	4.0114
63	16.9666	200	17.7137	82	4.0202
47	16.9697	138	17.9072	101	4.0202
94	16.9741	100	18.0039	174	4.0476
59	16.9789	162	18.1356	5	4.1348
128	16.9878	65	18.1973	119	4.1504
35	17.0023	112	18.6810	203	4.1504
105	17.0167	101	19.7145	94	4.2475
162	17.0195	59	20.0227	161	4.2494
112	17.0240	174	20.0351	56	4.2532
200	17.0312	163	20.2618	138	4.2532
40	17.0456	205	20.5024	63	4.3102
95	17.0601	119	20.6154	91	4.3560
174	17.0601	35	20.9056	61	4.4235
5	17.0671	56	21.3892	163	4.4719
98	17.0817	63	21.4758	95	4.5616
101	17.0889	40	21.8728	153	4.6644
138	17.0889	53	22.3279	201	4.6644
169	17.1047	38	22.6466	53	4.6924
100	17.1178	91	23.6139	1	4.7188
89	17.1465	61	23.6642	200	4.7672
119	17.1612	169	24.2238	162	4.7904
24	17.1656	201	24.4844	59	4.7961
91	17.1756	117	24.9680	13	4.8700
9	17.2767	83	25.1614	40	4.8700
34	17.2780	153	26.9025	199	5.0495
72	17.2780	97	27.7730	83	5.0756
201	17.2839	199	28.8946	169	5.1594
42	17.2984	34	29.0305	156	5.1641
97	17.3056	156	30.1796	97	5.1784

Continua...

Tabela 10, cont...

37	17.3144	42	30.2878	205	5.3137
156	17.3160	204	30.2878	144	5.3840
117	17.3200	5	30.3154	72	5.3951
204	17.3272	144	30.9648	24	5.4570
83	17.3561	37	32.4571	42	5.5896
13	17.3634	13	33.3829	204	5.5896
153	17.3634	24	34.5590	89	5.6051
199	17.3960	72	35.3482	34	5.7389
44	17.4102	44	37.2876	9	5.8301
144	17.5944	9	40.1479	44	5.8468
115	20.1584	47	46.4177	117	5.8980
197	21.0462	89	69.1286	37	5.9680

(Genot.) genótipo; (u+g) média do ganho genotípico.

Fotos dos genótipos resistentes e suscetíveis aos isolados de *S. sclerotiorum*: S.s 486



Genótipos de feijão comum resistentes



BGF 62



BGF 09



BGF 44

Genótipos de feijão comum suscetíveis

S.s 463



BGF 74



BGF 30



BGF 06

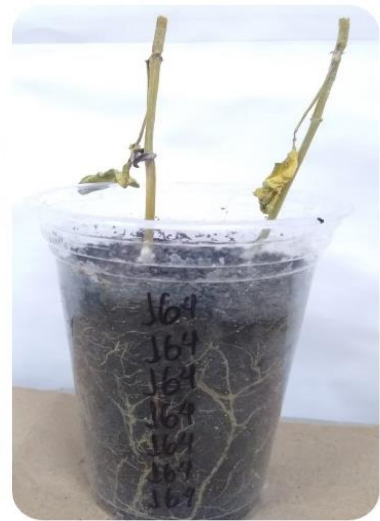
Genótipos de feijão comum resistentes



BGF 169



BGF 156



BGF 164

Genótipos de feijão comum suscetíveis

S.s 597



BGF 100



BGF 65



BGF 65