

UNIVERSIDADE DO ESTADO DE MATO GROSSO
“CARLOS ALBERTO REYES MALDONADO”
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM
GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS

VANESSA RENIELE SOUZA DE ARRUDA

IDENTIFICAÇÃO DE FONTES DE FEIJÃO COMUM COM
RESISTÊNCIA FISIOLÓGICA A DIFERENTES ISOLADOS DE
Sclerotinia sclerotiorum

CÁCERES
MATO GROSSO - BRASIL
FEVEREIRO - 2023

VANESSA RENIELE SOUZA DE ARRUDA

IDENTIFICAÇÃO DE FONTES DE FEIJÃO COMUM COM
RESISTÊNCIA FISIOLÓGICA A DIFERENTES ISOLADOS
Sclerotinia sclerotiorum

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
obtenção do título de Mestre.

Orientador: Prof. Dr. Thiago
Alexandre Santana Gilio

Coorientadores:

Prof.^a Dr.^a. Kelly Lana Araújo

Prof. Dr. Marco Antônio Aparecido
Barelli

CÁCERES
MATO GROSSO - BRASIL
FEVEREIRO - 2023

ARRUDA, Vanessa Reniele Souza de.
A773i Identificação de Fontes de Feijão Comum com Resistência
Fisiológica a Diferentes Isolados Sclerotinia Sclerotiorum /
Vanessa Reniele Souza de Arruda – Alta Floresta/Cáceres/Tangará
da Serra, 2023.
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, 2023.
Orientador: Thiago Alexandre Santana Gilio
Coorientador: Kelly Lana Araújo

1. Phaseolus Vulgaris. 2. Melhoramento. 3. Mofo Branco. I.
Vanessa Reniele Souza de Arruda. II. Identificação de Fontes de
Feijão Comum com Resistência Fisiológica a Diferentes Isolados
Sclerotinia Sclerotiorum: .

CDU 635.652

Identificação de fontes de feijão comum com resistência fisiológica a diferentes isolados de *Sclerotinia sclerotiorum*

VANESSA RENIELLE SOUZA DE ARRUDA

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

Aprovado em 27 de fevereiro de 2023

Comissão Examinadora



Prof. Dr. Thiago Alexandre Santana Gilio
Orientador – UFMT – Universidade Federal de Mato Grosso, Sinop - MT



Prof.^a Dr.^a Kelly Lana Araújo
UNEMAT – Universidade do Estado de Mato Grosso



Pesquisador – Dr. Antônio Marcos Chimello
UNEMAT – Universidade do Estado de Mato Grosso

BIOGRAFIA

Vanessa Reniele Souza de Arruda, nascida em 18 de Junho de 1994 na cidade de Cáceres, Mato Grosso. Engenheira Agrônoma pela Universidade do Estado de Mato Grosso, Campus de Cáceres. De 2013 a 2020 foi voluntária no Laboratório de Melhoramento Genético e Vegetal, onde realizou trabalho de Reação de Genótipos de Feijão Comum ao Patógeno Causador do Mofo Branco. Em 2021 ingressou no Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas – PGMP da UNEMAT, sob a orientação do Prof. Dr. Thiago Alexandre Santana Gilio.

AGRADECIMENTOS

À Universidade do Estado de Mato Grosso – UNEMAT e ao 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 Thiago Alexandre Santana Gilio, Kelly Lana Araújo e Marco Antônio Aparecido Barelli, gratidão pelos ensinamentos, confiança e apoio.

A Deus pela vida e saúde.

A minha querida mãe Gemima Pereira de Souza, que sempre me acompanhou em todos os desafios, vitória e alegria que a vida acadêmica me proporcionou.

Aos meus irmãos Wagner e Gustavo pelo amor e carinho.

Aos meus tios; Noemi, Valdecir, Dezenil, Sebastião, Genilda, Madai, Ezequiel, Manoel, pelo incentivo, carinho e compreensão e força em todos os momentos.

Aos amigos que sempre estiveram ao meu lado torcendo por mim, Kenia, Lucineia, Suelene, Francielyn, Eduarda, Gisele, Evaldo, Miguel e Ana Flavia, Janaina, Antônio.

Ao meu marido Erick Tenório Viana, pelo carinho nos momentos difíceis, você foi essencial nessa jornada.

Aos meus amigos do feijão, Heitor, Crislei, Laécio, Vitor, Eduardo, José, Yuri, Maury, Ana Livia, Leonardo, Lucas, Paulo, Yasmin, Marcelo, Jeferson, Pollyana. Obrigada pela amizade, ajuda na realização e na 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

RESUMO.....	vi
ABSTRAT.....	vii
1 INTRODUÇÃO GERAL.....	01
2 REVISÃO DE LITERATURA.....	03
2.1 História do feijão.....	04
2.2 Economia do Feijão.....	05
2.3 <i>Sclerotinia sclerotiorum</i> - Mofo Branco.....	05
2.4 Melhoramento visando resistência ao feijão comum ao Mofo Branco..	07
3 MATERIAIS E MÉTODO.....	08
3.1 Local do Experimento.....	08
3.2 Material vegetal.....	08
3.3 Semeadura.....	12
3.4 Inoculação do feijão comum.....	12
3.5 Avaliação.....	14
3.6 Análise estatística.....	14
3.7 Componentes de variação.....	15
4 RESULTADO E DISCUSSÃO.....	16
5 CONCLUSÃO.....	21
6 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	22
APÊNDICE	

RESUMO

ARRUDA, VANESSA RENIELE SOUZA DE. MSc. Universidade do Estado de Mato Grosso “Carlos Alberto Reyes Maldonado”, Fevereiro de 2023. Identificação de fontes de feijão comum com resistência fisiológica a diferentes isolados *sclerotinia sclerotiorum*. Orientador: Thiago Alexandre Santana Gilio, Coorientadores: Kelly Lana Araújo e Marco Antônio Aparecido Barelli.

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris*) é uma das leguminosas mais consumida no mundo, é a principal fonte de alimento da população brasileira, é uma cultura de importância econômica, social e nutricional. No entanto, diversos fatores, como o mofo branco causado pelo fungo *Sclerotinia sclerotiorum* (Lib.) de Bary, causa uma das doenças mais importantes do feijão comum. O objetivo deste trabalho é identificar genótipos de feijão comum resistente a diferentes isolados de *Sclerotinia sclerotiorum* (Lib.) de Bary. O experimento foi conduzido em casa de vegetação e foram semeados 113 acessos de feijão comum; quando a planta apresentou o primeiro trifólio completamente expandido, foi levada para o laboratório onde as mesmas foram inoculadas pelos isolados UFV S.s529, UFV S.s509, UFV S.s518, UFV S.s660, UFV S.s478, JACIARA-MT e LEM-BA. O delineamento experimental foi blocos ao acaso com seis repetições, e a identificação de resistência dos acessos foi realizada através da atribuição de notas propostas por Arkwazee e Myers;, para as análises foi utilizado o programa Selegen. Houve diferença significativa entre as médias dos genótipos ($p \leq 0,01$), e nenhum acesso de feijão foi resistente a todos os isolados. Os genótipos de feijão comum BGF62 e BGF06 foram selecionadas como resistência ao isolado UFV S.s529, o acesso BGF161 e BGF35 foram resistentes ao isolado UFV S.s509. O acesso Jaciara-MT os genótipos BGF161, BGF119, BGF60 e BGF52 como resistente. Os acessos LEM-BA e UFV S.s478 o BLUP selecionaram os dez isolados mais resistentes, enquanto o UFV S.s660 e UFV S.s518 os dez isolados estão acima da nota três. Esses genótipos são considerados boas fontes de resistência a *Sclerotinia sclerotiorum*, para ser trabalhados em programas de melhoramento genético do feijão comum.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris*; melhoramento; mofo branco

ABSTRACT

ARRUDA, VANESSA RENIELE SOUZA DE. MSc. Universidade do Estado de Mato Grosso “Carlos Alberto Reyes Maldonado”, February 2023. Identification of common bean sources with physiological resistance to different *Sclerotinia sclerotiorum* isolates. Advisor: Thiago Alexandre Santana Gilio, Co - Advisor: Kelly Lana Araújo e Marco Antônio Aparecido Barelli.

The common bean (*Phaseolus vulgaris*) is one of the most consumed legumes in the world, it is the main source of food for the Brazilian population, it is a crop of economic, social and nutritional importance. However, several factors, such as white mold caused by the fungus *Sclerotinia sclerotiorum* (Lib.) de Bary, cause one of the most important diseases of common bean. The objective of this work is to identify common bean genotypes resistant to different isolates of *Sclerotinia sclerotiorum* (Lib.) de Bary. The experiment was conducted in a greenhouse and 113 accessions of common bean were sown, when the plant presented the first fully expanded trefoil, it was taken to the laboratory where they were inoculated by the isolates UFV S.s529, UFV S.s509, UFV S.s518, UFV S.s660, UFV S.s478, JACIARA-MT and LEM-BA. The experimental design was randomized blocks with six replications, and accession resistance identification was carried out through the attribution of notes proposed by Arkwazee and Myers, for the analyzes the Selegen program was used. There was a significant difference between the means of the genotypes ($p \leq 0.01$), and no common bean accession was resistant to all isolates. The common bean genotypes BGF62 and BGF06 were selected as resistant to the UFV S.s529 isolate, accession BGF161 and BGF35 were resistant to the UFV S.s509 accession. The Jaciara-MT isolate genotypes BGF161, BGF119, BGF60 and BGF52 as resistant. For isolates LEM-BA and UFV S.s478, BLUP selected the ten most resistant isolates, while for UFV S.s660 and UFV S.s518 the ten isolates are above grade three. These genotypes are considered good sources of resistance to *Sclerotinia sclerotiorum*, to be used in common bean genetic improvement programs.

Key words: *Phaseolus vulgaris*; breeding; white mold.

1 INTRODUÇÃO GERAL

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L) é a espécie mais cultivada do gênero *Phaseolus*, constituída na dieta brasileira, pois é uma excelente fonte proteica, rica em lisina, carboidrato, cálcio e ferro. Além da produção do Brasil, encontra-se em terceiro lugar no ranking mundial de produção de feijão no mundo, ficando atrás apenas de Mianmar e Índia, conforme os países de destaque como maiores produtores mundiais: Mianmar, Índia, Brasil, China, Tanzânia, Uganda, Estados Unidos, México, Quênia e Burundi. (FAOSTAT, 2021).

Os maiores Estados produtores de feijão do Brasil são: Paraná, Minas Gerais, Mato Grosso, Goiás e Bahia. A região do Nordeste têm área maior que a soma das áreas de Sul, Sudeste e Centro-Oeste com 1,46 milhão de hectares contra 1,38 milhão de hectares, uma produtividade para 2022/23 1.537kg há⁻¹. (CONAB, 2023).

No Brasil, por ser um país consumidor de feijão, a sua produção é dividida em três safras: das águas, seca e irrigada ou safra de inverno, permitindo produção o ano todo. (Embrapa Arroz e Feijão, 2016). A maioria das produções de feijão no Brasil é produzida por pequenos produtores, geralmente consorciados com outra cultura, trazendo diversificação de cultura na mesma área.

Há alguns anos, a cultura de feijão comum chamou atenção de grandes produtores rurais, que passaram a investir em tecnologias no campo como: colheita mecanizada, irrigação de pivô central e, além de tudo, escolhendo plantas com porte ereto para facilitar a colheita, obtendo uma homogeneidade no campo, de modo a reduzir a variabilidade contida na lavoura.

Um dos principais desafio no cultivo do feijão é a ocorrência de doenças, e uma das principais doenças causadas pelo fungos no feijão é o mofo branco causado pelo patógeno *Sclerotinia sclerotiorum* (Lib.) de Bary. A sua ocorrência é mundial, com mais de 500 espécies de plantas hospedeiras em todo o mundo (ADAMS e AYERS, 1979; FERREIRA, LEHAMAN e ALMEIDA, 1979; PURDY, 1779; BOLAND e HALL, 1994; CARDOSO, 1994; ALEXOPOULOS, MIMS e

BLACKWELL, 1996; VENNETT, 1998; LEITE *et al.*, 2000; SAHARAN e MEHTA, 2008), incluindo diversas espécies de cultura de importância econômica, entre elas: feijão, soja, algodão, canola, girassol, amendoim, ervilha, alface, batata, tomate, cenoura e fumo, plantas forrageiras, frutíferas, ornamentais, árvores, arbustos e espécies de plantas daninhas (FILHO *et al.*, 2017). O mofo branco pode causar perdas de 30 a 100% na produção quando não tomada qualquer alternativa de controle. (BIANCHINI *et al.*, 2005; OLIVEIRA, 2005; SCHWARTZ e SINGH, 2013).

O fungo pode ser disseminado de diversas maneiras no campo por sementes, maquinários e implementos agrícolas, solos infestados, plantas daninhas, resto culturais e vento (NEERGAARD, 1979; MACHADO e POZZO, 2005; SAHARAN e MEHTA, 2008; JACCOUD-FILHO *et al.*, 2010; BASSO *et al.*, 2012; CANTELE *et al.*, 2012; Castro *et al.*, 2012; GRABICOSKI *et al.*, 2014; GRABICOSKI *et al.*, 2015; GRABICOSKI *et al.*, 2016). Uma característica deste fungo é a estrutura de resistência que apresenta, podendo permanecer 5 anos no solo.

Estudos no melhoramento genético em feijão comum, visam um alto potencial produtivo, mas também apresentam bom rendimento de peneira, resistência a pragas e doenças, tolerância a fatores abióticos, estabilidade produtiva, e qualidade tecnológica, como reduzido tempo de cozimento e tolerância ao escurecimento dos grãos (CARBONELL *et al.*, 2010; PEÑA-VALDIVIA *et al.*, 2011; CHIORATO *et al.*, 2015). A *Sclerotinia sclerotiorum* de Bary, é de difícil controle e não há registro nos estudos de cultivares 100% resistentes, mas resistência parcial. Estudo mostra que algumas espécies podem apresentar uma variabilidade genética, podendo ter genótipos superiores que podem gerar progênie superior a uma característica desejada (ROCHA *et al.* 2014), essas espécies são de suma importância para programas de melhoramento.

Entretanto, existem produtos químicos que podem ajudar a controlar o mofo branco (Agrofit, 2021), mas por outro lado, o custo de produção aumentaria o risco ao meio ambiente e a saúde do homem seria afetada, pensando somente no produto químico. Nesse cenário, o objetivo deste trabalho foi identificar fontes

de feijão comum com resistências fisiológicas aos isolados de *Sclerotinia sclerotiorum*.

2 REVISÃO BIBLIOGRAFICA

2.1 História do feijão comum

O feijoeiro é originário das Américas e foi domesticado inicialmente por povos indígenas no período pré-colombiano (MENSACK *et al.*, 2010), 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 Mesoamerica e os Andes (HERNADEZ-LÓPEZ *et al.*, 2013).

Singh *et al.* (1991) sugeriu a classificação original dos centros de origem do feijoeiro, assim como a classificação de raças contidas em cada centro. Os pools gênicos e as diferentes raças têm sido validados por vários marcadores, tais como: tamanho dos grãos, morfologia da planta, isoenzimas e marcadores moleculares (ASFAW *et al.*, 2009).

O feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma planta pertencente à família Fabaceae de origem americana e com dois centros principais de domesticação. O primeiro localiza-se na região central das Américas, principalmente o México, onde se originaram os cultivares de grãos pequenos. O segundo localiza-se no sul dos Andes, originando os cultivares com sementes grandes. (COELHO *et al.*, 2017).

O gênero *Phaseolus* tem aproximadamente 75 espécies, distribuídas por toda a América, das quais cinco espécies se destacam pela importância econômica, sendo, *P. vulgaris*, *P. lanatus*, *P. coccineus*, *P. acutifolius* e *P. polyanthus* (BROUGHTON *et al.*, 2003).

A domesticação do feijão comum ocorreu inicialmente de forma independente nas regiões do Norte do México à Colômbia (conjunto gênico mesoamericano) e do sul do Peru ao Noroeste da Argentina (conjunto gênico andino) (GEPTS *et al.*, 1986; KOENIG e GEPTS 1989; KHAIRALLAH *et al.*, 1990,

1992; KOINANGE e GEPTS, 1992; FREYRE *et al.*, 1996; SCHMUTZ *et al.*, 2014).

O isolamento reprodutivo parcial entre o conjunto gênico andino e mesoamericano, tanto domesticado quanto selvagem sugere que a espécie pode estar em processo de especiação. (KOINANGE e GEPTS, 1992; GEPTS e BLISS, 1985; SCHMUTZ *et al.*, 2014). Permitindo, desse modo, que cada grupo gênico possa ser distinguido pela morfologia da planta (SINGH *et al.*, 1991; RANA *et al.*, 2015) e aspectos moleculares (BITOCCHI *et al.*, 2013; GAUT, 2014). Os *pools* gênicos podem ser diferenciados por polimorfismo no DNA e isoenzimas (GEPTS e BLISS, 1988; KWAK e GEPTS, 2009; BITOCCHI *et al.*, 2012; GAUT, 2014), algumas características morfológicas da planta, tamanho da semente (SINGH *et al.*, 1991) e quanto ao padrão da faseolina (principal proteína de reserva da semente do feijoeiro). (GEPTS *et al.*, 1986).

Os dois *pools* gênicos são geograficamente e geneticamente divergentes da população ancestral comum, indicando que a 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).

2.2 Economia do feijão no Brasil

O feijão é considerado a leguminosa mais importante no mundo para o consumo humano direto entre as espécies de feijoeiro, as do gênero *Phaseolus* são as mais cultivadas, sendo o feijão comum (*Phaseolus vulgaris*), responsável por 80% das espécies de feijão consumidas no mundo (FILHO, 2022). É uma planta anual, herbácea e termófila, que pode apresentar hábitos de crescimento determinado ou indeterminado, com ciclo biológico bastante variado, dependendo das condições, época de plantio e cultivar. (SANTOS; GAVILANES, 2006).

A cultura do feijão se caracteriza por uma importância do agronegócio brasileiro por apresentar alta adaptabilidade produzida em todas as regiões do

país. A atividade é cultivada, em sua maioria, pela agricultura familiar, desempenhando um alto papel socioeconômico. (MOURA; BRITO, 2015).

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).

O Brasil é o terceiro maior produtor de feijão, não havendo grandes excedentes exportáveis, como ocorre com outros grãos. Alguns estados do Brasil se destacam em produção e produtividade, como o Nordeste com 468kg/ha em produtividade e 673,4 mil/t, o estado de Mato Grosso com a produtividade 2052kg/há, sendo a produtividade 603,5 mi/t, liderando entre os estados produtores de feijão. (CONAB, 2023).

Os municípios mato-grossense que se destacam na produção de feijão comum são: Nova Ubiratã, Sorriso, Campo novo dos Parecis, Primavera do Leste, Campos de Júlio, Brasnorte, Lucas do Rio Verde, Tangará da Serra, Querência e Ipiranga do Norte. (IBGE, 2020).

2.3 Mofo Branco - *Sclerotinia Sclerotiorum*

O fungo *Sclerotinia sclerotiorum* (Lib.) de Bary pertence ao Filo Ascomycota, classe Ascomycetes, subclasse Discomycetes, ordem Helotiales e família Sclerotiniaceae, é o patógeno causador da doença conhecida como mofo-branco (FILHO *et al.*, 2017). A *Sclerotinia sclerotiorum* é um fungo fitopatógeno mais antigo que ocorre nas culturas de soja, algodão e feijão, esse patógeno pode ser transmitido pelas sementes. (GOULART, 1984; MACHADO, 2012).

No Brasil o mofo branco teve seu primeiro relato em 1921, pelo pesquisador Saccá na cultura da batata, no estado de São Paulo. (JACCOUD FILHO *et al.*, 2017). É um fungo polífago a *S. sclerotiorum* que ataca mais de 75 famílias, 278 gêneros e 408 espécies vegetais cultivados, sendo que desde a década de 90, especialmente nessas culturas, a doença tem ocasionado perdas

crescentes em diversas regiões produtora do país (Sul, Sudeste e Centro-Oeste), que configuram como áreas das maiores produções agrícolas (JACCOUD FILHO *et al.*, 2011; GOULART, 2013).

Esse 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, que 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), além disso, cada escleródio pode produzir mais de 20 apotécios (PAULA JUNIOR *et al.*, 2018). Este fungo é um patógeno necrotrófico, que consegue sobreviver em restos culturais de modo que não é necessário haver uma planta hospedeira para sua sobrevivência.

A infecção do fungo na planta 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). Ocorre uma necrose na planta nos tecidos saudáveis, podendo apodrecer a planta e levá-la à morte (REIS *et al.*, 2007). O sintoma causado pelo mofo branco ocorre nas folhas e nas hastes, podendo causar murcha das plantas, tombamento, a região do colo da planta apresenta escurecimento, a medula da planta é destruída, sendo preenchida por micélios e escleródios, os quais são os responsáveis pela disseminação da doença. (INSTITUTO BIOLÓGICO, 2012).

Contudo, o fungo introduzido na área é de difícil erradicação, podendo se estabelecer no solo e se manter viável por aproximadamente 14 meses na superfície do solo e por cerca de 36 meses quando enterrado. (REIS e TOMAZINI, 2005).

Entretanto, 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 a fim 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).

2.4 Melhoramento visando Resistência do feijão comum ao Mofo Branco

A resistência do feijão ao mofo branco é parcial e condicionada a dois mecanismos de resistência: escape e fisiológico. O mecanismo de escape está relacionado à morfologia e às características fenológicas da planta. Plantas eretas, altas, compactas e que acamam menos, limitam a infecção e o progresso da doença (HOYOS-VILLEGAS *et al.*, 2015), e a resistência relacionada a mecanismos fisiológicos de defesa inibe 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 dificuldade em se desenvolver linhagens resistentes a esse fitopatógeno deve-se ao fato de a resistência parcial ser quantitativa, com moderada à baixa herdabilidade, e à imprecisão na avaliação dessa reação de resistência com expressiva influência ambiental nos caracteres morfológicos, que confundem a expressão e detecção desse mecanismo (MIKLAS *et al.*, 2004). A interação patógeno-hospedeiro para *S. sclerotiorum* é considerada complexa (VASCONCELLOS *et al.*, 2017), ainda assim vários QTLs vêm sendo mapeados através de populações bi-parentais de feijão comum ao longo dos anos para identificação de resistência. (CAMPA *et al.*, 2020).

Os marcadores de DNA permitem que todo o genoma seja marcado, possibilitando, teoricamente, a detecção e caracterização de todos os genes de interesse. Esses genes podem expressar caracteres quantitativos ou caracteres qualitativos. (CASTRO, 2013).

Segundo Ramalho *et al.* (2012), diz-se que o caráter é qualitativo quando efeito de substituição alélica for grande em relação à variação fenotípica total. Já o caráter quantitativo refere-se a uma pequena razão entre o efeito da substituição e a variação fenotípica.

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 nos hospedeiros, sendo eles de reconhecimento, transdução de sinal e resposta de defesa (CAMPA *et al.* 2020).

3 MATERIAIS E MÉTODOS

3.1 Local do Experimento

O experimento foi conduzido em casa de vegetação e nos Laboratórios de Recursos Genéticos & Biotecnologia e de Melhoramento Genético Vegetal da Universidade do Estado de Mato Grosso-UNEMAT, Campus de Cáceres - MT.

3.2 Material vegetal

Para o presente estudo foram avaliados 113 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 2	-	A	PR	-
BGF 3	Preto	A	PR	Preto
BGF 4	-	-	PR	-

BGF 5	-	M	PR	Rosa
BGF 6	Rajado	A	PR	Jalo marrom claro listrado
BGF 11	Manteigão Rajado	A	PR	Jalo marrom claro listrado
BGF 12	Mesclado	M	PR	Pinto
BGF 13	Pixirum	M	PR	Carioca
BGF 19	-	-	-	-
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 27	Carioca Claro	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
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	Cranberry
BGF 59	-	-	-	-
BGF 60	Uberabinha	M	MS	Preto
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

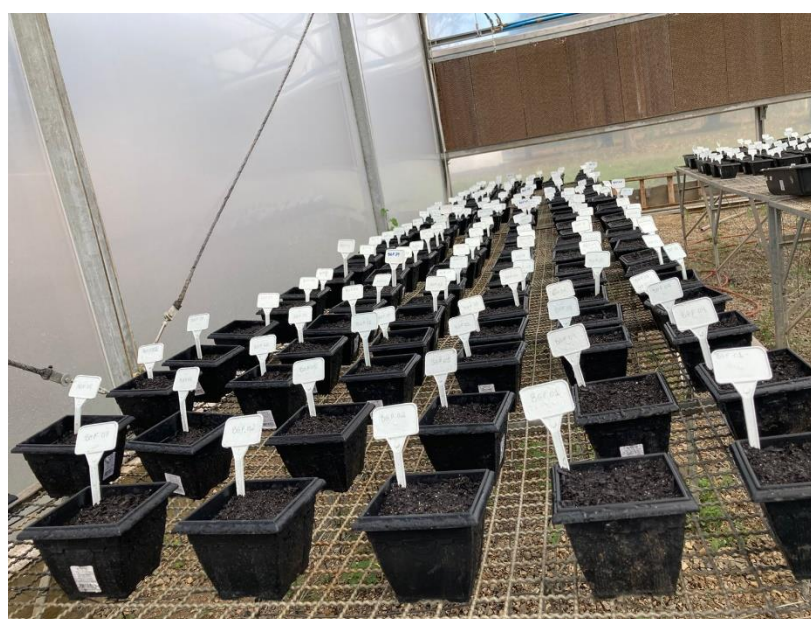
BGF 100	Crioulo Brilhoso Ponta Serrada	M	SC	Preto
BGF 102	FC 2010	A	SC	Preto
BGF 104	Preto Redondo CN 694 FC1212	A	SC	Preto
BGF 107	Preto Chatinho	A	SC	Preto
BGF 110	Azulão Ponte Serrada	A	SC	Preto
BGF 111	Azulão Ab. Luz	A	SC	Preto
BGF 112	Porto Real	M	SC	Carioca
BGF 113	Safira	M	MS	Carioca
BGF 114	Amendoim Cavalo	A	SC	-
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 Precoces	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 205	Rosa	-	PR	Rosa
BGF 280	-	-	-	-

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 vasos de 1 litro, utilizando o substrato Tecnomax® HFM composto por (Vermiculita expandida, casca de pinus, cinza, fibra de coco, carvão vegetal, esterco e cama de aves), em que foram semeadas seis sementes do mesmo genótipo a cada dois vasos, distribuindo três sementes por vasos. 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 Inoculação dos feijões comuns

As plântulas de feijão comum foram inoculadas com isolados de *S. sclerotiorum* de alta variabilidade genética, sendo eles: UFV S.s529, UFV S.s509, UFV S.s518, UFV S.s478, LEM, UFV S.s660 e Jaciara-MT, cedidos pelo Prof. Dr. Eduardo Seiti Gomedi 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). Todos os isolados do patógeno foram coletados em lavouras de feijão comum no estado de Minas Gerais, menos o isolado Jaciara – MT, que foi coletado na cidade de Jaciara no estado de Mato Grosso.

Quando as plantas apresentaram o primeiro par de trifólio por volta de 7 a 10 dias após o plantio, foram levadas para o laboratório para realizar a inoculação, realizando o procedimento de inoculação pelo método de canudo ou “Straw Test” em plântulas. 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 ocorra a produção de micélio. O BDA com micélio do patógeno foi invertido na placa de Petri e com ponteiros de 200 μl , foram feitos pequenos discos do fungo.

Com auxílio de uma tesoura higienizada, do 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 2- Em **A** plântulas com o primeiro trifólio completamente expandido e **B** plântulas com o trifólio retirado, haste principal com ponteiros contendo micélio do patógeno.

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 com temperatura ambiente. As avaliações ocorreram a partir do terceiro dia após a inoculação, e posteriormente a cada um dia até o sétimo dia após a inoculação.

3.5 Avaliação

As avaliações foram baseadas na escala de notas propostas por Arkawazee e Myers (2017) (Tabela 2).

Tabela 2. Escala de notas propostas por Arkawazee e Myers (2017), para avaliação do teste do canudo em plântulas em estágio V2.

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, $\frac{1}{4}$ 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 cotilédone e a superfície do solo;
9	A plântula se encontra colapsada/ morta.

3.6 Análise Estatística

Para estimar os componentes de variâncias foi utilizado o método de máxima verossimilhança restrita REML para selecionar os melhores genótipos pela predição linear não aditiva BLUP. (Resende, 2002 Alves & Resende, 2008.

Modelo 18 bloco ao acaso, teste de linhagem de autógamas ou híbridos, varias plantas por parcela.

$$y = Xr + Zg + Wp + e$$

y é o vetor de dados,

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),

p é o vetor dos efeitos de parcela, e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios).

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

3.7- Componentes de Variância

Vg: variância genotípica.

Vparc: variância ambiental entre parcelas.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

h²_g = h²: herdabilidade individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

c²_{parc} = c²: coeficiente de determinação dos efeitos de parcela.

Acclon: acurácia da seleção de genótipos, assumindo ausência de perda de parcelas.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

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

TABELA 3 - Resumo da análise de variância conjunta para a severidade de mofo branco, nota no sétimo dia ao isolados *S. Sclerotiorum*.

	G.L	Quadrado Médio		CV
	Bloco	Genótipos	Resíduo	
UFV S.s529	5	2665.5**	509	27,93
UFV S.s660	5	948.4**	560	19,87
UFV S.s509	5	1777**	560	21,78
UFV S.s518	5	2071**	497	23,23
UFV S.s478	5	2012**	472	39
LEM-BA	5	415**	507	17,88
JACIARA-MT	5	1881**	516	24,53

GL: Grau de liberdade. (**) Significativo a 1% ao teste F.

Os coeficientes de variação variam de 17,88% a 27,93% para a característica nota ao sétimo dia, CV semelhante ao comparados encontrados por Arkwazee *et al.*, (2022) obtiveram um CV 22,99%, o UFV S.s509 27,93%, Otto-Hanson *et al.* (2009) obtiveram CV de 25% e 35%. Esses dados sugerem que houve uma variabilidade significativa nos resultados de seus experimentos.

O isolado UFV S.s478 apresentou o maior coeficiente de variação, 39%, entre os isolados estudados, resultados sementes foram relatados por Souza e Costa (2003), que observaram um CV de 42,4%. Esses valores, apesar de elevados, podem ainda assim retratar a precisão experimental, pois considera a interação entre dois fatores biológicos, e sofre influência de diversos fatores como o número de repetições e a suscetibilidade dos genótipos avaliados. (Pimentel-Gomes, 1991).

O método de teste de canudo é o mais indicado para a realização de ensaios que têm por finalidade a discriminação de genótipos quanto à reação ao

fungo *S. sclerotiorum* (Ferreira *et al.*, 2013). A eficiência do teste do canudo é indicada em trabalhos anteriores, gerando dados confiáveis da expressão da resistência ao mofo branco (Petzoldt e Dickson, 1996; Teran *et al.*, 2006; Schwartz *et al.*, 2006; Carneiro *et al.*, 2011; Arkwazee e Myers, 2017).

Nesse estudo o coeficiente de variação experimental (CVe) foi de 20,13% a 47,47% no método de inoculação teste de canudo em plântulas para os 7 isolados (Tabela 4).

Tabela 4- Estimativa de variância genotípica entre genótipos α_g^2 , variância fenotípica individual α_f^2 , herdabilidade do sentido amplo h_g^2 , precisão da seleção do genótipo (Acclon) e média geral, (CVe%) coeficiente de variação (CVr) coeficiente variação relativa obtidas pelo procedimento REML para 7 isolados de *Sclerotinia sclerotiorum* utilizado 113 acessos.

Parâmetro Genético	α_g^2	α_f^2	h_g^2	Acclon	CVe%	CVr	Média Geral
Ss529	3.552912	7.631999	0.465528	0.916179	29,85	0,93	6.764309
Ss509	3,191331	7,266816	0,439165	0,908025	37,37	0,05	6,852146
Ss518	3.160177	7.194567	0.439245	0,908051	29,28	0,88	6,859065
Ss478	2,093944	6,178692	0,338898	0,868704	47,47	0,71	4,257513
Ss660	0,831844	4,165625	0,199693	0,774299	38,00	0,50	4,804177
Jaciara – MT	2,678190	4,469551	0,599208	0,948527	20,13	1,22	6,648123
LEM-BA	0,491258	1,936596	0,253671	0,819135	31,33	0,58	3,501089

Os altos valores de CVe, podem ser explicados pela presença de desuniformidade de germinação das plantas nas parcelas, o que leva a uma maior variabilidade nos resultados obtidos. Além disso, o Estádio fenológico das plantas no momento da realização das inoculações também pode ser um fator limitante para os métodos de avaliação em ambiente controlado, o que pode ser um fator limitante para os métodos de avaliação em ambiente controlado, o que pode contribuir para uma maior variabilidade nos resultados obtidos.

O coeficiente de variação relativa (CVr) é uma medida estatística que indica a variabilidade relativa entre os valores de uma variável em relação à sua média, expressa em porcentagem. No contexto de estudos de identificação de fontes de feijão comum com resistência a *Sclerotinia sclerotiorum*, o CVr pode ser utilizado para avaliar a variabilidade genética de diferentes cultivares em relação à resistência à doença.

A partir dos valores de CV_r foi possível inferir a acurácia seletiva e a precisão experimental, os CV_r , obtidos nos ensaios, indicam boa acurácia (Tabelas 4). De acordo com Resende & Duarte (2007), a magnitude de CV_r pode ser utilizada para inferir sobre acurácia e a precisão na avaliação genotípica. Oliveira *et al.*, (2016) avaliaram a resistência de diferentes cultivares de feijão comum a *Sclerotinia sclerotiorum*. Os autores utilizaram o CV_r para avaliar a variabilidade genética entre as cultivares e encontraram valores de CV_r entre 16,7% e 35,8% para diferentes características relacionadas à resistência à doença.

No presente trabalho a herdabilidade se mostrou moderado para o isolado Jaciara – MT ($h_g^2 = 0,59$) e menor valor para o isolado Ss660 ($h_g^2 = 0,19$). 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).

Vários estudos realizados em diferentes populações de feijoeiro constatarem que a resistência trata-se de uma característica quantitativa, fortemente influenciada pelo ambiente e governada predominantemente por genes de efeito aditivo, com moderada herdabilidade (Fuller *et al.*, 1984; Vasconcellos *et al.*, 2017). Contudo, vários autores identificaram fontes de resistência alta herdabilidade, o que pode ser útil para os futuros programas de melhoramento genético. Resultados semelhantes foram encontrados por Maziero *et al.*, (2020) que relataram moderada herdabilidade ao avaliarem a resistência ao mofo branco em uma população de feijão comum e calcularam a herdabilidade no sentido amplo.

A acurácia de seleção é um parâmetro estatístico importante na avaliação genotípica, sendo considerada alta quanto menores forem os desvios entre os valores genéticos paramétricos e os valores genéticos estimados ou preditos (Henderson, 1984; Resende e Duarte, 2007). A precisão da seleção dos genótipos variou de 0,77 à 0,94, o que indica uma boa precisão segundo Resende e Duarte (2007).

Em geral, na Tabela 5, os genótipos de feijão comum foram ordenados via BLUP, considerando o valor genotípico predito ($u+g$) para classificar os

genótipos de feijão quanto à 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 5- Ranking dos genótipos de feijão comum com maiores estimativas de valor genético estimadas por BLUP, relação à resistência genética a *Sclerotinia Sclerotiorum*.

Ordem	UFV Ss529		UFV Ss509		UFV Ss518		UFV Ss478	
	Genótipos	u+g	Genótipo	u + g	Genótipo	u + g	Genótipo	u +g
1	BGF62	2,76	BGF161	2,85	BGF44	3,53	BGF53	2,59
2	BGF06	2,90	BGF35	2,98	BGF188	3,86	BGF280	2,77
3	BGF91	3,04	BGF53	3,14	BGF40	4,26	BGF112	2,80
4	BGF117	3,04	BGF201	3,20	BGF28	4,50	BGF194	2,80
5	BGF11	3,53	BGF44	3,53	BGF172	4,63	BGF12	2,80
6	BGF194	3,88	BGF92	3,54	BGF89	4,68	BGF110	2,80
7	BGF116	3,88	BGF188	3,86	BGF70	4,73	BGF67	2,8
8	BGF163	4,00	BGF40	4,26	BGF194	4,75	BGF11	2,80
9	BGF64	4,02	BGF39	4,36	BGF162	4,77	BGF01	2,80
10	BGF199	4,02	BGF28	4,50	BGF38	4,72	BGF163	2,8

UFV Ss660		Jaciara – MT		LEM - BA	
Genótipo	u + g	Genótipo	u + g	Genótipo	u + g
BGF100	3,12	BGF161	2,46	BGF169	2,48
BGF112	3,50	BGF119	2,48	BGF161	2,49
BGF205	3,72	BGF60	2,54	BGF33	2,55
BGF32	3,72	BGF52	2,91	BGF28	2,53
BGF73	3,78	BGF59	3,06	BGF03	2,57
BGF170	3,88	BGF121	3,08	BGF172	2,60
BGF114	3,89	BGF24	3,21	BGF175	2,61
BGF28	4,06	BGF91	3,36	BGF82	2,68
BGF12	4,07	BGF35	3,42	BGF75	2,71
BGF20	4,12	BGF117	3,81	BGF201	2,72

Para nota ao sétimo dia obtida na avaliação do sétimo dia após a inoculação, os menores valores genotípicos foram obtidos pelos isolados UFVSs529 que são os acessos BGF62 e BGF06, e os isolados que obtiveram os dez acessos selecionados foram BGF53, BGF280, BGF112, BGF194, BGF12, BGF110, BGF67, BGF11, BGF01 BGF163, indicando, assim, elevado nível de reação de resistência fisiológica à *Sclerotinia sclerotiorum*, resultados similares foram relatados por Siqueira *et al.*,(2021) ao avaliarem a resistência fisiológica de 109 acessos de feijão comum em resposta ao isolado de S.

Sclerotium (UFV-S.s 493), por meio da medição da área abaixo da curva de progresso da doença e pela atribuição de notas no nono dia após a inoculação, o estudo constatou que sete genótipos apresentaram resistência à doença.

Os acessos inoculados apresentaram genótipos andinos apresentando maiores níveis de resistência fisiológica quando comparados aos genótipos mesoamericanos Lehner et al. (2015), entretanto, os genótipos mesoamericanos apresentam um potencial produtivo maior do que os genótipos andinos, mas podem ter uma menor resistência ao mofo branco. Isso significa que, ao selecionar genótipos para cultivo em diferentes condições de cultivo, é necessário considerar cuidadosamente quais características são mais importantes para atender às demandas específicas do ambiente de cultivo e das necessidades do mercado.

O BGF161, BGF 11, BGF35 apresentaram resistência em mais de dois isolados, os acessos BGF161 e BGF11 são andinos, e o BGF35 é mesoamericano, encontrado em uma fonte de resistência mesoamericana ao mofo branco pode ser muito interessante para programas de melhoramento do feijão comum, especialmente no Brasil, onde a maioria das variedades cultivadas têm origem mesoamericana. Isso ocorre porque a proximidade genética entre os genótipos de feijão de origem mesoamericana torna mais fácil a transferência dessa resistência por meio de cruzamentos.

Há alguns genótipos de feijão comum identificados como resistentes ao *Sclerotinia sclerotium*, 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 com resistência parcial, de origem andina e governada por múltiplos genes. (Dickson e Hunter, 1982; Miklas et al., 1998; Miklas et al., 2006; Ender et al., 2005; Miklas et al., 2007; Soule et al. 2011; Vasconcellos, 2017).

5 CONCLUSÕES

Os 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 de gene de resistência.

Pelo exposto, os acessos de feijão comum BGF62 e BGF06 são indicados como fonte de resistência ao isolado *S. sclerotiorum* UFV S.s529. Para o isolado UFV S.s509 os acessos indicados são BGF161 e BGF35 e o isolado Jaciara-MT apontou os genótipos BGF161, BGF119, BGF60 e BGF52. Aos isolados LEM-BA foram determinados os dez acessos resistentes ao fungo; BGF169, BGF161, BGF33, BGF28, BGF03, BGF172, BGF175, BGF82, BGF75, BGF201 e o isolado UFV S.s478 apontou os acessos BGF53, BGF280, BGF112, BGF194, BGF12, BGF110, BGF67, BGF11, BGF01 e BGF163, mostrando o valor genético abaixo de 3.

6 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ADAMS, P.B. & AYERS, W.A. Ecology of *Sclerotinia* species. **Phytopathology** 69:896-899. 1979.

AGROFIT. Sistema de agrotóxicos fitossanitários. Disponível em:<<http://agrofit.agricultura.gov.br>>. Acesso em: 09/02/2023.

ASFAW, A.; BLAIR, M.W; ALMEKINDERS, C. Genetic diversity and population structure of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) landraces from the East African highlands. **Theoretical and Applied Genetics**, v.120, p.1-12, 2009.

ALEXOPOULOS, C. J; MIMS, C. W; BLACKWELL, M. **Introductory mycology**. Ed. 4ª ebook. 1996.

ARKWAZEE, H.; DAVIS, J.; MYERS, J. R. Comparison of the conventional and seedling straw tests for quantifying white mold resistance. **Annual Reports of the Bean Improvement Cooperative**, 60, 41-42. 2017.

BARBOSA, 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.

BOLAND, G; HALL, R. Index of plant hosts of *Sclerotium sclerotiorum*. **Canadian Journal of Pathology**, 16: 93-108, 1994.

BITOCCHI, E.; BELLUCCI, E.; GIARDINI, A.; RAU, D.; RODRIGUEZ, M.; BIAGETTI, SANTILOCCHI, R.; SPAGNOLETTI, P.; GIOIA, T. LOGOZZO, G.; ATTENE, G.; NANNI, L.; PAPA, R. Molecular analysis of the parallel domestication of the common bean (*Phaseolus vulgaris*) in Mesoamerica and the Andes. *New Phytology* 197: 300–313. 2013.

CARBONELL, S. A. M., CHIORATO, A. F., GONÇALVES, J. G. R., PERINA, E. F., e CARVALHO, C. R. L. (2010). Tamanho de grão comercial em cultivares de feijoeiro. *Ciência Rural*, 40, 2067-2073. <https://doi.org/10.1590/S0103-84782010005000159>.

BIANCHINI, A.; MARINGONI, A. C.; CARNEIRO, S. M. T. P. G. Doenças do feijoeiro. In: KIMATI, H.; AMORIM, L.; REZENDE, J. A. M.; BERGAMIN FILHO, A.; CAMARGO, L. E. A. Manual de fitopatologia: doenças das plantas cultivadas. 4.ed. São Paulo: **Agronômica Ceres**, v. 2, 2005. 333-349p.

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.

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.

BROUGHTON, W. J.; HERNANDEZ, G.; BLAIR, M.; BEEBE, S.; GEPTS, P.; VENDERLEYDEN, J. Bean (*Phaseolus* spp) - model food legumes. **Plant and Soil** 252: 55-128. 2003.

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>.

CASTRO, L. L. A. QTLs de feijão para resistência ao mofo-branco de cultivares adaptadas / Letícia Aparecida de Castro Lara. – Lavras: UFLA, 2013.91 p.: il.

CARDOSO, J. E. Mofo branco. In: SARTORATO, A.; RAVA, C. A. (Ed.). Principais doenças do feijoeiro comum e seu controle, Brasília, p. 111-122, 1994.

CHIORATO, A. F., CARBONELL, S. A. M., BOSETTI, F., SASSERON, G. R., LOPES, R. L. T., e AZEVEDO, C. V. G. (2015). Common bean genotypes for agronomic and market-related traits in VCU trials. **Scientia Agricola**, v. 72, 34–40. <https://doi.org/10.1590/0103-9016-2013-0172>.

CONAB. **Companhia Nacional de Abastecimento**. Disponível em: <<http://www.conab.gov.br/>>. Acesso em: 15/08/2022.

CONAB. **Companhia Nacional de Abastecimento**. Safra 2021/2022. Disponível em: file:///D:/Biblioteca/Downloads/E-book_Boletim-de-Safras-12o-levantamento.pdf. Acesso em: 25/09/2022.

COÊLHO, J. D; XIMENES, L. F; Feijão: Produção e Mercado. **Caderno Setorial - ETENE**. Anos 5 n° 143, dezembro 2020. disponível: https://www.bnb.gov.br/s482-space/bitstream/123456789/429/1/2020_CDS_143.pdf. Acesso:15/08/2022.

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.

EMBRAPA ARROZ E FEIJÃO. (Dados conjunturais da produção de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) e caupi (*Vigna unguiculata* L.) no Brasil (1985 a 2011): área, produção e rendimento). Santo Antônio de Goiás: **Embrapa Arroz e Feijão**, 2016. Disponível em: Acesso em: 30 de dezembro de 2022.

FAOSTAT. Crops. Disponível em: <http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC>. Acesso em: 15/08/2022.

FERREIRA, L. P.; LEHMAN, P. S.; ALMEIDA, A. M. R. Doenças da Soja no Brasil. Londrina: **Embrapa-CNPSO**, 1979. 42p.

FILHO, G. S; PORTARIA SPA/MAPA Nº 5, DE 4 DE ABRIL DE 2022, Nota de ficha técnica. Disponível:<https://www.gov.br/agricultura/pt-br/assuntos/riscos->

seguro/programa-nacional-de-zoneamento-agricola-de-risco-limatico/portarias/safra-vigente/bahia/word/PORTN5FEIJO1SAFRABA.ret.pdf. Acesso: 24/10/2022.

FILHO, D. S. J; NASSER, L. C. B; HENNERBERG, L; GRABICOSKI, E. M. G; JULIATTI, F. C. Mofo-Branco: Introdução, Histórico, Situação Atual e Perspectivas. **Todapalavra**, 2017. ISBN: 978-85-62450-49-5

GAUT, BRANDON, S. The complex domestication history of the common bean. **Nature genetics**, 46: 663-664, 2014.

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, P., BLISS, F. (1988) Dissemination pathways of common bean (*Phaseolus vulgaris*, Fabaceae) deduced from phaseolin electrophoretic variability. II. Europe and Africa. **Economic Botany** 42(1):86-104.

GILMORE B, MYERS JR, KEAN D. Conclusão do teste de introduções de plantas *Phaseolus coccineus* (PIs) para mofo branco, *Sclerotinia sclerotiorum*, resistência. **Annu Rep Bean Improv Coop**. 2002; 45 :64-65.

GOULART, A. C. P: Progressos no Tratamento de Sementes para o Manejo e Controle do Mofo-Branco em Soja, Algodão e Feijão. **Todapalavra**.2017.

GOULART, A. C. P. Algodão- detecção e controle. Revista Cultivar, ano XV, n.174p. 36-38,2013.

GOULART, A. C. P. Avaliação do nível de ocorrência e efeitos de *Phomopsis* sp. e *Sclerotinia sclerotiorum* (Lib.) de Bary em Sementes de Soja (*Glycine max* (L.) Merrivell). Dissertação (Mestrado) – Lavras, ESAL, 1984. 80p.

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.

HOYOS-VILLEGAS, V.; MKWAILA, W.; CREGAN, P.B.; KELLY, J.D. QTL analysis of white mold avoidance in pinto bean (*Phaseolus vulgaris*). **Crop Science**, v. 55, p. 2116-2129, 2015.

IBGE – Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. Produção Agrícola Municipal. 2020.

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

JACCOUD FILHO, D. S. HENNEBERG, L; GRABICOSKI, E. M. G.; VRISMAN, C. M.; SARTORI, F.F.; CANTELE, M. Importância do Mofo-Branco para a

agricultura brasileira. In: XI Simpósio Brasileiro Patologia de Sementes, 2011, Natal. Resumo de Palestra. **Informativo Abrates**, v.21, n.3, p. 13. 2011.

KWAK, M., GEPTS, P. (2009) Structure of genetic diversity in the two major gene pools of common bean (*Phaseolus vulgaris* L., Fabaceae). **Theoretical and Applied Genetics** 118(5):979-992.

KNABBEN, C. C; COSTA, J. S: Manual de classificação do feijão: instrução normativa n. 12, de 28 de março de 2008. Ed. **Embrapa Arroz e feijão**, Ano de publicação 2012.

KHAIRALLAH, M.M.; SEARS, B.B.; ADAMS, M.W. Mitochondrial restriction fragment polymorphisms in wild *Phaseolus vulgaris* — insights in the domestication of common bean. **Theoretical and Applied Genetics** 84:915–922. 1992.

KOENIG, R.; GEPTS, P. Allozyme diversity in wild *Phaseolus vulgaris*: further evidence for two major centers of diversity. **Theoretical and Applied Genetics** 78:809–817. 1989.

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>.

LEITE, R. M. V. B. C.; OLIVEIRA, M. F.; VIEIRA, O. V.; CASTIGLIONI, V. B. R. Incidência da podridão branca causada por *Sclerotinia sclerotiorum* em girassol semeado após a colheita da safra de verão, no Estado do Paraná. **Summa Phytopathologica**, Jaboticabal, v. 26, p.81-84,2000.

LOPES, F. S.; Seleção recorrente em feijão visando resistência ao mofo branco em casa de vegetação / Fernanda Souza Lopes. - 2017. 51 p.: il.

MACHADO, J. C. Importance of the seed health quality in the controlo of white mold diseases. In: Encontro Internacional de Mofo-Branco, 2012, Ponta Grossa. Globalizando o Problema, fundamentando soluções: **Anais..** Ponta Grossa: Universidade Estadual de Ponta Grossa,2012. P.41.

MENSACK, M. M.; FITZGERALD, V. K.; RYAN, E. P.; LEWIS, M. R.; THOMPSON, H. J.; BRICK, M. A. Evaluation of diversity among common beans (*Phaseolus vulgaris* L.) from two centers of domestication using “omics” technologies. **BMC Genomics**, v.11, p.1-33. 2010.

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**, v. 135, p. 525-543, 2013.

MIKLAS, P. N et al. Inheritance of ICA Bunsiderived resistance in a nary pinto bem croos. **Crop Science**, Madison, v. 44p. 1584-1588, 2004.

MOURA A. D.; BRITO, L. M. Aspectos Socioeconômicos. In: CARNEIRO, J. E.; PAULA JUNIOR, T. J.; BORÉM, A. (Ed). **Feijão do Plantio a Colheita**. Viçosa-MG: UFV, 2015.16-36p.

OLIVEIRA, S. H. F. Manejo do mofo branco. Revista DBO Agrotecnologia, São Paulo, v. 2, n. 4, p. 8-13, maio/jun. 2005.

Otto-Hanson et al. (2009) The Sensitivity Ratio: A Superior Method to Compare Plant and Pathogen Screening Tests. **Crop Science** 1: 153-160.

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.

PEÑA-VALDIVIA, C. B., GARCÍA-NAVA, J. R., AGUIRRE R, J. R., YBARRA-MONCADA, M. C., e LÓPEZ, M. H. (2011). Variation in physical and chemical characteristics of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) grain along a domestication gradient. *Chemistry and Biodiversity*, 8, 2211–2225. <https://doi.org/10.1002/cbdv.201100102>.

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>.

PURDY, L.H. Sclerotinia sclerotiorum: History, diseases and symptomatology, host range, geographic distribution, and impact. **Phitopathology**, v. 27, n. 4, p. 111-141, 1979.

VITERI DM, SINGH SP. Herança da resistência ao mofo branco em um feijão comum andino A 195 e sua relação com o andino G 122. **Crop Sci.** 2014; 55 (1):44–49.

RESENDE, M. D. V. Matemática e Estatística na Análise de Experimentos e no Melhoramento Genético. **Colombo: Embrapa Florestas**, 2007. 561 p.

RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. Experimentação em genética e melhoramento de plantas. **3. ed. Lavras: UFLA**, 2012. 305 p.

RANA, J. C.; SHARMA, T. R.; TYAGI, R. K.; CHAHOTA, R. K.; GAUTAM, N. K.; SINGH, M.; SHARMA, P. N.; OJHA, S. N. Characterisation of 4274 accessions of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) germplasm conserved in the Indian gene bank for phenological, morphological and agricultural traits. **Euphytica**, 205: 441-457. 2015.

REIS, E. M.; TOMAZINI, S. L. Viabilidade de escleródios de *Sclerotinia sclerotiorum*, no campo, em duas profundidades de solo. **Summa Phytopathologica**, v. 31, n. 1, p. 97-99, 2005.

RESENDE, M. D. V. Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology** 16: 330-339, 2016.

Resende MDV, Alves RS (2020) Linear, generalized, hierarchical, Bayesian and random regression mixed models in genetics/genomics in plant breeding. **Functional Plant Breeding Journal** 2: 1-31.

SANTOS, J. B.; GAVILANES, M. L. **Botânica**. In: VIEIRA, C.; PAULA JÚNIOR, T. J.; BORÉM, A. (Org.). Feijão. 2. ed. Viçosa: UFV. 2006. p. 41-65.

SAHARAN, G.S.; MEHTA, N. Sclerotinia diseases of crop plants: biology, ecology and disease management. **Springer**. 2008.

SCHMUTZ, J.; MCCLEAN, P. E.; MAMIDI, S.; WU, Q. A.; CANNON, S. B.; GRIMWOOD, J.; JENKINS, J.; SHU, S.; SONG, Q.; CHAVARRO, C. TORRES-TORRES, M.; GEFFROY, V.; MOGHADDAM, S. M.; GAO, D.; ABERNATHY, B.; BLAIR, M.; BRICK, M. A.; CHOVATIA, M.; GEPTS, P.; GOODSTEIN, D. M.; GONZALES, M.; HELLSTEN, U.; HYTEN, D.; JIA, G.; KELLY, J. D.; KUDRNA, D.; LEE, R.; RICHARD, M. M. S.; MIKLAS, P. N.; OSORNO, J. M.; RODRIGUES, J.; THAREAU, V. URREA, C. A.; WANG, M.; YU, Y.; WING, R. A.; CREGAN, P. B.; ROKHSAR, D. S.; JACKON, S. A. A reference genome for common bean and genome-wide analysis of dual domestications. **Nature Genetics**, 46: 707–13, 2014.

SCHWARTZ, H. F.; SINGH, S. P.; TERAN, H. Breeding common bean for resistanceto white mold: a review. *Crop Science*, Madison, v. 53, p. 1832-1844, Sept./Oct. 2013.

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.

SINGH, S. P. ..; SCHWARTZ, H. F.; STEADMAN, J. R. A new scale for white mold disease rating for the common bean cut-stem method of inoculation in the greenhouse. Annual Report of the **Bean Improvement Cooperative**, v. 57, p. 231–232, 2014.

SILVA, G. M. B. Formação de um painel de diversidade genética em feijão comum. 2011. 52f. Dissertação (Mestrado em Genética, Melhoramento Vegetal e Biotecnologia) – Pós-Graduação – IAC. Disponível: <https://www.iac.sp.gov.br/areadoinstitutoposgraduacao/repositorio/storage/pb1213209.pdf> Acesso: 30/12/2022.

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.

VENNETT, J. R. Proceedings of the Sclerotinia workshop. Minnesota: Fargo, 1998. 354 p.

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.

WENDLAND, A. et al. Doenças do Feijoeiro. In: AMORIM, L.; REZENDE, J. A. M.; BERGAMIN, FILHO, A.; CAMARGO, L. E. A. (Ed.). Manual de fitopatologia: doenças das plantas cultivadas. 5. ed. Ouro Fino: **Agronômica Ceres** Ltda., 2016. Cap. 39. p. 383-396.

APENDICE

Acesso	Ss529	Potencial Resistencia	Ss509	Potencial Resistencia	Ss518	Potencial Resistencia	Ss478	Potencial Resistencia
BGF01	9,00	S	4,0	S	8,17	S	1,33	R
BGF02	5,16	S	6,83	S	9,00	S	4,00	S
BGF03	3,16	S	6,5	S	4,16	S	4,33	S
BGF04	6,33	S	6,00	S	6,00	S	2,67	R
BGF05	7,33	S	8,5	S	7,33	S	3,83	S
BGF06	2,16	R	3,83	S	6,5	S	3,00	R
BGF09	4,83	S	2,66	R	3,33	S	2,33	R
BGF11	2,33	R	5,16	S	7,68	S	2,33	R
BGF12	5,33	S	4,33	S	7,5	S	2,33	R
BGF13	2,83	R	8,66	S	8,83	S	6,00	S
BGF19	7,00	S	7,5	S	7,5	S	4,33	S
BGF20	4,83	S	8,00	S	6,33	S	5,00	S
BGF22	7,83	S	5,16	S	9,00	S	4,5	S
BGF23	4,00	S	3,83	S	9,00	S	2,66	R
BGF24	7,5	S	2,33	R	7,33	S	7,83	S
BGF25	6,66	S	3,5	S	8,00	S	6,33	S
BGF26	7,00	S	8,33	S	5,33	S	6,00	S
BGF27	3,5	S	3,66	S	4,83	S	2,68	R
BGF28	8,33	S	4,66	S	4,00	S	2,33	R
BGF29	3,66	S	8,33	S	6,00	S	4,33	S
BGF30	2,66	R	6,5	S	4,83	S	2,83	R
BGF32	9,00	S	8,5	S	5,83	S	5,00	S
BGF33	7,5	S	6,5	S	5,17	S	3,5	S
BGF34	7,00	S	6,83	S	3,87	S	3,5	S
BGF35	7,83	S	4,83	S	1,67	R	5,67	S
BGF36	9,00	S	8,00	S	7,5	S	6,33	S
BGF37	7,5	S	5,33	S	7,00	S	5,00	S
BGF38	2,16	R	2,16	R	5,00	S	2,33	R
BGF39	6,33	S	7,00	S	3,83	S	2,33	R
BGF40	4,83	S	3,83	S	3,00	R	5,00	S
BGF41	4,33	S	8,00	S	7,33	S	4,00	S
BGF42	5,5	S	4,00	S	5,83	S	4,83	S
BGF43	6,00	S	5,83	S	8,00	S	3,66	S
BGF44	7,83	S	6,83	S	2,83	R	5,66	S

BGF45	6,5	S	6,83	S	8,17	S	3,33	S
BGF46	5,66	S	8,33	S	7,00	S	9,00	S
BGF47	9,00	S	8,66	S	6,67	S	9,00	S
BGF49	7,83	S	6,5	S	5,83	S	2,00	R
BGF52	8,33	S	4,66	S	7,5	S	3,83	S
BGF53	6,00	S	4,00	S	1,83	R	3,17	S
BGF56	6,33	S	6,00	S	4,83	S	2,66	R
BGF 57	9,00	S	5,83	S	7,33	S	4,83	S
BGF59	4,33	S	2,83	R	7,5	S	1,83	R
BGF60	9,00	S	6,5	S	3,00	R	4,16	S
BGF62	2,00	R	5,33	S	6,00	S	1,33	R
BGF 63	8,33	S	7,17	S	5,83	S	3,5	S
BGF 64	3,5	S	7,00	S	5,83	S	1,83	R
BGF 65	4,00	S	2,33	R	4,00	S	2,00	R
BGF 66	8,33	S	3,00	R	9,00	S	2,00	R
BGF 67	6,33	S	6,66	S	5,5	S	2,5	R
BGF 69	9,00	S	8,83	S	8,33	S	3,66	S
BGF 70	7,5	S	6,33	S	3,5	S	2,66	R
BGF 71	8,16	S	9,00	S	9,00	S	4,83	S
BGF 72	9,00	S	8,00	S	9,00	S	2,5	R
BGF 73	8,00	S	4,33	S	5,33	S	2,5	R
BGF 74	9,00	S	7,33	S	7,33	S	5,5	S
BGF 75	7,00	S	6,5	S	8,17	S	2,66	R
BGF 82	3,83	S	2,00	R	7,5	S	1,66	R
BGF 83	9,00	S	3,83	S	5,67	S	3,16	S
BGF 85	3,83	S	7,00	S	9,00	S	2,66	R
BGF 89	6,33	S	5,00	S	3,5	S	3,5	S
BGF 91	2,33	R	6,66	S	4,33	S	4,5	S
BGF 92	3,5	S	4,33	S	1,17	R	6,5	S
BGF 93	8,5	S	2,66	R	5,83	S	9,00	S
BGF 94	6,00	S	6,5	S	9,00	S	8,33	S
BGF 95	7,00	S	6,66	S	6,5	S	8,16	S
BGF 97	8,16	S	4,00	S	7,5	S	5,33	S
BGF 98	8,83	S	5,66	S	5,17	S	2,33	R
BGF 99	9,00	S	5,67	S	6,17	S	4,33	S
BGF 100	8,66	S	6,16	S	8,17	S	6,00	S
BGF102	6,66	S	5,68	S	7,83	S	2,5	R
BGF 104	9,00	S	2,5	R	4,33	S	2,83	R
BGF105	7,5	S	6,33	S	9,00	S	3,16	S
BGF107	6,00	S	6,5	S	9,00	S	2,00	R

BGF110	7,16	S	7,00	S	3,67	S	2,83	R
BGF111	9,00	S	4,17	S	7,5	S	1,83	R
BGF112	7,66	S	4,5	S	8,17	S	2,33	R
BGF113	4,33	S	5,5	S	9,00	S	3,16	S
BGF114	7,5	S	7,5	S	5,33	S	2,5	R
BGF115	7,83	S	3,66	S	9,00	S	3,16	S
BGF 116	3,33	S	7,5	S	9,00	S	2,33	R
BGF 117	1,83	R	6,83	S	9,00	S	3,00	R
BGF 119	6,16	S	4,83	S	9,00	S	4,5	S
BGF 121	3,66	S	6,33	S	9,00	S	5,66	S
BGF 128	5,16	S	4,33	S	5,5	S	3,16	S
BGF 138	6,00	S	8,68	S	9,00	S	2,4	R
BGF 139	4,66	S	7,17	S	9,00	S	2,5	R
BGF 144	4,16	S	4,68	S	7,00	S	2,83	R
BGF 153	8,66	S	3,00	R	8,17	S	2,83	R
BGF 154	9,00	S	4,18	S	5,5	S	3,66	S
BGF 155	6,00	S	6,5	S	9,00	S	3,16	S
BGF 156	6,00	S	5,83	S	5,17	S	5,66	S
BGF 161	4,5	S	4,83	S	2,00	R	4,83	S
BGF 162	7,5	S	4,33	S	4,33	S	3,00	R
BGF 163	3,5	S	3,00	R	4,5	S	2,16	R
BGF 164	8,33	S	6,5	S	8,00	S	3,33	S
BGF 165	9,00	S	6,17	S	5,33	S	3,16	S
BGF 168	9,00	S	6,33	S	4,68	S	5,5	S
BGF 169	3,5	S	8,33	S	6,5	S	5,33	S
BGF 170	6,00	S	4,33	S	9,00	S	2,5	R
BGF 172	6,00	S	3,00	R	4,17	S	5,00	S
BGF 174	7,5	S	5,00	S	4,67	S	5,16	S
BGF 175	3,00	R	6,17	S	9,00	S	4,00	S
BGF 188	5,83	S	6,00	S	2,5	R	2,33	R
BGF 191	3,33	S	4,5	S	9,00	S	2,66	R
BGF 194	3,83	S	5,00	S	4,33	S	6,16	S
BGF 197	6,00	S	3,5	S	4,5	S	6,16	S
BGF 199	7,00	S	9,00	S	4,68	S	5,16	S
BGF 200	3,5	S	4,83	S	9,00	S	9,00	S
BGF 201	6,5	S	4,5	S	1,33	R	1,83	R
BGF 203	7,00	S	6,5	S	5,18	S	2,83	R
BGF 205	5,16	S	2,00	R	5,00	S	6,83	S
BGF280	6,5	S	5,83	S	7,17	S	2,00	R

Acesso	Ss660	Potencial Resistencia	JACIARA-MT	Potencial Resistencia	LEM-BA	Potencial Resistencia
BGF01	5,33	S	6,5	S	4,00	S
BGF02	4,00	S	8,00	S	2,83	R
BGF03	5,33	S	7,33	S	1,66	R
BGF04	6,16	S	6,33	S	4,16	S
BGF05	5,83	S	8,00	S	2,66	R
BGF06	5,5	S	3,5	S	4,33	S
BGF09	5,00	S	3,83	S	5,16	S
BGF11	5,16	S	8,00	S	4,5	S
BGF12	2,33	R	6,00	S	3,33	S
BGF13	4,83	S	8,00	S	2,83	R
BGF19	4,83	S	6,5	S	2,33	R
BGF20	3,66	S	3,66	S	4,83	S
BGF22	4,00	S	6,66	S	3,83	S
BGF23	4,33	S	7,33	S	3,00	R
BGF24	4,00	S	2,83	R	3,16	S
BGF25	4,00	S	8,00	S	3,5	S
BGF26	2,66	R	8,00	S	2,66	R
BGF27	4,00	S	4,00	S	4,66	S
BGF28	2,16	R	3,16	S	3,00	R
BGF29	2,33	R	5,33	S	2,83	R
BGF30	3,33	S	4,33	S	4,16	S
BGF32	3,00	R	3,66	S	2,5	R
BGF33	3,00	R	4,33	S	1,66	R
BGF34	5,33	S	3,66	S	4,33	S
BGF35	4,33	S	2,5	R	3,00	R
BGF36	5,33	S	6,00	S	4,33	S
BGF37	4,16	S	6,66	S	3,33	S
BGF38	4,16	S	4,66	S	3,16	S
BGF39	4,5	S	8,00	S	4,5	S
BGF40	3,33	S	5,33	S	2,33	R
BGF41	4,00	S	7,16	S	3,00	R
BGF42	3,5	S	6,83	S	2,83	R
BGF43	3,33	S	6,66	S	2,83	R
BGF44	4,00	S	7,33	S	1,83	R
BGF45	3,00	R	6,00	S	2,5	R
BGF46	4,00	S	7,5	S	4,33	S

BGF47	6,66	S	8,00	S	2,5	R
BGF49	4,00	S	8,00	S	3,16	S
BGF52	6,00	S	2,5	R	5,00	S
BGF53	4,33	S	5,33	S	2,83	R
BGF56	4,00	S	8,00	S	4,00	S
BGF 57	4,00	S	5,83	S	4,33	S
BGF59	6,00	S	2,16	R	2,83	R
BGF60	6,5	S	1,66	R	2,00	R
BGF62	3,5	S	6,16	S	3,5	S
BGF 63	5,83	S	3,5	S	2,5	R
BGF 64	5,66	S	8,00	S	4,5	S
BGF 65	2,5	R	8,00	S	2,4	R
BGF 66	6,00	S	4,83	S	4,00	S
BGF 67	7,33	S	8,00	S	3,5	S
BGF 69	4,00	S	8,00	S	3,5	S
BGF 70	4,00	S	7,5	S	2,66	R
BGF 71	3,66	S	5,83	S	4,16	S
BGF 72	6,5	S	6,00	S	5,00	S
BGF 73	5,66	S	8,00	S	4,33	S
BGF 74	2,5	R	5,5	S	2,83	R
BGF 75	4,66	S	7,33	S	2,33	R
BGF 82	4,5	S	8,00	S	1,83	R
BGF 83	6,00	S	7,33	S	3,16	S
BGF 85	4,00	S	4,5	S	2,66	R
BGF 89	4,00	S	6,5	S	2,16	R
BGF 91	5,83	S	3,00	R	3,66	S
BGF 92	5,66	S	7,83	S	3,83	S
BGF 93	5,16	S	8,00	S	4,16	S
BGF 94	5,5	S	6,66	S	2,83	R
BGF 95	4,00	S	6,00	S	2,83	R
BGF 97	4,66	S	8,00	S	2,66	R
BGF 98	6,5	S	8,00	S	2,83	R
BGF 99	6,16	S	8,00	S	4,00	S
BGF 100	2,00	R	6,66	S	2,00	R
BGF102	4,66	S	8,00	S	3,16	S
BGF 104	5,00	S	6,5	S	2,16	R
BGF105	5,00	S	7,83	S	2,5	R
BGF107	3,5	S	8,00	S	2,5	R
BGF110	2,66	R	6,66	S	3,16	S
BGF111	5,83	S	5,16	S	4,5	S

BGF112	2,66	R	8,00	S	3,16	S
BGF113	5,00	S	6,83	S	2,33	R
BGF114	1,83	R	3,83	S	5,00	S
BGF115	5,16	S	7,5	S	4,33	S
BGF 116	4,00	S	7,5	S	4,00	S
BGF 117	3,33	S	3,5	S	3,00	R
BGF 119	6,83	S	2,00	R	3,5	S
BGF 121	4,66	S	2,16	R	2,66	R
BGF 128	4,83	S	8,00	S	3,83	S
BGF 138	3,66	S	8,00	S	2,83	R
BGF 139	3,66	S	6,00	S	3,66	S
BGF 144	2,66	R	7,33	S	3,00	R
BGF 153	3,83	S	6,66	S	3,16	S
BGF 154	2,66	R	6,33	S	4,83	S
BGF 155	3,66	S	6,66	S	3,83	S
BGF 156	4,16	S	8,00	S	2,5	R
BGF 161	5,00	S	2,00	R	2,00	R
BGF 162	4,5	S	5,33	S	2,83	R
BGF 163	4,33	S	6,00	S	4,33	S
BGF 164	6,16	S	8,00	S	3,66	S
BGF 165	4,00	S	7,83	S	4,00	S
BGF 168	3,5	S	6,00	S	3,33	S
BGF 169	4,00	S	8,00	S	2,00	R
BGF 170	2,66	R	6,16	S	3,00	R
BGF 172	8,16	S	8,00	S	2,16	R
BGF 174	4,00	S	7,5	S	2,16	R
BGF 175	3,83	S	5,5	S	2,17	R
BGF 188	5,5	S	6,66	S	4,16	S
BGF 191	3,33	S	8,00	S	3,17	S
BGF 194	4,16	S	8,5	S	5,75	S
BGF 197	4,83	S	8,00	S	4,00	S
BGF 199	6,5	S	8,00	S	2,66	R
BGF 200	3,66	S	6,00	S	3,33	S
BGF 201	5,66	S	2,83	R	2,83	R
BGF 203	4,83	S	7,5	S	2,66	R
BGF 205	3,00	R	4,16	S	4,33	S
BGF280	3,66	S	5,66	S	2,5	R