



GLEICE APARECIDA DA SILVA LIMA

**PROGRESSO GENÉTICO COM A SELEÇÃO RECORRENTE
VISANDO RESISTÊNCIA AO MOFO BRANCO NO
FEIJOEIRO**

LAVRAS – MG

2022

GLEICE APARECIDA DA SILVA LIMA

**PROGRESSO GENÉTICO COM A SELEÇÃO RECORRENTE VISANDO
RESISTÊNCIA AO MOFO BRANCO NO FEIJOEIRO**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, área de concentração Genética e Melhoramento de Plantas, para a obtenção do título de Mestre.

Dra. Elaine Aparecida de Souza
Orientadora

Dra. Fernanda Aparecida Castro Pereira
Coorientadora

**LAVRAS – MG
2022**

Ficha catalográfica elaborada pelo Sistema de Geração de Ficha Catalográfica da Biblioteca
Universitária da UFLA, com dados informados pelo(a) próprio(a) autor(a).

Lima, Gleice Aparecida da Silva.

Progresso genético com a seleção recorrente visando resistência
ao mofo branco no feijoeiro / Gleice Aparecida da Silva Lima. -
2022.

58 p. : il.

Orientador(a): Elaine Aparecida de Souza.

Coorientador(a): Fernanda Aparecida Castro Pereira.

Dissertação (mestrado acadêmico) - Universidade Federal de
Lavras, 2022.

Bibliografia.

1. Resistência Genética. 2. *Sclerotinia sclerotiorum*. 3. Straw
test. I. Souza, Elaine Aparecida de. II. Pereira, Fernanda Aparecida
Castro. III. Título.

GLEICE APARECIDA DA SILVA LIMA

**PROGRESSO GENÉTICO COM A SELEÇÃO RECORRENTE VISANDO
RESISTÊNCIA AO MOFO BRANCO NO FEIJOEIRO**

**GENETIC PROGRESS WITH RECURRENT SELECTION FOR WHITE MOLD
RESISTANCE IN COMMON BEAN**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, área de concentração Genética e Melhoramento de Plantas, para a obtenção do título de Mestre.

APROVADA em 15 de julho de 2022

Dra. Elaine Aparecida de Souza UFLA

Dr. Vinícius Quintão Carneiro UFLA

Dr. José Eustáquio de Souza Carneiro UFV

Dra. Elaine Aparecida de Souza
Orientadora

Dra. Fernanda Aparecida Castro Pereira
Coorientadora

**LAVRAS – MG
2022**

*À minha filha Selena, por ser minha fonte de amor e vida.
Aos meus pais, Luiz e Rita, por todo apoio, amor e carinho.*

Dedico

AGRADECIMENTOS

Aos meus pais, Luiz e Rita, e irmãos, Anderson e Alisson, por todo amor, carinho, compreensão e apoio em todos os momentos.

À minha filha Selena, por ser minha fonte de amor, carinho e vida.

À minha avó Maria Geni, por toda oração, apoio, amor e carinho.

À Universidade Federal de Lavras e ao Departamento de Biologia.

À professora Elaine, pelos ensinamentos transmitidos, e todo apoio prestado.

À Fernanda, por todo ensinamento partilhado, paciência, ajuda em todas as etapas e amizade.

Ao professor João Bosco e toda sua equipe, por todos os trabalhos realizados anteriormente que permitiram a concretização deste.

Ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas e todos os professores pelo conhecimento adquirido.

A todos os funcionários do DBI e todos àqueles que contribuíram de certa forma.

Ao pessoal do laboratório Alex, Ana, Jussara, Mariana, Maria Clara, Paula, Rafael e Reberth que sempre estiveram dispostos a ajudar. Em especial ao Miller, que tornou tudo mais fácil e alegre.

Ao meu padrinho Aurimar, por todo apoio, confiança e amizade.

Aos meus amigos, Gabriela, Tiago, Bruna e Leonardo, pelo companheirismo, amizade e todo apoio que tornou isso possível.

Ao professor João Bosco e toda sua equipe.

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001.

A todos vocês, meus sinceros agradecimentos.

“Sabemos que tudo contribui para o bem daqueles que amam a Deus”

Romanos 8, 28

RESUMO

O mofo branco, causado pelo fungo *Sclerotinia sclerotiorum* (Lib.) de Bary, é uma das principais doenças que acometem a cultura do feijoeiro. A obtenção de cultivares resistentes tem sido um desafio para os programas de melhoramento, devido à baixa herdabilidade e natureza poligênica do caráter. Contudo, a seleção recorrente (SR) tem sido eficiente em acumular alelos favoráveis para a resistência ao mofo branco. O presente trabalho teve como objetivos obter o ciclo XIII (CXIII) e estimar o progresso genético (PG) dos últimos quatro ciclos do programa de SR visando à resistência ao mofo branco, da UFLA. Foram inter cruzadas as 12 progênies mais resistentes do CXII para obtenção do CXIII. Foram selecionadas 486 sementes S_0 do CXIII, com grãos tipo carioca e, semeadas e inoculadas pelo método *straw test* e avaliadas quanto à reação ao isolado UFLA 27, em casa de vegetação (CVG). As 42 plantas S_0 mais resistentes foram selecionadas e realizada a semeadura no campo para avanço das gerações até a $S_{0.2}$. As 42 progênies $S_{0.2}$ do CXIII, foram avaliadas quanto à reação ao UFLA 27, em CVG. Selecionou-se as cinco melhores progênies dos ciclos X, XI, XII e XIII para compor o ensaio do PG, com mais quatro testemunhas, sendo duas resistentes (A195 e Cornell605) e duas suscetíveis (Beryl e IPRCorujinha). O ensaio consistiu em dois experimentos em DBC, com três repetições, a parcela composta por um vaso de 5L com três plantas, em CVG. Cada experimento foi inoculado com um isolado de *S. sclerotiorum*, UFLA 27 e UFLA 145. As plantas foram avaliadas do quarto ao nono dia após a inoculação quanto à severidade do mofo branco, a área abaixo da curva do progresso da doença (AACPD) foi estimada. Foi realizado os testes de Dunnett e Scott-Knott. Para obtenção do PG foi realizada uma análise de regressão linear. As progênies $S_{0.2}$ do CXIII apresentaram a menor média de notas quanto à reação aos isolados. Foi estimado um PG na redução da severidade da doença e da AACPD, de 4,27 e 3,7% considerando a média dos isolados, de 4,62 e 3,56% para UFLA 27 e de 3,96 e 3,82% para UFLA 145, respectivamente. Esses resultados confirmam a eficiência da SR em acumular alelos favoráveis mesmo após 13 ciclos. O PG do CXIII em relação ao CXII estimado para redução da nota de severidade do mofo branco e AACPD, foi de 22,43 e 23,98% considerando a média dos isolados, de 30,13 e 29,32% para UFLA 27 e de 14,67 e 18,63% para UFLA 145, respectivamente. Esses resultados evidenciam a eficiência da inoculação artificial em CVG para obtenção de genótipos resistentes. Embora a seleção tenha sido realizada para o isolado UFLA 27, PG também foi observado inoculando UFLA 145, sugerindo que os alelos de resistência acumulados são de amplo espectro, contribuindo para a resistência durável. Portanto, sugere-se a seleção das progênies 13/40 do CXIII e 53/3 do CXII para avanço de geração e possível obtenção de linhagens com alto nível de resistência adaptadas a região, com grãos tipo carioca.

Palavras-chave: Resistência Genética. *Sclerotinia sclerotiorum*. *Straw test*. Seleção de plantas.

ABSTRACT

White mold, caused by the fungus *Sclerotinia sclerotiorum* (Lib.) De Bary, is one of the main diseases that affect the common bean crop. Obtaining resistant cultivars has been a challenge for breeding programs, due to the low heritability and polygenic nature of the trait. However, recurrent selection has been efficient to accumulate favorable alleles for white mold resistance. Thus, the present work aimed to obtain the cycle XIII and to estimate the genetic progress of the last four cycles of the recurrent selection program for resistance to white mold at UFLA. The 12 most resistant progenies of cycle XII (CXII) were intercrossed to obtain CXIII. After intercrossing, 486 S₀ seeds were selected from CXIII, with carioca-type grains, and these were sown and inoculated by the *straw test* method and evaluated for reaction to the isolate *S. sclerotiorum* UFLA 27, in greenhouse. The 42 most resistant S₀ plants were selected and sown in the field to advance the generations until S_{0:2}. The 42 S_{0:2} progenies from CXIII were evaluated for their reaction to UFLA 27 isolate in the greenhouse. The five best progenies of cycles X, XI, XII and XIII were selected to compose the trial to estimate the genetic progress (PG), along with four more common checks, two resistant (A195 and Cornell605) and two susceptible (Beryl and IPRCorujinha). The trial consisted of two experiments in DBC, with three replications, and the plot consisting of a 5L pot with three plants, conducted in greenhouse. Each experiment was inoculated with one isolate of *S. sclerotiorum*, UFLA 27 and UFLA 145. The white mold severity plants were evaluated from the fourth to the ninth day after plant inoculation the area under the disease progress curve (AACPD) was estimated. Comparison of means was performed using Dunnett and Scott-Knott tests. To obtain the Genetic Progress (PG), a linear regression analysis was performed. The S_{0:2} progenies of CXIII presented the lowest mean scores regarding the reaction to the isolates. A PG in the reduction of disease severity and AACPD, of 4,27 and 3,7% was estimated considering the average of isolates, of 4,62 and 3,56% for UFLA 27 and of 3,96 and 3,82% for UFLA 145, respectively. These results confirm the efficiency of recurrent selection in accumulating favorable alleles even after 13 cycles. The PG of CXIII relative to CXII estimated for reduction in the means of white mold severity score and AACPD was 22,43 and 23,98% considering isolate means 30,13 and 29,32% for UFLA 27 and 14,67 and 18,63% for UFLA 145 respectively. The results point the efficiency of artificial inoculation in the greenhouse to obtain resistant genotypes. Although selection was performed for the UFLA 27 isolate, PG was also observed by inoculating the UFLA 145 isolate, suggesting the accumulated resistance alleles are broad-spectrum, contributing to durable resistance. Therefore, we suggest the selection of progenies 13/40 of CXIII and 53/3 of CXII to advance the generation and possibly obtain common bean lines with high level of resistance adapted to the region, with carioca-type grains.

Keywords: Genetic Resistance. *Sclerotinia sclerotiorum*. *Straw test*. Plant selection.

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	11
2	REFERENCIAL TEÓRICO	12
2.1	A cultura do feijoeiro	12
2.2	Mofo Branco	14
2.3	Seleção recorrente	17
2.4	Programa de seleção recorrente para resistência do feijoeiro ao Mofo Branco – UFLA	19
3	MATERIAL E MÉTODOS	22
3.1	Locais de condução dos experimentos	22
3.2	Obtenção e avaliação das progênes do ciclo CXIII	22
3.3	Ensaio progresso genético das melhores Progênes S0:2 dos ciclos X, XI, XII e XIII	25
3.4	Análise de dados	27
4	RESULTADOS	30
4.1	Avaliação das progênes S0:2 do XIII ciclo de seleção recorrente	30
4.2	Progresso Genético das progênes S0:2 dos ciclos X, XI, XII e XIII quanto à reação aos isolados UFLA 27 e UFLA 145 de <i>Sclerotinia sclerotiorum</i>	32
5	DISCUSSÃO	46
6	CONCLUSÃO	49
	REFERÊNCIAS	50

1 INTRODUÇÃO

O feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma cultura de importância econômica e social, além de ser uma das principais fontes de proteína dos países em desenvolvimento (BELLUCCI et al., 2014). Dentre os principais fatores bióticos que acometem esta cultura, estão as doenças fúngicas, responsáveis por limitar a produtividade e aumentar os custos de produção (FERREIRA et al., 2019; SCHWARTZ; SINGH, 2013).

O mofo branco, causado pelo fungo *Sclerotinia sclerotiorum* (Lib.) de Bary, é uma das principais doenças que afeta o feijoeiro, quando em condições favoráveis, pode causar grandes perdas na produção e na qualidade dos grãos (LEHNER et al., 2019; SCHWARTZ; SINGH, 2013). Este patógeno infecta muitas espécies vegetais sobrevivendo em diferentes ambientes, dificultando o controle da doença (ATTANAYAKE; XU; CHEN, 2019; BOLAND; HALL, 1994). O fungo também é capaz de produzir estruturas de resistência, formadas no interior ou na superfície de tecidos infectados, denominadas escleródios, que são facilmente disseminados e podem permanecer viáveis no solo por anos (BOLTON, THOMMA, NELSON, 2006; FERREIRA et al., 2019; SCHWARTZ; SINGH, 2013). Os escleródios podem germinar produzindo micélios, que irão infectar diretamente os tecidos vegetais ou produzindo apotécios, que irão emitir ascósporos, sendo estes, o principal meio de infecção das plantas hospedeiras (BOLTON, THOMMA, NELSON, 2006).

O controle de doenças de modo geral, preconiza a utilização de medidas integradas, como controle químico, práticas culturais e utilização de cultivares com resistência à doença. No entanto, no caso do mofo branco, os níveis de resistência ao patógeno são relativamente baixos, tratados na literatura como resistência parcial ou tolerância (LEHNER et al., 2019; MIORINI et al., 2019; SCHWARTZ; SINGH, 2013). No Brasil, um dos grandes desafios enfrentados pelos programas de melhoramento do feijoeiro, é a obtenção de cultivares resistentes ao mofo branco, devido à baixa herdabilidade e a natureza poligênica do caráter, além da ausência de linhagens com altos níveis de resistência adaptadas às diferentes regiões edafoclimáticas do país (LEITE et al. 2016; LOPES et al., 2019; MIKLAS et al., 2006; SCHWARTZ; SINGH, 2013).

A seleção recorrente tem se mostrado uma ferramenta eficiente no aumento da frequência de alelos desejáveis para a resistência ao mofo branco (LEITE et al., 2016; LOPES et al., 2019; VASCONCELLOS et al., 2018). A seleção recorrente consiste em um método de melhoramento que visa a obtenção de linhagens resistentes, por meio de sucessivos ciclos de avaliação, seleção e recombinação de indivíduos superiores, sem reduzir a variabilidade

genética da população (RAMALHO et al., 2012). Na Universidade Federal de Lavras foi iniciado em 2009, um programa de seleção recorrente para resistência do feijoeiro ao mofo branco, visando a obtenção de linhagens com alto nível de resistência durável a doença, porte ereto e grãos do tipo carioca. Até o momento, foram realizados doze ciclos de seleção, e ao longo desses ciclos ganhos genéticos foram obtidos para essas características (LEITE et al., 2016, 2017; LOPES et al., 2019; VASCONCELLOS et al., 2018).

O presente trabalho teve como objetivos obter o ciclo XIII e estimar o progresso genético dos quatro últimos ciclos do programa de seleção recorrente para o mofo branco.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 A cultura do feijoeiro

O feijão é uma leguminosa de grande importância econômica e social, consumida e cultivada em todo o território mundial, por grandes, médios e pequenos produtores, em áreas, níveis tecnológicos e estações distintas. Os grãos são ricos em proteínas, minerais e vitaminas, e possui alta aceitabilidade em países da América Latina, África e partes da Ásia (ASSEFA et al., 2019; CHAUHAN et al., 2020). O Brasil possui a terceira maior produção do grão no mundo (FAO, 2022), ocupando o primeiro lugar no ranking mundial do gênero *Phaseolus*, atingindo em 2019 uma área total de cultivo de 1,6 milhões de hectares (ha), uma produtividade média de 1.520 kg/ha e uma produção total de 2,5 milhões de toneladas do grão (EMBRAPA ARROZ E FEIJÃO, 2020).

O feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.) pertence à família Leguminosae (Fabaceae), sendo uma espécie diplóide, de ciclo anual e autógama, apresentando baixa taxa de fecundação cruzada devido à cleistogamia (DE RON et al., 2015). Essa leguminosa apresenta dois centros de diversidade distintos, denominados pools gênicos, Andino e Mesoamericano (ARIANI et al., 2016). Ambos foram domesticados de forma independente e expressam características divergentes, sendo o Andino melhor adaptado a regiões de altitudes mais elevadas e temperaturas mais baixas, apresentando grãos graúdos e os Mesoamericanos adaptados a regiões de altitudes mais baixas e temperaturas elevadas, apresentando grãos pequenos (ARIANI et al., 2016; BELLUCCI et al., 2014; BITOCCHI et al., 2013).

No Brasil, o cultivo do feijoeiro acontece em todo o território, em diferentes sistemas de cultivo, níveis tecnológicos e condições climáticas, podendo ser realizado em três safras ao longo de um ano agrícola (HEINEMANN et al., 2017). A primeira safra, denominada “safra

das águas”, tem a semeadura iniciada entre agosto e outubro, estendendo até novembro, com a colheita de novembro até março. A segunda safra ou “safra da seca” ou “safrinha”, a semeadura tem início de janeiro a abril e colheita de maio a julho. A terceira safra ou “safra de inverno” ou “safra irrigada”, a semeadura ocorre a partir de maio e colheita de agosto a outubro (MAPA, 2019).

Diversos fatores bióticos e abióticos atuam como limitantes da produção, especialmente as doenças fúngicas, que além de reduzir a produtividade, depreciam a qualidade dos grãos (ASSEFA et al., 2019). O mofo branco, é uma das principais doenças que acometem o feijoeiro, dentre as estratégias de controle disponível no mercado, a mais eficiente e utilizada é a aplicação de fungicidas. No entanto, em áreas altamente infestadas e sob condições climáticas favoráveis, são realizadas até seis pulverizações de fungicidas para o controle da doença, o que tem onerado os custos aos produtores (JULIATTI et al., 2015; LEHNER et al., 2015). Dessa forma, o desenvolvimento de cultivares com alto nível de resistência ao mofo branco tornou-se uma importante demanda dos programas de melhoramento, a fim de reduzir os custos de produção e os impactos ambientais (FERREIRA et al., 2019; LEITE et al., 2016).

Os programas de melhoramento genético do feijoeiro no Brasil, são exclusivamente realizados pelo setor público, com recursos escassos e limitados (TSUTSUMI; BULEGON; PIANO, 2015). A Embrapa em parceria com universidades e instituições de pesquisa, desenvolve por mais de quatro décadas, um projeto central de melhoramento do feijoeiro comum, sendo este estruturado em ações de pré-melhoramento e melhoramento, organizados em outros subprogramas (FARIA et al., 2013; SOUZA et al., 2012; SOUZA et al., 2020). Os programas de pré-melhoramento atuam na caracterização fenotípica e molecular de acessos de feijão, identificando a variabilidade genética e os caracteres de interesse agrônomo disponíveis em germoplasmas selvagens, variedades locais e nos BAG (Banco ativo de germoplasma), a fim de facilitar a incorporação de alelos desejáveis em genótipos adaptados para serem utilizados como genitores portadores de fenótipos como tolerância a estresses morfológicos, fisiológicos e abióticos, resistência a pragas e doenças, e melhoria da qualidade dos grãos (SOUZA et al., 2012 ; VALDISSER et al., 2017). Já, o principal objetivo dos programas de melhoramento é a obtenção de variedades adaptadas aos diferentes sistemas de produção e regiões do Brasil, a um custo que maximize os retornos econômicos aos produtores (FARIA et al., 2013; MATOS; RAMALHO; ABREU, 2007). Essas variedades devem possuir alto rendimento e estabilidade produtiva, resistência aos principais fatores bióticos e abióticos que limitam a produção, arquitetura de plantas eretas, além de boa eficiência na absorção e uso de nutrientes, e ainda apresentar sementes e grãos de boa qualidade comercial, culinária,

nutricional e funcional (ASSEFA et al., 2019; LEMOS et al., 2020; SCHWARTZ; SINGH, 2013).

2.2 Mofo Branco

O mofo branco é uma doença de grande importância econômica, pois sob condições favoráveis pode causar perdas de até 100% no rendimento de grãos da lavoura (SCHWARTZ; SINGH, 2013; LEITE et al., 2017). O agente etiológico é o fungo *S. sclerotiorum* (Lib.) de Bary, conhecido mundialmente por ser agressivo, cosmopolita, inespecífico, além de possuir um grande número de espécies hospedeiras (BOLAND; HALL, 1994). O primeiro relato de ocorrência no Brasil, se deu em 1921, por Saccá, que identificou o fungo em plantas de batata (*Solanum tuberosum* L.), no estado de São Paulo. Posteriormente, foi verificado a infecção do patógeno em outros hospedeiros nos demais Estados (CHAVES, 1964; JULIATTI et al., 2015).

Essa doença se desenvolve principalmente sob temperaturas amenas (15 – 20 °C) e alta umidade relativa do ar (SCHWARTZ; SINGH, 2013). E, atinge diversas espécies de importância econômica como amendoim, alface, algodão, batata, canola, cebola, ervilha, feijão, girassol, soja, tomate, entre outras, além de infectar plantas daninhas (BOLTON, THOMMA, NELSON, 2006; WILLBUR et al., 2019). No Brasil, esse patógeno tem sido um fator limitante para algumas culturas, principalmente para o feijão irrigado na safra de outono/inverno (PORTO et al., 2019).

Não há um sintoma específico para identificação do mofo branco, em todas as espécies hospedeiras. No entanto, é comum a formação de micélio cotonoso de coloração branca a castanha amarelada com a presença de escleródios (GÖRGEN et al., 2010). No campo, a doença tende a se concentrar em uma determinada área, ocorrendo em reboleiras (PEREIRA et al., 2013). No feijoeiro, a infecção tem início nas inflorescências, axilas das folhas e ramos laterais, apresentando lesões pequenas, circulares, encharcadas, de coloração verde-escuras. A doença se desenvolve rapidamente nos tecidos infectados, seguida por um crescimento de micélio fúngico branco e cotonoso. Posteriormente, ocorre a formação de escleródios nos tecidos interno e externos, ocasionando o murchamento e a morte da planta (KIMATI et al., 2005; MIKLAS et al., 2013; PORTO et al., 2019; STEADMAN; BOLAND, 2005).

S. sclerotiorum é considerado um patógeno necrotrófico, por se multiplicar e sobreviver em tecidos senescentes ou necrosados, através da produção de enzimas que degradam a parede celular (BOLTON, THOMMA, NELSON, 2006). No entanto, estudos conduzidos por Kabbage, Yarden e Dickman (2015) propõe um estilo de vida hemibiotrófico para *S.*

sclerotiorum, considerando a ocorrência da infecção em duas fases: nos estágios iniciais o fungo cresce intracelularmente sem matar as células hospedeiras, após esse estabelecimento, a necrotrofia é iniciada e o fungo adquire nutrientes do tecido morto do hospedeiro. Sendo que, o crescimento biotrófico ocorre na borda das lesões, enquanto a morte celular ocorre no final. Com mais detalhes, Liang e Rollins (2018), propuseram um modelo de duas fases de infecção, em que inicialmente o patógeno utiliza de estratégias para superar as reações de defesa do hospedeiro, estabelecendo compatibilidade básica. Posteriormente, na segunda fase, o patógeno utiliza de toxinas como o ácido oxálico e enzimas hidrolíticas, para romper e degradar a parede celular, causando uma rápida maceração do tecido, culminando na necrose do hospedeiro. Contudo, as interações entre patógeno e hospedeiro ainda são complexas e não completamente compreendidas (KABBAGE; YARDEN; DICKMAN, 2015; LIANG; ROLLINS, 2018; MCCAGHEY et al., 2019).

Além de poder infectar várias espécies vegetais, o fungo ainda pode permanecer viável no solo por muitos anos, devido a formação de estruturas de resistência, denominadas de escleródios (MIKLAS et al., 2013; SCHWARTZ; STEADMAN, 1989). Essas estruturas são originadas no interior de tecidos infectados, ou na superfície dos mesmos em condições de alta umidade (BOLTON, THOMMA, NELSON, 2006), são formadas por hifas compactadas (GARCIA; JULIATTI; CASSEMIRO, 2012) e possuem forma irregular, variando o diâmetro e comprimento de acordo com a cultura hospedeira (TAYLOR et al., 2018). Estudos conduzidos por Bolton, Thomma e Nelson (2006) demonstraram que na cultura do girassol os escleródios podem apresentar 1 cm de espessura e exceder 35 cm de diâmetro, enquanto que no feijão os escleródios podem apresentar formato circular regular ou alongado e tamanhos médios de 2,03 mm à 5,33 mm (ABREU; SOUZA, 2015).

Existem três fases de desenvolvimento do escleródio: (I) iniciação – agregação de hifas e formação de uma massa branca; (II) desenvolvimento – crescimento de hifas aumentando o tamanho da estrutura; (III) maturação – deposição de melanina na superfície externa e consolidação da matriz interna (MELO et al., 2019; ORDÓÑEZ-VALENCIA et al., 2014; TOWNSEND; WILLETTS, 1954). Em condições apropriadas de luz, umidade e temperatura, pode ocorrer a germinação do escleródio de duas maneiras: miceliogênica – produção de hifas infecciosas; carpogênica – produção do apotécio e ascos, contendo ascósporos hialinos (esporos sexuais). Após infecção e desenvolvimento da doença, as plantas se tornam reservatórios de escleródios que são a fonte primária de inóculo nos anos subsequentes (WILLBUR et al., 2019). Os escleródios podem ser disseminados por meio do substrato, sementes, implementos agrícolas entre outros (PEREIRA et al., 2013).

A partir do apotécio, produzido na germinação carpogênica, ocorre a liberação dos ascósporos, e o fungo pode infectar toda a parte aérea da planta, principalmente as flores após o período de floração. As flores senescentes servem como fonte primária de nutrientes ao fungo, fornecendo a energia necessária para o seu desenvolvimento. A maior parte desses ascósporos são transportados pelo vento ou oriundos do próprio campo em que foram produzidos (WILLBUR et al., 2019).

S. sclerotiorum é um patógeno homotático, sua reprodução sexual ocorre por meio de auto-fertilização, não havendo necessidade de um parceiro sexual, e a reprodução assexuada por meio dos escleródios, resultando em uma população clonal (ATTANAYAKE; XU; CHEN, 2019). No entanto, estudos sobre estrutura genética de *S. sclerotiorum* tem demonstrado alta diversidade genética dos isolados, entre e dentro de populações, de diferentes regiões do Brasil (GOMES et al., 2011; PERIPOLLI; MARTINELLI; DELATORRE, 2018), inclusive entre linhagens oriundas de um único ascósporo (ABREU et al., 2019), podendo essa diversidade estar associada a reprodução clonal e sexual, evidenciando a recombinação entre e dentro de populações, além da introdução de novos genótipos por meio das diferentes fontes de disseminação do patógeno (GOMES et al., 2011; PANNULLO et al., 2019; PERIPOLLI; MARTINELLI; DELATORRE, 2018). Existe alta variabilidade em características morfológicas, como pigmentação micelial, taxa de crescimento e produção de escleródios (LEHNER et al., 2014). Abreu e Souza (2015), identificou para 50 cepas de *S. sclerotiorum* de diferentes regiões de Minas Gerais, uma ampla variabilidade genética, para características morfológicas, fisiológicas e moleculares avaliadas, mesmo entre isolados de um mesmo campo de coleta. A variação na agressividade do patógeno é frequentemente avaliada, em diferentes culturas e regiões geográficas (KOGA et al., 2014; LEHNER et al., 2016; MIORINI et al., 2019; RAHMAN et al., 2020; YU et al., 2020). Estudos conduzidos por Abán et al. (2020), relatou uma interação significativa entre genótipos e isolados, ao avaliar a resistência fisiológica de 20 acessos de feijão para 5 isolados distintos de *S. sclerotiorum* coletados na principal área de cultivo da Argentina. Sugerindo que a resposta à resistência fisiológica ao mofo branco possa variar de acordo com o isolado (ABÁN et al., 2020; MIORINI et al., 2019).

O controle do mofo branco, bem como a sua erradicação de áreas já contaminadas é muito difícil, devido a sua ampla gama de hospedeiros e sua permanência na área na forma de escleródios. Portanto, deve-se fazer o possível para evitar a entrada do patógeno em locais sem histórico de ocorrência (LEHNER et al., 2019). Em áreas já endêmicas, deve-se adotar o controle químico e cultural, como menor adensamento do dossel e racionalização da irrigação (FERREIRA et al., 2019). Entretanto, o uso de cultivares resistentes é o método mais eficiente,

por ser menos oneroso e de menor impacto ambiental (LEITE et al., 2016). Podendo ser um componente-chave do manejo integrado dessa doença. Até o presente, os programas de melhoramento do Brasil e do mundo ainda não obtiveram sucesso no desenvolvimento de cultivares, resistentes ao mofo branco, embora já existam cultivares tolerantes (FERREIRA et al., 2019).

A resistência genética do feijoeiro ao mofo branco envolve dois tipos de mecanismo: resistência fisiológica, acarretada pela resistência genética que inibe a infecção e colonização do patógeno nos tecidos da planta hospedeira; e os mecanismos de “escape” da planta, que estão associados as características que desfavorecem o desenvolvimento da doença, como resistência ao acamamento, altura da planta, maturidade, período de floração, arquitetura e densidade do dossel (LEITE et al., 2017; MIKLAS et al., 2013; SCHWARTZ; STEADMAN, 1989). A dificuldade em obter cultivares resistentes à essa doença, deve-se ao controle genético desse caráter ser complexo, com vários genes e de herdabilidade moderada a baixa (LEITE et al., 2016), além da variabilidade genética do patógeno (JUNQUEIRA et al., 2022; LEHNER et al., 2019).

2.3 Seleção recorrente

O melhoramento de plantas está entre as principais contribuições da ciência para o bem-estar da sociedade. O desenvolvimento de cultivares melhoradas otimiza os sistemas de produção, atendendo as necessidades dos agricultores e consumidores (LEMOS et al., 2020; MATOS; RAMALHO; ABREU, 2007; SOUZA et al., 2012). A escolha do método de condução adequado é de fundamental importância para o sucesso do programa de melhoramento (RAMALHO et al., 2012; TSUTSUMI; BULEGON; PIANO, 2015).

As características de interesse agrônomo, na sua maioria, são controladas por vários genes. Assim, para que se obtenha um indivíduo com todos os alelos favoráveis, com apenas um ciclo de seleção, é necessário um grande número de progênies, inviabilizando a seleção. Desse modo, a melhor maneira de se reunir o maior número de alelos favoráveis em uma linhagem é por meio de ciclos sucessivos de seleção. A seleção recorrente é o método de melhoramento que contempla esses ciclos sucessivos de seleção (RAMALHO et al., 2012).

Conceitualmente a seleção recorrente é um método de melhoramento que visa aumentar gradativamente a frequência de alelos desejáveis para caracteres quantitativos, por meio de repetidos ciclos de seleção, sem reduzir a variabilidade genética da população (BORÉM; MIRANDA, 2009). Em outras palavras, a seleção recorrente é um processo cíclico de

melhoramento que envolve a obtenção de progênies, avaliação e recombinação das melhores para formar a próxima geração (RAMALHO et al., 2012).

A seleção recorrente foi originalmente proposta para as plantas alógamas (HULL, 1945), e empregada no melhoramento do milho (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1988). Posteriormente, foi adotada para culturas autógamas e tem sido utilizada para diversas espécies (RAMALHO et al., 2012). No feijoeiro, a seleção recorrente tem sido utilizada para diversas características como produtividade de grãos (MENEZES JÚNIOR; RAMALHO; ABREU, 2008; MENEZES JÚNIOR et al., 2013; PEREIRA et al., 2017; SILVA et al., 2008), arquitetura da planta (ANJOS et al., 2018; MENEZES JÚNIOR; RAMALHO; ABREU, 2008; PIRES et al., 2014), tipo de grão (MENEZES JÚNIOR; RAMALHO; ABREU, 2008; MENEZES JÚNIOR et al., 2013), resistência a mancha angular (AMARO et al., 2007; ARANTES; ABREU; RAMALHO, 2010; MENEZES JÚNIOR et al., 2013; NAY et al., 2019; NG'AYU-WANJAU et al., 2016), entre outros.

As principais vantagens desse método são: a obtenção de maior variabilidade genética, devido ao cruzamento de múltiplos genitores; maior oportunidade para ocorrência de recombinações devido aos sucessivos ciclos de cruzamento; facilidade de incorporação de germoplasma exótico na população (GERALDI, 1997, 2005); além de ser um importante método para acumular alelos de pequeno efeito. Sendo útil, para alcançar objetivos de programas de melhoramento envolvendo características de herança quantitativa, baixa herdabilidade e múltiplas características (NELSON et al., 2018).

O método de seleção recorrente envolve três etapas: (I) obtenção da população segregante; (II) avaliação e seleção das progênies; (III) recombinação das progênies superiores para formar o próximo ciclo (BORÉM; MIRANDA, 2009). A população base deve ser formada visando a obtenção de progênies, os genitores selecionados devem apresentar variabilidade e potencial para gerar linhagens superiores aos pais (CUNHA; RAMALHO; ABREU, 2005). Segundo Ramalho et al. (2012) é aconselhável utilizar de 12 a 20 genitores para constituir a população base, pois, se o número for muito grande, torna-se difícil a obtenção de todos os genitores com boa manifestação para o caráter, e a contribuição de todos os alelos com efeito de dominância seria perdido após cada ciclo de seleção. No entanto, se o número de genitores for muito pequeno a probabilidade de associar a maioria dos alelos favoráveis é baixa.

A próxima etapa consiste em realizar o intercruzamento dos genitores, para se obter a população base, e essa pode ser realizada de várias maneiras (BORÉM; MIRANDA, 2009). Bearzoti (1997), propôs uma estratégia, a qual se utiliza de hibridações direcionadas para a constituição da população base, cada genitor é cruzado com outros dois genitores em cada ciclo

de seleção, priorizando os genitores não comuns. Dessa forma, a contribuição de cada genitor terá igual proporção nas gerações avançadas. Esse procedimento foi denominado de dialelo circulante (BEARZOTI, 1997).

Após a obtenção da população base é realizada a avaliação e seleção de indivíduos superiores ou progênies para serem recombinados e formar o próximo ciclo, e assim sucessivamente. A seleção para caracteres quantitativos é mais eficiente quando a avaliação se baseia no desempenho das progênies, pois permitem que seja realizado experimentos com repetições e em locais diferentes (ALVES et al., 2015).

A Universidade Federal de Lavras tem conduzido um programa de seleção recorrente visando obter linhagens resistentes ao mofo branco. Muitos trabalhos têm evidenciado o sucesso obtido neste programa (LEITE et al., 2016, 2017; LOPES et al., 2019; VASCONCELLOS et al., 2018).

Em um programa de seleção recorrente, é indispensável avaliar a eficiência do processo, sendo necessário a estimativa do progresso genético com seleção (RAMALHO; ABREU; SANTOS, 2005). Cobb et al. (2019) relata que a rigidez na seleção das melhores progênies e na forma de recombinação para a formação do próximo ciclo é fundamental para se obter altas taxas de ganho genético, de forma a evidenciar a efetividade da seleção recorrente. Várias estratégias podem ser utilizadas para estimar o progresso genético em autógamias. Leite et al. (2016) estimou o progresso genético de duas maneiras: realizando uma comparação entre ciclos usando o valor médio geral das progênies de cada ciclo, e uma outra comparação entre os grupos de progênies selecionadas de cada ciclo em um único experimento, excluindo o efeito das estações de cultivo. Lopes et al. (2019) também determinou ganhos efetivos para a resistência do feijoeiro ao mofo branco, mesmo após 12 ciclos de seleção recorrente.

2.4 Programa de seleção recorrente para resistência do feijoeiro ao Mofo Branco – UFLA

Um programa de seleção recorrente para resistência do feijoeiro ao mofo branco, teve início na safra das águas de 2009/2010, na Universidade Federal de Lavras, em Lavras MG (CARNEIRO, 2012). O programa iniciou-se com o inter cruzamento entre 12 linhagens e/ou cultivares (de números 1 a 6 e 8 a 13, Tabela 1) com resistência parcial ao mofo branco. Sendo a linhagem A195 de fonte exótica de resistência, com sementes grandes, de coloração bege opaca, derivada do cruzamento de dois genótipos andinos (Red Kloud e ICA 10009) oriunda do programa de melhoramento do CIAT (Centro Internacional de Agricultura Tropical) na Colômbia (ABÁN et al., 2020; SINGH et al., 2007; TERÁN; SINGH, 2009), sete linhagens (de

1 a 6 e 8, Tabela 1) adaptadas à região Sul de Minas Gerais, e quatro progênies (de 9 a 12, Tabela 1) derivadas do retrocruzamento em que o doador de resistência ao mofo branco foi a fonte G122 ou Ex Rico 23, e os genitores recorrentes foram as linhagens M20 ou BRSMG Madrepérola. No segundo ciclo de seleção foi inserido uma fonte externa de resistência, a ESAL 550 (Tabela 1). A população base do ciclo zero (C0), foi obtida do intercruzamento de cada linhagem com outras duas, no esquema dialelo circulante (BEARZOTI, 1997). Nas populações F₂ (geração S₀), todas as plantas foram inoculadas, avaliadas e as mais resistentes de cada população foram selecionadas e intercruzadas com outras duas, para formar a população do primeiro ciclo (C1).

Nos ciclos C1, C2, C3, C4, C5 e C6, as plantas da geração S₀, foram inoculadas artificialmente com o patógeno, avaliadas e selecionadas antes do florescimento e intercruzadas. Isso permitiu a redução do tempo de obtenção de cada ciclo de seleção recorrente em apenas uma safra, sendo realizado três ciclos por ano (LEITE et al., 2016). Carneiro (2012) obteve para a característica resistência ao mofo branco, pequenos ganhos genéticos (0,94 – 2,90%) ao longo das gerações S_{0.1}, S_{0.2} e S_{0.3} e dos ciclos C0, C1 e C2, em decorrência desse caráter apresentar herança quantitativa. Leite et al. (2016) avaliou sete melhores progênies do ciclo C0, oito dos ciclos C1, C2 e C3 e 10 dos ciclos C4, C5 e C6, sendo observado um progresso genético na redução da severidade da doença de 4% por ciclo, e com a realização de três ciclos por ano, ele se torna mais pronunciado, em 11% ao ano.

No ciclo C7, Dias (2015) inseriu cinco novas fontes (de 14 a 18, TABELA 1) de resistência parcial ao mofo branco, retirou as três progênies menos promissoras e selecionou as 10 melhores progênies segregantes do último ciclo, sendo intercruzadas um total de 15 linhagens e/ou progênies, avaliadas e selecionadas na geração S₀. No entanto, neste trabalho, não foi observado progresso genético para resistência ao mofo branco, devido a inclusão dos novos genótipos para gerar a população S₀ do ciclo C7. No ciclo C9, a seleção recorrente se mostrou eficiente ao comparar as médias das progênies com a testemunha resistente utilizada.

Os ciclos C8 e C10 foram obtidos por Vasconcellos et al. (2018), que analisaram as quatro melhores progênies do ciclo C9, 24 do ciclo C8 e 34 do ciclo C10 e estimaram um progresso genético de 6,07% por ciclo, na redução na severidade da doença, conseqüentemente, uma melhora na resistência das progênies. Também foi observado, ganhos adicionais para características como arquitetura de planta e tipo de grão, devido à presença de variabilidade, mesmo após 11 ciclos de seleção recorrente.

Lopes et al. (2019), avaliaram progênies do décimo segundo ciclo de seleção recorrente (C12). Neste ciclo, a seleção massal fenotípica da população S₀ se deu em um experimento

conduzido em casa de vegetação, diferenciando dos demais ciclos que ocorreram em experimentos de campo. As progênies de $S_{0:1}$ e $S_{0:2}$ selecionadas, do ciclo CXII, foram avaliadas quanto a resistência, em experimentos de campo.

As avaliações da resistência ao mofo branco, em todos os ciclos de seleção, foram realizadas por meio de escalas diagramáticas, e as inoculações pelo método *Straw test* (TERÁN; SINGH, 2009). Em cada ciclo, as plantas S_0 foram inoculadas com micélios do patógeno em dois ramos principais. Cerca de sete a oito dias após a inoculação, com o auxílio de uma escala diagramática de 1 a 9 (SINGH; SCHWARTZ; STEADMAN, 2014; TERÁN et al., 2006), era realizado a avaliação das progênies quanto a severidade ao mofo branco (CARNEIRO, 2012; DIAS, 2015; LEITE et al., 2016; LOPES et al., 2019; VASCONCELLOS et al., 2018).

A seleção assistida por marcadores moleculares (SAM), associada a outros procedimentos, é uma ferramenta promissora no processo de melhoramento (ALZATE-MARIN et al., 2005). Porto et al. (2017) estudou a viabilidade do uso de 19 marcadores SSR associados à resistência a *S. sclerotiorum* relatados na literatura (BENCHIMOL et al., 2007; BLAIR et al., 2009; BUSO et al., 2006; GAITÁN-SOLÍS et al., 2002; GRISI et al., 2007; YU et al., 2000) para o programa de seleção recorrente visando resistência ao mofo branco da Universidade Federal de Lavras (UFLA). Quatro desses marcadores SSR IAC27 e IAC74 (BENCHIMOL et al., 2007), PVBR78 (GRISI et al., 2007) e GATS91 (GAITÁN-SOLÍS et al., 2002), apresentaram expressão para QTLs (*Quantitative Trait Loci*) de resistência ao mofo branco, em progênies derivadas do programa de seleção recorrente. Lopes et al. (2019) estudou a eficiência da seleção assistida utilizando 38 marcadores SSR descritos na literatura (ANTONIO et al., 2012; BENCHIMOL et al., 2007; BLAIR et al., 2003; BUSO et al., 2006; CARDOSO et al., 2008; DÍAZ; BLAIR, 2006; GAITÁN-SOLÍS et al., 2002; GARCIA et al., 2011; GRISI et al., 2007; LARA et al., 2015; SOUZA et al., 2016; YU et al., 2000) em relação à seleção fenotípica para a resistência do feijoeiro ao mofo branco no programa de seleção recorrente da UFLA. Foram avaliadas as 79 progênies $S_{0:1}$ mais resistentes do ciclo XII, e observou-se um ganho três vezes maior para a seleção fenotípica (5,08%) em relação a SAM (1,57%), indicando maior eficiência com a seleção fenotípica em condições controladas. O baixo valor de SAM pode estar associado ao baixo número, apenas dois BM189 (SOUZA et al., 2016) e BMD20 (BLAIR et al., 2003), de marcadores expressos associados aos QTLs de resistência.

O programa de seleção recorrente para a resistência do feijoeiro ao mofo branco da Universidade Federal de Lavras, tem se mostrado eficiente para a obtenção de progênies com níveis de resistência ao mofo branco e outros caracteres de importância agrônômica, tais como,

tipo de grão e porte da planta (LEITE et al., 2016; LOPES et al., 2019; VASCONCELLOS et al., 2018).

Tabela 1 - Linhagens e cultivares com resistência parcial ao mofo branco utilizadas na obtenção da população base no Programa de Seleção Recorrente para resistência ao mofo branco.

Cultivar/Linhagem	Tipo/massa 100 grãos (g)	Tipos de planta*
1- RP-2	Carioca/25	II
2-MA-IV-18-266	Carioca/23	II
3-BRS Cometa	Carioca/23	II
4-VC-16	Carioca/25	III
5-BRSMG Majestoso	Carioca/25	III
6-CNFRJ10564	Pintado/42	I
7-ESAL 550	Jalo/45	III
8- BRSMG Talismã	Carioca/22	II
9-RC2-G122-67	Carioca/25	II
10-RC2-G122-72	Carioca/23	II
11-RC1-ExRico-26	Carioca/23	II
12-RC1-ExRico-97	Carioca/20	II
13-A195	Bege/54	I
14-RCII M20 x G122	Carioca/24	II
15-OPNS x VC3-41	Carioca	III
16-EMB9	Carioca	II
17- CNFC10722	Carioca	II
18- BRS Vereda	Rosinha/26	II

* Tipos de planta: I- Determinado Ereto; II- Indeterminado Semiereto; III- Indeterminado Prostrado.
Fonte: Lopes (2017, p. 23 e 24)

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Locais de condução dos experimentos

Os experimentos envolvendo as etapas de cruzamento, avaliação e inoculação das progênes foram conduzidos no Laboratório de Resistência de Plantas à Doenças e em casa de vegetação do Departamento de Biologia (DBI) da Universidade Federal de Lavras (UFLA), e o avanço de geração das progênes foi realizado na fazenda experimental do Centro de Desenvolvimento Científico e Tecnológico em Agropecuária – Muquém, Lavras, MG.

3.2 Obtenção e avaliação das progênes do ciclo CXIII

Um programa de seleção recorrente para a resistência do feijoeiro ao mofo branco na Universidade Federal de Lavras, foi iniciado na safra das águas 2009/2010 com Carneiro

(2012). No presente trabalho, foram obtidas progênies $S_{0:2}$ do ciclo CXIII de seleção recorrente, como descrito a seguir. As melhores progênies $S_{0:2}$ dos ciclos X, XI, XII e XIII foram avaliadas para estimar o progresso genético.

3.2.1 Obtenção do ciclo CXIII

Para a obtenção da população S_0 de CXIII, foram selecionadas as 13 progênies $S_{0:2}$ mais resistentes do ciclo CXII obtidas por Lopes et al. (2019) e intercruzadas em esquema dialelo completo (FIGURA 1A). Obteve-se um total de 1206 sementes híbridas, e então, foi realizado uma mistura e retirada uma amostra de 486 sementes, constituindo a geração S_0 . Estas 486 sementes foram selecionadas com base no seu fenótipo, priorizando os grãos mais graúdos, com o fundo claro (tons bege) e listras de coloração marrom (claro à médio). Posteriormente, foram semeadas em vasos e conduzidas em casa de vegetação. A inoculação e avaliação das plantas S_0 se deu antes do florescimento, e a seleção foi realizada com base na nota de cada planta como descrito abaixo. As sementes das plantas selecionadas, geração $S_{0:1}$, foram colhidas individualmente e avançadas no campo na safra subsequente, e então obtidas as progênies $S_{0:2}$ do ciclo XIII.

3.2.2 Obtenção e preparo do inóculo

Para a seleção das progênies, o inóculo de *S. sclerotiorum* foi obtido a partir de um isolado agressivo (UFLA 27) da micoteca do Laboratório de Resistência de plantas a doenças (SILVA, 2013), o mesmo utilizado na seleção das plantas nos ciclos anteriores. Este foi multiplicado em placas de Petri contendo meio BDA (batata dextrose ágar) com cefalexina ($1 \mu\text{L} \cdot \text{mL}^{-1}$ de meio BDA), incubado a 22°C com fotoperíodo de 12 horas, por três dias. O inóculo foi submetido a uma segunda multiplicação, seguindo os mesmos protocolos da primeira multiplicação.

3.2.3 Inoculação e avaliação das plantas S_0 e obtenção das Progênies $S_{0:1}$ e $S_{0:2}$ do CXIII

As 486 sementes S_0 do ciclo XIII foram semeadas em vasos com capacidade de 10 litros, contendo uma mistura de terra e substrato comercial (2:1), onde foram mantidas três plantas. As adubações foram realizadas de acordo com as recomendações da cultura. A inoculação foi realizada 28 dias após a semeadura, pelo método de *straw test* proposto por Petzoldt e Dickson

(1996). A metodologia de inoculação adotada para a avaliação das progêneses S_0 , consiste no corte do ápice de dois ramos laterais da planta, e em seguida a inoculação (TERÁN; SINGH, 2009), com o auxílio de ponteiras plásticas de micropipeta de 200 μ l, contendo disco de micélio de *S. sclerotiorum* (obtido conforme o item anterior). Sete dias após a inoculação, foram avaliadas a severidade ao mofo branco nas plantas, por meio de uma escala de diagramática de notas de 1 a 9, proposta por Singh, Schwartz e Steadman (2014) (TABELA 2).

Tabela 2 - Escala descritiva de notas para avaliação de mofo branco em feijoeiro.

Nota	Proporção de infecção na planta	Reação
1	Nenhum sinal de infecção ou sintoma de mofo branco, após remoção da ponteira.	
2	Entrenó infectado, porém, a invasão e os sintomas não atingiram o primeiro nó.	Resistente
3	Entrenó infectado, porém, a invasão e sintomas pararam no primeiro nó inoculado.	
4	Invasão do patógeno após o primeiro nó de inoculação, porém os sintomas para em $\leq 50\%$ do comprimento do segundo entrenó.	
5	Infecção do segundo entrenó se move $>50\%$ do comprimento, porém os sintomas não atingem o segundo nó.	Moderadamente Resistente
6	Infecção do segundo entrenó, os sintomas param no segundo nó.	
7	Invasão de patógeno se move após o segundo nó de inoculação, porém os sintomas param em $\leq 50\%$ do comprimento do terceiro entrenó.	
8	Infecção do terceiro entrenó se move $>50\%$ do comprimento, porém os sintomas não atingem o terceiro nó.	Suscetível
9	Infecção do terceiro entrenó e os sintomas atinge ou passam o terceiro nó inoculado, levando a uma eventual morte da planta.	

Fonte: Adaptação de Singh, Schwartz e Steadman (2014).

Foram selecionadas as 42 plantas S_0 que apresentavam notas ≤ 4 quanto à reação ao isolado de *S. Sclerotiorum* UFLA 27. As sementes de cada planta foram colhidas individualmente, obtendo as progêneses $S_{0:1}$. Em seguida, as progêneses $S_{0:1}$ foram avançadas em campo para a obtenção das sementes $S_{0:2}$ do ciclo XIII.

3.2.4 Inoculação e avaliação das Progêneses $S_{0:2}$ do CXIII

As 42 progêneses $S_{0:2}$ do ciclo XIII, foram avaliadas em um experimento no delineamento em blocos casualizados (DBC) com três repetições, em casa de vegetação. Foram utilizadas quatro testemunhas, duas resistentes (A195 e Cornell 605) e duas suscetíveis (Beryl e IPR

Corujinha). As parcelas foram constituídas por um vaso de 5 L, contendo 3 plantas. Os vasos foram preenchidos com uma mistura de terra e substrato comercial (2:1), as adubações de plantio e cobertura foram realizadas segundo as recomendações da cultura. As plantas foram inoculadas 28 dias após a semeadura, pelo método *Straw test* (PETZOLDT; DICKSON, 1996), que consiste no corte do ápice da haste principal seguida da inoculação com uma micropipeta (200µL) contendo discos de meio BDA com cefalexina, colonizados com micélio do isolado de *S. Sclerotiorum* UFLA 27 (descrito no item 3.2.2). A avaliação foi realizada 7 dias após inoculação (DAI), com base na escala diagramática de notas proposta por Singh, Schwartz e Steadman (2014) (TABELA 2). Foram selecionadas as cinco progênies S_{0:2} do ciclo XIII mais resistentes para compor o ensaio de progresso genético, juntamente com as demais progênies S_{0:2} selecionadas dos outros ciclos.

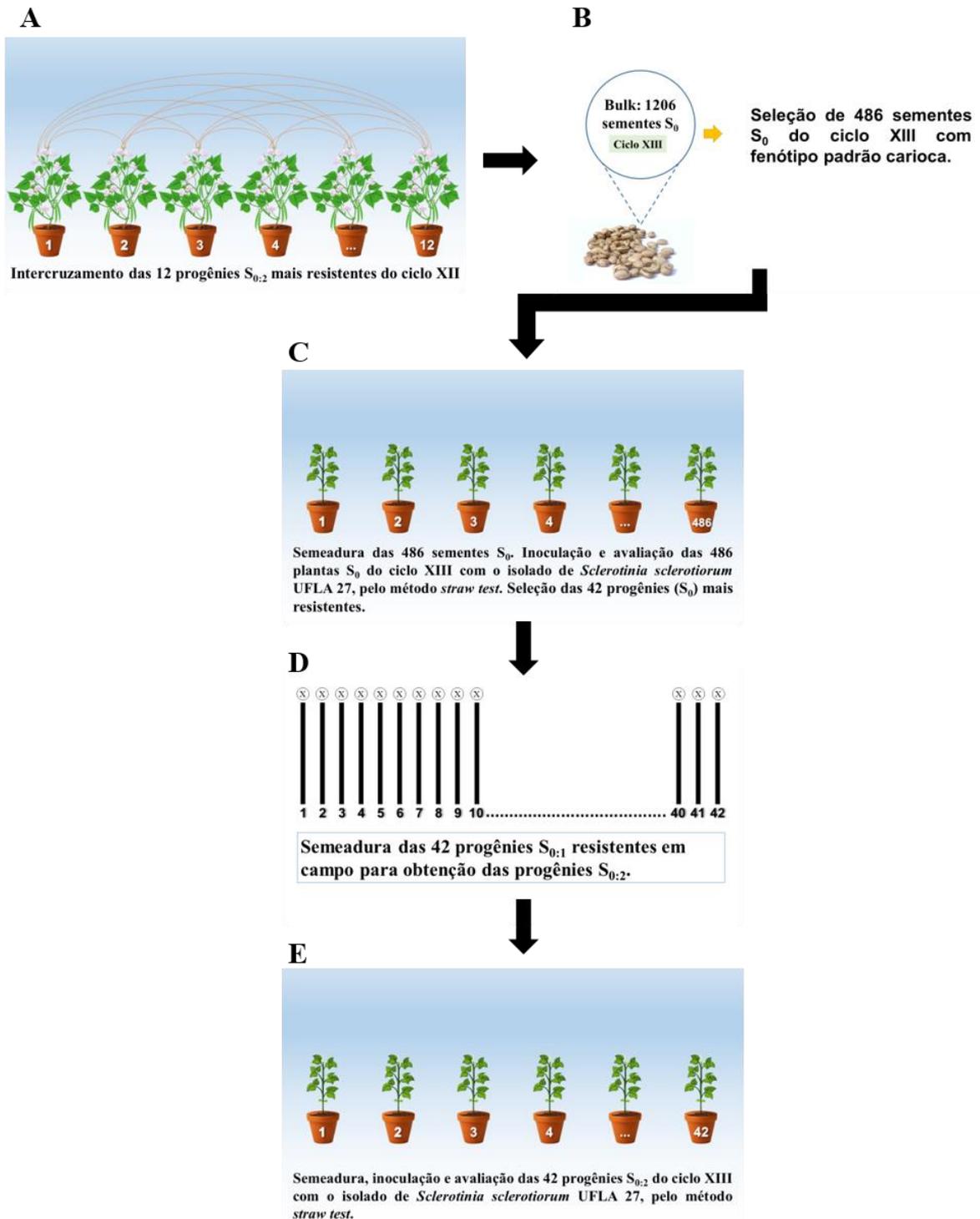
3.3 Ensaio progresso genético das melhores Progênies S_{0:2} dos ciclos X, XI, XII e XIII

Dois experimentos no delineamento em blocos casualizados com três repetições foram conduzidos, em casa de vegetação, um para cada isolado de *S. Sclerotiorum*, UFLA 27 e UFLA 145, coletados em Lavras-MG e Rio Paranaíba - MG, respectivamente. A parcela foi composta por um vaso de capacidade de 5L contendo uma mistura de terra e substrato (2:1), com 3 plantas. As cinco melhores progênies S_{0:2} dos ciclos X, XI e XII foram selecionadas com base na avaliação realizada por Lopes et al. (2019), e as cinco melhores do ciclo XIII com base na avaliação realizada descrita no item 3.2.4. Cada experimento foi inoculado com um isolado de *S. sclerotiorum*.

Os experimentos foram avaliados quanto a severidade ao mofo branco nas cinco melhores progênies S_{0:2} de cada ciclo (X, XI, XII e XIII) e quatro testemunhas comuns, duas resistentes (A195 e Cornell 605) e duas suscetíveis (Beryl e IPR Corujinha). A inoculação foi realizada pelo método *straw test* (PETZOLDT; DICKSON, 1996), com o corte no ápice da haste principal da planta, e posteriormente a inoculação com ponteiras plásticas de micropipetas de 200µl, contendo disco de micélio de *S. sclerotiorum* crescido em meio de cultura BDA com cefalexina (como descrito no item 3.2.2). A avaliação da severidade do mofo branco nas progênies S_{0:2} foram realizadas a partir do quarto dia após inoculação (DAI) e seguiram até o nono dia (descrito no item 3.2.3).

Na Figura 1 está apresentado um esquema com a descrição das etapas de obtenção das progênies S_{0:2} do ciclo XIII do programa de seleção recorrente.

Figura 1 - Esquema de condução dos experimentos para obtenção e avaliação das progênes $S_{0:2}$ do ciclo XIII.



Fonte: Da autora (2022).

3.4 Análise de dados

3.4.1 Análise das Progênes S0:2 do ciclo XIII

As notas médias obtidas da severidade do mofo branco foram submetidas aos testes de normalidade (Shapiro-Wilk) e homoscedasticidade (Bartlett) (SNEDECOR; COCHRAN, 1989). Posteriormente, foi realizado à análise de variância, de acordo com o seguinte modelo estatístico.

Modelo estatístico da análise de variância:

$$Y_{ij} = \mu + P_i + B_j + \varepsilon_{ij}$$

Em que:

Y_{ij} : observação referente ao genótipo i no bloco j ;

μ : média geral

P_i : efeito do genótipo i , sendo $i = 1, 2, 3, \dots, n$;

B_j : efeito do bloco j , sendo $j = 1, 2$ e 3 ;

ε_{ij} : erro experimental associado à observação Y_{ij} .

Foram estimados os seguintes parâmetros genéticos e fenotípicos: variância genética (σ_G^2), a variância fenotípica (σ_F^2) e a herdabilidade (h^2), pelos seguintes estimadores:

$$\sigma_G^2 = \frac{Q_1 - Q_2}{r}$$

$$\sigma_F^2 = \frac{Q_1}{r}$$

$$h^2 = \frac{Q_1 - Q_2}{Q_1} * 100$$

Em que:

Q_1 : Quadrado médio das progênes

Q_2 : Quadrado médio do erro

Foram estimados os limites inferior (LI) e superior (LS) da herdabilidade, de acordo com as expressões propostas por Knapp et al. (1985):

$$LI = 1 - [(Q_1/Q_2)/F_{(1-\frac{\alpha}{2})}]^{-1}$$

$$LS = 1 - [(Q_1/Q_2)/F_{(\frac{\alpha}{2})}]^{-1}$$

Os procedimentos estatísticos foram realizados no software R (R CORE TEAM, 2020).

3.4.2 Análise das melhores progênies S_{0:2} dos ciclos X, XI, XII e XIII

Os dados obtidos foram submetidos aos testes de Shapiro-Wilk e Bartlett. Além dos dados de severidade do mofo branco obtidos ao longo do tempo, também foi estimada a área abaixo da curva do progresso da doença (AACPD) segundo a expressão adaptada por Shaner e Finney (1977):

$$AACPD = \sum_{i=1}^{n-1} \left[\frac{(x_i + x_{i+1})}{2} \right] (t_{i+1} - t_i)$$

Onde, x_i e x_{i+1} corresponde as notas de severidade na avaliação i e $i+1$, e t_i e t_{i+1} corresponde ao tempo de avaliação em número de dias após a inoculação.

Posteriormente, os dados foram submetidos a análise de variância individual e conjunta, e a decomposição entre ciclos para o número de dias após inoculação (DAI), tendo como objetivo verificar o melhor dia para avaliação, de acordo com os seguintes modelos estatísticos.

Modelo estatístico da análise conjunta:

$$Y_{ijk} = \mu + P_i + B/A_{jk} + A_j + PA_{ij} + \varepsilon_{ijk}$$

Em que:

Y_{ijk} : observação referente ao genótipo i , infectada pelo isolado j , no bloco k ;

μ : média geral;

P_i : efeito do genótipo i ;

B/A_{jk} : efeito do bloco k dentro do isolado j ;

A_j : efeito do isolado j ;

PA_{ij} : efeito da interação do genótipo i com o isolado j ;

ε_{ijk} : efeito do erro experimental associado à observação Y_{ijk} .

Modelo estatístico da análise para dias após inoculação (DAI):

$$Y_{ijk} = \mu + B_k + P_i + \varepsilon_a + S_j + \varepsilon_b + PS_{ij} + \varepsilon_c$$

Em que:

Y_{ijk} : observação referente ao genótipo i , avaliada após a inoculação no dia j , no bloco k ;

μ : média geral;

B_k : efeito do bloco k ;

P_i : efeito da parcela (genótipos) i ;

ε_a : efeito do erro associado a parcela a ;

S_j : efeito da subparcela (dias após inoculação) j ;

ε_b : efeito do erro associado a subparcela b ;

PS_{ij} : efeito da interação da parcela (genótipos) i com a subparcela (dias após inoculação) j ;

ε_c : efeito do erro associado a interação PS_{ij} .

As estimativas das notas médias da severidade em cada data de avaliação e as estimativas da AACPD foram comparadas e agrupadas pelos testes de Dunnett e Scott-Knott, respectivamente. Os procedimentos estatísticos foram realizados no software R (R CORE TEAM, 2020) e no Genes (CRUZ, 2013).

3.4.3 Obtenção do Progresso Genético

Em cada um dos dois experimentos, estimou-se o progresso genético utilizando as médias obtidas no sétimo dia de avaliação e a área abaixo da curva do progresso da doença (AACPD) das progênes $S_{0:2}$ dos ciclos X, XI, XII e XIII. Posteriormente, obteve-se a equação de regressão linear entre o número de ciclos, variável independente (x), e a média das progênes $S_{0:2}$ de cada ciclo, variável dependente (y). O progresso genético percentual foi calculado pela seguinte expressão:

$$PG (\%) = \left(\frac{b}{\bar{x}} \right) * 100$$

Em que:

$PG (\%)$: progresso genético percentual por ciclo de seleção recorrente;

b : coeficiente de regressão linear;

\bar{x} : média das progênes $S_{0:2}$.

Foi estimado o progresso genético do ciclo XIII em relação ao ciclo CXII, ambos os ciclos obtidos em casa de vegetação e também, do CXII, em relação CXI, obtido em campo, por meio das notas médias das melhores progênes $S_{0:2}$ de cada ciclo, pela expressão:

$$PG \text{ ciclo } (\%) = \frac{\bar{X}_{(CXIII)} - \bar{X}_{(CXII)}}{\bar{X}_{(CXII)}} * 100$$

Em que:

$PG \text{ ciclo } (\%)$: ganho genético percentual entre ciclos de seleção recorrente;

\bar{x} : média das progênes $S_{0:2}$, de cada ciclo.

Os procedimentos estatísticos foram realizados no software R (R CORE TEAM, 2020).

4 RESULTADOS

4.1 Avaliação das progênies S_{0:2} do XIII ciclo de seleção recorrente

Os dados obtidos da severidade do mofo branco atenderam às pressuposições da ANAVA, de acordo com os resultados dos testes de Shapiro-Wilk e Bartlett. Na Tabela 3 está o resumo da análise de variância das progênies do ciclo XIII, onde foram observadas diferenças significativas ($P \leq 0,01$) para genótipos, progênies e testemunhas. O coeficiente de variação (CV%) foi de 15,5% e a acurácia seletiva ($r_{\hat{g}g}$ (%)) foi de 85,4%. A herdabilidade (h^2) estimada foi de 72,8%.

Tabela 3 - Análise de variância (ANAVA) das médias das notas de severidade do mofo branco das Progênies S_{0:2} de feijoeiro do ciclo XIII inoculadas com *Sclerotinia sclerotiorum* (UFLA 27).

FV	GL	QM	P valor
Genótipos	45	4,532	0
Progênies (P)	41	3,285	0
Testemunhas (T)	3	22,556	0
P vs T	1	1,558	0,1898
Bloco	2	1,031	0,3196
Resíduo	90	0,892	
Média (LI – LS)	Progênies	Test. Resistentes	Test. Suscetíveis
	6,1 (3,4 – 7,9)	3,4 (3,2 - 3,6)	8,1 (7,8 – 8,4)
CV%	15,5		
σ^2_G	0,798		
σ^2_F	1,095		
h^2 (%) (LI - LS)	72,8 (52,7 – 83,6)		
$r_{\hat{g}g}$ (%)	85,4		

Fonte: Da autora (2022)

As notas médias da severidade do mofo branco das progênies S_{0:2} 13/01, 13/40, 13/20, 13/28 e 13/06 apresentaram o comportamento semelhante ao das testemunhas resistentes A195 e Cornell 605 (TABELA 4).

Tabela 4 - Médias da nota de severidade de mofo branco das Progênie S_{0:2} do ciclo XIII inoculadas com *Sclerotinia sclerotiorum* (UFLA 27).

Ciclo/Progênie	Notas Médias
13/36	7,9
13/14	7,8
13/30	7,5
13/12	7,4
13/11	7,3
13/13	7,3
13/27	7,1
13/34	7,1
13/18	7,0
13/38	7,0
13/25	6,9
13/08	6,9
13/02	6,9
13/15	6,8
13/26	6,7
13/19	6,6
13/07	6,6
13/23	6,5
13/35	6,5
13/04	6,3
13/22	6,2
13/33	6,2
13/31	6,1
13/24	6,1
13/21	6,0
13/16	5,9
13/09	5,8
13/39	5,8
13/05	5,8
13/17	5,7
13/42	5,7
13/10	5,6
13/03	5,6
13/29	5,2
13/37	5,2
13/41	4,9
13/32	4,8
13/06	4,7
13/28	4,6
13/20	4,5
13/40	3,9
13/01	3,4
A195 (R)	3,6
Cornell 605 (R)	3,2
Beryl (S)	7,8
IPR Corujinha (S)	8,4

Legenda: R – Testemunha Resistente; S – Testemunha suscetível.

4.2 Progresso Genético das progêneses S_{0:2} dos ciclos X, XI, XII e XIII quanto à reação aos isolados UFLA 27 e UFLA 145 de *Sclerotinia sclerotiorum*.

Foram selecionadas as cinco melhores progêneses S_{0:2} dos ciclos X, XI, XII e XIII, com base nas médias das notas quanto à reação ao isolado de *S. sclerotiorum* UFLA 27 (TABELA 4). Essas progêneses juntamente com mais quatro testemunhas, duas resistentes e duas suscetíveis, foram avaliadas em casa de vegetação quanto à reação aos isolados de *S. sclerotiorum* UFLA 27 e UFLA 145 e estimado o progresso genético.

A partir das análises de variância individuais Tabelas 5 e 6, constatou-se efeito significativo para genótipos ($P \leq 0,05$) nos diferentes dias de avaliação após a inoculação (DAI) e da área abaixo da curva do progresso da doença (AACPD) para os dois isolados de *S. sclerotiorum* (UFLA 27 e UFLA 145).

Tabela 5 - Resumo das análises de variância das médias da nota de severidade do mofo branco das Progêneses S_{0:2} dos ciclos X, XI, XII e XIII inoculadas com *Sclerotinia sclerotiorum* (UFLA 27) aos 4, 5, 6, 7, 8 e 9 dias após a inoculação (DAI) e da área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD).

FV	GL	QM						
		4 DAI	5 DAI	6 DAI	7 DAI	8 DAI	9 DAI	AACPD
Blocos	2	0,464	0,399	0,169	1,459	2,159	1,770	20,103
Genótipos	23	0,898*	2,240**	3,424**	4,349**	6,369**	6,750**	92,84**
Progênie (P)	19	0,836	1,782*	2,871**	3,724**	5,359**	5,330**	77,27**
Testemunha (T)	3	1,556*	5,889**	8,033**	9,749**	14,889**	17840**	222,38**
P vs T	1	0,111	0,005	0,095	0,02	0,005	0,446	0,052
Resíduo	46	0,499	0,828	0,929	1,317	1,454	1,232	5,060
Genótipos	Média (LI - LS)							
	4 DAI	5 DAI	6 DAI	7 DAI	8 DAI	9 DAI	AACPD	
Progêneses	3,6 (2,7-4,7)	4,1 (2,8-5,7)	4,3 (2,9-6,8)	4,7 (2,9-7,4)	4,8 (3-8,6)	5,3 (3,3-8,7)	22,6 (14,6-34,9)	
Test. Resistente	2,9 (2,6-3,2)	3,2 (2,7-3,7)	3,4 (3-3,8)	3,6 (3,2-3,9)	3,6 (3,2-3,9)	3,6 (3,2-3,9)	16,9 (15-18,8)	
Test. Suscetível	4 (3,8-4,2)	5,2 (4,3-6)	5,8 (4,8-6,8)	6,1 (4,9-7,3)	6,9 (5,6-8,2)	7,2 (5,8-8,7)	29,6 (24,4-34,8)	
CV (%)	20,0	22,5	21,3	23,5	23,1	19,9	21,4	
r_{gg} (%)	63,5	72,5	82,2	80,4	85,4	87,7	96,7	

Legenda: DAI: Dias após a inoculação; * e ** Significativo a 5% e 1% respectivamente, pelo teste F.
Fonte: Da autora (2022).

Observou-se para o isolado UFLA 27, efeito significativo ($P \leq 0,05$) para progêneses nas avaliações realizadas a partir do quinto DAI e para as testemunhas a partir do quarto dia. As

estimativas de coeficiente de variação (CV%) para DAI variaram de 19,9 a 23,5 % e para AACPD foi de 17,7%. A acurácia seletiva ($r_{\hat{g}g}$ (%)) para DAI variou de 63,5 a 87,7% e para a AACPD foi de 96,7% (TABELA 5). Para o isolado UFLA 145, observou-se efeito significativo ($P \leq 0,01$) tanto para progênes quanto para testemunhas em todos os dias de avaliação. O coeficiente de variação (CV%) para DAI variou de 13,3 a 16,9% e para a AACPD foi de 12,6%. A acurácia seletiva ($r_{\hat{g}g}$ (%)) para variou de 82,3 a 89,3% e para a AACPD foi de 89,1% (TABELA 6).

Tabela 6 - Resumo das análises de variância das médias da nota de severidade do mofo branco das Progênes S_{0:2} dos ciclos X, XI, XII e XIII inoculadas com *Sclerotinia sclerotiorum* (UFLA 145) aos 4, 5, 6, 7, 8 e 9 dias após a inoculação (DAI) e da área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD).

FV	GL	QM						
		4 DAI	5 DAI	6 DAI	7 DAI	8 DAI	9 DAI	AACPD
Blocos	2	0,182	0,821	1,085	1,177	1,404	3,289	27901
Genótipos	23	1,059**	3,020**	4,320**	4,359**	6,005**	7,140**	101,54**
Progênie (P)	19	0,742**	2,262**	3,308**	2,914**	3,889**	4,490**	69,6**
Testemunha (T)	3	3,379**	8,774**	12,027**	14,651**	21,343**	26,059**	334,527**
P vs T	1	0,117	0,163	0,423	0,934	0,201	0,741	9425
Resíduo	46	0,24	0,583	0,669	0,843	0,815	0,947	14,35
Genótipos	Média (LI - LS)							
	4 DAI	5 DAI	6 DAI	7 DAI	8 DAI	9 DAI	AACPD	
Progênes	3,8 (2,7-4,9)	4,6 (3-6,4)	5,1 (3-7,3)	5,6 (3,4-7,3)	5,8 (3,6-8,3)	6,2 (3,9-9)	26,2 (16,7-36,4)	
Test. Resistente	2,8 (2,2-3,3)	3 (2,3-3,7)	3,2 (2,3-4)	3,4 (2,6-4,2)	3,4 (2,6-4,3)	3,5 (2,7-4,3)	16,1 (12,2-20,1)	
Test. Suscetível	4,4 (4,2-4,6)	5,8 (5,7-5,9)	6,4 (6,2-6,6)	7 (6,7-7,3)	7,8 (7,3-8,3)	8,4 (8,1-8,8)	33,5 (32,3-34,7)	
CV (%)	13,3	16,9	16,5	16,8	15,7	15,7	14,8	
$r_{\hat{g}g}$ (%)	82,3	86,2	89,3	84,3	88,9	88,8	89,1	

Legenda: DAI: Dias após a inoculação; * e ** Significativo a 5% e 1% respectivamente, pelo teste F.
Fonte: Da autora (2022).

Na análise de variância conjunta, não houve efeito significativo para a interação isolados x progênes (IxP). Observou-se efeito significativo para isolados a partir do quinto DAI e AACPD, e para a fonte de variação progênes em todos os dias de avaliação e AACPD (TABELA 7).

Tabela 7 - Resumo das análises de variância conjunta das médias da nota de severidade do mofo branco das Progêneses S_{0:2} dos ciclos X, XI, XII e XIII inoculadas com *Sclerotinia sclerotiorum* (UFLA 27 e UFLA 145) aos 4, 5, 6, 7, 8 e 9 dias após a inoculação (DAI) e da área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD).

FV	G	QM						
	L	4 DAI	5 DAI	6 DAI	7 DAI	8 DAI	9 DAI	AACPD
Bloco/ Isolado	4	0,323	0,610	0,627	1,318	1,781	2,529	24,002
Isolado (I)	1	0,866	4,694*	7,185**	11,485**	11,019**	14,482***	192,323**
Progênie (P)	23	1,727***	4,656** *	7,088***	7,822***	11,362***	12,582***	177,637** *
I x P	23	0,229	0,605	0,656	0,885	1,013	1,3083	16,742
Resíduo	92	0,37	0,705	0,799	1,08	1,135	1,09	19,64

Genótipos	Média (LI - LS)						
	4 DAI	5 DAI	6 DAI	7 DAI	8 DAI	9 DAI	AACPD
Progênes	3,6 (3,2-4,9)	4,3 (2,8-6,4)	4,6 (2,9-7,3)	5,2 (2,9-7,4)	5,3 (3-8,6)	5,8 (3,3-9)	23,7 (14,6-36,4)
Test.	2,9	3,2	3,4	3,6	3,6	3,6	16,9
Resistente	(2,2-3,3)	(2,3-3,7)	(2,3-4)	(2,6-4,2)	(2,6-4,3)	(2,7-4,3)	(12,2-20,1)
Test.	4,2	5,8	6,4	7	7,8	8,4	33,5
Suscetível	(3,8-4,6)	(4,3-6)	(4,8-6,8)	(4,9-7,3)	(5,6-8,3)	(5,8-8,8)	(24,4-34,8)
CV (%)	20,8	26,8	28,5	28,8	30,8	29,6	27,7
r _{gg} (%)	88,66	92,1	94,2	92,8	94,9	95,6	94,3

Legenda: DAI: Dias após a inoculação; *, ** e*** Significativo a 5%, 1% e 0,1% respectivamente, pelo teste F.

Fonte: Da autora (2022).

Na Tabela 8 é apresentada a análise de variância das médias das progênes dentro de cada ciclo quanto à reação aos dois isolados de *S. sclerotiorum*. Para o isolado UFLA 27, somente as avaliações realizadas aos 8 e 9 DAI apresentaram efeito significativo para progênes. Houve efeito significativo para ciclo XII a partir do quinto DAI e AACPD. O coeficiente de variação (CV%) variou de 21,9 a 25,9%. A acurácia seletiva foi igual a zero para o 4 DAI e variou de 46,2 a 78,6 para as outras épocas de avaliação e AACPD. Quanto à reação ao isolado UFLA 145, houve efeito significativo para progênes e entre o ciclo CXII para todos os DAI e AACPD. Entre as progênes do ciclo CXIII houve efeito significativo a partir do 5 DAI e AACPD. O coeficiente de variação (CV%) variou de 13,6 a 16,6% para DAI e 25,7% para AACPD. A acurácia seletiva variou de 82,9 a 89,4% para DAI e 89,6 para AACPD.

Tabela 8 - Resumo das análises de variância das médias da nota de severidade do mofo branco das Progêneses S_{0:2} dentro de cada ciclo, inoculadas com *Sclerotinia sclerotiorum* (UFLA 27 e UFLA 145) aos 4, 5, 6, 7, 8 e 9 dias após inoculação (DAI) e da área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD).

FV	GL	UFLA 27						
		QM						
		4 DAI	5 DAI	6 DAI	7 DAI	8 DAI	9 DAI	AACPD
Progêneses	16	0,607	1,186	1,978	2,756	3,985*	3,956**	55,213
Entre CX	4	0,13	0,37	0,437	0,889	1,674	1,352	17,796
Entre CXI	4	0,667	0,767	1,067	1,567	153	1,622	28,46
Entre CXII	4	1,174	2,73*	5,5**	6,817**	10,859**	10,637**	143,051**
Entre CXIII	4	0,456	0,878	0,907	1,752	1,878	2,211	31,544
Entre ciclos	3	2,061	4,96	7,637	8,884	12,686	12,667	194,905
Resíduo	32	0,613	0,915	1,08	1,616	1,687	1,509	29,755
Média (LI-LS)		3,6 (2,7-4,7)	4,1 (2,8-5,7)	4,3 (2,9-6,8)	4,7 (2,9-7,4)	4,8 (3-8,6)	5,3 (3,3-8,7)	22,6 (14,6-34,9)
CV (%)		22,1	23,1	23,1	25,9	24,9	21,9	23,3
r _{gg} (%)		0	47,8	67,4	64,3	75,9	78,6	67,9
FV	GL	UFLA 145						
		QM						
		4 DAI	5 DAI	6 DAI	7 DAI	8 DAI	9 DAI	AACPD
Progêneses	16	0,819**	2,19**	3,209**	3,022**	3,705**	4,332**	68,807**
Entre CX	4	0,322	0,72	1,567	1,407	1,898	2,6	32,521
Entre CXI	4	0,548	1,044	1,396	1,333	1,567	1,674	26,952
Entre CXII	4	1,889**	4,729**	7,604**	6,507**	8,104**	9,363**	155,567**
Entre CXIII	4	0,519	2,278*	2,27*	2,841*	3,252*	3,692**	60,189**
Entre ciclos	3	0,328	2,628	3,838	2,338	4,872	5,328	73,829
Resíduo	32	0,256	0,461	0,655	0,838	0,876	0,871	13,591
Média (LI-LS)		3,8 (2,7-4,9)	4,6 (3-6,4)	5,1 (3-7,3)	5,6 (3,4-7,3)	5,8 (3,6-8,3)	6,2 (3,9-9)	26,2 (16,7-36,4)
CV		13,6	14,9	16,2	16,6	16,2	14,9	25,7
r _{gg} (%)		82,9	88,9	89,2	85	87,4	89,4	89,6

Legenda: DAI: Dias após a inoculação; * e ** Significativo a 5% e 1% respectivamente, pelo teste F. Fonte: Da autora (2022).

A Tabela 9 apresenta os resultados da análise de variância das médias das Progêneses S_{0:2} dos ciclos X, XI, XII e XIII, nos diferentes dias de avaliação após inoculação, quanto à reação aos isolados UFLA 27 e UFLA 145. Houve efeito significativo para genótipos, dias após a inoculação (DAI) e Interação G x E.

Tabela 9 - Resumo das análises de variância das médias da nota de severidade do mofo branco das Progêneses S_{0:2} dos ciclos X, XI, XII e XIII, nos diferentes dias de avaliação após inoculação, inoculadas com *Sclerotinia sclerotiorum* (UFLA 27 e UFLA 145).

FV	GL	UFLA 27	UFLA 145
Blocos	2	4,546	6,747
Genótipos (G)	23	21,504**	23,5484**
Erro a	46	5,630	3,252
DAI (E)	5	39,1204**	59,3874**
Erro b	10	0,375	0,242
Interação GxE	115	0,5054**	0,4714**
Erro c	230	0,126	0,169
Erros b c	240	0,137	0,172
Erros a c	276	1,043	0,683
Média (LI - LS)			
Progênes		5,1 (2,7-9)	4,4 (2,7-8,7)
Test. Resistentes		3 (2,2-4,3)	3,2 (2,6-3,9)
Test. Suscetíveis		6,6 (4,2-8,8)	5,7 (4,2-8,7)
CV GENÉTICO (%)		20,2	20,8
CV - Erro a (%)		51,1	35,4
CV - Erro b (%)		13,2	9,7
CV - Erro c (%)		7,7	8,1

Legenda: DAI: Dias após a inoculação; ** Significativo a 1% pelo teste F.

Fonte: Da autora (2022).

De acordo com o teste de Scott-Knott para médias da nota de severidade das progênes considerando à reação aos dois isolados (UFLA 27 e UFLA 145), Tabela 10 não houve diferenças significativas para as testemunhas resistentes (A195 e Cornell 605) ao longo dos dias de avaliação. As progênes 13/40 e 53/3, dos ciclos XIII e XII respectivamente, apresentaram comportamento semelhantes ao das testemunhas resistentes, não havendo diferenças significativas ao longo dos dias de avaliação.

Para as médias da nota de severidade das progênes quanto à reação ao isolado UFLA 27, Tabela 11, não houve diferença significativa para as testemunhas resistentes (A195 e Cornell 605) ao longo dos dias de avaliação. As cinco progênes dos ciclos XI e XIII, e 10/19, 10/107 e 10/267 do ciclo X, apresentaram comportamento similar ao das testemunhas resistentes, ou seja, não houve diferenças significativas ao longo dos dias de avaliação.

Tabela 10 – Médias da nota de severidade do mofo branco das Progêneses S_{0:2} dos ciclos X, XI, XII e XIII, nos diferentes dias de avaliação após inoculação, quanto à reação considerando a média dos isolados de *Sclerotinia sclerotiorum* UFLA 27 e UFLA 145.

Prog.	Ciclos	4 DAI	5 DAI	6 DAI	7 DAI	8 DAI	9 DAI
10/19	X	3,6 B c	4,3 B d	4,6 B e	5,0 A d	5,2 A d	5,8 A d
10/34	X	3,8 C c	4,9 B b	5,3 B d	6,0 A c	6,3 A c	6,8 A c
10/185	X	4,1 C b	4,9 B b	5,6 B c	6,1 A c	6,7 A c	7,2 A b
10/107	X	3,6 B c	4,0 B d	4,3 B f	4,9 A e	5,0 A d	5,4 A e
10/267	X	3,6 B c	4,3 B d	4,6 B e	5,2 A d	5,3 A d	5,7 A d
11/121	XI	3,2 B d	4,3 B d	4,8 A e	5,2 A d	5,3 A d	6,2 A d
11/296	XI	3,7 B c	4,4 B c	5,1 A d	5,4 A d	5,5 A d	5,9 A d
11/261	XI	4,0 B b	4,8 B b	5,2 B d	6,0 A c	6,4 A c	6,7 A c
11/364	XI	3,1 B d	3,7 B e	3,8 B f	4,2 A f	4,5 A e	5,1 A e
11/185	XI	3,1 B d	3,7 B e	4,2 B f	4,7 A e	5,0 A d	5,2 A e
56/5	XII	3,7 B c	4,8 A b	5,0 A d	5,1 A d	5,4 A d	5,8 A d
51/4	XII	4,3 C a	5,6 B a	6,3 A b	6,8 A b	7,3 A b	7,5 A b
61/3	XII	4,1 C b	5,1 C b	5,7 B c	5,9 B c	6,4 A c	7,2 A b
53/3	XII	2,9 A d	3,2 A f	3,3 A g	3,7 A g	3,9 A f	4,2 A f
59/9	XII	4,7 D a	6,0 C a	7,1 B a	7,4 B a	8,4 A a	8,8 A a
13/06	XIII	3,7 B c	4,5 B c	4,7 B e	5,2 A d	5,3 A d	5,8 A d
13/28	XIII	3,7 B c	4,1 B d	4,3 B f	4,8 A e	5,1 A d	5,6 A d
13/20	XIII	3,3 B d	3,6 B e	4,1 B f	4,4 A e	4,6 A e	5,0 A e
13/40	XIII	2,8 A d	2,9 A f	3,1 A g	3,2 A h	3,3 A g	3,6 A g
13/01	XIII	3,6 B c	3,8 B e	4,0 B f	4,7 A e	4,7 A e	5,2 A e
A195 (R)		3,3 A d	3,7 A e	3,9 A f	4,1 A f	4,1 A f	4,1 A f
Cornell 605 (R)		2,4 A e	2,5 A g	2,7 A h	2,9 A h	2,9 A g	2,9 A h
Beryl (S)		4,0 C b	5,1 C b	5,5 B c	5,8 B c	6,4 A c	6,9 A c
IPR Corujinha (S)		4,4 D a	5,9 C a	6,7 B b	7,3 B a	8,3 A a	8,7 A a

Legenda: As médias seguidas de mesma letra maiúscula na linha e minúscula na coluna não diferem entre si, ao nível de 5% de probabilidade pelo teste de Scott-Knott.

Fonte: Da autora (2022).

Tabela 11 – Médias da nota de severidade do mofo branco das Progêneses S_{0:2} dos ciclos X, XI, XII e XIII, nos diferentes dias de avaliação após inoculação, quanto à reação ao isolado de *Sclerotinia sclerotiorum* UFLA 27.

Prog.	Ciclo	4 DAI		5 DAI		6 DAI		7 DAI		8 DAI		9 DAI	
10/19	X	3,3	A c	4,3	A c	4,3	A d	4,7	A d	4,8	A e	5,6	A d
10/34	X	3,8	B b	5,0	B b	5,1	B c	6,0	A b	6,2	A d	6,7	A c
10/185	X	3,9	B b	4,6	B c	4,9	B c	5,6	A c	6,3	A d	6,6	A c
10/107	X	3,7	A b	4,1	A d	4,2	A d	4,9	A d	5,0	A e	5,2	A e
10/267	X	3,7	A b	4,2	A d	4,4	A d	5,0	A d	5,0	A e	5,4	A d
11/121	XI	2,9	A d	3,6	A d	4,3	A d	4,6	A e	4,6	A e	5,0	A e
11/296	XI	3,3	A c	3,9	A d	4,3	A d	4,8	A d	4,9	A e	5,2	A e
11/261	XI	4,0	A b	4,6	A c	5,0	A c	5,6	A c	5,9	A d	6,2	A c
11/364	XI	2,9	A d	3,2	A e	3,4	A e	3,8	A f	4,1	A f	4,6	A f
11/185	XI	3,0	A d	3,6	A d	3,8	A e	3,9	A f	4,2	A f	4,3	A f
56/5	XII	3,6	A b	4,4	A c	4,6	A d	4,6	A e	4,8	A e	5,3	A e
51/4	XII	4,7	B a	5,7	B a	6,4	A a	6,9	A a	7,4	A b	7,8	A b
61/3	XII	4,1	B a	5,0	B b	5,9	A b	6,2	A b	7,0	A c	7,8	A b
53/3	XII	3,2	A c	3,3	A e	3,6	A e	3,9	A f	4,0	A f	4,2	A f
59/9	XII	4,6	C a	5,6	C a	6,8	B a	7,4	B a	8,6	A a	8,7	A a
13/06	XIII	3,3	A c	3,7	A d	4,0	A e	4,2	A e	4,3	A f	4,9	A e
13/28	XIII	3,6	A b	4,0	A d	4,0	A e	4,2	A e	4,7	A e	5,0	A e
13/20	XIII	3,2	A c	3,3	A e	3,7	A e	3,9	A f	4,1	A f	4,6	A f
13/40	XIII	2,7	A d	2,8	A f	2,9	A f	2,9	A g	3,0	A g	3,3	A g
13/01	XIII	3,7	A b	4,1	A d	4,3	A d	5,0	A d	5,1	A e	5,7	A d
A195		3,2	A c	3,7	A d	3,8	A e	3,9	A f	3,9	A f	3,9	A f
Cornell 605		2,6	A d	2,7	A f	3,0	A f	3,2	A g	3,2	A g	3,2	A g
Beryl		3,8	A b	4,3	A c	4,8	A c	4,9	A d	5,6	A e	5,8	A d
IPR Corujinha		4,2	C a	6,0	B a	6,8	A a	7,3	A a	8,2	A a	8,7	A a

Legenda: As médias seguidas de mesma letra maiúscula na linha e minúscula na coluna não diferem entre si, ao nível de 5% de probabilidade pelo teste de Scott-Knott.

Fonte: Da autora (2022).

Segundo o teste de Scott- knott para médias da nota de severidade das progêneses quanto à reação ao isolado UFLA 145, Tabela 12, não houve diferenças significativas para as testemunhas resistentes (A195 e Cornell 605) ao longo dos dias de avaliação. As progêneses 13/01, 13/40 e 53/3, dos ciclos XIII, XIII e XII, respectivamente, apresentaram comportamento semelhante ao das testemunhas resistentes, não havendo diferenças significativa ao longo dos dias de avaliação.

Tabela 12– Médias da nota de severidade do mofo branco das progêneses S_{0:2} dos ciclos X, XI, XII e XIII, nos diferentes dias de avaliação após inoculação, quanto à reação ao isolado de *Sclerotinia sclerotiorum* UFLA 145.

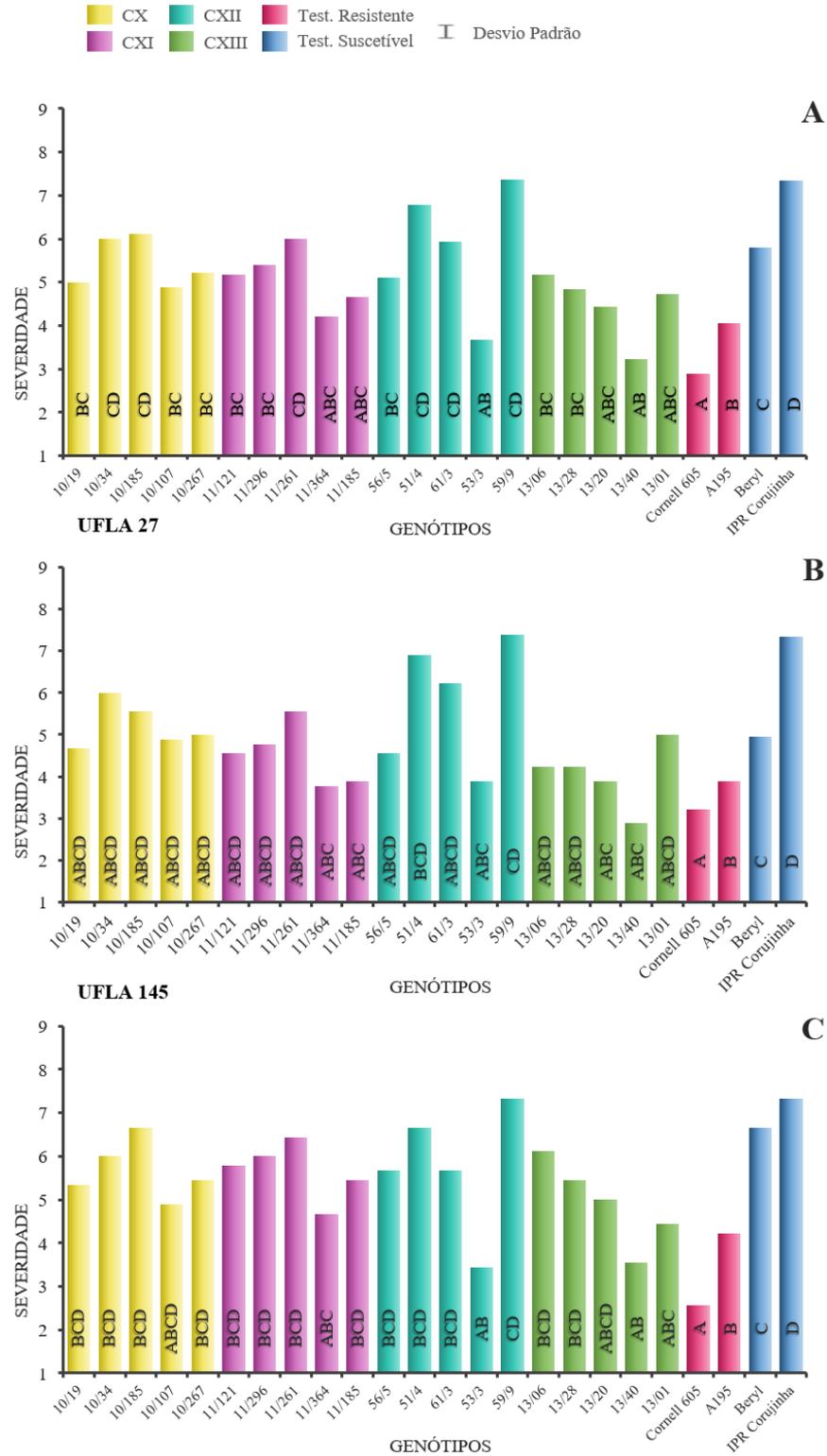
Prog.	Ciclos	4 DAI		5 DAI		6 DAI		7 DAI		8 DAI		9 DAI	
10/19	X	3,9	B b	4,3	B c	4,8	B d	5,3	A c	5,6	A c	6.0	A d
10/34	X	3,8	B b	4,8	B b	5,4	A c	6,0	A c	6,3	A c	6.9	A c
10/185	X	4,2	B b	5,2	B b	6,2	A b	6,7	A b	7,1	A b	7.9	A b
10/107	X	3,4	B c	3,9	B c	4,4	B d	4,9	A d	5,1	A d	5.6	A e
10/267	X	3,4	B c	4,3	B c	4,8	B d	5,4	A c	5,7	A c	6.0	A d
11/121	XI	3,6	D c	5,0	C b	5,3	C c	5,8	B c	6,1	B c	7.3	A c
11/296	XI	4,1	B b	5,0	B b	5,9	A c	6,0	A c	6,1	A c	6.7	A c
11/261	XI	4,0	B b	5,0	B b	5,4	B c	6,4	A b	6,9	A b	7.1	A c
11/364	XI	3,3	B c	4,1	B c	4,2	B d	4,7	A d	4,9	A d	5.6	A e
11/185	XI	3,1	B c	3,8	B c	4,6	B d	5,4	A c	5,8	A c	6.0	A d
56/5	XII	3,9	B b	5,1	A b	5,4	A c	5,7	A c	6,1	A c	6.2	A d
51/4	XII	4,0	C b	5,4	B b	6,2	A b	6,7	A b	7,1	A b	7.2	A c
61/3	XII	4,0	B b	5,1	A b	5,4	A c	5,7	A c	5,9	A c	6.6	A c
53/3	XII	2,7	A d	3,0	A d	3,0	A e	3,4	A e	3,9	A f	4.1	A g
59/9	XII	4,9	D a	6,4	C a	7,3	B a	7,3	B a	8,3	A a	9.0	A a
13/06	XIII	4,1	B b	5,3	A b	5,4	A c	6,1	A c	6,2	A c	6.7	A c
13/28	XIII	3,8	B b	4,2	B c	4,7	B d	5,4	A c	5,6	A c	6.1	A d
13/20	XIII	3,4	B c	3,9	B c	4,4	B d	5,0	A d	5,1	A d	5.4	A e
13/40	XIII	3,0	A c	3,0	A d	3,2	A e	3,6	A e	3,6	A f	3.9	A g
13/01	XIII	3,4	A c	3,6	A c	3,7	A e	4,4	A d	4,3	A e	4.7	A f
A195		3,3	A c	3,7	A c	4,0	A d	4,2	A d	4,3	A e	4,3	A g
Cornell 605		2,2	A d	2,3	A d	2,3	A f	2,6	A f	2,6	A g	2,7	A h
Beryl		4,2	C b	5,9	B a	6,2	B b	6,7	B b	7,3	A b	8,1	A b
IPR Corujinha		4,6	C a	5,7	B a	6,6	B b	7,3	A a	8,3	A a	8,8	A a

Legenda: As médias seguidas de mesma letra maiúscula na linha e minúscula na coluna não diferem entre si, ao nível de 5% de probabilidade pelo teste de Scott-Knott.

Fonte: Da autora (2022).

Segundo o teste de Dunnett, para média da nota de severidade das progêneses avaliadas aos 7 DAI considerando a média dos isolados, as progêneses 53/3 e 13/40, dos ciclos XII e XIII, respectivamente, apresentaram médias semelhante ao das testemunhas resistentes e diferiram das testemunhas suscetíveis (FIGURA 2A). Para médias das progêneses aos 7 DAI considerando o isolado UFLA 27, as progêneses 13/40, 11/364, 13/20, 53/3, 11/185, 13/28, apresentaram reação semelhante ao grupo de testemunhas resistentes, e diferiu da testemunha suscetível IPR Corujinha (FIGURA 2B). Para o isolado UFLA 145, figura 2C, as progêneses 53/3 e 13/40 apresentaram reação semelhante ao grupo de testemunhas resistentes e diferiram do grupo de testemunhas suscetíveis, assim como observado para o isolado UFLA 27.

Figura 2 - Médias da nota de severidade das progênes $S_{0:2}$ dos ciclos X, XI, XII e XIII, avaliadas 7 dias após a inoculação (DAI) de *Sclerotinia sclerotiorum*, considerando a média dos isolados utilizados (2A), e individualmente, UFLA 27 (2B) e UFLA 145 (2C).



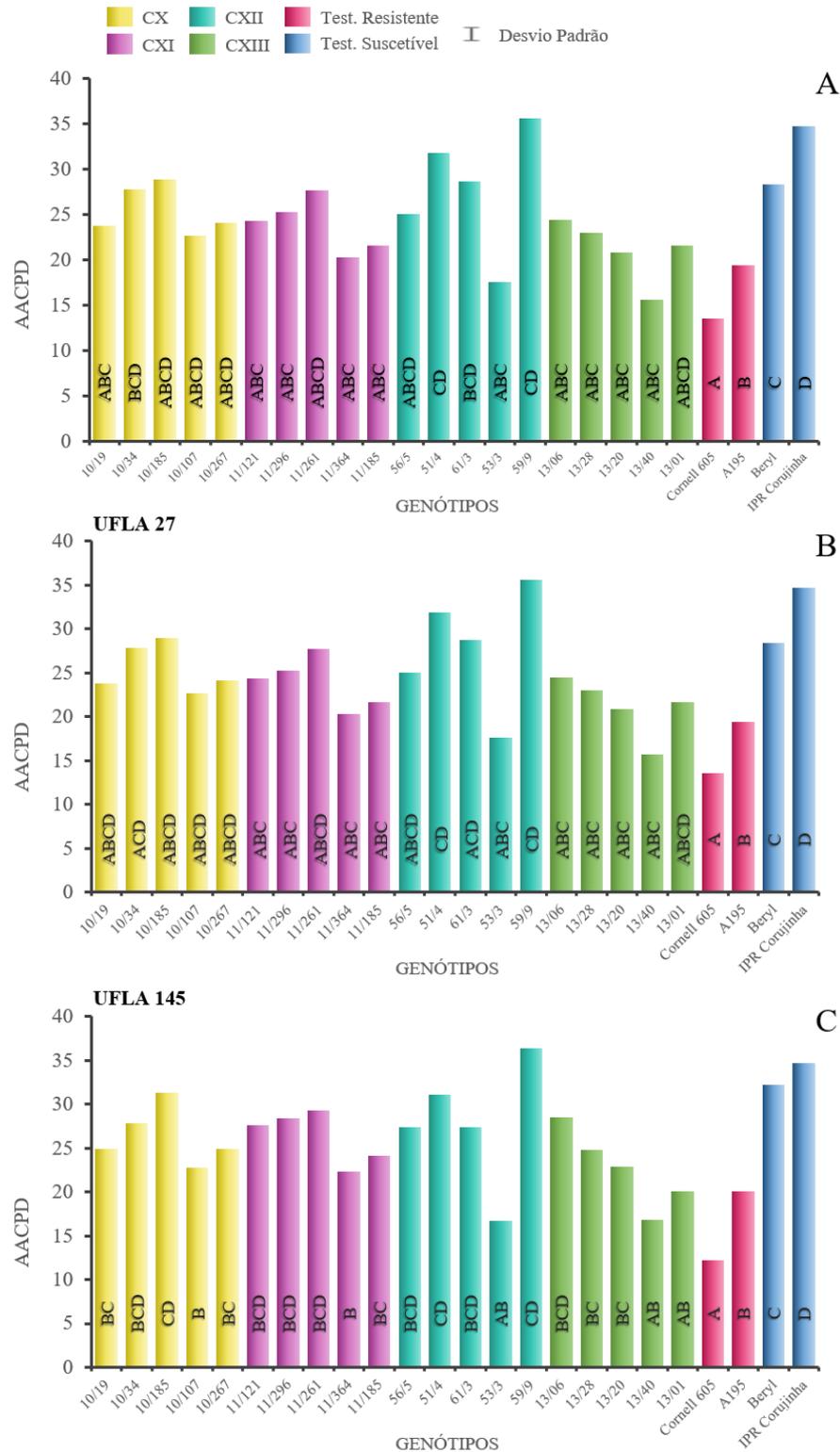
Legenda: As médias das Progênes seguidas pela mesma letra da testemunha são consideradas estatisticamente iguais pelo teste de Dunnett ao nível de 5% de probabilidade.

Fonte: Da autora (2022).

De acordo com o teste de Dunnett para média da AACPD, considerando a média dos isolados, observou-se que 1, 4, 1 e 4 progênies dos ciclos X, XI, XII e XIII respectivamente, apresentaram médias semelhantes ao das testemunhas resistentes e diferiram da testemunha suscetível IPR Corujinha (FIGURA 3A). Para a AACPD, no experimento com o isolado UFLA 27, observou-se que 4, 1 e 4 progênies dos ciclos XI, XII e XIII, respectivamente, apresentaram médias semelhante ao das testemunhas resistentes e diferiram da testemunha suscetível IPR Corujinha (FIGURA 3B). Para o isolado UFLA 145 observou-se que 1 e 2 progênies dos ciclos XII e XIII, respectivamente, apresentaram médias estatisticamente iguais ao das testemunhas resistentes e diferiram das testemunhas suscetíveis (FIGURA 3C).

Considerando as Progênies $S_{0.2}$ dentro de cada ciclo, observou-se comportamento semelhante na média e quanto à reação a cada isolado para as notas médias de severidade e para a AACPD, sendo o ciclo XIII o de desempenho mais próximo das Testemunhas resistentes (FIGURA 4).

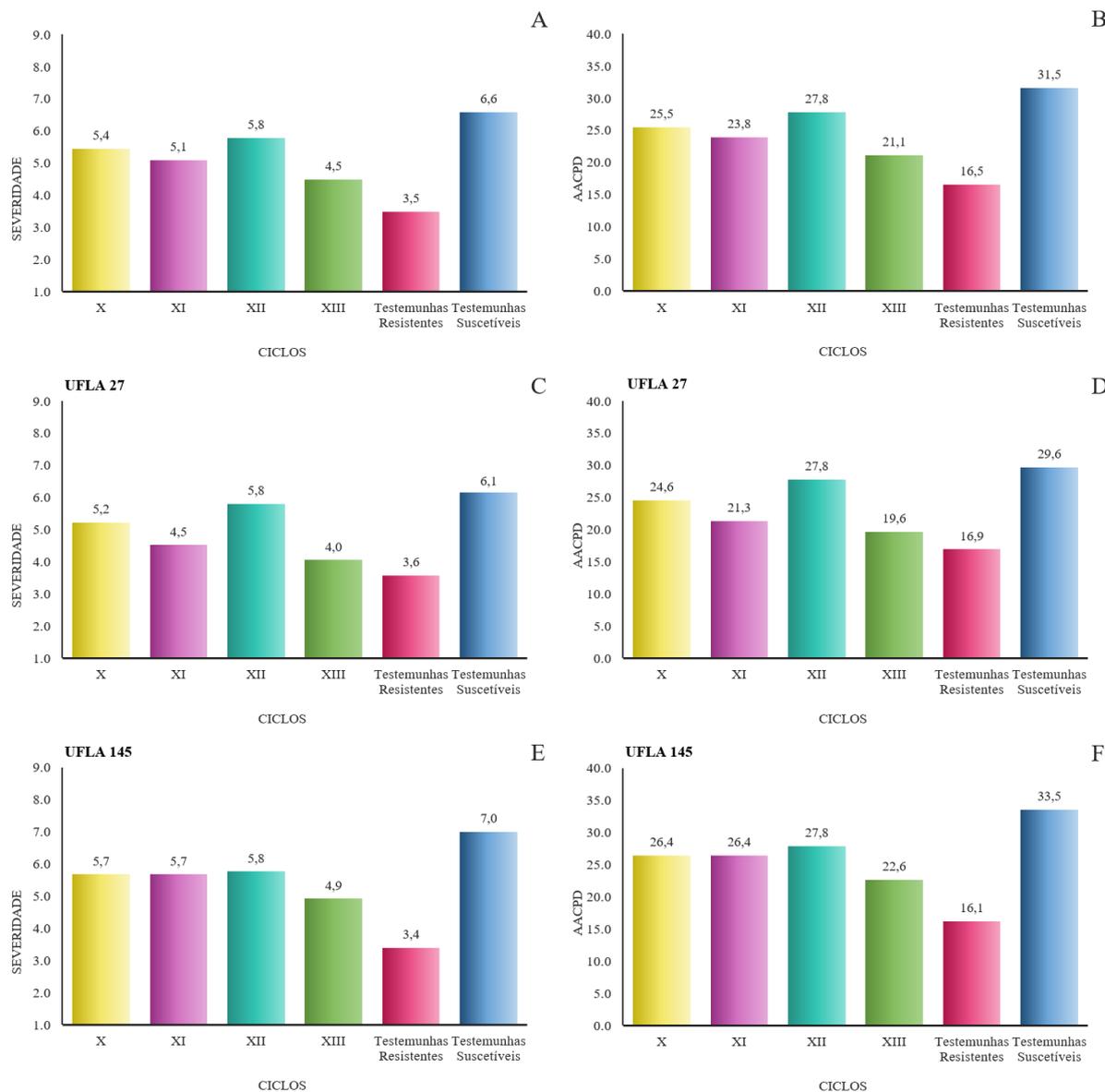
Figura 3- Média da área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD) para médias das progêneses $S_{0:2}$ dos ciclos X, XI, XII e XIII inoculadas com *Sclerotinia sclerotiorum*, considerando a média dos isolados (3A), e individualmente, UFLA 27 (3B) e UFLA 145 (3C).



Legenda: As médias das Progêneses seguidas pela mesma letra da testemunha são consideradas estatisticamente iguais pelo teste de Dunnett ao nível de 5% de probabilidade.

Fonte: Da autora (2022).

Figura 4 – Médias da nota de severidade aos sete dias após inoculação (4A, 4C e 4E) e da área abaixo da curva do progresso da doença (AACPD) (4B, 4D e 4F) das médias progêneses $S_{0:2}$ dentro dos ciclos X, XI, XII e XIII inoculadas com *Sclerotinia sclerotiorum*, considerando a média dos isolados, e individualmente, UFLA 27 e UFLA 145.



Fonte: Da autora (2022).

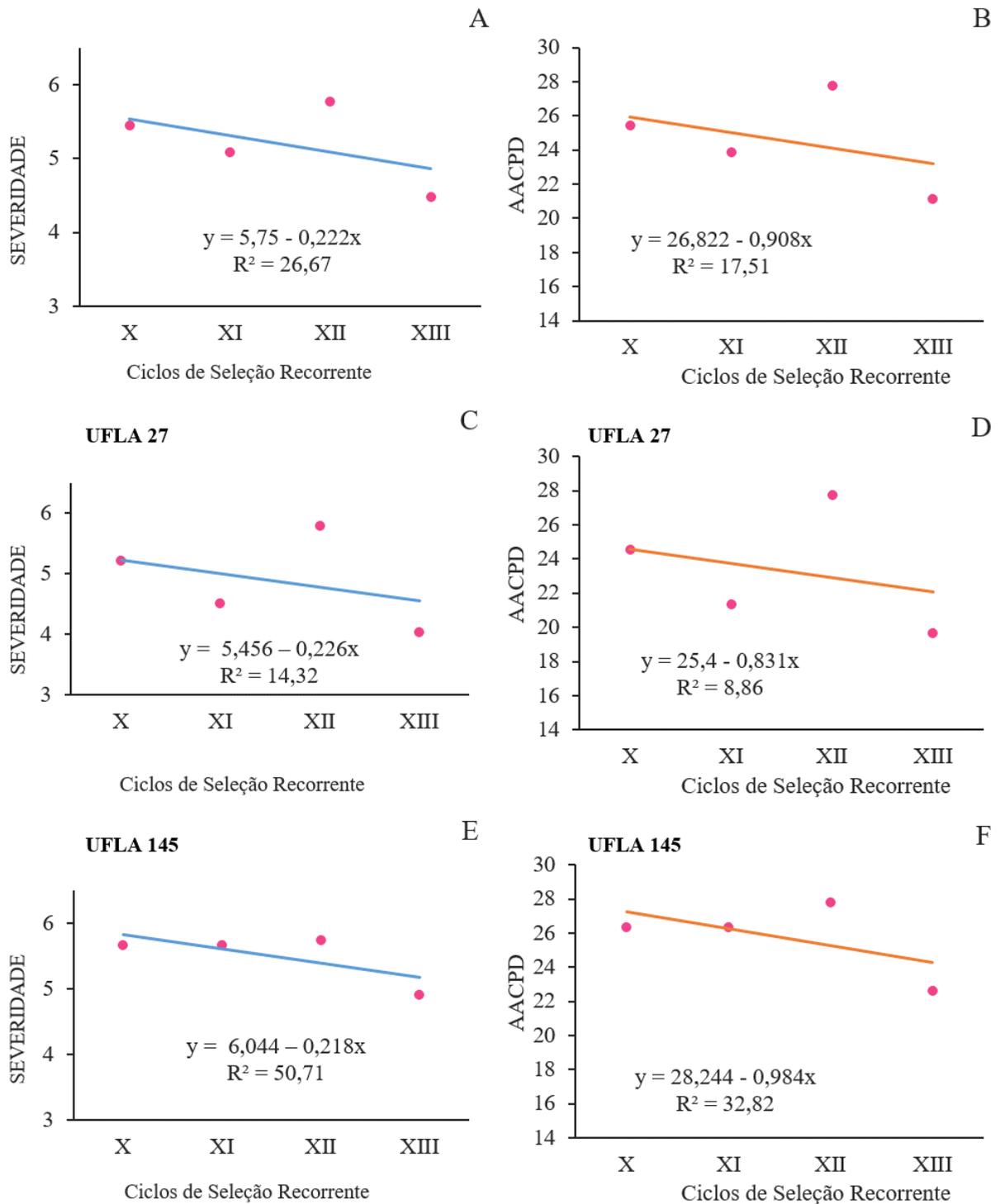
Na equação de regressão linear o número de ciclos corresponde à variável independente (x), e a média da nota de severidade avaliadas aos 7 DAI e a área abaixo da curva do progresso da doença (AACPD) das cinco melhores progêneses de cada ciclo, a variável dependente (y) (FIGURA 5). Foi observado um progresso genético (PG), considerando a média dos isolados, da média da nota de severidade ao mofo branco e da AACPD de 4,27% e 3,70%, respectivamente, reduzindo a média das progêneses em 0,222 para a severidade do mofo branco e a AACPD em 0,908, a cada ciclo de seleção recorrente realizado (FIGURA 5A e 5B). Para

o isolado de *S. sclerotiorum* UFLA 27 o progresso da média e da AACPD foram de 4,62% e 3,56%, respectivamente, reduzindo a média das progênies em 0,226 para a severidade do mofo branco e a AACPD em 0,831, a cada ciclo de seleção recorrente realizado (FIGURA 5C e 5D). Para o isolado UFLA 145 foram observados para média e AACPD um progresso de 3,96% e 3,82% respectivamente, reduzindo a média das progênies em 0,218 e AACPD em 0,984, a cada ciclo de seleção recorrente realizado (FIGURA 5E e 5F).

No ciclo XII houve um aumento na média das notas das progênies quanto à reação ao mofo branco. O ciclo XIII apresentou menor média das notas de severidade das progênies quanto à reação aos isolados de *S. sclerotiorum* UFLA 27 e UFLA 145, na média dos isolados e individualmente.

Foi estimado o progresso genético do ciclo XIII em relação ao XII. Observou-se no PG uma redução das médias da nota de severidade do mofo branco e AACPD, considerando a média dos isolados de 22,43% e 23,98%, para o isolado UFLA 27 de 30,13% e 29,32% e, para o isolado UFLA 145 de 14,67% e 18,63%, respectivamente. Obteve-se também, o progresso genético do ciclo XII em relação ao XI, para médias da nota de severidade do mofo branco avaliadas aos 7 DAI quanto à reação ao isolado UFLA 27, sendo observado um aumento nas médias das notas em 28,33%.

Figura 5 - Regressão das médias da nota de severidade aos sete dias após inoculação (5A, 5C e 5E) e da área abaixo da curva do progresso da doença (AACPD) (5B, 5D e 5F) das progênies da geração $S_{0:2}$ dos ciclos X, XI, XII e XIII inoculadas com *Sclerotinia sclerotiorum*, considerando a média dos isolados, UFLA 27 e UFLA 145.



Fonte: Da autora (2022).

5 DISCUSSÃO

Em programas de seleção recorrente, a estimativa do progresso genético para avaliar os ganhos obtidos com a seleção em um determinado período de tempo, deve ser realizada periodicamente. Tendo como objetivo orientar o melhorista quanto a ações corretivas e condução dos futuros ciclos de seleção, e conseqüentemente aumentar a eficiência do programa de melhoramento (RAMALHO et al., 2012). Diferentes metodologias para a obtenção do progresso genético em plantas autógamas são propostas na literatura, como exemplo, a comparação entre ciclos a partir da média geral das progênies dentro de cada ciclo (LEITE et al., 2016); a avaliação de famílias $S_{0:1}$ de cada ciclo com o emprego de testemunhas comuns (VASCONCELLOS et al. 2018); e a avaliação simultânea das melhores progênies identificadas nos diferentes ciclos (LOPES et al., 2019; VASCONCELLOS et al. 2018; RAMALHO; ABREU; SANTOS, 2005). No presente trabalho, foi realizado o XIII ciclo de seleção e as progênies foram avançadas até a geração $S_{0:2}$, para a estimativa do progresso genético adotou-se a avaliação em um experimento das cinco melhores progênies $S_{0:2}$ de quatro ciclos (X, XI, XII e XIII) quanto à reação a dois isolados de *S. sclerotiorum*, fungo causador do mofo branco.

A confiabilidade das análises dos dados foi aferida pela acurácia seletiva, que consiste na correlação entre o valor genotípico verdadeiro e o valor estimado a partir das informações experimentais. Estimativas acima de 70% indicam alta precisão experimental (RESENDE; DUARTE, 2007) e também, pelo coeficiente de variação experimental (CV), que quanto menor o valor maior a precisão dos experimentos. As avaliações das progênies $S_{0:2}$ do CXIII apresentaram estimativas elevada para acurácia ($r_{\hat{g}g} = 85,4\%$) e baixa para o CV (15,5%) evidenciando, portanto, boa precisão experimental, semelhante ao encontrado por Lopes et al. (2019). Os resultados para acurácia seletiva nos experimentos de progresso genético corroboram com os encontrados na literatura, que variam de 66 a 97% para avaliação do feijoeiro quanto a resistência ao mofo branco (LEITE et al., 2016; LOPES et al., 2019; MIKLAS et al., 2013; VASCONCELLOS et al., 2018).

A herdabilidade é um parâmetro importante para avaliar o sucesso com a seleção recorrente (RAMALHO et al., 2012), pois, expressa a confiança do valor fenotípico como indicador do valor reprodutivo, ou seja, o quanto da variação fenotípica pode ser herdado via seleção (BERNARDO, 2010). A estimativa de herdabilidade das progênies $S_{0:2}$ do ciclo XIII avaliadas quanto à resistência ao mofo branco, foi de alta magnitude ($h^2 = 72,8\%$), indicando a possibilidade de seleção de genótipos mais resistentes e obtenção de ganhos elevados. Há relatos na literatura, de estimativas de herdabilidade de magnitude baixa a moderada (LEITE et

al., 2016; VASCONCELLOS et al., 2018). Esses resultados evidenciam a presença de variabilidade genética nas progêneses mesmo após 13 ciclos de seleção recorrente.

Foram encontradas diferenças significativas entre as progêneses quanto a resistência ao mofo branco, exceto para o 4 DAI no isolado UFLA 27 e na conjunta ($P \leq 0,05$) (TABELAS 5, 6 e 7). Esses resultados indicam a ocorrência de diferentes níveis de resistência ao mofo branco entre as progêneses, e provavelmente a presença de diferentes alelos de resistência, evidenciando a variabilidade genética entre os genitores usados no início do programa de seleção recorrente e as progêneses, o que é indispensável para se obter ganho. Resultados semelhantes são encontrados na literatura (LEITE et al., 2016; LOPES et al., 2019; VASCONCELLOS et al., 2018). A condição de temperatura favorável para a ocorrência do mofo branco é entre 15 - 25° C (FERREIRA et al. 2019). Durante o período de avaliação, as temperaturas variaram de 10 a 18,9° C dentro da casa de vegetação. Isso pode justificar as notas médias mais elevadas da severidade do mofo branco da testemunha A195, considerada como padrão de resistência. Resultados semelhantes foram encontrados por Singh et al. (2017).

A avaliação das progêneses quanto à reação a diferentes isolados de *S. sclerotiorum* de diferentes locais, auxilia na identificação de genótipos com resistência específica e de amplo espectro, podendo ser um direcionador para o melhorista no momento de recomendação dos genótipos. Trabalhos conduzidos por Otto-Hanson et al. (2011), Singh et al. (2016) e (2017) e Viteri et al. (2015), utilizaram diferentes isolados de *S. sclerotiorum* na identificação de genótipos de feijão comum resistentes ao mofo branco, caracterizando-os quanto à resistência específica e de amplo espectro. No presente trabalho não foi observada interação progêneses x isolados, sugerindo que a reação das progêneses dos diferentes ciclos foi coincidente para ambos os isolados. Esses dados corroboram com os observados por Otto-Hanson et al. (2011) e Viteri et al. (2015). Nas análises de variância das médias das melhores progêneses dentro de cada ciclo, houve efeito significativo para o ciclo XII quanto à reação aos isolados UFLA 27 e UFLA 145 (TABELA 8). Esse resultado pode estar relacionado com o aumento da nota média das progêneses do ciclo XII, evidenciado na média da nota de severidade do mofo branco avaliadas 7 DAI e AACPD (FIGURA 2 e 4). A ausência de interação progêneses x isolados sugere que alelos de resistência que conferem amplo espectro têm sido fixados ao longo dos ciclos de seleção recorrente do programa da UFLA. Portanto, isto evidencia a possibilidade de se obter resistência durável (JUNQUEIRA et al., 2022).

Embora na análise de variância referente aos dias de avaliação após inoculação (DAI), Tabela 9, tenha apresentado efeito significativo para o DAI, não foi evidenciado pelo teste Scott-Knott diferenças significativas ao longo dos dias de avaliação com base nas testemunhas

(TABELAS 10, 11 e 12). Esses resultados indicam a manutenção da avaliação aos 7 DAI, como proposta na metodologia de Petzoldt e Dickson (1996). As progênies 13/40 e 53/3 dos ciclos XIII e XII, respectivamente, mantiveram o mesmo comportamento das testemunhas resistentes ao longo dos dias de avaliação. Também apresentaram boa qualidade de grãos, do tipo carioca com fundo e listras marrom. Esses resultados confirmam a eficiência da seleção recorrente em acumular alelos favoráveis para características quantitativas, em ciclos já avançados. Portanto é possível obter linhagens adaptadas a região, com elevado nível de resistência e boa qualidade de grãos.

O progresso genético obtido da avaliação das melhores progênies $S_{0:2}$ para média da nota de severidade e AACPD, considerando as médias dos isolados foram de 4,27% e 3,70% respectivamente, e, quanto à reação ao isolado UFLA 27 foram de 4,62% e 3,56%, respectivamente, e, para o isolado UFLA 145 foram de 3,96% e 3,82% respectivamente, na redução da severidade da doença, ou seja, um aumento na resistência das progênies (FIGURA 5). Leite et al. (2016) avaliaram as melhores progênies do ciclo C0 ao CVI, que foram obtidas em campo, e observou um ganho de 3,8% na redução das notas médias das progênies quanto à reação ao isolado UFLA 27. Vasconcellos et al. (2018) relataram um ganho de 6,07% por ciclo na redução da severidade da doença utilizando o isolado UFLA 27 e observaram ganhos adicionais para características como arquitetura de planta e tipo de grãos. Lopes et al. (2019) observaram em suas avaliações das melhores progênies dos ciclos IX ao XII quanto à reação ao isolado UFLA 27, um ganho de 4,25% por ciclo, na redução da severidade da doença. Dessa forma, os resultados deste trabalho estão de acordo com os relatados na literatura, e evidenciam a efetividade da seleção recorrente em acumular alelos favoráveis à resistência ao mofo branco. Outros programas de seleção recorrente têm sido conduzidos na Universidade Federal de Lavras e ganhos significativos têm sido observados para a resistência à mancha angular (PÁDUA et al., 2021), produtividade de grãos e arquitetura de plantas (PIRES et al., 2014; RAMALHO; ABREU; SANTOS, 2005) e antracnose (COSTA et al., 2020).

Foi observado um progresso genético na redução da média das melhores progênies do ciclo XIII em relação ao ciclo XII considerando a média dos isolados de 22,43% e, de 30,13% e 14,67% para os isolados UFLA 27 e UFLA 145, respectivamente. Esses resultados apresentam-se promissores, confirmando a eficiência da seleção para resistência ao mofo branco em casa de vegetação, uma vez que possibilita a ocorrência de condições mais adequadas para o desenvolvimento do patógeno, assim como relatado por Lopes et al. (2019). Os ganhos obtidos para o isolado UFLA 145, evidenciam a eficácia da seleção recorrente na obtenção de resistência de amplo espectro, uma vez que a seleção tem sido realizada apenas

com o isolado UFLA 27 (LEITE et al., 2016; LOPES et al., 2019; VASCONCELLOS et al., 2018).

No ciclo XII foi observado um aumento na média das progênies $S_{0:2}$ considerando a média dos isolados e, quanto à reação individual aos isolados UFLA 27 e UFLA 145, porém, no ciclo CXIII observou-se a menor média de notas das progênies (FIGURA 4). O progresso genético observado para o ciclo XII em relação ao CXI, foi de um aumento na média de 28,33%. Esse aumento pode ser explicado pela mudança na metodologia de avaliação das progênies a partir do CXI, pois nos ciclos anteriores as avaliações foram realizadas em campo (LEITE et al., 2016; VASCONCELLOS et al., 2018). A partir do ciclo XII as etapas de obtenção e avaliação das progênies de cada ciclo passou a ser realizadas em casa de vegetação (LOPES et al., 2019). Junqueira et al. (2022) e Lehner et al. (2016), relatam influencia na agressividade do isolados de *S. sclerotiorum* em razão das condições ambientais (campo e casa de vegetação) e o método de inoculação. Os resultados do CXIII, obtidos neste trabalho, evidenciam a eficácia na identificação de genótipos resistentes quanto à reação ao mofo branco avaliados em casa de vegetação. Também confirmam a eficiência da seleção recorrente em associar alelos favoráveis para resistência ao mofo branco, bem como, a manutenção de variabilidade genética entre os genitores e progênies.

6 CONCLUSÃO

Sugere-se a seleção das progênies 13/40 do ciclo XIII e 53/3 do ciclo XII para avanço de geração e possível obtenção de linhagens de feijoeiro comum com alto nível de resistência ao mofo branco, adaptada a região e com qualidade de grãos comercial.

Obteve-se progresso genético na redução das médias da nota de severidade do mofo branco em 4,27%, considerando os dois isolados.

Há possibilidade de identificar plantas de feijoeiro comum com resistência parcial utilizando diferentes isolados, devido a presença de variabilidade genética, mesmo após 13 ciclos de seleção recorrente.

REFERÊNCIAS

- ABÁN, C. L. et al. Screening common bean germplasm for resistance to genetically diverse *Sclerotinia sclerotiorum* isolates from Argentina. **Acta Scientiarum**, Viçosa, v. 42, 2020.
- ABREU, M. J.; SOUZA, E. A. Investigation of *Sclerotinia sclerotiorum* strains variability in Brazil. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 14, n. 2, p. 6879-6896, 2015.
- ABREU, M. J. et al. Phenotypic and genotypic characterization of single isolate-derived monoascospore strains of *Sclerotinia sclerotiorum* from common bean. **Tropical Plant Pathology**, Brasília, v. 44, n. 6, p. 533-540, 2019.
- ALVES, A. F. et al. Genetic progress and potential of common bean families obtained by recurrent selection. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 15, n. 4, p. 218-226, 2015.
- ALZATE-MARIN, A. L. et al. Seleção assistida por marcadores moleculares visando ao desenvolvimento de plantas resistentes a doenças, com ênfase em feijoeiro e soja. **Fitopatologia brasileira**, Brasília, v. 30, n. 4, p. 333-342, 2005.
- AMARO, G. B. et al. Phenotypic recurrent selection in the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) with carioca-type grains for resistance to the fungi *Phaeoisariopsis griseola*. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 30, n. 3, p. 584-588, 2007.
- ANJOS, R. S. R. et al. Selection for hypocotyl diameter results in genetic gain in common bean plant architecture. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 18, n. 4, p. 417-425, 2018.
- ANTONIO, R. P. et al. Seleção assistida por marcadores de DNA em retrocruzamento visando resistência ao mofo branco em feijoeiro. **Revista Caatinga**, v. 25, n. 4, p. 61-67, 2012.
- ARANTES, L. D. O.; ABREU, Â. F. B.; RAMALHO, M. A. P. Eight cycles of recurrent selection for resistance to angular leaf spot in common bean. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 10, n. 3, p. 232-237, 2010.
- ARIANI, A. et al. Genome-wide identification of SNPs and copy number variation in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) using genotyping-by-sequencing (GBS). **Molecular Breeding**, v. 36, n. 7, p. 87, 2016.
- ASSEFA, T. et al. A review of breeding objectives, genomic resources, and marker-assisted methods in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Molecular Breeding**, v. 39, n. 2, p. 20, 2019.
- ATTANAYAKE, R. N.; XU, L.; CHEN, W. *Sclerotinia sclerotiorum* populations: clonal or recombining?. **Tropical Plant Pathology**, Brasília, v. 44, n. 1, p. 23-31, 2019.
- BEARZOTI, E. **Simulação de seleção recorrente assistida por marcadores moleculares em espécies autógamas**. 1997. 230 f. Tese (Doutorado em Agronomia) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Piracicaba, 1997.

BELLUCCI, E. et al. Genomics of origin, domestication and evolution of *Phaseolus vulgaris*. In: TUBEROSA R.; GRANER A.; FRISON E. (eds) **Genomics of plant genetic resources**. Springer, Dordrecht, p. 483-507, 2014.

BENCHIMOL, L. L. et al. Structure of genetic diversity among common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) varieties of Mesoamerican and Andean origins using new developed microsatellite markers. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 54, n. 8, p. 1747-1762, 2007.

BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. Woodbury: Stemma press, 2010.

BITOCCHI, E. et al. Molecular analysis of the parallel domestication of the common bean (*Phaseolus vulgaris*) in Mesoamerica and the Andes. **New Phytologist**, Oxford, v. 197, n. 1, p. 300-313, 2013.

BLAIR, M. W. et al. Development of a genome-wide anchored microsatellite map for common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Theoretical and Applied Genetics**, v. 107, n. 8, p. 1362-1374, 2003.

BLAIR, M. W. et al. Development and diversity of Andean-derived, gene-based microsatellites for common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **BMC Plant Biology**, v. 9, n. 1, p. 1-14, 2009.

BOLAND, G. J.; HALL, R. Index of plants of hosts of *Sclerotinia sclerotiorum*. **Canadian Journal Plant Pathology**, Ottawa, v. 16, p. 93-108, 1994.

BOLTON, M. D.; THOMMA, B. P. H. J.; NELSON, B. D. *Sclerotinia sclerotiorum* (Lib.) de Bary: Biology and molecular traits of a cosmopolitan pathogen. **Molecular Plant Pathology**, London, v. 7, n. 1, p. 1-16, 2006.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 5. ed. Viçosa, MG: Editora UFV. 2009. 529 p.

BUSO, G. S. C. et al. Microsatellite markers for the common bean *Phaseolus vulgaris*. **Molecular Ecology Notes**, v. 6, n. 1, p. 252-254, 2006.

CARDOSO, J. M. K. et al. New microsatellite markers developed from an enriched microsatellite common bean library. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 43, p. 929-936, 2008.

CARNEIRO, F. F. **Estratégias visando a seleção de linhagens de feijão resistentes ao mofo branco**. 148 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2012.

CHAUHAN, S. et al. Screening and identification of resistant sources against *Sclerotinia sclerotiorum* causing white mold disease in common bean. **Crop Science**, Madison, v. 60, n. 4, p. 1986-1996, 2020.

CHAVES, G. M. Estudos sobre *Sclerotinia sclerotiorum* (Lib.) De Bary. **Experientiae**, Viçosa, v. 4, n. 2, p. 69-133, nov. 1964.

COBB, J. N. et al. Enhancing the rate of genetic gain in public-sector plant breeding programs: lessons from the breeder's equation. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlim, v. 132, n. 3, p. 627-645, 2019.

COSTA, L. C. et al. Effectiveness of recurrent selection aiming anthracnose resistance in common bean. **Annual report of the bean improvement cooperative**, Fort Collins, v. 63, p. 73-74, 2020.

CRUZ, C. D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**. v. 35, n. 3, p. 271-276, 2013.

CUNHA, W. G.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Selection aiming at upright growth habit common bean with carioca type grains. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 5, n. 4, 2005.

DE RON, A. M. et al. Common Bean. In: DE RON, A. M. **Grain Legumes**. Handbook of Plant Breeding. Springer, v. 10, p. 1-36, 2015.

DIAS, J. A. **Seleção recorrente em feijoeiro visando a resistência ao mofo branco**. 2015. 81 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) -Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2015.

DÍAZ, L. M.; BLAIR, M. W. Race structure within the Mesoamerican gene pool of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) as determined by microsatellite markers. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 114, n. 1, p. 143-154, 2006.

EMBRAPA ARROZ E FEIJÃO. Dados conjunturais da produção de feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) e caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp) no Brasil (1985 a 2019): área, produção e rendimento. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2020. Disponível em: <<http://www.cnpaf.embrapa.br/socioeconomia/index.htm>>. Acesso em: 05/07/2022.

FAO. FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS. Production share by region. Disponível em: <<http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC>>. Acesso em: jul. 2022.

FARIA, L. C. et al. Genetic progress during 22 years of improvement of carioca-type common bean in Brazil. **Field Crops Research**, v. 142, p. 68-74, 2013.

FERREIRA, L. U. et al. Comparison of inoculation methods for selecting common bean genotypes with physiological resistance to white mold. **Tropical Plant Pathology**, Brasília, v. 44, n. 1, p. 65-72, 2019.

GAITÁN-SOLÍS, E. et al. Microsatellite Repeats in Common Bean (*Phaseolus vulgaris*) Isolation, Characterization, and Cross-Species Amplification in *Phaseolus* ssp. **Crop science**, v. 42, n. 6, p. 2128-2136, 2002.

GARCIA, R. A.; JULIATTI, F. C.; CASSEMIRO, T. A. Produção de escleródios de *Sclerotinia sclerotiorum* (Lib.) de Bary em meio de cultura. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 28, n. 1, p.1-7, 2012.

GARCIA, R. AV et al. The characterization of a new set of EST-derived simple sequence repeat (SSR) markers as a resource for the genetic analysis of *Phaseolus vulgaris*. **BMC genetics**, v. 12, n. 1, p. 1-14, 2011.

GERALDI, I. O. Selección recurrente en el mejoramiento de plantas. In: GUIMARÃES, E. P. (Ed.). **Selección recurrente en arroz**. CIAT: Cali, p. 3-11, 1997.

GERALDI, I. O. Por que realizar seleção recorrente? In: SIMPÓSIO DE ATUALIZAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS, 9., 2005, Lavras. **Anais...** Lavras: Editora da UFLA, 2005. p. 1-8.

GOMES, E. V. et al. Microsatellite markers reveal genetic variation within *Sclerotinia sclerotiorum* populations in irrigated dry bean crops in Brazil. **Journal of Phytopathology**, Berlin, v. 159, n. 2, p. 94-99, 2011.

GÖRGEN, C. A. et al. Redução do inóculo inicial de *Sclerotinia sclerotiorum* em soja cultivada após uso do sistema Santa Fé. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 45, n. 10, p. 1102-1108, 2010.

GRISI, M. C. M. et al. Genetic mapping of a new set of microsatellite markers in a reference common bean (*Phaseolus vulgaris*) population BAT93 x Jalo EEP558. **Genetics and Molecular Research Genet. Mol. Res**, v. 6, n. 63, p. 691–706, 2007.

HALLAUER, A. R; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. Ames. Iowa State University Press, 2 edition, 1988.

HEINEMANN, A. B. et al. Climate change determined drought stress profiles in rainfed common bean production systems in Brazil. **Agricultural and Forest Meteorology**, v. 246, p. 64-77, 2017.

HULL, F. H. Recurrent selection for specific combining ability in corn 1. **Agronomy Journal**, Madison, v. 37, n. 2, p. 134-145, 1945.

JULIATTI, F. C. et al. *Sclerotinia sclerotiorum* e Mofo branco: Estudos básicos e aplicados. **Revisão Anual de Patologia de Plantas (RAPP)**, Brasília, v. 23, p. 159-194, 2015.

JUNQUEIRA, M. A. et al. Resistance of common bean lines to *Sclerotinia sclerotiorum* isolates in different environment conditions. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, 2022. (Aceito para publicação.)

KABBAGE, M.; YARDEN, O.; DICKMAN, M. B. Pathogenic attributes of *Sclerotinia sclerotiorum*: switching from a biotrophic to necrotrophic lifestyle. **Plant Science**, Amsterdã, v. 233, p. 53-60, 2015.

KIMATI, H. et al. **Manual de fitopatologia**. 4. ed. São Paulo: Agronômica Ceres, v.2, 2005.

KNAPP, S. J. et al. Exact confidence intervals for heritability on a progeny mean basis 1. **Crop Science**, v. 25, n. 1, p. 192-194, 1985.

KOGA, L. J. et al. Mycelial compatibility and aggressiveness of *Sclerotinia sclerotiorum* isolates from Brazil and the United States. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 49, n. 4, p. 265-272, 2014.

LARA, L. A. C. et al. Identification of QTLs of resistance to white mold in common bean from multiple markers by using Bayesian analysis. **Genetics and Molecular Research**, v. 14, n. 1, p. 1124-1135, 2015.

LEHNER, M. S. et al. Sclerotia morphology traits and mycelial growth rate are not informative variables for population studies of *Sclerotinia sclerotiorum*. **Tropical Plant Pathology**, Brasília, v. 39, n. 6, p. 471-477, 2014.

LEHNER, M. S. et al. Fungicide sensitivity of *Sclerotinia sclerotiorum*: A thorough assessment using discriminatory dose, EC50, high-resolution melting analysis, and description of new point mutation associated with thiophanate-methyl resistance. **Plant Disease**, v. 99, n. 11, p. 1537-1543, 2015.

LEHNER, M. S. et al. Similar aggressiveness of phenotypically and genotypically distinct isolates of *Sclerotinia sclerotiorum*. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 100, n. 2, p. 360-366, 2016.

LEHNER, M. S. et al. The population of *Sclerotinia sclerotiorum* affecting common bean in Brazil is structured by mycelial compatibility groups. **Tropical Plant Pathology**, Brasília, v. 44, n. 1, p. 41-52, 2019.

LEITE, M. E. et al. Increasing the resistance of common bean to white mold through recurrent selection. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 73, n. 1, p. 71-78, 2016.

LEITE, M. E. et al. Reaction of common bean lines derived from recurrent selection for white mold resistance and aggressiveness of *Sclerotinia sclerotiorum* isolates. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 33, n. 5, p. 1177-1187, 2017.

LEMOS, R. C. et al. A half century of a bean breeding program in the South and Alto Paranaíba regions of Minas Gerais. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 20, n. 2, 2020.

LIANG, X.; ROLLINS, J. A. Mechanisms of broad host range necrotrophic pathogenesis in *Sclerotinia sclerotiorum*. **Phytopathology**, v. 108, n. 10, p. 1128-1140, 2018.

LOPES, F. S. **Seleção recorrente em feijão visando resistência ao mofo branco em casa de vegetação**. 2017. 51 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2017.

LOPES, F. S. et al. Recurrent selection in common bean aiming at resistance to white mold in a greenhouse. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 19, n. 1, p. 95-101, 2019.

MAPA - Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Disponível em: <http://www.agricultura.gov.br/>. Acesso em: 28 mai. 2022.

MATOS, J. W.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Trinta e dois anos do programa de melhoramento do feijoeiro comum em Minas Gerais. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 31, n. 6, p. 1749-1754, 2007.

MCCAGHEY, M. et al. The complexity of the *Sclerotinia sclerotiorum* pathosystem in soybean: virulence factors, resistance mechanisms, and their exploitation to control Sclerotinia stem rot. **Tropical Plant Pathology**, Brasília, v. 44, n. 1, p. 12-22, 2019.

MELO, B. S. et al. Morphological and molecular aspects of sclerotial development in the phytopathogenic fungus *Sclerotinia sclerotiorum*. **Microbiological Research**, Amsterdã, v. 229, p. 126326, 2019.

MENEZES JÚNIOR, J. A. N.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Seleção recorrente para três caracteres do feijoeiro. **Bragantia**, Campinas, v. 67, n. 4, p. 833-838, 2008.

MENEZES JÚNIOR, J. A. N. et al. Two cycles of recurrent selection in red bean breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 13, n. 1, p. 41-48, 2013.

MIKLAS, P. N. et al. Registration of partial white mold resistant pinto bean germplasm line USPT-WM-1. **Crop Science**, Madison, v. 46, n. 5, p. 2339-2339, 2006.

MIKLAS, P. N. et al. Characterization of white mold disease avoidance in common bean. **European Journal of Plant Pathology**, Dordrecht, v. 135, n. 3, p. 525-543, 2013.

MIORINI, T. J. et al. Differential aggressiveness of *Sclerotinia sclerotiorum* isolates from North and South America and partial host resistance in Brazilian soybean and dry bean cultivars. **Tropical Plant Pathology**, Brasília, v. 44, n. 1, p. 73-81, 2019.

NAY, M. M. et al. A review of angular leaf spot resistance in common bean. **Crop Science**, Madison, v. 59, n. 4, p. 1376-1391, 2019.

NELSON, R. et al. Navigating complexity to breed disease-resistant crops. **Nature Reviews Genetics**, London, v. 19, n. 1, p. 21, 2018.

NG'AYU-WANJAU, B. N. et al. Development of a breeding method for durable resistance to angular leaf spot in common bean. **Euphytica**, Dordrecht, v. 208, n. 1, p. 91-100, 2016.

ORDÓÑEZ-VALENCIA, C. et al. Morphological development of sclerotia by *Sclerotinia sclerotiorum*: a view from light and scanning electron microscopy. **Annals of microbiology**, Amsterdã, v. 65, n. 2, p. 765-770, 2014.

OTTO-HANSON, L. et al. Variation in *Sclerotinia sclerotiorum* bean isolates from multisite resistance screening locations. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 95, n. 11, p. 1370-1377, 2011.

PÁDUA, P. F. de et al. Efficiency of a recurrent selection method to achieve resistance of common beans to *Pseudocercospora griseola* in a short period. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 45, 2021.

PANNULLO, A. et al. Genetic variation and structure of *Sclerotinia sclerotiorum* populations from soybean in Brazil. **Tropical Plant Pathology**, Brasília, v. 44, n. 1, p. 53-64, 2019.

PEREIRA, F. S. et al. Estratégias de controle de mofo branco do feijoeiro. **Enciclopédia Biosfera**, Goiânia, v. 9, n. 17, p. 1354-1371, 2013.

PEREIRA, L. A. et al. Genetic progress estimation strategy for upright common bean plants using recurrent selection. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 16, n. 1, 2017.

PERIPOLLI, M.; MARTINELLI, J. A.; DELATORRE, C. A. Avaliação da agressividade e da diversidade genética de *Sclerotinia sclerotiorum* em tabaco no sul do Brasil. **Summa Phytopathologica**, v. 44, n. 2, p. 170-177, 2018.

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

PIRES, L. P. M. et al. Recurrent mass selection for upright plant architecture in common bean. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 71, n. 3, p. 240-243, 2014.

PORTO, A. C. M. et al. SSR Markers linked to meta-QTLs for white mold resistance in common bean. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, Fort Collins, v. 60, p. 35-36, 2017.

PORTO, A. C. M. et al. Choice of improved phenotyping methods for bean plant reactions to white mold by non-linear model adjustments of symptom progression. **Australasian Plant Pathology**, Amsterdã, v. 48, n. 3, p. 257-266, 2019.

RAHMAN, M. M. E. et al. Molecular characterization, mycelial compatibility grouping, and aggressiveness of a newly emerging phytopathogen, *Sclerotinia sclerotiorum*, causing white mold disease in new host crops in Bangladesh. **Journal of Plant Pathology**, Portici, v. 102, p. 775-785, 2020.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; SANTOS, J. B. Genetic progress after four cycles of recurrent selection for yield and grain traits in common bean. **Euphytica**, Dordrecht, v. 144, n. 1-2, p. 23-29, 2005.

RAMALHO, M. A. P. et al. **Aplicações da Genética Quantitativa no Melhoramento de Plantas Autógamas**. Lavras Mg: UFLA, 2012. 522 p.

RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesq Agropec Trop**. v. 37, p. 182-194, 2007.

SCHWARTZ, H.F.; STEADMAN, J.R. 1989. White mold. In: H.F. Schwartz, M.A. Pastor Corrales, editors, **Bean production problems in the tropics**. 2nd ed. CIAT, Cali, Colombia. p. 211- 230.

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

SHANER, G.; FINNEY, R. E. The effect of nitrogen fertilization on the expression of slow mildewing resistance in Knox wheat. **Phytopathology**, v. 67, p. 1051-1056, 1977.

SINGH, S. P. et al. Registration of white mold resistant dry bean germplasm line A 195. **Journal of Plant Registrations**, v. 1, n. 1, p. 62-63, 2007.

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**, Portland, v. 57, p. 231-232, 2014.

SINGH, S. P. et al. Registration of Common Bean Pinto PRP 153 and VCP 13 with High Levels of Broad-Spectrum White Mold Resistance. **Journal of Plant Registrations**, v. 10, n. 3, p. 291-295, 2016.

SINGH, S. P. et al. Large-seeded Common Bean PRA152, PRA154, and PRA155 with High Levels of Broad-Spectrum White Mold Resistance. **Journal of Plant Registrations**, v. 11, n. 3, p. 305-310, 2017.

SILVA, A. C. de L. et al. Estimativa de parâmetros genéticos em populações de seleção recorrente para produtividade de grãos em feijoeiro comum. **Documentos**, IAC, 85, 2008.

SILVA, P. H. DA. **Reação de linhagens de feijão comum e agressividade de isolados de *Sclerotinia sclerotiorum***. 2013. p. 60 Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2013.

SNEDECOR, G. W.; COCHRAN, W. G. Statistical Methods, eight edition. **Iowa state University press**, Ames, Iowa, 1989.

SOUZA, D. A. et al. White mold resistance-associated quantitative trait loci in the Jalo x Small White common bean population. **Genetics and Molecular Research**, v. 15, n. 3, 2016.

SOUZA, T. L. P. O. et al. Embrapa common bean breeding program: a current overview. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, v. 55, p. 255-256, 2012.

SOUZA, T. L. P. O. et al. Embrapa common bean breeding program: main objectives and opportunities for collaborations. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, Fargo, v.63, p. 13-14, 2020.

STEADMAN, J.R.; BOLAND, G. White mold. In: SCHWARTZ, H.F.; STEADMAN, J.R. HALL, R.; FORSTER, R.L. **Compendium of Bean Diseases**. 2.ed. Saint Paul: Phytopathology Society, 2005.

TAYLOR, A. et al. Inoculum potential of *Sclerotinia sclerotiorum* sclerotia depends on isolate and host plant. **Plant Pathology**, Oxford, v. 67, n. 6, p. 1286-1295, 2018.

TEAM, R. Core. A language and environment of statistical computing. Vienna, Austria: R Foundation for Statistical Computing, 2020.

TERÁN, H. et al. Modified Petzoldt and Dickson scale for white mold rating of common bean. **Annual Report-Bean Improvement Cooperative**, v. 49, p. 115-116, 2006.

TERÁN, H.; SINGH, S. P. Gamete selection for improving physiological resistance to white mold in common bean. **Euphytica**, Dordrecht, v. 167, n. 3, p. 271-280, 2009.

TOWNSEND, B. B.; WILLETTS, H. J. The development of sclerotia of certain fungi. **Transactions of the British Mycological Society**, Cambridge, v. 37, n. 3, 1954.

TSUTSUMI, C. Y.; BULEGON, L. G.; PIANO, J. T. Melhoramento genético do feijoeiro, avanços, perspectivas e novos estudos. **Nativa**, Sinop, v. 3, n. 3, p. 217-223, 2015.

VALDISSER, P. A. M. R. et al. In-depth genome characterization of a Brazilian common bean core collection using DArTseq high-density SNP genotyping. **BMC genomics**, v. 18, n. 1, p. 1-19, 2017.

VASCONCELLOS, R. C. C. et al. Genetic progress in late cycles of recurrent selection for resistance to white mold in common bean. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, Fort Collins, v. 61, p. 159-160, 2018.

VITERI, D. M. et al. Use of four *Sclerotinia sclerotiorum* isolates of different aggressiveness, three inoculations per plant, and delayed multiple evaluations to select common beans with high levels of white mold resistance. **Euphytica**, v. 204, n. 2, p. 457-472, 2015.

WILLBUR, J. et al. An overview of the *Sclerotinia sclerotiorum* pathosystem in soybean: impact, fungal biology, and current management strategies. **Tropical Plant Pathology**, Brasília, v. 44, n. 1, p. 3-11, 2019.

YU, K. et al. Integration of simple sequence repeat (SSR) markers into a molecular linkage map of common bean (*Phaseolus vulgaris*). **Journal of Heredity**, v.91, p.429-434, 2000.

YU, Y. et al. Population structure and aggressiveness of *Sclerotinia sclerotiorum* from rapeseed (*Brassica napus*) in Chongqing City. **Plant disease**, Saint Paul, v. 104, n. 4, p. 1201-1206, 2020.