



**UFG**

**UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS  
ESCOLA DE AGRONOMIA  
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA E  
MELHORAMENTO DE PLANTAS**

**IDENTIFICAÇÃO DE QTL's E VALIDAÇÃO DE  
MARCADORES NA SELEÇÃO DE LINHAGENS  
DE FEIJÃO-COMUM PARA RESISTÊNCIA À  
MURCHA-DE-FUSÁRIO**

**ANGELINA HARMYANS CIAPPINA**

Orientador:  
**Prof. Dr. Helton Santos Pereira**



UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS  
ESCOLA DE AGRONOMIA

## TERMO DE CIÊNCIA E DE AUTORIZAÇÃO (TECA) PARA DISPONIBILIZAR VERSÕES ELETRÔNICAS DE TESES

### E DISSERTAÇÕES NA BIBLIOTECA DIGITAL DA UFG

Na qualidade de titular dos direitos de autor, autorizo a Universidade Federal de Goiás (UFG) a disponibilizar, gratuitamente, por meio da Biblioteca Digital de Teses e Dissertações (BDTD/UFG), regulamentada pela Resolução CEPEC nº 832/2007, sem ressarcimento dos direitos autorais, de acordo com a [Lei 9.610/98](#), o documento conforme permissões assinaladas abaixo, para fins de leitura, impressão e/ou download, a título de divulgação da produção científica brasileira, a partir desta data.

O conteúdo das Teses e Dissertações disponibilizado na BDTD/UFG é de responsabilidade exclusiva do autor. Ao encaminhar o produto final, o autor(a) e o(a) orientador(a) firmam o compromisso de que o trabalho não contém nenhuma violação de quaisquer direitos autorais ou outro direito de terceiros.

#### 1. Identificação do material bibliográfico

Dissertação     Tese     Outro\*: \_\_\_\_\_

\*No caso de mestrado/doutorado profissional, indique o formato do Trabalho de Conclusão de Curso, permitido no documento de área, correspondente ao programa de pós-graduação, orientado pela legislação vigente da CAPES.

Exemplos: Estudo de caso ou Revisão sistemática ou outros formatos.

#### 2. Nome completo do autor

Angelina Harmyans Ciappina

#### 3. Título do trabalho

Identificação de QTL's e validação de marcadores na seleção de linhagens de feijão-comum para resistência à murcha-de-fusário

#### 4. Informações de acesso ao documento (este campo deve ser preenchido pelo orientador)

Concorda com a liberação total do documento  SIM     NÃO<sup>1</sup>

[1] Neste caso o documento será embargado por até um ano a partir da data de defesa. Após esse período, a possível disponibilização ocorrerá apenas mediante:

a) consulta ao(à) autor(a) e ao(à) orientador(a);

b) novo Termo de Ciência e de Autorização (TECA) assinado e inserido no arquivo da tese ou dissertação. O documento não será disponibilizado durante o período de embargo.

Casos de embargo:

- Solicitação de registro de patente;
- Submissão de artigo em revista científica;
- Publicação como capítulo de livro;
- Publicação da dissertação/tese em livro.

**Obs. Este termo deverá ser assinado no SEI pelo orientador e pelo autor.**



Documento assinado eletronicamente por **Angelina Harmyans Ciappina, Discente**, em 14/01/2025, às 09:17, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no § 3º do art. 4º do [Decreto nº 10.543, de 13 de novembro de 2020](#).

---



Documento assinado eletronicamente por **Helton Santos Pereira, Usuário Externo**, em 20/01/2025, às 09:38, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no § 3º do art. 4º do [Decreto nº 10.543, de 13 de novembro de 2020](#).

---



A autenticidade deste documento pode ser conferida no site [https://sei.ufg.br/sei/controlador\\_externo.php?acao=documento\\_conferir&id\\_orgao\\_acesso\\_externo=0](https://sei.ufg.br/sei/controlador_externo.php?acao=documento_conferir&id_orgao_acesso_externo=0), informando o código verificador **5064748** e o código CRC **BB8FBFD9**.

---

**ANGELINA HARMYANS CIAPPINA**

**IDENTIFICAÇÃO DE QTL's E VALIDAÇÃO DE  
MARCADORES NA SELEÇÃO DE LINHAGENS DE  
FEIJÃO-COMUM PARA RESISTÊNCIA À MURCHA-DE-  
FUSÁRIO**

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, da Escola de Agronomia, da Universidade Federal de Goiás, como requisito parcial à obtenção do título de Doutora em Genética e Melhoramento de Plantas.

Área de concentração: Genética e Melhoramento de Plantas

Linha de pesquisa: Melhoramento de Espécies Cultivadas

Orientador:  
**Prof. Dr. Helton Santos Pereira**

Goiânia, GO – Brasil

2024

Ficha de identificação da obra elaborada pelo autor, através do Programa de Geração Automática do Sistema de Bibliotecas da UFG.

Ciappina, Angelina Harmyans  
Identificação de QTL's e validação de marcadores na seleção de linhagens de feijão-comum para resistência à murcha-de-fusário [manuscrito] / Angelina Harmyans Ciappina. - 2024.  
LXXIX, 79 f.

Orientador: Prof. Dr. Helton Santos Pereira.  
Tese (Doutorado) - Universidade Federal de Goiás, Escola de Agronomia (EA), Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, Goiânia, 2024.

1. Phaseolus vulgaris L.. 2. Fusarium oxysporum f. sp. phaseoli. 3. Marcadores SNPs. 4. Marcadores SilicoDArTs . 5. Seleção simultânea. I. Pereira, Helton Santos, orient. II. Título.

CDU 63



UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS

ESCOLA DE AGRONOMIA

ATA DE DEFESA DE TESE

Ata Nº **123** da sessão de Defesa de Tese de Tese da aluna **Angelina Harmyans Ciappina** que confere o título de Doutora em **Genética e Melhoramento de Plantas**, na área de concentração em **Genética e Melhoramento de Plantas**.

Aos vinte e sete dias do mês de junho de dois mil e vinte e quatro, a partir das 13:00 h, no auditório Roland Venconvsy no setor de melhoramento de plantas da Escola de Agronomia, realizou-se a sessão pública de Defesa de Tese intitulada “Seleção de linhagens de feijão-comum, identificação de QTL’s e validação de marcadores associados a resistência à murcha-de-fusário”. Os trabalhos foram instalados pelo Orientador Dr. Helton Santos Pereira (Embrapa Arroz e Feijão) com a participação dos demais membros da Banca Examinadora: Doutora Nayana Valéria da Costa (Embrapa Arroz e Feijão), membro titular externo; Doutora Rosana Pereira Vianello (Embrapa Arroz e Feijão), membro titular externo, Doutor Leonardo Cunha Melo (Embrapa Arroz e Feijão), membro titular externo; Professora Doutora Patrícia Guimarães Santos Melo (EA/UFG), membro titular interno. Durante a arguição os membros da banca fizeram sugestão de alteração do título do trabalho. A Banca Examinadora reuniu-se em sessão secreta a fim de concluir o julgamento da Tese tendo sido a candidata Aprovada pelos seus membros. Proclamados os resultados pelo Dr. Helton Santos Pereira, Presidente da Banca Examinadora, foram encerrados os trabalhos e, para constar, lavrou-se a presente ata que é assinada pelos Membros da Banca Examinadora.

TÍTULO SUGERIDO PELA BANCA

Identificação de QTL’s e validação de marcadores na seleção de linhagens de feijão-comum para resistência à murcha-de-fusário



Documento assinado eletronicamente por **Patrícia Guimaraes Santos Melo, Professora do Magistério Superior**, em 28/06/2024, às 09:13, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no § 3º do art. 4º do [Decreto nº 10.543, de 13 de novembro de 2020](#).



Documento assinado eletronicamente por **Leonardo Cunha Melo, Usuário Externo**, em 28/06/2024, às 15:58, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no § 3º do art. 4º do [Decreto nº 10.543, de 13 de novembro de 2020](#).



Documento assinado eletronicamente por **Helton Santos Pereira, Usuário Externo**, em 04/07/2024, às 13:04, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no § 3º do art. 4º do [Decreto nº 10.543, de 13 de novembro de 2020](#).



Documento assinado eletronicamente por **Rosana Pereira Vianello, Usuário Externo**, em 12/08/2024, às 11:47, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no § 3º do art. 4º do [Decreto nº 10.543, de 13 de novembro de 2020](#).



A autenticidade deste documento pode ser conferida no site [https://sei.ufg.br/sei/controlador\\_externo.php?acao=documento\\_conferir&id\\_orgao\\_acesso\\_externo=0](https://sei.ufg.br/sei/controlador_externo.php?acao=documento_conferir&id_orgao_acesso_externo=0), informando o código verificador **4630241** e o código CRC **5222B2D5**.

---

**Referência:** Processo nº 23070.029593/2024-43

SEI nº 4630241

*“O que é sucesso? Rir muito e com frequência; ganhar o respeito de pessoas inteligentes e o afeto das crianças; merecer a consideração de críticos honestos e suportar a traição de falsos amigos; apreciar a beleza, encontrar o melhor nos outros; deixar o mundo um pouco melhor, seja por uma saudável criança, um canteiro de jardim ou uma redimida condição social; saber que ao menos uma vida respirou mais fácil porque você viveu. Isto é ter sucesso!”*

(Ralph Waldo Emerson)

À minha filha, Ana Cristina Harmyans  
Ciappina, fonte de toda motivação.

À memória de minha mãe, Ivani Cristina  
Ciappina, por todo o exemplo dado. Por ter  
acreditado, incentivado e apoiado cada sonho.  
Por me ensinar sobre valores e me mostrar que  
o amor supera qualquer contato físico e se  
estende além da vida.

**DEDICO.**

## AGRADECIMENTOS

À Deus, por me permitir chegar até aqui e realizar esse sonho. Ao meu marido Alisson N. H. Moreira, pelo companheirismo e amor diário, por tornar esta jornada mais leve e me dar todo o suporte para a concretização deste sonho.

Ao meu querido e amado pai, Celso Ciappina, por todo o apoio, incentivo e demonstrações de afeto. Aos meus irmãos, Isabel A. Ciappina e Savério J. Ciappina, pelo exemplo, suporte, união e contribuições oferecidas durante todo o percurso. À minha avó, Izabel M. dos Santos, e demais familiares pelo amor e torcida.

Agradeço a todos os professores do programa de pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas (PGMP), da UFG/Goiânia, que foram fontes de inspiração e tanto me instigaram na busca pelo saber. Ao meu orientador, Dr. Helton Santos Pereira, pela oportunidade, contribuições e compreensão.

Aos meus grandes amigos de longa data, Fernanda, Frederico, Paulo Cesar, Dantara, Luís Henrique, Lara e Pedro Henrique por me acompanharem e se fazerem presentes em mais esta trajetória.

À Embrapa Arroz e Feijão por viabilizar a confecção de toda a parte experimental deste trabalho. À Universidade Federal de Goiás e a Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela oportunidade e incentivo para realização do curso com concessão de bolsa de estudo.

Por fim, agradeço a banca examinadora por suas valiosas contribuições e a todos aqueles que de alguma forma contribuíram durante confecção deste projeto.

## SUMÁRIO

RESUMO GERAL .....	6
GENERAL ABSTRACT .....	8
<b>1. INTRODUÇÃO GERAL .....</b>	<b>10</b>
<b>2. PARÂMETROS GENÉTICOS E SELEÇÃO DE LINHAGENS DE FEIJÃO CARIOCA COM PADRÃO COMERCIAL E RESISTENTES À MURCHA-DE-FUSÁRIO .....</b>	<b>13</b>
RESUMO .....	13
ABSTRACT .....	13
2.1 INTRODUÇÃO .....	14
2.2 MATERIAL E MÉTODOS .....	16
2.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO .....	18
2.4 CONCLUSÕES .....	25
2.5 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....	26
<b>3. IDENTIFICAÇÃO DE QTLs E VALIDAÇÃO DE MARCADORES ASSOCIADOS A REAÇÃO À MURCHA-DE-FUSÁRIO NA CULTIVAR DE FEIJÃO-COMUM BRS ESPLENDOR.....</b>	<b>31</b>
RESUMO .....	31
ABSTRACT .....	31
3.1 INTRODUÇÃO .....	32
3.2 MATERIAL E MÉTODOS .....	34
2.2.1 Material genético.....	34
2.2.2 Fenotipagem .....	35
2.2.3 Genotipagem e construção do mapa de ligação .....	36
2.2.4 Mapeamento de QTLs .....	37
2.2.5 Identificação de genes nos intervalos de QTLs .....	37
2.2.6 Validação dos marcadores associados ao QTL de resistência .....	37
3.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO .....	38
3.3.1 Análises fenotípicas .....	38
3.3.2 Mapas de ligação .....	41
3.3.3 Mapeamento de QTLs .....	42
3.3.4 Genes anotados.....	48
3.3.5 Validação dos marcadores .....	49
3.4 CONCLUSÕES .....	55
3.5 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....	56
ANEXOS.....	63
<b>4. CONCLUSÕES GERAIS .....</b>	<b>69</b>
<b>5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....</b>	<b>70</b>

## RESUMO GERAL

CIAPPINA, A. H. **Identificação de QTL's e validação de marcadores na seleção de linhagens de feijão-comum para resistência à murcha-de-fusário.** 2024. 79 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2024.<sup>1</sup>

A murcha-de-fusário, causada pelo fungo *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*, é uma doença de solo que causa grandes prejuízos a produção de feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.). O uso de cultivares resistentes é o método mais indicado, porém são poucas as cultivares disponíveis no mercado com resistência a essa doença. Dessa forma, os objetivos deste trabalho foram: a) estimar parâmetros genéticos e selecionar linhagens de feijão-comum com padrão comercial carioca e resistentes à murcha-de-fusário; e b) estudar o controle genético e identificar marcadores moleculares associados a alelos de resistência na cultivar BRS Esplendor. No primeiro estudo foram conduzidos dois experimentos durante a safra de inverno, nos anos de 2019 e 2020, em área com alta infestação natural do patógeno localizada em Santo Antônio de Goiás, Goiás, Brasil. O delineamento foi em blocos ao acaso com parcelas de 3 linhas de 3 metros e 3 repetições. Foram avaliadas 60 linhagens oriundas de uma população segregante obtida a partir dos genitores BRS FC402 (resistente) e BRS FC406 (suscetível) e duas testemunhas, para reação à murcha-de-fusário, produtividade, massa de 100 grãos (M100) e coloração dos grãos após colheita. A partir das análises de variância individuais e conjunta foram estimadas as herdabilidades, os ganhos esperados com a seleção (GS%), com intensidade de 25%, para os quatro caracteres de forma individual e simultaneamente, e as correlações. Foram observadas diferenças significativas entre as linhagens para todos os caracteres. As estimativas de herdabilidade na análise conjunta foram de 74% para murcha-de-fusário, 73% para produtividade, 91% para M100 e 52% para coloração dos grãos, demonstrando que há grande possibilidade de sucesso com a seleção. Quinze linhagens foram selecionadas para os quatro caracteres simultaneamente resultando em ganhos de 13,3%, 7,9%, 2,4% e 3,5% para murcha-de-fusário, produtividade, M100 e coloração dos grãos, respectivamente. Entre essas, CNFC20188, CNFC20134, CNFC20160 e CNFC20142 destacaram-se. Houve correlação significativa para reação à murcha-de-fusário com produtividade e M100. O segundo estudo foi realizado a partir de 103 progênies, resultantes do cruzamento entre BRS Esplendor (resistente) x BRS Horizonte (suscetível), e testemunhas avaliadas em campo naturalmente infestado com o patógeno em Santo Antônio de Goiás, Goiás, Brasil. Os experimentos foram conduzidos na safra de inverno dos anos de 2018 e 2019, utilizando delineamento de blocos casualizados com parcelas de uma linha de três metros e três repetições. Avaliou-se reação à murcha-de-fusário com escalas de notas variando de 1, plantas sem sintomas, a 9, plantas severamente infectadas. As progênies F<sub>2</sub> foram genotipadas utilizando a tecnologia DArTseq, resultando em marcadores SNPs e SilicoDArTs, utilizados na construção do mapa de ligação e mapeamento genético para identificação de regiões de interesse. Por fim, realizou-se a validação dos dados obtidos por meio da criação de uma sonda de hidrólise e posterior verificação em progênies oriundas da cultivar BRS Esplendor. Foi observada variabilidade genética na população, com herdabilidade de 97% e ganhos genéticos de 48% na análise conjunta, o que indica alta possibilidade de sucesso com a seleção de marcadores. O mapa de ligação foi construído com 2189 marcadores, com tamanho de 2.854,39cM. Concluiu-se que a herança do caráter é poligênica,

identificando um QTL de efeito maior, localizado no cromossomo PV08. Esse QTL apresentou estabilidade nos diferentes anos testados e explicou 66% da variação fenotípica dos dados na análise conjunta. A sonda AN33KKZ, associada ao QTL identificado, apresentou eficiência de 97%, podendo ser uma ferramenta eficiente para incorporar a seleção assistida por marcadores moleculares (SAM).

*Palavras-chave:* *Phaseolus vulgaris* L., *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*, marcadores SNPs, marcadores SilicoDArTs, seleção simultânea.

## GENERAL ABSTRACT

CIAPPINA, A. H. **Identification of QTLs and validation of markers in the selection of common bean lines for resistance to fusarium wilt.** 2024. 79 f. Thesis (Doctor of Science in Genetics and Plant Breeding) – Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2024<sup>2</sup>.

Fusarium wilt, caused by the fungus *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*, is a soil disease that causes lots of damage to the production of common beans (*Phaseolus vulgaris* L.). The use of resistant cultivars is the most recommended method, but there are few cultivars available on the market with resistance to the disease. Therefore, the objectives of this work were: a) to estimate genetic parameters and select common bean lines with commercial carioca standards and resistant to fusarium wilt and b) to study genetic control and to identify molecular markers associated with resistance alleles in the BRS Esplendor cultivar. In the first study, two experiments were conducted during the winter harvest, in the years 2019 and 2020, in an area with high natural infestation of the pathogen, located in Santo Antônio de Goiás, Goiás, Brazil. The design was in randomized blocks with plots of 3 rows of 3 meters and 3 replications. The 60 lines originating from a segregating population obtained from the parents BRS FC402 (resistant) and BRS FC406 (susceptible) and two controls were evaluated for reaction to fusarium wilt, productivity, mass of 100 grains (M100) and grain color after harvest. From individual and joint analyzes of variance, heritabilities and expected gains from selection (GS%), with an intensity of 25 for the four traits individually and simultaneously, and correlations were estimated. Significant differences were observed between the lines for all characters. The heritability estimates in the joint analysis were 74% for fusarium wilt, 73% for productivity, 91% for M100 and 52% for grain color, demonstrating that there is a great possibility of success with the selection. Fifteen lines were selected for the four traits simultaneously resulting in gains of 13.3%, 7.9%, 2.4% and 3.5% for fusarium wilt, productivity, M100 and grain color, respectively. Among these, CNFC20188, CNFC20134, CNFC20160 and CNFC20142 stand out. There was significant correlation for the reaction to fusarium wilt with productivity and M100. The second study was carried out using 103 progenies, resulting from the cross between BRS Esplendor (resistant) x BRS Horizonte (susceptible), and controls evaluated in a field naturally infested with the pathogen in Santo Antônio de Goiás, Goiás, Brazil. The experiments were conducted in the winter harvest of 2018 and 2019, using a randomized block design with plots of a three-meter row and three replicates. The reaction to fusarium wilt was evaluated with scales of scores ranging from 1, plants without symptoms, to 9, severely infected plants. The F<sub>2</sub> progenies were genotyped using DArTseq technology, resulting in SNPs and SilicoDArTs markers, used in the construction of the linkage map and genetic mapping to identify regions of interest. Finally, the data obtained were validated by creating a hydrolysis probe and subsequent verification in progenies from the BRS Esplendor cultivar. Genetic variability was observed in the population, with heritability of 97% and genetic gains of 48% in the joint analysis, which indicates a high possibility of success with the marker selection. The linkage map was constructed with 2,189 markers, with a size of 2854.39cM. It was concluded that the inheritance of the character is poligenic, identifying a QTL with greater effect, located on the PV08 chromosome. This QTL showed stability in the different years tested and explained 66% of the phenotypic variation of the data in the

---

<sup>2</sup>Advisor: Dr. Helton Santos Pereira. Embrapa Arroz e Feijão.

joint analysis. The AN33KKZ probe, associated with the identified QTL, showed an efficiency of 97%, and could be an efficient tool to incorporate selection assisted by molecular markers (SAM).

*Keywords:* *Phaseolus vulgaris* L., *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*, SNPs markers, SilicoDArT markers, simultaneous selection.

## 1. INTRODUÇÃO GERAL

O feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma leguminosa de grande importância econômica, nutricional e social, sendo cultivada em, aproximadamente, 107 países (FAOSTAT, 2022). O Brasil é um dos maiores produtores e consumidores desta cultura, com produção total, no ano de 2023, de 2,5 milhões de toneladas (CONAB, 2023). Diversos fatores podem afetar a produção, destacando-se a ocorrência de doenças fúngicas, como a murcha-de-fusário, uma doença de solo causada pelo fungo *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*, que ocasiona perda total ou parcial de produtividade (Xue et al., 2015).

Em áreas infestadas por *F. oxysporum* f. sp. *phaseoli* há a colonização do sistema vascular das plantas, resultando, inicialmente, no murchamento e amarelecimento progressivo das folhas, seguido de senescência prematura e morte (Benchimol-Reis et al., 2023; Batista et al., 2019). Os maiores prejuízos são observados em áreas de alta intensidade agrícola, com cultivo de inverno sob pivô, o que favorece o desenvolvimento do patógeno (Borba et al., 2017; Xue et al., 2015). Nessas áreas o uso de cultivares resistentes é o método mais eficiente de controle, pois além da eficácia e economia, também diminui os danos ao meio ambiente (Chiorato et al., 2015; Guimarães & Souza, 2019).

A existência de variabilidade genética para reação à murcha-de-fusário em feijão-comum foi observada em diversos trabalhos (Torres et al., 2024; 2022; 2021; Cavalheiro et al., 2023a e b; Pereira et al., 2020; Leitão et al., 2020; Pereira et al., 2011). Contudo, a maioria das cultivares disponíveis no mercado são suscetíveis, tornando interessante a atuação do melhoramento genético no desenvolvimento de cultivares resistentes (Pereira et al., 2020, 2019, 2016; Rocha et al., 2019).

Em termos de controle genético, há relatos que abordam a herança genética para o caráter como oligogênica (Cavalheiro, 2021; Batista et al., 2017; Cândida et al., 2009; Pereira et al., 2009) ou poligênica (Torres et al. 2024; Fall et al., 2001; Cross et al., 2000). Altas estimativas de herdabilidade (entre 77 e 94%) foram identificadas na literatura para a reação a essa doença (Torres et al., 2022; Cavalheiro et al., 2023a; Pereira et al., 2011; Cândida et al., 2009). Contudo, grande parte dos estudos citados

foram desenvolvidos em ambiente controlado, dificultando a obtenção de informações reais da interação entre patógeno e o ambiente (Azzimonti et al., 2014).

Além da resistência a doenças é de interesse dos programas de melhoramento o desenvolvimento de cultivares com padrões comerciais, como alto potencial produtivo, maior peso de grãos e coloração do tegumento adequada ao mercado (Pereira et al., 2019; Ribeiro et al., 2019). Dentre as estratégias utilizadas no melhoramento de plantas o uso de ferramentas moleculares tem otimizado o progresso dos programas, visto que possibilitam identificar e localizar alelos favoráveis em genótipos resistentes e utilizá-los em cruzamentos com cultivares elite, reduzindo o tempo para desenvolvimento de cultivares melhoradas (Faleiro et al., 2018). Alguns exemplos do uso de ferramentas moleculares, como a seleção assistida por marcadores (SAM), em feijão-comum podem ser observados nos trabalhos desenvolvidos pela Embrapa Arroz e Feijão (SILVA et al., 2024; PEREIRA et al., 2023, 2022; GOMES-MESSIAS et al., 2022). Dentre eles destaca-se o desenvolvimento da cultivar BRS FC423 com resistência múltipla a antracnose e podridão da raiz (PEREIRA et al., 2023) e BRS FC415 com resistência à patógenos de solo (PEREIRA et al., 2022).

Para reação à murcha-de-fusário o uso de marcadores moleculares para identificação de QTLs associados a resistência ainda é incipiente, sendo encontrados poucos trabalhos na literatura (Torres et al., 2024; Chiwina et al., 2023; Paulino et al., 2021; Cavalheiro, 2021). Inicialmente Fall et al. (2001), trabalhando em condições controladas, identificaram um QTL localizado no cromossomo 10, explicando 64% da variação fenotípica dos dados, tendo a linhagem A55, de grãos pretos e origem mesoamericana, como genitor resistente. Paulino et al. (2021), a partir da análise GWAS e utilizando um painel de diversidade mesoamericano, identificaram SNPs associados à resistência nos cromossomos Pv01, Pv03, Pv04, Pv05, Pv07, Pv10 e Pv11, ligados aos isolados de FOP UFV01 e IAC18001. Além disso, Chiwina et al. (2023), analisando a Coleção Central de Feijão Comum do USDA, revelaram 11 SNPs altamente associados nos cromossomos Pv03, Pv04, Pv05, Pv07, Pv8, Pv09, Pv10 e Pv11 ligados às raças Fop 1 e 4. Cavalheiro (2021) avaliou progênies resultantes do cruzamento entre BRS Notável (resistente) e BRS Supremo (suscetível), ambos de origem mesoamericana, em campo naturalmente infestado pelo patógeno, e identificou o QTL FOP7.1<sup>NS</sup>, localizado no cromossomo Pv07, explicando 45% da variação dos dados. O QTL identificado resultou em uma sonda de hidrólise específica (ANKCHTP) com eficiência de seleção de 88%, possibilitando o uso na SAM.

Mais recente, Torres et al. (2024) trabalhando com uma população derivada das cultivares BRS FP403 (resistente) e BRS Horizonte (suscetível), pertencentes ao pool genético mesoamericano, em campo infestado com *F. oxysporum* f. sp. *phaseoli*, identificaram quatro QTLs nos cromossomos Pv01, Pv02, Pv03 e Pv04, explicando de 6% a 41% da resistência à murcha-de-fusário. Maior ênfase foi dada ao QTL FOP2.3<sup>403H</sup> no cromossomo Pv02, que apresentou estabilidade ao longo dos diferentes anos e explicou 41% da variação fenotípica dos dados na análise conjunta. A partir da identificação do QTL2.3<sup>403H</sup> foi possível desenhar as sondas ANAAJK6 e ANCFDU que apresentaram eficiência de seleção superior a 92%, favorecendo o uso na SAM para resistência à murcha de fusário em feijão-comum.

Outra fonte de resistência importante é a cultivar BRS Esplendor, que apresenta alta resistência ao longo do tempo (Pereira et al. 2016; Cavalheiro, 2023a; Torres et al., 2024). Os resultados de Torres et al., (2024) e Cavalheiro (2021) indicam que BRS Esplendor apresenta o alelo de suscetibilidade para as sondas derivadas dos QTLs FOP<sup>403H</sup> e FOP<sup>NS</sup>, indicando, portanto, que sua resistência é conferida por outro gene.

Tendo em vista a necessidade do desenvolvimento de cultivares de feijão resistentes à murcha-de-fusário e a baixa quantidade de informações genéticas obtidas até o momento sobre este tema, os objetivos desse trabalho foram: a) estimar parâmetros genéticos e selecionar linhagens de feijão-comum com padrão comercial e resistentes à murcha-de-fusário e b) estudar o controle genético e identificar marcadores moleculares associados a alelos de resistência na cultivar BRS Esplendor.

## 2. PARÂMETROS GENÉTICOS E SELEÇÃO DE LINHAGENS DE FEIJÃO-COMUM CARIOCA COM PADRÃO COMERCIAL E RESISTENTES À MURCHA-DE-FUSÁRIO

### RESUMO

A murcha-de-fusário é uma doença causada por um patógeno que habita o solo (*Fusarium oxysporum* f sp. *phaseoli*) e causa grandes prejuízos aos produtores de feijão-comum (*Phaseolus vulgaris*). O uso de cultivares resistentes é de grande importância para o controle dessa doença, visto que é um método eficiente e acessível economicamente. O objetivo deste trabalho foi estimar parâmetros genéticos e selecionar linhagens de feijão carioca resistentes à murcha-de-fusário, com alta produtividade, massa de 100 grãos e coloração dos grãos adequada. Foram conduzidos dois experimentos durante a safra de inverno, nos anos de 2019 e 2020, em área com alta infestação natural do patógeno, localizada em Santo Antônio de Goiás, Goiás, Brasil. O delineamento foi em blocos casualizados com parcelas de 3 linhas de 3 metros e três repetições. Foram avaliadas 60 linhagens oriundas do cruzamento entre as cultivares BRS FC402 (resistente) e BRS FC406 (suscetível), e duas testemunhas para a reação à murcha-de-fusário, produtividade, massa de 100 grãos (M100) e coloração dos grãos após colheita. A partir das análises de variância individuais e conjuntas foram estimadas as herdabilidades, os ganhos esperados com a seleção (GS%), com intensidade de 25%, para os quatro caracteres individualmente e simultaneamente, e as correlações. Houve diferenças entre linhagens para todos os caracteres. As estimativas de herdabilidade na análise conjunta foram de 74% para murcha-de-fusário, 73% para produtividade, 91% para M100 e 52% para coloração dos grãos, demonstrando que há grande possibilidade de sucesso com a seleção. Os ganhos diretos obtidos com a seleção, a partir da análise conjunta, foram de 18% para murcha-de-fusário, 14% para produtividade, 5% para M100 e 13% para coloração dos grãos. Com a seleção simultânea quinze linhagens foram selecionadas resultando em ganhos de 13,3%, 7,9%, 2,4% e 3,5% para murcha-de-fusário, produtividade, M100 e coloração dos grãos, respectivamente. Entre essas, CNFC20188, CNFC20134, CNFC20160 e CNFC20142 destacaram-se. Houve correlação para reação à murcha-de-fusário com produtividade e massa de 100 grãos.

*Palavras-chave:* *Phaseolus vulgaris* L, *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*, ganho de seleção, herdabilidade.

### ABSTRACT

Fusarium wilt is a disease caused by a pathogen that inhabits the soil (*Fusarium oxysporum* f sp. *phaseoli*) and causes large damage to common bean (*Phaseolus vulgaris*) producers. The use of resistant cultivars is of great importance for controlling this disease, as it is an efficient and economically accessible method of control. The objective of this work was to estimate genetic parameters and select carioca bean lines resistant to fusarium wilt, with high productivity, mass of 100 grains and adequate grain color. Two experiments were conducted during the winter harvest, in

2019 and 2020, in an area with high natural infestation of the pathogen, located in Santo Antônio de Goiás, Goiás, Brazil. The design was in randomized blocks with plots of 3 rows of 3 meters and three replications. 60 lines were evaluated from the cross between the cultivars BRS FC402 (resistant) and BRS FC406 (susceptible), and two controls for the reaction to fusarium wilt, productivity, mass of 100 grains (M100) and grain color after harvest. From individual and joint analyzes of variance, heritability, expected gains from selection (GS%), with an intensity of 25%, for the four traits individually and simultaneously, and correlations were estimated. There were differences between strains for all characters. The heritability estimates in the joint analysis were 74% for fusarium wilt, 73% for productivity, 91% for M100 and 52% for grain color, demonstrating that there is a great possibility of success with the selection. The direct gains obtained with the selection, based on the joint analysis, were 18% for fusarium wilt, 14% for productivity, 5% for M100 and 13% for grain color. With simultaneous selection, fifteen lines were selected resulting in gains of 13.3%, 7.9%, 2.4% and 3.5% for fusarium wilt, productivity, M100 and grain color, respectively. Among these, CNFC20188, CNFC20134, CNFC20160 and CNFC20142 stood out. There was an inverse and significant correlation for the reaction to fusarium wilt with productivity and M100, while productivity and M100 showed a positive correlation.

*Keywords:* *Phaseolus vulgaris* L, *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*, selection gain, heritability.

## 2.1 INTRODUÇÃO

O feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma leguminosa de grande importância econômica, nutricional e social. É a principal fonte de proteína vegetal para muitas famílias e a renda base de diversos agricultores de pequeno porte (Izquierdo et al., 2018; Bouis & Saltzman, 2017). Atualmente, cerca de 107 países cultivam feijão (FAOSTAT, 2022). Em se tratando apenas do feijão-comum, o Brasil encontra-se como maior produtor e consumidor, com produção total, no ano de 2023, de 2,5 milhões de toneladas (CONAB, 2023), sendo que 70% desse mercado corresponde a produção de feijão carioca (Pereira et al., 2021). A nível nacional, a produção de feijão-comum é a quinta maior do Brasil, perdendo apenas para a soja, milho, arroz e trigo (CONAB, 2023).

A produção de feijão-comum pode ser afetada por fatores como o inadequado manejo cultural, utilização de sementes não certificadas e de baixa qualidade, problemas climáticos e incidência de pragas e doenças. Entre as doenças de maior importância encontra-se a murcha-de-fusário, causada pelo fungo *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*, presente no solo de muitas regiões produtoras de feijão no país. As áreas irrigadas com pivô-central tendem a ter maior concentração do patógeno devido aos cultivos sucessivos da cultura. Nessas áreas o uso de cultivares resistentes é

o método mais eficiente de controle, pois além da eficácia e economia, também diminui os danos ao meio ambiente (Chiorato et al., 2015; Guimarães & Souza, 2019).

O desenvolvimento de cultivares resistentes se inicia na identificação de plantas com resistência ao patógeno e, posteriormente, ter conhecimento da natureza e a magnitude dos efeitos genéticos envolvidos no controle da resistência à doença. Estas informações auxiliam o melhorista na tomada de decisão e na escolha dos métodos de melhoramento a serem utilizados, permitindo obter, no final do processo, melhores resultados com a seleção (Batista et al., 2021).

Vários trabalhos apontam existência de variabilidade genética para reação à murcha-de-fusário (Torres et al., 2024, 2022, 2021; Cavalheiro et al., 2023a e b; Pereira et al., 2020; Leitão et al., 2020; Borba et al., 2017; Azevedo et al., 2015; Pereira et al., 2011), o que possibilita a atuação do melhoramento genético no desenvolvimento de cultivares com mais de uma fonte de resistência.

Em termos de controle genético, há relatos que abordam a herança genética para o caráter como oligogênica (Cavalheiro et al., 2023a; Batista et al., 2017; Cândida et al., 2009; Pereira et al., 2009) ou poligênica (Torres et al., 2024; 2022; Chiwina et al., 2023; Paulino et al., 2021; Fall et al., 2001; Cross et al., 2000). Altas estimativas de herdabilidade (entre 77 e 94%) também foram relatadas na literatura para a reação a essa doença (Torres et al., 2024; 2022; Cavalheiro et al., 2023a; Pereira et al., 2011; Cândida et al., 2009), assim como as estimativas de ganhos esperados com seleção, estando entre 23 e 37% (Cavalheiro et al., 2023a; Torres et al., 2024; 2022; Cândida et al., 2009). Entretanto, apenas as estimativas feitas por Torres et al. (2024; 2022) e Cavalheiro et al. (2023a) foram obtidas em campo, onde a relação entre patógeno e hospedeiro é mais afetada por fatores ambientais. Além disso, número de trabalhos que abordam o controle genético para reação à murcha-de-fusário em feijão ainda é muito pequeno, fazendo-se necessários novos estudos para aumentar a quantidade e robustez das informações, de forma a auxiliar a atuação do melhoramento no desenvolvimento de cultivares resistentes.

Além da resistência ao patógeno, as cultivares do tipo carioca devem apresentar aspectos comerciais atrativos ao mercado, como alta produtividade, elevada massa de 100 grãos e coloração do tegumento bege muito clara e rajas marrom claras. Contudo, a maior dificuldade dos programas de melhoramento consiste em obter linhagens que combinem todos os caracteres de interesse em seu fenótipo. Dessa forma, o objetivo deste trabalho foi estimar parâmetros genéticos e selecionar linhagens de

feijão carioca resistentes à murcha-de-fusário, com alta produtividade, elevada massa de 100 grãos e coloração de tegumento adequada ao mercado.

## 2.2 MATERIAL E MÉTODOS

Os experimentos foram conduzidos na área experimental da Embrapa Arroz e Feijão, localizada em Santo Antônio de Goiás, Goiás, Brasil (16°30'17" S; 49°16'53" O, altitude de 819 m). A classificação climática do município corresponde, segundo a Köppen (1948), ao clima Aw, tropical de savana, megatérmico com predominância de solo do tipo Latossolo Vermelho-Escuro. A área escolhida para realização dos experimentos possui alta infestação natural de *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*, e tem sido utilizada em vários trabalhos (Cavalheiro et al., 2023a e b; Pereira et al., 2016; 2018; 2019; 2020; Torres et al., 2021; 2022; 2024).

Para a obtenção das linhagens foi utilizada a população segregante oriunda do cruzamento entre as cultivares BRS FC402 e BRS FC406, com grãos do grupo comercial carioca. A cultivar BRS FC402 apresenta alta resistência à murcha-de-fusário e a antracnose, alta produtividade e massa de 100 grãos de 26g/100 grãos (Melo et al., 2017). A cultivar BRS FC406 apresenta alta produtividade, resistência à antracnose e a mancha-angular e massa de 100 grãos de 28g/100 grãos, porém é suscetível à murcha-de-fusário (Pereira et al., 2021). A população foi avançada até F<sub>4</sub>, em bulk, na área experimental da Embrapa Arroz e Feijão naturalmente infestada pelo patógeno, entre os anos de 2015 e 2017.

Na geração F<sub>5</sub>, na safra de inverno em 2018, foram selecionadas 60 plantas individuais com alta resistência à murcha-de-fusário, alta produtividade, alta massa de 100 grãos e adequada coloração de grãos. As 60 plantas selecionadas deram origem as linhagens que compuseram o experimento conduzido na safra de inverno em 2019 (semeadura em maio), juntamente com quatro testemunhas de grãos carioca. As sementes colhidas nesse ensaio foram utilizadas para montagem de outro experimento semelhante, na safra de inverno em 2020 (semeadura em maio). As cultivares BRS FC402 e BRS Notável foram utilizadas como testemunhas resistentes à murcha-de-fusário, e BRS Cometa e BRS FC406 como testemunhas suscetíveis (Pereira et al., 2021, 2018, 2016; Melo et al., 2017). A área onde foram implantados os experimentos já é utilizada na avaliação da reação de linhagens de feijão à murcha-de-fusário, por ser altamente infestada pelo patógeno (Pereira et al., 2016, 2019; Torres et al., 2021, 2022;

2024; Cavalheiro et al., 2023a e b). Os experimentos foram instalados em delineamento de blocos ao acaso com parcelas de três linhas de três metros de comprimento, espaçadas a 50 cm.

Os caracteres avaliados foram produtividade, massa de 100 grãos, reação à murcha-de-fusário e coloração dos grãos após a colheita. Para a avaliação da produtividade, todas as plantas da parcela foram colhidas e pesadas, posteriormente o valor obtido em  $\text{g.parcela}^{-1}$  foi convertido para  $\text{kg.ha}^{-1}$ . A massa de 100 grãos foi obtida por meio da pesagem de uma amostra aleatória composta por 100 grãos de cada parcela, com resultado apresentado em gramas. A avaliação da reação à murcha-de-fusário foi realizada aos 80 dias após a emergência, utilizando-se a escala de notas adaptada de Pastor-Corrales & Abawi (1987) que varia de 1 a 9 conforme segue: 1, 0% de plantas suscetíveis na parcela; 2, de 0,1 a 5,0%; 3, de 5,1 a 10%; 4, de 10,1 a 20%; 5, de 20,1 a 40%; 6, de 40,1 a 60%; 7, de 60,1 a 80%; 8, de 80,1 a 90%; e 9, de 90,1 a 100% de suscetibilidade na parcela (Torres et al., 2022). A avaliação da coloração dos grãos foi realizada 30 dias após a colheita, sendo atribuídas notas conforme escala adaptada de Silva et al. (2008), variando da nota 1, coloração do tegumento bege muito clara e rajadas marrom claras, a nota 5, grãos com cor do tegumento bege muito escuro e rajadas marrom escuras.

Os dados obtidos foram submetidos a análises de variância individuais e, posteriormente, a análises conjuntas, mantendo apenas o efeito do ambiente como fixo. A partir das análises de variância foram estimados os componentes da variância fenotípica ( $\sigma_F^2$ ), variância genética ( $\sigma_G^2$ ), variância da interação genótipos com ambientes ( $\sigma_{G \times A}^2$ ) e herdabilidade ( $h^2$ ) para todos os caracteres, segundo modelos descritos por Cruz et al. (2012). O ganho esperado com a seleção (GS), bem como sua transformação para percentual (%), foi calculado para cada caráter utilizando intensidade de seleção de 25%. Também foi obtido o ganho esperado com a seleção simultânea dos caracteres, com intensidade de 25%, via método dos níveis independentes (Hazel & Lush, 1942), estabelecendo os seguintes critérios para seleção: nota para reação à murcha-de-fusário inferior ou igual a 3; nota para coloração dos grãos após colheita menor ou igual a 3; produtividade superior a média das linhagens ( $2089 \text{ kg.ha}^{-1}$ ); massa de 100 grãos superior a 29 gramas. Por fim, foram obtidas estimativas de correlações fenotípicas entre os caracteres avaliados conforme descrito por Cruz et al. (2012). As análises

estatísticas foram realizadas por meio dos softwares GENES (Cruz, 2013) e Microsoft Excel (2019).

## 2.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

As estimativas dos coeficientes de variação na análise conjunta foram de 20,1%, para a produtividade de grãos, de 3,4% para a massa de 100 grãos, e de 17,2% para coloração dos grãos após a colheita (Tabela 1), indicando adequada precisão experimental, semelhante aos resultados disponíveis na literatura para os mesmos caracteres (Carloni et al., 2023; Silva et al., 2023; Pereira et al., 2021). Para reação à murcha-de-fusário o coeficiente de variação foi 27,7%. Na avaliação feita a campo a distribuição do patógeno no solo não é uniforme, o que justifica estimativas de coeficientes de variação mais elevadas (Torres et al., 2024; 2022; 2021; Cavalheiro et al., 2023a e b).

As análises de variância mostraram diferenças significativas ( $p < 0,01$ ) entre as linhagens para todos os caracteres (Tabela 1), indicando existência de variabilidade. A variabilidade genética é requisito básico para o melhoramento, tornando possível a seleção dos genótipos superiores para os caracteres avaliados. Também foi observado efeito significativo entre os anos avaliados para todos os caracteres, sugerindo que o ambiente a que as linhagens foram expostas alteraram de forma significativa sua expressão, assim como observado em Pereira et al. (2018) e Torres et al. (2022).

Não foi observada interação significativa ( $p > 0,05$ ) entre linhagens e anos para reação à murcha-de-fusário, o que sugere prevalência de apenas uma raça na área e que a resistência tende a ser conferida por genes de efeito maior, pois uma herança poligênica ou a presença de mais de uma raça resultaria em significância para a interação das linhagens com o ambiente (Cândida et al., 2009; Batista et al., 2017; Torres et al., 2022). Dessa forma, as linhagens consideradas superiores para resistência à murcha-de-fusário são as mesmas nos diferentes anos, o que favorece sua seleção. Para as demais variáveis, a interação foi significativa ( $p < 0,01$ ), o que já era esperado devido a serem caracteres quantitativos, com maior influência do ambiente (Okii et al., 2018; Batista et al., 2016; 2017).

**Tabela 1.** Resumo das análises de variância individuais e conjuntas para produtividade (PROD, kg ha<sup>-1</sup>), massa de 100 grãos (M100, gramas), reação à murcha-de-fusário (FOP, nota 1 - 9) e coloração dos grãos após a colheita (CGA, nota 1 - 5) de linhagens de feijão avaliadas em Santo Antônio de Goiás, nos anos de 2019 e 2020.

2019									
Fonte de variação	GL	PROD		M100		FOP		CGA	
		QM	p-valor	QM	p-valor	QM	p-valor	QM	p-valor
Blocos	2	17890	0,932	16,65	0,000	0,66	0,550	0,31	0,336
Genótipos	63	1031682	0,000	10,76	0,000	3,92	0,000	0,97	0,000
Testemunhas (T)	3	691322	0,047	6,73	0,000	14,89	0,000	4,53	0,000
Linhagens (L)	59	1050059	0,000	7,19	0,000	2,48	0,000	0,61	0,000
T x L	1	968550	0,053	233,42	0,000	56,39	0,000	11,57	0,000
Resíduo	126	253791	-	0,63	-	1,10	-	0,29	-
CVe	-	20,0		2,8		29,4		20,7	
Acurácia seletiva	-	0,87		0,97		0,85		0,85	
Média Geral	-	2516		28,4		3,6		2,6	
2020									
Fonte de variação	GL	PROD		M100		FOP		CGA	
		QM	p-valor	QM	p-valor	QM	p-valor	QM	p-valor
Blocos	2	665130	0,001	23,77	0,000	7,22	0,000	1,63	0,003
Genótipos	63	174287	0,002	8,73	0,000	1,84	0,000	0,46	0,005
Testemunhas (T)	3	232515	0,063	7,53	0,001	4,11	0,000	0,67	0,061
Linhagens (L)	59	170926	0,002	6,25	0,000	1,35	0,000	0,44	0,008
T x L	1	197889	0,148	158,86	0,000	23,65	0,000	0,61	0,131
Resíduo	126	93318	-	1,36	-	0,46	-	0,27	-
CVe	-	18,7		3,9		24,1		14,9	
Acurácia seletiva	-	0,68		0,92		0,87		0,65	
Média Geral	-	1636		29,9		2,8		3,4	
Análise Conjunta									
Fonte de variação	GL	PROD		M100		FOP		CGA	
		QM	p-valor	QM	p-valor	QM	p-valor	QM	p-valor
Bloco/Anos	4	341510	0,144	20,2	0,000	3,9	0,008	1,0	0,032
Genótipos (G)	63	653852	0,000	17,3	0,000	4,8	0,000	0,8	0,000
Linhagens (L)	59	641721	0,000	11,4	0,000	3,0	0,000	0,6	0,000
Testemunhas (T)	3	770038	0,005	9,3	0,000	15,8	0,000	3,7	0,000
T x L	1	1021015	0,016	388,7	0,000	76,5	0,000	8,7	0,000
Anos (A)	1	74312483	0,000	236,4	0,015	55,5	0,005	62,9	0,000
G x A	63	552116	0,000	2,2	0,000	1,0	0,115	0,6	0,000
L x A	59	579263	0,000	2,0	0,000	0,8	0,379	0,5	0,000
T x A	3	153798	0,415	4,9	0,002	3,2	0,007	1,5	0,001
(T vs L) x A	1	145423	0,435	3,6	0,059	3,5	0,035	3,4	0,000
Resíduo	252	173554	-	1,0	-	0,8	-	0,3	-
CVe	-	20,1		3,4		27,7		17,2	
Média Geral	-	2076		29,2		3,2		3,0	

As estimativas de variâncias fenotípicas ( $\sigma_F^2$ ), genética ( $\sigma_G^2$ ) e ambiental ( $\sigma_E^2$ ) são de grande importância para programas de melhoramento, pois indicam a influência genética e ambiental sobre determinado caráter, facilitando o processo de seleção. Na

análise conjunta pode-se avaliar a  $\sigma_G^2$  comparando-a tanto com a  $\sigma_F^2$  quanto com a variância da interação ( $\sigma_{G \times A}^2$ ). No primeiro caso, a  $\sigma_G^2$  manteve seu valor superior a 50% da  $\sigma_F^2$  (Tabela 2), indicando que a maior parte da variação dos dados é de origem genética. De forma similar, houve superioridade da  $\sigma_G^2$  em relação a  $\sigma_{G \times A}^2$ , tornando possível a seleção direta pelo melhoramento. Os resultados obtidos nas análises individuais corroboram com essas afirmativas e estão de acordo com os observados por Torres et al. (2022).

As herdabilidades para análise conjunta oscilaram de 51,9% a 91,3% sendo classificadas de medianas a altas (Tabela 2). A herdabilidade fornece a proporção da variância genética presente na variância fenotípica total (Ramalho et al., 2012). Valores acima de 50% indicam que a influência genética sobre determinado caráter é maior do que a influência ambiental, favorecendo a seleção por programas de melhoramento. Dessa forma, quanto mais altos os valores para herdabilidade, maior a correlação entre o genótipo e fenótipo e, conseqüentemente, maiores as chances de sucesso com a seleção dos genótipos de interesse. Para reação à murcha-de-fusário, as estimativas individuais foram inferiores (55,5 e 66,3%) quando comparadas a estimativa baseada na análise conjunta (74,1%), o que indica melhores resultados com a seleção baseada nos dados dos dois ambientes. Resultado semelhante foi obtido por Cavalheiro et al. (2023a) que, trabalhando com grãos do tipo carioca, obtiveram 76,6% de herdabilidade na análise conjunta para reação a murcha-de-fusário. Estimativa mais elevada (90,9%) foi obtida por Torres et al. (2022) fazendo uso de genitores de grãos tipo preto que, de acordo com o trabalho de Pereira et al. (2016), possuem um nível de resistência mais elevado do que genitores com grãos do tipo carioca.

**Tabela 2.** Estimativas de variância genética ( $\sigma_G^2$ ), interação dos genótipos com anos ( $\sigma_{G \times A}^2$ ), fenotípica ( $\sigma_F^2$ ), herdabilidade ( $h^2$ , %), ganhos de seleção direta no caráter (GS e GS%) e ganhos com seleção simultânea, com intensidade de 25%, para produtividade (PROD, kg ha<sup>-1</sup>), massa de 100 grãos (M100, gramas), reação à murcha-de-fusário (FOP, nota 1 - 9) e coloração dos grãos após a colheita (CGA, nota 1 - 5).

2019				
Parâmetros	PROD	M100	FOP	CGA
Variância Genética ( $\sigma_G^2$ )	265422	2,19	0,46	0,12
Variância Fenotípica ( $\sigma_F^2$ )	350019	2,40	0,82	0,21
Herdabilidade ( $h^2$ )	75,8	91,2	55,5	55,9
Ganho de Seleção (GS)	534	1,89	-0,61	-0,30
Ganho de seleção percentual (GS%)	21,2	6,7	-17,1	-11,4
2020				
Parâmetros	PROD	M100	FOP	CGA
Variância Genética ( $\sigma_G^2$ )	25869	1,63	0,30	0,06
Variância Fenotípica ( $\sigma_F^2$ )	56975	2,08	0,45	0,15
Herdabilidade ( $h^2$ )	45,4	78,2	66,3	40,3
Ganho de Seleção (GS)	133	1,36	-0,48	-0,22
Ganho de seleção percentual (GS%)	8,2	4,5	-16,9	-6,3
Análise Conjunta				
Parâmetros	PROD	M100	FOP	CGA
Variância Genética ( $\sigma_G^2$ )	78027	1,74	0,37	0,05
Variância Genética da interação ( $\sigma_{G \times A}^2$ )	67618	0,16	0,01	0,04
Variância Fenotípica ( $\sigma_F^2$ )	106959	1,90	0,50	0,09
Herdabilidade ( $h^2$ )	72,9	91,3	74,1	51,9
Ganho de Seleção (GS)	294	1,54	-0,58	-0,40
Ganho de seleção percentual (GS%)	14,2	5,3	-18,0	-12,6
Seleção simultânea				
Parâmetros	PROD	M100	FOP	CGA
Média Geral	2076	29,2	3,2	3,0
Média Selecionados	2301	29,9	2,6	2,9
Ganho de seleção (GS)	164	0,69	-0,42	-0,10
Ganho de seleção percentual (GS%)	7,9	2,4	-13,3	-3,2

Em relação ao ganho esperado com a seleção, as quinze linhagens selecionadas, considerando 25% de intensidade, promoveram uma redução na média para reação à murcha-de-fusário de -0,58 na análise conjunta, correspondendo a um ganho de 18% (Tabela 2). O ganho de seleção se refere à alteração direcionada da média de determinado caráter da população para patamares de interesse, maximizando a frequência de alelos favoráveis controlando o caráter (Hallauer et al., 2010). Nesse sentido, a redução da nota para reação à murcha-de-fusário indica que as linhagens

selecionadas terão maior frequência de alelos favoráveis. O ganho obtido está abaixo dos encontrados na literatura, correspondendo a 26,8% e 35,5% em condições controladas (Cândida et al., 2009), 23% para uma população de grãos carioca avaliada em campo (Cavalheiro, 2021) e 33,7% e 37% para grãos pretos em condição de campo (Torres et al., 2022; 2024). Contudo, das 60 linhagens avaliadas, 40 obtiveram notas médias inferiores a 3, sendo consideradas resistentes (Pastor-Corrales & Abawi, 1987). Nesse caso, trata-se de uma população de alto padrão o que reduz a chance de aumentos muito expressivos na seleção, pois já existe uma frequência favorável de alelos proporcionando resistência, além de terem passado por uma espécie de seleção natural nas primeiras gerações.

Os ganhos com a seleção direta para produtividade, massa de 100 grãos e coloração dos grãos após colheita na análise conjunta foram de 14,2%, 5,3% e 12,6%, respectivamente (Tabela 2). Esses resultados são de grande importância para programas de melhoramento tendo em vista que caracteres de qualidade e produção, como os aqui trabalhados, possuem herança complexa, sendo controlados por diversos genes que podem ter ocorrência de interações epistáticas, efeitos pleiotrópicos, alélismo múltiplo e ligação gênica, dificultando sua seleção (Almeida et al., 2021). Dessa forma os ganhos aqui obtidos representam maior adequação das linhagens às condições de mercado, favorecendo a comercialização do produto (Pereira et al., 2012).

As chances de sucesso de um programa de melhoramento na escolha de cultivares são maximizadas utilizando a seleção simultânea, tendo em vista que diversas são as variáveis de interesse em um genótipo comercial. Considerando esse tipo de seleção, foram obtidos, a partir da análise conjunta, ganhos satisfatórios para todos os caracteres, correspondendo a 7,9% para produtividade, 2,4% para massa de 100 grãos, 13,3% para reação à murcha-de-fusário e 3,2% para coloração dos grãos após colheita (Tabela 2). Embora os ganhos sejam inferiores aos observados para os caracteres individualmente, o uso de seleção simultânea favorece o aumento da frequência de alelos favoráveis em mais de um caráter na mesma seleção, o que reduz tempo e custos dos programas, sendo mais interessante. Cavalheiro et al. (2023a) obtiveram resultados semelhantes para seleção simultânea com ganhos de 12,9% para reação à murcha-de-fusário, 5,6% para produtividade, 3,4% para massa de 100 grãos e 6,1% para coloração dos grãos após a colheita. Já Torres et al. (2022) obtiveram ganhos superiores para reação à murcha-de-fusário e massa de 100 grãos na seleção simultânea (22,1% e 7,7%, respectivamente) e ganho semelhante para produtividade (6,6%).

Em relação à seleção direta, para reação à murcha-de-fusário, as 60 linhagens foram superiores as duas testemunhas suscetíveis, BRS Cometa (nota 6,0) e BRS FC406 (nota 6,5) (Tabela 3), indicando o sucesso com a seleção natural durante o avanço de gerações dos bulks. Já em relação a BRS Notável (nota 4,2) e BRS FC402 (nota 3,0), consideradas resistentes, 58 e 39 linhagens, respectivamente, obtiveram notas iguais ou inferiores as testemunhas citadas, indicando elevado potencial das linhagens.

Para aspectos produtivos, 14 linhagens foram superiores a testemunha que apresentou maior produtividade, BRS FC402 (2.121 kg ha<sup>-1</sup>), mostrando alto potencial das linhagens para produtividade de grãos (Tabela 3). Com relação a massa de 100 grãos, as linhagens selecionadas apresentaram no mínimo de 29,1 gramas, sendo superiores a todas as testemunhas (Tabela 3) e adequadas ao comércio, que visa trabalhar com cultivares com massa de 100 grãos superior a 25 gramas (Pereira et al., 2012).

Para coloração dos grãos após a colheita a linhagem selecionada com maior nota (3,0), apresentou grãos mais claros do que três testemunhas avaliadas (BRS Notável, BRS Cometa e BRS 406), indicando adequação ao padrão comercial (Tabela 3). Contudo, essas três cultivares apresentam grãos com coloração bege clara e rajadas marrons, e o mercado tem modificado sua exigência para coloração bege muito clara com rajadas marrons claras. Sendo assim, as linhagens CNFC20188, CNFC20149 e CNFC20175 são as mais indicadas para seleção a partir da coloração dos grãos, visto que obtiveram notas para esse caráter iguais ou inferiores a da testemunha BRS FC 402 (nota 2,5), que tem por característica grãos com coloração de tegumento bege clara e estrias marrons claras, possuindo alto valor comercial e atendendo os padrões desejados pela indústria e consumidores finais (Melo et al., 2017).

No geral, a linhagem CNFC20188 se destacou das demais sendo superior a todas as testemunhas para os quatro caracteres avaliados (Tabela 3). As linhagens CNFC20134, CNFC20160 e CNFC20142 também possuem alto potencial, sendo superiores a BRS FC402 para murcha-de-fusário, produtividade e M100 e nota para coloração dos grãos de 2,7. A partir desta seleção torna-se importante a avaliação das linhagens em múltiplos ambientes visando a validação do uso como cultivares comerciais.

**Tabela 3.** Médias com base na análise conjunta das 60 linhagens de feijão-comum e 4 testemunhas para produtividade (PROD, kg ha<sup>-1</sup>), massa de 100 grãos (M100, gramas), reação à murcha-de-fusário (FOP, nota 1 - 9) e coloração dos grãos após a colheita (CGA, nota 1 - 5).

Tratamentos	PROD	M100	FOP	CGA	Tratamentos	PROD	M100	FOP	CGA
CNFC 20153	1788	30,3	2,2	2,7	CNFC 20154	1876	29,4	3,0	3,0
<b>CNFC 20134<sup>1</sup></b>	<b>2204</b>	<b>29,6</b>	<b>2,3</b>	<b>2,7</b>	CNFC 20156	2593	30,0	3,0	3,3
CNFC 20151	1607	29,7	2,3	2,8	CNFC 20169	2186	29,0	3,0	3,3
CNFC 20152	1597	29,7	2,3	2,7	CNFC 20174	2412	29,6	3,0	3,1
CNFC 20165	1776	29,2	2,3	2,8	CNFC 20178	1643	32,3	3,0	3,2
CNFC 20173	2554	29,7	2,3	3,2	CNFC 20184	2408	29,5	3,0	3,2
<b>CNFC 20135</b>	<b>2229</b>	<b>29,8</b>	<b>2,5</b>	<b>3,0</b>	CNFC 20185	2446	29,6	3,0	3,0
<b>CNFC 20140</b>	<b>2381</b>	<b>29,2</b>	<b>2,5</b>	<b>3,0</b>	BRS FC402*	2121	25,1	3,0	2,5
<b>CNFC 20144</b>	<b>2398</b>	<b>29,9</b>	<b>2,5</b>	<b>2,8</b>	CNFC 20139	1870	29,0	3,2	3,0
<b>CNFC 20160</b>	<b>2183</b>	<b>30,1</b>	<b>2,5</b>	<b>2,7</b>	CNFC 20147	2125	29,3	3,2	2,7
CNFC 20168	2435	30,6	2,5	3,2	CNFC 20149	2280	32,0	3,2	2,2
<b>CNFC 20179</b>	<b>2182</b>	<b>30,1</b>	<b>2,5</b>	<b>3,0</b>	CNFC 20159	2119	30,0	3,2	2,8
<b>CNFC 20181</b>	<b>2157</b>	<b>30,1</b>	<b>2,5</b>	<b>2,8</b>	CNFC 20192	2414	29,3	3,2	2,8
CNFC 20183	1874	31,3	2,5	2,8	CNFC 20166	2203	29,2	3,3	2,7
<b>CNFC 20188</b>	<b>2160</b>	<b>32,1</b>	<b>2,5</b>	<b>2,5</b>	CNFC 20141	1472	30,6	3,5	3,7
CNFC 20190	2362	29,0	2,5	3,2	CNFC 20157	1941	29,2	3,5	3,2
<b>CNFC 20136</b>	<b>2105</b>	<b>29,2</b>	<b>2,7</b>	<b>2,8</b>	CNFC 20158	2138	29,4	3,5	3,2
<b>CNFC 20142</b>	<b>2367</b>	<b>29,1</b>	<b>2,7</b>	<b>2,7</b>	CNFC 20167	2295	29,1	3,7	2,7
<b>CNFC 20145</b>	<b>2506</b>	<b>29,2</b>	<b>2,7</b>	<b>2,8</b>	CNFC 20172	2070	28,7	3,7	3,0
CNFC 20150	2061	30,5	2,7	3,0	CNFC 20175	1966	28,8	3,7	2,5
CNFC 20155	2271	29,7	2,7	3,2	CNFC 20148	1625	29,4	3,8	2,8
CNFC 20161	2049	29,7	2,7	3,0	CNFC 20143	1710	24,4	4,0	3,5
CNFC 20189	1970	29,6	2,7	3,3	CNFC 20186	1762	28,6	4,0	3,2
CNFC 20137	2444	29,8	2,8	3,2	CNFC 20187	1742	27,5	4,0	4,0
<b>CNFC 20138</b>	<b>2559</b>	<b>29,1</b>	<b>2,8</b>	<b>2,8</b>	CNFC 20146	1249	27,0	4,2	3,2
<b>CNFC 20162</b>	<b>2236</b>	<b>29,9</b>	<b>2,8</b>	<b>2,8</b>	CNFC 20164	1831	30,9	4,2	3,5
CNFC 20163	2010	29,4	2,8	3,0	CNFC 20170	1811	32,3	4,2	3,3
CNFC 20176	1853	28,2	2,8	2,7	BRS Notável*	1985	23,9	4,2	3,8
<b>CNFC 20177</b>	<b>2653</b>	<b>29,9</b>	<b>2,8</b>	<b>3,0</b>	CNFC 20171	1919	25,6	5,5	3,3
<b>CNFC 20180</b>	<b>2629</b>	<b>30,0</b>	<b>2,8</b>	<b>3,0</b>	CNFC 20191	1328	25,8	5,7	3,5
CNFC 20182	2021	28,9	2,8	3,2	BRS Cometa*	1345	25,3	6,0	4,3
CNFC 20133	2307	28,9	3,0	3,2	BRS FC406*	2053	26,9	6,5	3,8

<sup>1</sup> Dados em negrito correspondem a genótipos selecionados pelo método dos níveis independentes com intensidade de 25%. \* Testemunhas utilizadas no experimento.

As estimativas de correlação obtidas apontam que a nota de reação a murcha-de-fusário possui associação com produtividade (-0,60) e com massa de 100 grãos (-0,52) (Tabela 4). Essas associações são inversas e significativas, indicando que plantas com maior incidência de doença (maiores notas) resultaram em menores

produtividades, ou seja, aquelas com maior sanidade foram responsáveis pelas maiores produções e, conseqüentemente, maiores massas dos grãos. Cavalheiro et al. (2023a) e Torres et al. (2022) também apresentaram correlação negativa entre produtividade e reação à murcha-de-fusário na ordem de -0,58 e -0,72, respectivamente, valores próximos aos obtidos neste trabalho. Para massa de 100 grãos e reação à murcha-de-fusário as estimativas foram de -0,36 (Cavalheiro et al., 2023a) e -0,28 (Torres et al., 2022), sendo inferiores as aqui apresentadas.

**Tabela 4.** Estimativas de correlações fenotípicas ( $r_f$ ) entre produtividade ( $\text{kg ha}^{-1}$ ), massa de 100 grãos (gramas), reação à murcha-de-fusário (nota 1 - 9) e coloração dos grãos após a colheita (nota 1 - 5) com base na análise conjunta dos dados.

Caracteres	$r_f$
Reação à murcha-de-fusário x Produtividade	-0,60 <sup>**</sup>
Reação à murcha-de-fusário x Massa de 100 grãos	-0,52 <sup>**</sup>
Reação à murcha-de-fusário x Coloração dos grãos após colheita	0,21

\*\* : significativo a 1% pelo teste t.

## 2.4 CONCLUSÕES

Há variabilidade genética entre as linhagens de feijão com grãos carioca e possibilidade de sucesso com a seleção, refletidas pelas altas estimativas de herdabilidade e ganho esperado com a seleção, para reação à murcha-de-fusário, produtividade, massa de 100 grãos, e coloração dos grãos após a colheita.

Quinze linhagens combinam resistência à murcha-de-fusário, altas estimativas de produtividade e de massa de 100 grãos e coloração dos grãos após a colheita adequada às necessidades de mercado. Entre essas, CNFC20188, CNFC20134, CNFC20160 e CNFC20142 destacaram-se.

## 2.5 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALMEIDA, C. P.; SANTOS, I. L.; PAULINO, J. F. C.; BARBOSA, C. C. F.; PEREIRA, C. C. A.; CARVALHO, C. R. L., et al. Genome-wide association mapping reveals new loci associated with light-colored seed coat at harvest and slow darkening in carioca beans. **BMC Plant Biology**, v. 21, n. 1, p. 1-14, 2021.
- AZEVEDO, C. V. G.; RIBEIRO, T.; DA SILVA, D. A.; CARBONELL, S. A. M.; CHIORATO, A. F. Adaptabilidade, estabilidade e resistência a patógenos em genótipos de feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília**, v. 50, n. 10, p. 912-922, 2015.
- BATISTA, R.O.; OLIVEIRA, A.M.C. e; SILVA, J.L.O.; NICOLI, A.; CARNEIRO, P.C.S.; CARNEIRO, J.E. de S.; PAULA JÚNIOR, T.J. de; QUEIROZ, M.V. de. Resistance to Fusarium wilt in common bean. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.16, p.226-233, 2016.
- BATISTA, R. O.; SILVA, L. C.; MOURA, L. M.; SOUZA, M. H.; CARNEIRO, P. C. S.; CARVALHO FILHO, J. L. S.; CARNEIRO, J. E. S. Inheritance of resistance to fusarium wilt in common bean. **Euphytica**, v. 213, n. 7, p. 133, 2017. Doi: 10.1590/1984-70332022v22n4a37
- BATISTA, R. O.; CAIXETA, E. T.; ALMEIDA, D. P.; SILVA, L. C.; NICOLI, A. Resistência genética e melhoramento de plantas à doenças. In: RIOS, J. A.; ALMEIDA, L. C.; SOUZA, E. B. **Resistência de plantas a patógenos**. 1. Ed. Recife/PE: UFRPE, 2021. p. 46-69.
- BORBA, M. C.; GARCÉS-FIALLOS, F. R.; STADNIK, M. J. Reactions of black bean seedlings and adult plants to infection by *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*. **Crop Protection**, v. 96, p. 221-227, 2017. Doi: 10.1016/j.cropro.2017.02.019.
- BOUIS, H. E.; SALTZMAN, A. Improving nutrition through biofortification: a review of evidence from HarvestPlus, 2003 through 2016. **Global Food Security**, v.12, p.49-58, 2017. DOI: 10.1016/j.gfs.2017.01.009.
- CÂNDIDA, D. V.; COSTA, J. G. C.; RAVA, C. A.; CARNEIRO, M. S. Controle genético da murcha do fusário (*Fusarium oxysporum*) em feijoeiro comum. **Tropical Plant Pathology**, Brasília, v. 34, n. 6, p. 379-384, 2009. Doi: 10.1590/S1982-56762009000600003
- CARLONI, P. R.; SOUZA, T. L. P. O.; AGUIAR, M. S.; MELO, L. C.; MELO, P. G. S.; PEREIRA, H. S. Genetic parameters and validation of microsatellite markers associated with iron and zinc in common bean. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 58, 2023.
- CAVALHEIRO, S. B.; MELO, L. C.; SOUZA, T. L. P. O. D.; PEREIRA, H. S. Genetic parameters and selection of carioca common bean lines resistant to fusarium wilt. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 58, p. e03313, 2023a.

CAVALHEIRO, S. B.; MELO, L. C.; SOUZA, T. L. P. O.; PEREIRA, H. S. Selection of parents and segregating populations of carioca common bean resistant to Fusarium wilt. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 44, n. 2, p. 499-514, 2023b.

CAVALHEIRO, S. B. **Seleção de genótipos e mapeamento de QTLs para resistência à murcha-de-fusário em feijão carioca**. 2021. 108 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Goiás, Goiânia/GO, 2021.

CHIORATO, A. F.; CARBONELL, S. A. M.; BOSETTI, F.; SASSERON, G. R.; LOPES, R. L. T.; AZEVEDO, C. V. G. Common bean genotypes for agronomic and market-related traits in VCU trials. **Scientia Agricola**, v. 72, n. 1, p. 34-40, 2015.

CHIWINA, K.; XIONG, H.; BHATTARAI, G.; DICKSON, R.W.; PHIRI, T.M.; CHEN, Y.; ALATAWI, I.; DEAN, D.; JOSHI, N.K.; CHEN, Y.; et al. Genome-Wide Association Study and Genomic Prediction of FusariumWilt Resistance in Common Bean Core Collection. **International Journal of Molecular Sciences**, v. 24, n. 15300, 2023. Doi: 10.3390/ijms242015300

CONAB, Companhia Nacional de Abastecimento. **Safra Brasileira de Grãos**, 2023. Disponível em <<https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos>>. Acesso em 21, janeiro, 2024.

CROSS, H.; BRICK, M.A.; SCHWARTZ, H. F.; PANELLA, L. W.; BYRNE, P. F. Inheritance of resistance to fusarium wilt in two common beans races. **Crop Science**, v. 40, p. 954-958, 2000. Doi: 10.2135/cropsci2000.404954x.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4 ed., v. 1, Viçosa: Editora UFV, 2012. 514p.

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.

FALL, A. L.; BYRNE, P. F.; JUNG, G.; COYNE, D. P.; BRICK, M. A.; SCHWARTZ, H. F. Detection and mapping of a major locus for Fusarium wilt resistance in common bean. **Crop science**, v. 41, n. 5, p. 1494-1498, 2001. Doi: 10.2135/cropsci2001.4151494x.

FAOSTAT, Food and Agriculture Organization of the United Nations. **Crops**, 2022. Disponível em: <<https://www.fao.org/faostat/en/#data/QCL>>. Acesso em: 26 de jan. 2024.

GOMES-MESSIAS, L. M.; VIANELLO, R. P.; MONTEIRO-JÚNIOR, J. P.; RODRIGUES, L. A.; MOTA, A. P.S.; PEREIRA, H. S.; MELO, L. C.; RAATZ, B.; SOUZA, T. L. P. O. Molecular characterization of parental lines and validation of SNP markers for anthracnose and angular leaf spot in common bean. **Euphytica**, v. 218, p. 49, 2022. Doi: 10.1007/s10681-022-03002-2.

GUIMARÃES, E. P.; SOUZA, T. L. P. O. Feijão comum: o uso de sementes certificadas na cadeia produtiva. **Seed News**. Ano XXIII, n. 1, p. 30-35, 2019.

HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. New York: Springer, 2010. 663p.

HAZEL, L. N.; LUSH, J. L. The efficiency of three methods of selection. **Journal of Hered**, 1942.

IZQUIERDO, P.; ASTUDILLO, C.; BLAIR, M. W.; IQBAL, A. M.; RAATZ, B.; CICHY, K. A. Meta-QTL analysis of seed iron and zinc concentration and content in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Theoretical and Applied Genetics**, v.131, p.1645-1658, 2018. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00122-018-3104-8>.

KÖPPEN, W. **Climatologia**: con un estudio de los climas de la tierra. México: Fondo de Cultura Economica, 1948. 478 p.

LEITÃO, S. T.; MALOSETTI, M.; SONG, Q.; EEUWIJK, F. V.; RUBIALES, D.; PATTO, M. C. V. Natural variation in Portuguese common bean germplasm reveals new sources of resistance against *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli* and resistance-associated candidate genes. **Phytopathology**, v. 110, n. 3, p. 633-647, 2020.

MELO, L. C.; PEREIRA, H. S.; FARIA, L. C. D.; SOUZA, T. L. P. O. D.; WENDLAND, A.; DÍAZ, J. L. C.; CARVALHO, H. W. L. C.; MELO, C. L. P.; COSTA, A. F.; MAGALDI, M. C. S. COSTA, J. G. C. D. BRS FC402: high-yielding common bean cultivar with carioca grain, resistance to anthracnose and fusarium wilt. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 17, p. 67-71, 2017.

OKII, D.; MUKANKUSI, C.; SEBULIBA, S.; TUKAMUHABWA, P.; TUSIIME, G.; TALWANA, H.; ODONG, T.; NAMAYANJA, A.; PAPARU, P.; NKALUBO, S.; OTIM, M.; UGEN, M.; BUAH, S.; GEPTS, P. Genetic variation, heritability estimates and GXE effects on yield traits of Mesoamerican common bean (*Phaseolus vulgaris* L) germplasm in Uganda. **Plant Genetic Resources: Characterization and Utilization**, v.16, p.237-248, 2018. DOI: <https://doi.org/10.1017/s1479262117000259>.

PASTOR-CORRALES, M.A.; ABAWI, G.S. Reactions of selected bean germplasms to infection by *Fusarium oxysporum* f.sp. *phaseoli*. **Plant Disease**, v.71, p.990-993, 1987.

PAULINO, J. F. C.; ALMEIDA, C. P.; BUENO, C. J.; SONG, Q.; FRITSCHÉ-NETO, R.; CARBONELL, S. A. M.; CHIORATO, A. F.; BENCHIMOL-REIS, L. L. Genome-Wide Association Study Reveals Genomic Regions Associated with Fusarium Wilt Resistance in Common Bean. **Genes**, v. 12, n. 765, 2021. Doi: 10.3390/genes12050765.

PEREIRA, D. G.; FARIA, L. C.; SOUZA, T. L. P. O.; MELO, L. C.; PEREIRA, H. S. Selection of parents and segregating populations of black bean resistant to fusarium wilt with high yield and seed weight. **Genetics and Molecular Research**, v. 18, n. 3, p. 1-10, 2019.

PEREIRA, D. G.; FARIA, L. C.; TORGA P. P.; SOUZA, T. L. P. O.; MELO, L. C.; PEREIRA, H. S. Genetic potential of fusarium wilt-resistant elite common bean lines assessed in multiple environments. **Genetics and Molecular Research**, v. 19, n. 2, gmr18617, 2020.

PEREIRA, H. S.; ALMEIDA, V. M.; MELO, L. C.; WENDLAND, A.; FARIA, L. C.; PELOSO, M. J. D.; MAGALD, M. C. S. Influência do ambiente em cultivares de feijoeiro-comum em cerrado com baixa altitude. **Bragantia**, v. 71, n. 2, p. 165-172, 2012.

PEREIRA, H. S.; SOUZA, T. L. P. O.; FARIA, L. C.; AGUIAR, M. S.; WENDLAND, A.; COSTA, J. G. C. et al. BRS FC406: Common bean cultivar with high yield in the rainy season in central Brazil. **Functional Plant Breeding Journal**, v. 3, n. 2, 2021.

PEREIRA, H.S.; FARIA, L.C.; WENDLAND, A.; COSTA, J.G.C.; SOUZA, T.L.P.O.; MELO, L.C. Genotype by environment interaction for disease resistance and other important agronomic traits supporting the indication of common bean cultivars. **Euphytica**, v.214, art.12, 2018.

PEREIRA, H.S.; MELO, L.C.; SOUZA, T.L.P.O. de; FARIA, L.C. de; WENDLAND, A.; MAGALDI, M.C. de S. Resistance to fusarium wilt in common bean cultivars and lines in pre-commercial stage. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, v.59, p.103-104, 2016.

PEREIRA, H. S.; SOUZA, T. L. P. O.; AGUIAR, M. S.; FARIA, L. C.; COSTA, J. G. C.; MAGALDI, M. C. S.; SOUZA, N. P.; KNUPP, A. M.; GUIMARÃES, C. M.; CARVALHO, H. W. L.; ALMEIDA, V. M.; MELO, L. C. BRS FC415: common bean cultivar with high yield, commercial quality, slow seed coat darkening, and resistance to soil pathogens. **Functional Plant Breeding Journal**. v.4, n.2, a4, 2022.

PEREIRA, H. S.; SOUZA, T. L. P. O.; AGUIAR, L. C. F.; COSTA, J. G. C.; GUIMARÃES, C. M.; ALMEIDRA, V. M.; MELHO, L. C. BRS FC423: common bean cultivar with carioca type grain with slow darkening, high yield, and high resistance to anthracnose and root rots. **Functional Plant Breeding Journal**. v.5, a11, 2023.

PEREIRA, M. J. Z.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, Â. F. B. Reação de linhagens de feijoeiro ao fungo *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli* em condições controladas. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, MG, v. 35, p. 940-947, 2011.

PEREIRA, M. J. Z.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, Â. D. F. B. Inheritance of resistance to *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli* Brazilian race 2 in common bean. **Scientia Agricola**, v. 66, n. 6, p. 788-792, 2009. Doi: 10.1590/S0103-90162009000600010.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. D. F.; SANTOS, J. D.; NUNES, J. A. R. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: UFLA, 2012. 522 p.

SILVA, F. C.; MARTINS, S. M.; Pereira, H. S.; MELO, P. G. S.; Melo, L. C. Strategies for the selection of common bean lines for yield and commercial grain quality. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 58, 2023.

SILVA, G. S.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; SILVA, F. B. Genetic control of early grain darkening of carioca common bean. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 8, p. 299-304, 2008.

SILVA, R. S.; FARIA, J. C.; VIANELLO, R. P.; VALDISSER, P. A. M. R.; PEREIRA, H. S.; MELO, L. C.; PINHEIRO, P. V.; SOUZA, T. L. P. O. Inheritance and genetic mapping of the first CPMMV tolerance locus in common bean. **Plant Pathology**, v. 73, n. 6, p. 1436-1445, 2024.

TORRES, M. H. R. M.; VIANELLO, R. P.; SOUZA, T. L. P. O. D.; MELO, L. C.; MARTINS, S. M.; GOMES-MESSIAS, L. M.; PEREIRA, H. S. Identification of QTLs and validation of molecular markers associated with reaction to Fusarium wilt in the common bean cultivar BRS FP403. **Crop Science**, 2024. Doi: 10.1002/csc2.21218

TORRES, M. H. R. M.; SOUZA, T. L. P. O. D.; FARIA, L. C. D.; MELO, L. C.; PEREIRA, H. S. Genetic parameters and selection of black bean lines for resistance to fusarium wilt and yield. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 57, 2022.

TORRES, M. H. R. M.; SOUZA, T. L. P. O. D.; MELO, L. C.; PEREIRA, H. S. Combining ability for resistance to Fusarium wilt and yield in black bean. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 56, 2021.

### **3. IDENTIFICAÇÃO DE QTLs E VALIDAÇÃO DE MARCADORES ASSOCIADOS A REAÇÃO À MURCHA-DE-FUSÁRIO NA CULTIVAR DE FEIJÃO-COMUM BRS ESPLENDOR**

#### **RESUMO**

A murcha-de-fusário, causada pelo fungo *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*, é uma doença de solo que causa grandes prejuízos na cultura do feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.). O uso de cultivares resistentes é o método de controle mais eficiente, contudo existem poucas cultivares com alta resistência a doença disponíveis no mercado. Dessa forma, o objetivo deste trabalho foi estudar o controle genético da resistência à *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli* e identificar marcadores moleculares associados a alelos de resistência na cultivar BRS Esplendor, de origem mesoamericana. Utilizou-se 103 progênies resultantes do cruzamento entre BRS Esplendor (resistente) e BRS Horizonte (suscetível), que foram avaliadas em campo naturalmente infestado com o patógeno em Santo Antônio de Goiás, Goiás, Brasil. Os experimentos foram conduzidos na safra de inverno (semeadura em maio) dos anos de 2018 e 2019 e avaliados quanto a reação à murcha-de-fusário. As progênies F<sub>2</sub> foram genotipadas utilizando a tecnologia DArTseq, resultando em marcadores SNPs e SilicoDArTs. Foi construído o mapa de ligação e realizado o mapeamento genético para identificação de regiões de interesse. Por fim, realizou-se a validação dos marcadores obtidos. Foi observada variabilidade genética para reação à murcha-de-fusário, com altas estimativas de herdabilidade (97%) e de ganhos genéticos (48%), o que indica possibilidade de sucesso com a seleção de progênies. O mapa de ligação foi construído com 2.189 marcadores, com tamanho de 3.026 cM, sendo identificados três QTLs associados à reação à murcha-de-fusário, localizados no cromossomo PV08, explicando de 51 a 66% da variação fenotípica. Os intervalos desses QTLs foram sobrepostos, indicando a presença de um único QTL, estável nos diferentes anos. A sonda de hidrólise (AN33KKZ) desenvolvida a partir desse QTL apresentou 97% de eficiência de seleção, demonstrando ser uma ferramenta eficiente para realização de seleção assistida por marcadores (SAM).

*Palavras-chave:* *Phaseolus vulgaris* L., marcadores moleculares, SNPs, SilicoDArT.

#### **ABSTRACT**

Fusarium wilt, caused by the fungus *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*, is a soil disease that causes great damage to common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) crops. The use of resistant cultivars is the most efficient control method, however there are few cultivars with high resistance to the disease available on the market. Therefore, the objective of this work was to study the genetic control of resistance to *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli* and identify molecular markers associated with resistance alleles in the BRS Esplendor cultivar, of Mesoamerican origin. 103 progenies resulting from the crossing between BRS Esplendor (resistant) and BRS Horizonte (susceptible)

were used, which were evaluated in a field naturally infested with the pathogen in Santo Antônio de Goiás, Goiás, Brazil. The experiments were conducted in the winter harvest (sowing in May) of 2018 and 2019 and evaluated for the reaction to fusarium wilt. The F2 progenies were genotyped using DArTseq technology, resulting in SNPs and SilicoDArTs markers. The linkage map was constructed and genetic mapping was carried out to identify regions of interest. Finally, the obtained markers were validated. Genetic variability was observed for the reaction to fusarium wilt, with high estimates of heritability (97%) and genetic gains (48%), which indicates the possibility of success with the selection of progenies. The linkage map was constructed with 2,189 markers, with a size of 3,026 cM, identifying three QTLs associated with the reaction to fusarium wilt, located on the PV08 chromosome, explaining 51 to 66% of the phenotypic variation. The intervals of these QTLs were overlapping, indicating the presence of a single QTL, stable in different years. The hydrolysis probe (AN33KKZ) developed from this QTL showed 97% selection efficiency, proving to be an efficient tool for carrying out marker-assisted selection (SAM).

*Keywords:* *Phaseolus vulgaris* L., *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*, molecular markers, SNPs, SilicoDArT.

### 3.1 INTRODUÇÃO

O feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma leguminosa de grande importância econômica, nutricional e social. O Brasil, com produção anual de 2,5 milhões de toneladas, é um dos maiores produtores mundiais desta leguminosa (CONAB, 2023). Contudo, em áreas em que há ocorrência de murcha-de-fusário, doença de solo causada pelo fungo *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*, a produção fica comprometida, reduzindo o potencial esperado para a cultura. Os maiores prejuízos são observados em áreas de alta intensidade agrícola, com cultivo de inverno sob pivô, o que favorece o desenvolvimento do patógeno (Borba et al., 2017; Xue et al., 2015).

O uso de cultivares resistentes é o método de controle mais eficiente e acessível economicamente (Chiorato et al., 2015). Entretanto, embora a variabilidade genética no feijão seja ampla, não existem muitas cultivares com nível elevado de resistência à murcha-de-fusário disponíveis para cultivo (Pereira et al., 2020, 2019, 2016; Rocha et al., 2019).

Além do baixo número de cultivares resistentes à murcha-de-fusário, também são poucos os trabalhos disponíveis na literatura referentes ao controle genético para reação à murcha-de-fusário em feijão-comum. Há relatos que abordam a herança genética para o caráter como oligogênica (Cavalheiro et al., 2023a; Batista et al., 2017; Cândida et al., 2009; Pereira et al., 2009) ou poligênica (Torres et al., 2022; 2024; Chiwina et al., 2023; Paulino et al., 2021; Fall et al., 2001; Cross et al., 2000). Contudo,

grande parte dos estudos citados foram desenvolvidos em ambiente controlado, tendo menor ocorrência da influência ambiental e, conseqüentemente, déficit de informações reais sobre a interação dos genótipos de interesse com campos naturalmente infestados com o patógeno (Azzimonti et al., 2014).

Dentre as estratégias utilizadas no melhoramento de plantas o uso de ferramentas moleculares tem otimizado o progresso dos programas, visto que possibilitam identificar e localizar alelos favoráveis em genótipos resistentes e utilizá-los em cruzamentos com cultivares elite, reduzindo o tempo para desenvolvimento de cultivares melhoradas (Faleiro et al., 2018). Alguns exemplos do uso de ferramentas moleculares, como a seleção assistida por marcadores moleculares (SAMM), em feijão-comum podem ser observados nos trabalhos desenvolvidos pela Embrapa Arroz e Feijão. Dentre eles destaca-se o desenvolvimento das cultivares BRS FC401 RMD e BRS FC420 RMD com resistência múltipla ao vírus do mosaico-comum do feijoeiro, vírus do mosaico-dourado do feijoeiro e vírus do mosqueado suave do caupi (Souza et al., 2018; Silva et al., 2022).

Para reação à murcha-de-fusário o uso de marcadores moleculares para identificação de QTLs associados a resistência ainda é incipiente, sendo encontrados poucos trabalhos na literatura (Torres et al., 2024; Chiwina et al., 2023; Paulino et al., 2021; Cavalheiro, 2021). Inicialmente Fall et al. (2001), trabalhando em condições controladas, identificaram um QTL localizado no cromossomo 10, explicando 64% da variação fenotípica dos dados, tendo a linhagem A55, de grãos pretos e origem mesoamericana, como genitor resistente. Paulino et al. (2021), a partir da análise GWAS e utilizando um painel de diversidade mesoamericano, identificaram SNPs associados à resistência nos cromossomos Pv01, Pv03, Pv04, Pv05, Pv07, Pv10 e Pv11, ligados aos isolados de FOP UFV01 e IAC18001. Além disso, Chiwina et al. (2023), analisando a Coleção Central de Feijão Comum do USDA, revelaram 11 SNPs altamente associados nos cromossomos Pv03, Pv04, Pv05, Pv07, Pv8, Pv09, Pv10 e Pv11 ligados às raças Fop 1 e 4. Cavalheiro (2021) avaliou progênies resultantes do cruzamento entre BRS Notável (resistente) e BRS Supremo (suscetível), ambos de origem mesoamericana, em campo naturalmente infestado pelo patógeno, e identificou o QTL FOP7.1<sup>NS</sup>, localizado no cromossomo Pv07, explicando 45% da variação dos dados. O QTL identificado resultou em uma sonda de hidrólise específica (ANKCHTP) com eficiência de seleção de 88%, possibilitando o uso na SAMM.

Mais recente, Torres et al. (2024) trabalhando com uma população derivada das cultivares BRS FP403 (resistente) e BRS Horizonte (suscetível), pertencentes ao pool genético mesoamericano, em campo infestado com *F. oxysporum* f. sp. *phaseoli*, identificaram quatro QTLs nos cromossomos Pv01, Pv02, Pv03 e Pv04, explicando de 6% a 41% da resistência à murcha-de-fusário. Maior ênfase foi dada ao QTL FOP2.3<sup>403H</sup> no cromossomo Pv02, que apresentou estabilidade ao longo dos diferentes anos e explicou 41% da variação fenotípica dos dados na análise conjunta. A partir da identificação do QTL2.3<sup>403H</sup> foi possível desenhar as sondas ANAAJK6 e ANCFDU que apresentaram eficiência de seleção superior a 92%, favorecendo o uso na SAMM para resistência à murcha de fusário em feijão-comum.

Outra fonte de resistência importante é a cultivar BRS Esplendor, que tem apresentado bons resultados ao longo do tempo (Pereira et al. 2016; Cavalheiro, 2021; Torres et al., 2024). Os trabalhos de Torres et al., (2024) e Cavalheiro (2021) indicam que BRS Esplendor apresenta os alelos de suscetibilidade para as sondas derivadas dos QTLs FOP<sup>403H</sup> e FOP<sup>NS</sup>, indicando, portanto, que sua resistência é conferida por outro gene. Diante do exposto, o objetivo desse trabalho foi estudar o controle genético da resistência à *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli* e identificar marcadores moleculares associados a alelos de resistência na cultivar BRS Esplendor.

## 3.2 MATERIAL E MÉTODOS

### 2.2.1 Material genético

A população de mapeamento para resistência à murcha-de-fusário foi obtida por meio do cruzamento entre as cultivares de origem mesoamericana BRS Esplendor (Costa et al., 2011) e BRS Horizonte (Melo et al., 2005). A escolha desses genitores ocorreu a partir do trabalho desenvolvido por Pereira et al. (2016), avaliando 30 genótipos em campo altamente infestado por *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*, durante 5 anos consecutivos (2010 a 2014). A BRS Esplendor é derivada do cruzamento entre as linhagens CB911863 e AN9123293 e é a cultivar mais resistente à murcha-de-fusário. Apresenta ainda grãos pretos com massa de 100 grãos de 21 gramas, resistência à outras doenças (antracnose, crestamento bacteriano comum e murcha de *curtobacterium*) e arquitetura de planta ereta. A cultivar BRS Horizonte, derivada do cruzamento múltiplo EMP250 /4/ A769 /// A429 / XAN252 // PintoVII14 é suscetível à

murcha-de-fusário e apresenta grãos do grupo carioca, arquitetura ereta e resistência à antracnose.

Os cruzamentos foram realizados em Santo Antônio de Goiás, Goiás, Brasil (16°30'17" S, 49°16'53" O, altitude de 819 metros), em condições controladas, em maio de 2016, dando origem a geração F<sub>1</sub>. Posteriormente, em dezembro de 2016, as plantas F<sub>1</sub> foram semeadas e, por meio de autofecundação, foi obtida a geração F<sub>2</sub>. A natureza híbrida das plantas foi confirmada fenotipicamente com auxílio de marcador morfológico para a cor da flor, mantendo BRS Horizonte, com cor da flor branca, como genitor feminino. Dessa forma, as plantas F<sub>1</sub> com flores brancas foram consideradas autofecundações e descartadas; plantas com flores roxas, oriundas de hibridização, constituíram a população F<sub>2</sub> com 103 progênes, que foram semeadas em maio de 2017. Foi realizada a coleta de folhas para extração de DNA e, conseqüentemente, genotipagem dos indivíduos. Ao final do ciclo, as sementes de cada planta F<sub>2</sub> foram colhidas separadamente, dando origem as progênes F<sub>2.3</sub>. As sementes obtidas na geração F<sub>2.3</sub> foram plantas em outubro de 2017, para multiplicação, resultando na geração F<sub>2.4</sub>. Todas as etapas descritas foram desenvolvidas em condições controladas (casa de vegetação), utilizando vasos com condições nutricionais adequadas para o cultivo.

### **2.2.2 Fenotipagem**

As 103 progênes nas gerações F<sub>2.4</sub> e F<sub>2.5</sub> foram semeadas em campo sob irrigação via pivô central, nos anos de 2018 e 2019, respectivamente, na safra de inverno (semeadura em maio), com os genitores BRS Esplendor e BRS Horizonte, e as testemunhas BRS FP403 e IPR Tuiuiu, que apresentam resistência à murcha-de-fusário; e BRS Esteio e IPR Uirapuru, que são suscetíveis (Pereira et al., 2016). O delineamento utilizado foi o de blocos casualizados com três repetições e as parcelas foram constituídas de uma linha de três metros. A densidade de semeadura foi de 12 sementes por metro, com espaçamento de 0,50 m entre fileiras. A área onde foram implantados os experimentos já é utilizada na avaliação da reação de linhagens de feijão à murcha-de-fusário, por ser altamente infestada pelo patógeno (Pereira et al., 2016, 2019; Torres et al., 2021, 2022; 2024; Cavalheiro et al., 2023a e b)

A avaliação da reação à murcha-de-fusário foi realizada por dois avaliadores, após 80 dias da emergência das plantas (estágio R8), utilizando a escala de

notas que variou de 1 a 9, da qual a nota 1, representa ausência de plantas suscetíveis; nota 2, 0,1% a 5%; nota 3, 5,1% a 10%; nota 4, 10,1% a 20%; nota 5, 20,1% a 40%; nota 6, 40,1% a 60%; nota 7, 60,1% a 80%; nota 8, 80,1% a 90%; e nota 9, 90,1% a 100% (Torres et al., 2022).

Após a verificação dos pressupostos foram realizadas análises de variâncias individuais para cada ano/geração e análise de variância conjunta, considerando o efeito de genótipos aleatório e o efeito de anos/gerações fixo. Foi estimado o coeficiente de variação (CV) e acurácia seletiva (AS), para a verificação da qualidade experimental (Resende & Alves, 2022). Também foram estimados parâmetros genéticos e fenotípicos, como variância genética, variância fenotípica, variância da interação entre genótipos e anos/gerações, herdabilidade e ganho esperado com a seleção, com intensidade de 20% (21 progênies). Também foi estimada a correlação genética entre os genótipos nos dois anos/gerações. Todas as análises estatísticas para os dados fenotípicos foram realizadas utilizando o *software* GENES (Cruz, 2013).

### 2.2.3 Genotipagem e construção do mapa de ligação

O DNA foi extraído das folhas de plantas F<sub>2</sub>, juntamente com seus genitores, utilizando o método CTAB modificado (Hoisington et al., 1994). A genotipagem dos indivíduos foi realizada pela empresa DArT Pty® (Canberra, Austrália) em sequenciador HiSeq2500 (Illumina, USA), usando a tecnologia DArTSeq, conforme descrito por Kilian et al. (2012), que utiliza enzimas de corte frequente na redução da complexidade, para a identificação de marcador codominante SNP (*Single Nucleotide Polymorphism*), e de marcador dominante SilicoDArT (*Diversity Arrays Technology*).

Após a obtenção dos marcadores SNPs e DArTs, codominantes e dominantes, respectivamente, foi feito um Call Rate  $\geq 80\%$  e avaliada a adequação dos marcadores selecionados à hipótese de segregação mendeliana através do teste de qui-quadrado, sendo 1:2:1 para marcadores SNPs e 3:1 para DArTs, ao nível de significância de 5%. As análises foram realizadas no software R (R Core Team, 2020).

Após testada a adequação dos dados à proporção esperada para população F<sub>2</sub> pelo teste de qui-quadrado foi feita a correção por FDR, a 5% de probabilidade, para minimizar as taxas de falsos positivos (Benjamini & Hochberg, 1995). As marcas que se ajustaram a hipótese nula testada foram utilizadas para confecção do mapa genético,

sendo estimada a frequência de recombinação através da comparação par a par dos marcadores. Os parâmetros atribuídos para construção do mapa foram de 30% para fração de recombinação e valor mínimo de LOD igual a 3. Posteriormente, foi utilizado o método ‘rcd’ (*rapid chain delineation*) e o comando ‘safe’ para obtenção do posicionamento e a ordem para cada marcador. A construção do mapa de ligação foi feita utilizando o pacote Onemap (Margarido et al., 2007) presente no *software* R Studio. A representação gráfica dos mapas de ligação foi gerada com o auxílio do programa MapChart 2.32 (Voorrips, 2002).

## **2.2.4 Mapeamento de QTLs**

A análise de QTL foi realizada pelo método de intervalo composto (MIC), através do modelo 6 do programa *Windows QTL Cartographer vs. 2.5 – WinQTLCart* (Wang et al., 2012). A hipótese da presença de QTL foi feita com base nos modelos de regressão “*Forward e Backward*” a cada 1,0 cM, com intervalo (*window size*) de 10,0 cM. O nível de significância adotado, LOD-score, foi estimado pelo método de permutações (Doerge & Churchill, 1996), estabelecendo 1000 permutações para realização da análise.

## **2.2.5 Identificação de genes nos intervalos de QTLs**

Os genes anotados na versão 2.1 do genoma de feijão (Schmutz et al. 2014) foram extraídos a partir das sequências compreendidas nos intervalos dos QTLs identificados nesse estudo, utilizando a plataforma Phytozome (<https://phytozome-next.jgi.doe.gov/>).

## **2.2.6 Validação dos marcadores associados ao QTL de resistência**

O SNP com maior coeficiente de determinação ( $R^2$ ) associado à reação a murcha-de-fusário foi utilizado no processo de validação dos marcadores. Para o desenho das sondas a sequência contendo o SNP-alvo foi alinhada ao genoma de referência de feijão-comum (Schmutz et al., 2014) utilizando o comando BLAST e, continuamente, foi realizada a busca por elementos repetitivos utilizando o RepeatMasker, ambos recursos de análise disponíveis na plataforma Phytozome

(<https://phytozome-next.jgi.doe.gov/>). Posteriormente, a sonda foi desenhada utilizando a ferramenta *on-line Custom TaqMan Assay Design Tool* (Thermo Fisher), disponível em (<https://www.thermofisher.com/order/custom-genomic-products/tools/genotyping/>). A partir do desenvolvimento da sonda foi realizada a etapa de validação através de PCR loco-específica utilizando sondas TaqMan<sup>®</sup> (ThermoFisher).

A validação dos marcadores TaqMan<sup>®</sup> SNP associados à murcha-de-fusário foi realizada utilizando 44 linhagens obtidas a partir do cruzamento entre o genitor resistente, BRS Esplendor, e genitores suscetíveis BRS Esteio, IPR Uirapuru, VP22, CNFP15171 e BRS Supremo (Pereira et al., 2016), também do grupo comercial preto e origem mesoamericana. Após análise de polimorfismo entre BRS Esplendor e esses genitores foi feita a genotipagem das linhagens. As 44 linhagens juntamente com os genitores e as testemunhas (BRS FC402, IPR Bem-te-vi, BRS FC415, BRS Notável, BRS FP403 e BRS Estilo) foram avaliadas na época de inverno (semeadura em maio) de 2021 e 2022. O experimento foi instalado em delineamento de blocos ao acaso, com três repetições e parcelas de uma linha de três metros, na área experimental infestada naturalmente com o patógeno, conforme citado anteriormente. A avaliação da reação à murcha-de-fusário e as análises estatísticas foram realizadas conforme relatado para os dados fenotípicos coletados nos anos de 2018 e 2019.

A eficiência de seleção do marcador (ES) foi calculada a partir do estimador:  $ES (\%) = (1 - 4rf^2) \times 100$ , em que *rf* refere-se a frequência de recombinação (Liu, 1998).

### 3.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

#### 3.3.1 Análises fenotípicas

Os coeficientes de variação estimados variaram de 14% a 19% (Tabela 1), sendo semelhantes aos descritos por Cavalheiro (2021) e inferiores aos observados na literatura em condições de campo (Cavalheiro et al., 2023a e b; Torres et al., 2021; 2022; 2024; Pereira et al., 2016; 2019), indicando elevada precisão experimental, uma vez que a ocorrência natural do patógeno em campo não tem distribuição homogênea. As estimativas de acurácia seletiva foram muito altas nos dois anos (0,97), de forma semelhante à encontrada por Torres et al. (2021, 2022; 2024), ressaltando a confiabilidade dos dados obtidos através dos experimentos.

Houve diferenças significativas ( $p < 0,01$ ) entre as progênes nos dois anos avaliados e na análise conjunta (Tabela 1) indicando existência de variabilidade para reação à murcha-de-fusário entre as progênes avaliadas. Também foi observada diferença significativa ( $p < 0,01$ ) entre os dois anos, sendo que a média obtida em 2018 (5,5) foi superior à média de 2019 (4,5), o que sugere que as condições ambientais nos dois anos avaliados foram distintas.

**Tabela 1.** Resumo da análise de variância para reação à murcha-de-fusário, avaliada em Santo Antônio de Goiás, na época de inverno, em 2018 e 2019, em progênes da população BRS Esplendor x BRS Horizonte.

Fonte de Variação	GL	Quadrados Médios		
		2018	2019	Conjunta
Tratamentos	108	11,8**	11,2 <sup>ns</sup>	21,2**
Testemunhas (T)	5	13,3**	15,9**	28,6**
Genitores (G)	1	32,7**	32,7**	65,3**
Cultivares (C)	3	10,1**	15,4**	24,8**
G vs C	1	3,4*	0,7 <sup>ns</sup>	3,6*
Progênes (P)	102	11,8**	11,0**	21,0**
T vs P	1	0,1 <sup>ns</sup>	0,3 <sup>ns</sup>	0,4 <sup>ns</sup>
Anos/Gerações (A)	1	-	-	174,7**
Tratamentos x A	108	-	-	1,7**
T x A	5	-	-	28,6**
G x A	1	-	-	0,0 <sup>ns</sup>
C x A	3	-	-	0,7 <sup>ns</sup>
(G vs C) x A	1	-	-	0,5 <sup>ns</sup>
P x A	102	-	-	1,8**
(T vs P) x A	1	-	-	0,1 <sup>ns</sup>
Resíduo Individual	216	0,6	0,7	-
Resíduo Conjunta	432	-	-	0,7
Média Progênes	-	5,5	4,5	5,0
Média Testemunhas Resistentes	-	3,8	2,6	3,2
Média Testemunhas Suscetíveis	-	7,4	6,7	7,1
Correlação	-	-	-	0,84**
CV (%)	-	14,3	18,8	16,3
AS	-	0,97	0,97	0,98

A ocorrência de interação entre progênes e anos/gerações foi significativa ( $p < 0,01$ ) (Tabela 1), indicando que as progênes apresentaram respostas diferenciadas nos dois anos. Contudo a correlação entre as progênes nos dois anos foi alta e significativa (0,84), o que indica que esta interação é predominantemente simples e que há predominância de uma ou poucas raças de *F. oxysporum* f. sp. *phaseoli* na área experimental, assim como relatado por Pereira et al. (2019; 2020), Torres et al. (2024) e Cavalheiro (2021).

As estimativas de parâmetros genéticos mostraram variância genética superior a ambiental nos dois anos (Tabela 2), confirmando que a variabilidade fenotípica observada se deve, em sua maioria, a fatores genéticos, o que favorece a seleção de progênies com maior resistência à murcha-de-fusário. As estimativas de herdabilidade elevadas (maiores que 93%), corroboram com a ocorrência de variação genética nas progênies, possibilitando sucesso com a seleção, de forma semelhante ao relatado por Torres et al. (2022; 2024) e Cavalheiro et al. (2023b) em experimentos de campo nessa mesma área experimental. Essas estimativas também se alinharam com resultados de avaliações realizadas em condições controladas (Cândida et al., 2009; Pereira et al., 2009), apresentando estimativas que variam de 76% a 97%, sugerindo a presença de genes com efeito considerável no controle do caráter.

**Tabela 2.** Estimativas de variância genética ( $\sigma_g^2$ ), variância fenotípica ( $\sigma_f^2$ ), variância ambiental ( $\sigma_e^2$ ), variância da interação progênies x anos ( $\sigma_{Gps}^2$ ), herdabilidade ( $h^2$ ) e ganho esperado com a seleção direta (GS%) para reação à murcha-de-fusário com base nas análises individuais e conjunta, avaliadas em 103 progênies da população BRS Esplendor x BRS Horizonte.

Parâmetro	2018	2019	Conjunta
$\sigma_g^2$	3,7	3,4	3,4
$\sigma_f^2$	3,9	3,7	3,5
$\sigma_e^2$	0,21	0,24	0,67
$\sigma_{Gps}^2$	-	-	0,19
$h^2$ %	94,7	93,5	96,8
GS%	-48,1	-49,8	-48,4

Os ganhos esperados com a seleção foram altos nos dois anos (48% e 50%) e também na análise conjunta (48%) (Tabela 2), garantindo aumento da frequência de alelos favoráveis para reação à murcha-de-fusário com a seleção. Esses valores foram superiores aos observados por Cândida et al. (2009) (27% e 36%) na avaliação de progênies de duas populações (Milionário 1732 / Macanudo e FT-Tarumã / Macanudo) submetidas à inoculação com FOP46, isolado de *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*, pertencente à raça 2, em casa de vegetação. Também foi superior aos ganhos relatados por Torres et al. (2022) (34%), Cavalheiro (2023b) (23%) e Torres et al. (2024) (37%), desenvolvidos em campo naturalmente infestado com o patógeno. Os altos valores obtidos para o ganho de seleção estão relacionados as elevadas estimativas de

herdabilidade e ao amplo contraste entre os genitores BRS Esplendor (nota 2,3) e BRS Horizonte (nota 7,0), acarretando em um diferencial de seleção com média muito superior a média geral. Corroborando, a média das progênies selecionadas (2,5) foi semelhante à média de BRS Esplendor, que é o padrão de resistência à murcha-defusário em feijão-comum com grãos pretos (Pereira et al. 2016).

### 3.3.2 Mapas de ligação

O total de marcadores obtidos com a genotipagem DArTseq foi de 53.254, sendo 26.462 do tipo SNP e 26.692 do tipo SilicoDArT (Anexo I). Após a retirada das marcas não informativas (*Call rate*  $\geq$  80%), monomórficas ( $\geq$  95%) e que não se adequaram à segregação mendeliana esperada restaram 2473 marcadores que foram mantidos na análise de mapeamento. O baixo nível de marcas polimórficas (14,2%) se deve ao uso de genitores pertencentes ao mesmo pool gênico, assim como o observado por Torres et al. (2024), Cavalheiro (2021) e Kamfwa et al. (2018) que obtiveram 28%, 11% e 14% de marcadores polimórficos, respectivamente.

Das 2473 marcas incluídas na análise de ligação, 2189 foram mapeadas, resultando em 994 marcadores SNPs e 1195 SilicoDArTs, distribuídos ao longo dos 11 grupos de ligação formados (Tabela 3, Anexo II). No geral, o tamanho total do mapa foi de 2.854,39 cM com distância média entre marcadores de 1,46 cM. Os aspectos aqui apresentados estão de acordo com a literatura atual que têm apresentado a construção de mapas de ligação para feijão-comum com tamanhos variados, sendo encontrados mapas de 754 cM até 4.474 cM (Gomes-Messias et al., 2022; Langat et al., 2020). Adicionalmente, as marcas com distância inferior a 5 cM correspondem a 93% do total, indicando elevada saturação do mapa construído (Langat et al., 2020; Briñez et al., 2017; Borém & Caixeta, 2016).

As diferenças apresentadas na construção de mapas de ligação se devem a diversidade de fatores envolvidos como, por exemplo, o tamanho e tipo da população, a quantidade de marcadores obtidos, a qualidade dos dados genotípicos e fenotípicos, a metodologia utilizada na construção do mapa, dentre outros (Yang et al., 2020). Nesse sentido, o tamanho final obtido no mapa é resultado do número de indivíduos utilizado ser inferior a 200 e a similaridade genética existente entre os genitores, pois ambos são considerados elite (Wendland et al., 2018; Souza et al., 2018). Assim, a utilização de genitores contrastantes e um maior número de indivíduos favorece a cobertura

genômica, o mapeamento e a análise de genes, aumentando a proporção de marcadores polimórficos.

**Tabela 3.** Informações sobre o mapa genético de ligação obtido a partir da população F<sub>2</sub> do cruzamento entre as cultivares BRS Esplendor e BRS Horizonte.

Cromossomos	Nº de marcadores <sup>1</sup>			Tamanho (cM) <sup>2</sup>	Distâncias		
	SNP	DArT	Total		Maior (cM) <sup>3</sup>	Média (cM) <sup>4</sup>	≤ 5 cM (%) <sup>5</sup>
Pv01	58	58	116	197,28	47,87	1,71	95,69
Pv02	75	70	145	270,15	14,13	1,88	89,65
Pv03	87	82	169	341,61	33,91	2,03	85,80
Pv04	52	87	139	187,33	15,51	1,36	91,37
Pv05	96	92	188	210,20	11,98	1,12	96,28
Pv06	151	149	300	300,18	10,14	1,00	96,00
Pv07	116	96	212	280,97	15,84	1,33	91,98
Pv08	172	250	422	464,91	20,28	1,10	94,08
Pv09	39	32	71	178,30	38,16	2,55	90,14
Pv10	74	151	225	205,28	5,98	0,92	98,22
Pv11	74	128	202	218,18	25,03	1,08	96,53
Total	994	1195	2189	2854,39	-	-	-
Média	90,36	108,64	199	259,49	21,71	1,46	93,25

<sup>1</sup>Número de marcadores do tipo SNPs, DArTs e seu somatório (Total) alocados em cada grupo de ligação; <sup>2</sup>Tamanho do mapa de ligação para cada grupo de ligação e total; <sup>3</sup>Maior distância entre as marcas no grupo de ligação; <sup>4</sup>Distância média entre as marcas no mapa de ligação; <sup>5</sup>Porcentagem das distâncias entre as marcas que foram ≤ 5 cM.

### 3.3.3 Mapeamento de QTLs

Estudos utilizando fontes de resistência do pool genético mesoamericano propuseram vários padrões de herança para a resistência à murcha-de-fusário, incluindo monogênico (Salgado et al. 1995), oligogênico (Cândida et al. 2009) ou poligênico (Cross et al. 2000). Porém, esses estudos foram conduzidos sob condições controladas, com influência ambiental limitada, em que características controladas por QTLs de maior efeito podem ser interpretadas como controladas por um ou poucos genes. Em contraste, neste estudo foram feitas avaliações de campo, em que o impacto ambiental é mais pronunciado, abrangendo a incidência de patógenos naturais e a ocorrência de doenças, o que pode fornecer informações valiosas sobre o efeito geral dos QTLs (Azzimonti et al. 2014).

A análise de mapeamento resultou na identificação de três regiões do genoma associadas a resistência à murcha-de-fusário, todas localizadas no cromossomo Pv08 (Figura 1). As regiões são referentes aos dois anos e a análise conjunta (Tabela 4), com LOD<sub>críticos</sub> estimados de 9,9 em 2018; 6,3 em 2019 e; 7,8 na análise conjunta.

O QTL obtido com base na análise conjunta (FOP8.1<sup>EH</sup>), que tem o marcador Ch\_8\_2819713\_14794\_SNP como ponto de máxima magnitude, localizado na posição 71,37 cM, explicou 66% da variação fenotípica com LOD de 25,63 (Tabela 4). Os QTLs FOP8.2<sup>EH</sup> e FOP8.3<sup>EH</sup> foram identificados nos anos 2018 e 2019, respectivamente, ambos tendo no ponto de máxima magnitude o mesmo marcador SNP, e na mesma posição do obtido na análise conjunta. Os QTLs FOP8.2<sup>EH</sup> e FOP8.3<sup>EH</sup> explicam 62% e 55% da variação fenotípica, com LODs de 25,18 e 22,25, respectivamente (Tabela 4).

Os LODs e os coeficientes de determinação ( $R^2$ ) elevados indicam a presença de genes de grande efeito controlando a reação à murcha-de-fusário, aspecto favorável para utilização no melhoramento de plantas. Além disto, o fato dos três QTLs obtidos estarem localizados na mesma posição indica que estes correspondem a um único QTL de grande efeito, que se mantém estável nos diferentes anos avaliados. Contudo, embora os QTLs aqui obtidos sejam considerados de grande efeito, a variabilidade dos dados ainda não foi totalmente explicada, justificando a participação de outras regiões de menor efeito no controle da reação à murcha-de-fusário, o que indica herança do tipo poligênica.

Na literatura poucos são os trabalhos que identificaram regiões associadas a resistência à murcha-de-fusário. Fall et al. (2001) trabalhando com marcadores RAPD identificaram um QTL no cromossomo Pv10 explicando 64% da resistência à raça 4 de *F. oxysporum* f. sp. *phaseoli* a partir do cruzamento entre as linhagens Belneb RR-1 e A55, de origem mesoamericana. Em estudos mais recentes, QTLs associados a resistência à murcha-de-fusário foram identificados através da análise GWAS em feijão-comum em vários cromossomos. Paulino et al. (2021), utilizando um painel de diversidade mesoamericano, identificaram SNPs associados à resistência em Pv01, Pv03, Pv04, Pv05, Pv07, Pv10 e Pv11, ligados aos isolados de FOP UFV01 e IAC18001. Além disso, Chiwina et al. (2023), analisando a Coleção Central de Feijão Comum do USDA, revelaram 11 SNPs altamente associados nos cromossomos Pv03, Pv04, Pv05, Pv07, Pv8, Pv09, Pv10 e Pv11 ligados às raças Fop 1 e 4. Assim, o QTL identificado no cromossomo Pv8 corrobora com o relatado por Chiwina et al. (2023), demonstrando consistência e reprodutibilidade deste loco de resistência em diferentes estudos. Também complementa o estudo de Paulino et al. (2021) apresentando uma nova região de interesse.

Cavalheiro (2021) utilizando a população resultante do cruzamento entre BRS Notável (resistente) e BRS Supremo (suscetível), ambas de origem mesoamericana, em campo naturalmente infestado com o patógeno, identificou três QTLs associados à reação a murcha-de-fusário, localizados no cromossomo Pv07, explicando de 25% a 50% a variação fenotípica. Os intervalos desses três QTLs apresentaram sobreposição, sugerindo a presença de um único QTL altamente estável nos diferentes anos. O QTL FOP7.1<sup>NS</sup> detectado na análise conjunta explicou 45% da variação fenotípica e foi utilizado para desenvolver uma sonda de hidrólise específica (ANKCHTP), que mostrou 88% de eficiência de seleção em validação com outras linhagens obtidas a partir do cruzamento de BRS Notável e outros genitores, demonstrando alto potencial de integração na seleção assistida para resistência a murcha-de-fusário (Pereira H.S., comunicação pessoal, 2024). Torres et al. (2024) trabalhando com uma população derivada das cultivares BRS FP403 (resistente) e BRS Horizonte (suscetível), pertencentes ao pool genético mesoamericano, em campo infestado com *F. oxysporum* f. sp. *phaseoli*, identificaram quatro QTLs nos cromossomos Pv01, Pv02, Pv03 e Pv04, explicando de 6% a 41% da resistência à murcha-de-fusário. Maior ênfase foi dada ao QTL FOP2.3<sup>403H</sup> no cromossomo Pv02, que apresentou estabilidade ao longo dos diferentes anos e explicou 41% da variação fenotípica dos dados na análise conjunta. A partir da identificação do QTL2.3<sup>403H</sup> foi possível desenhar as sondas ANAAJK6 e ANCFFDU que apresentaram eficiência de seleção superior a 92%, favorecendo o uso na SAMM para resistência à murcha de fusário em feijão-comum.

Dado que o QTL mapeado neste presente estudo é distinto dos QTLs identificados por Torres et al. (2024) e Cavalheiro (2021), a disponibilidade de ferramentas moleculares permitirá a combinação destes QTLs em uma mesma cultivar, aumentando assim a resistência contra a murcha-de-fusário. Dessa forma, observa-se que a resposta do feijão-comum à murcha-de-fusário é complexa, sendo que as regiões de interesse identificadas podem conter vários genes atuando em diferentes vias de defesa, como na sinalização, na parte estrutural ou química (Chen et al., 2019).

A identificação de regiões de interesse no genoma é importante para o aprimoramento de programas de melhoramento de feijão por meio do emprego da seleção assistida por marcadores moleculares (SAM). Dessa forma, torna-se possível selecionar plantas portadoras de alelos favoráveis na região de interesse para o caráter desejado de forma mais rápida e econômica (Chu et al., 2019). As regiões aqui

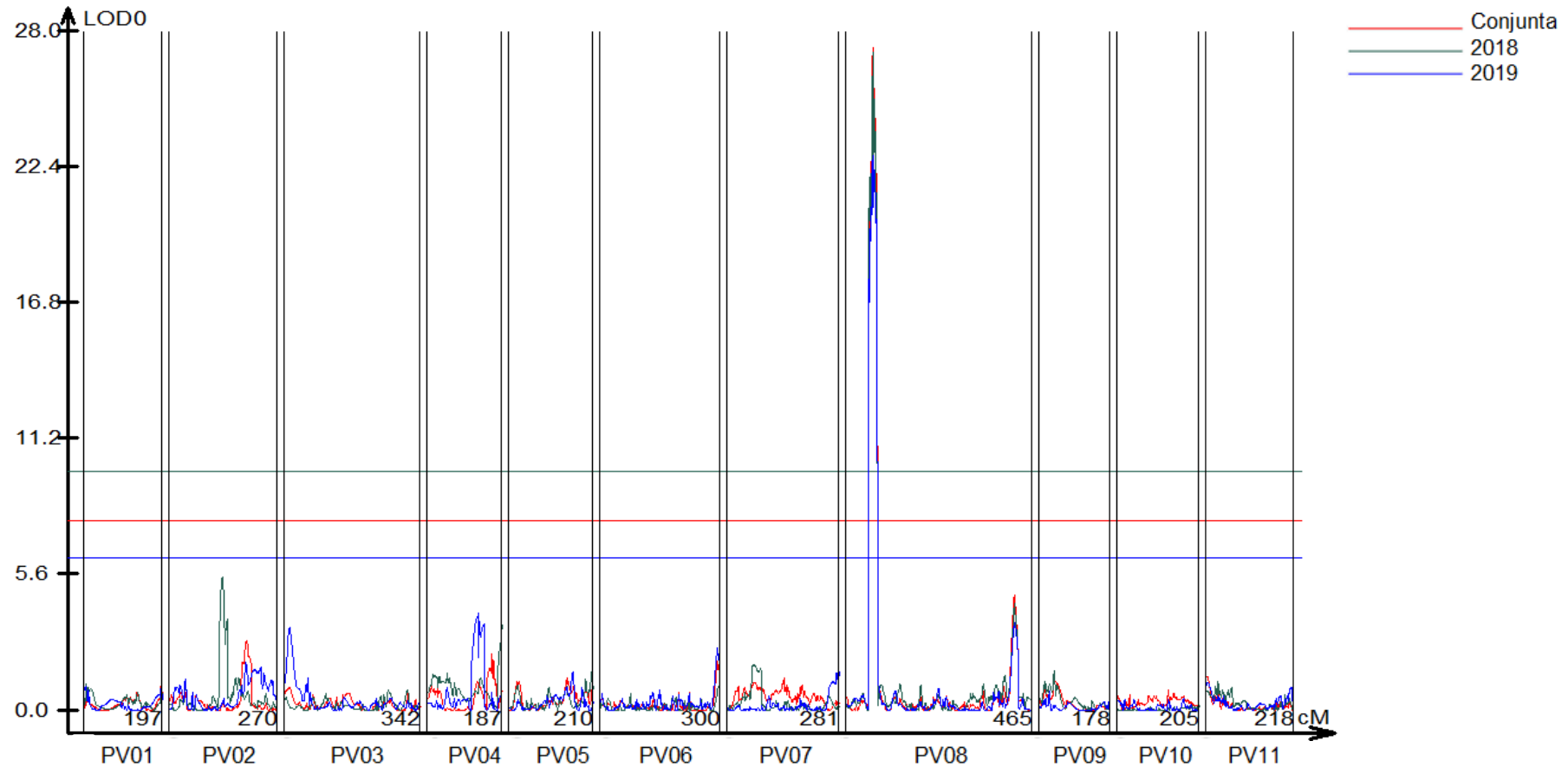
identificadas apresentam alelos com efeito aditivo, variando de -1,88 a -2,32, que contribuem para aumentar a resistência à murcha-de-fusário, reduzindo a nota das plantas portadoras destes alelos (Tabela 4). Esses alelos, assim como o esperado, são oriundos do genitor resistente (BRS Esplendor), de forma que as plantas que possuem a base nucleotídica G para o marcador “Ch\_8\_2819713\_14794\_SNP” apresentaram resistência significativamente maior do que as aquelas com a base A (Figura 2).

A partir do contraste observado nas notas de resistência à murcha-de-fusário entre os grupos homozigotos pode-se considerar que o marcador selecionado tem potencial para ser utilizado como ferramenta molecular. Do mesmo modo que a identificação de uma nova região relacionada a resistência à murcha-de-fusário, localizada em um cromossomo diferente dos relatados na literatura, pode favorecer estudos colaborativos sobre piramidação gênica e até mesmo contribuir para desenvolvimento de cultivares mais resistentes a uma ou mais raças do patógeno.

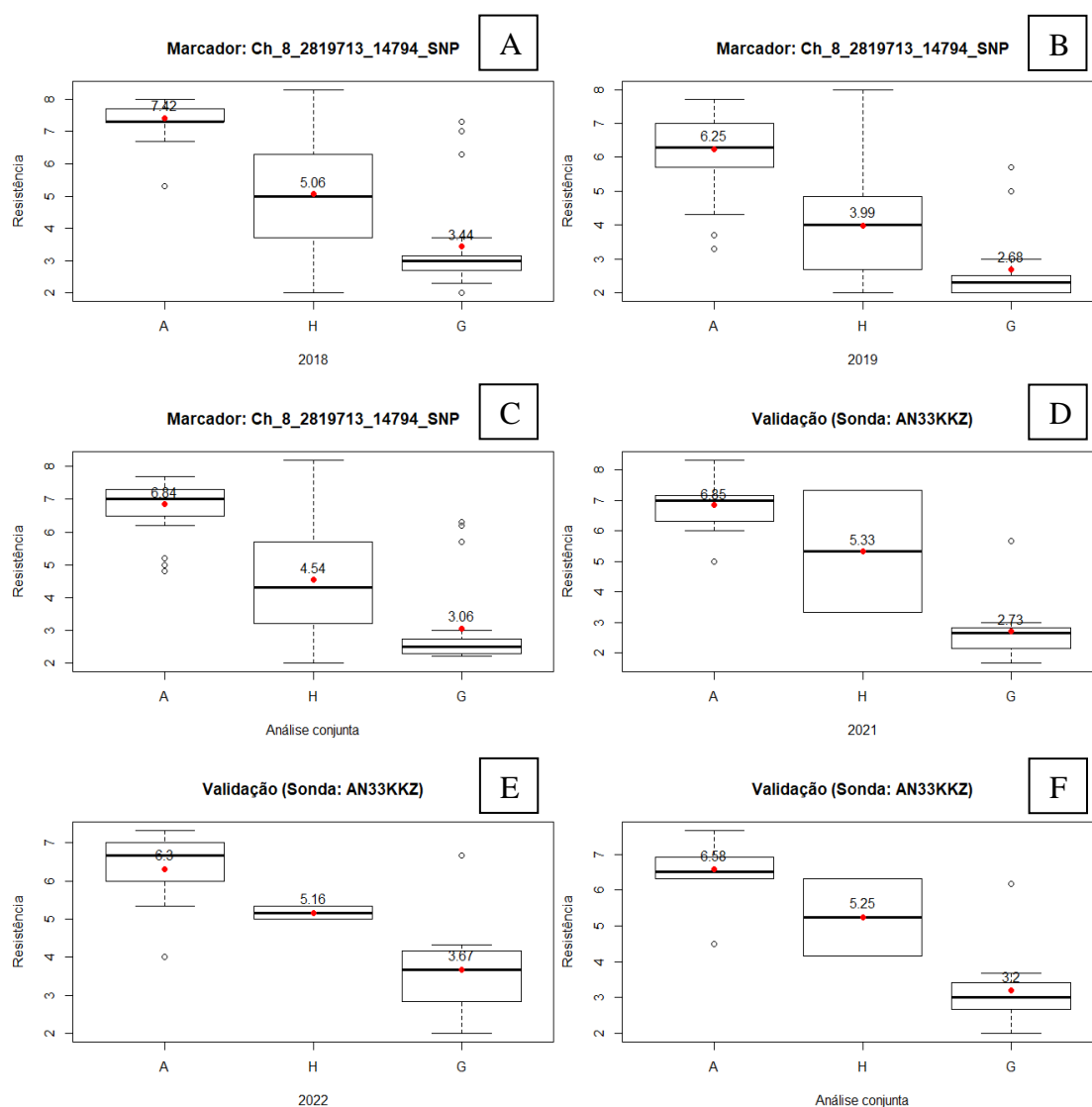
**Tabela 4.** Informações sobre os QTLs (*quantitative trait locus*) identificados para reação à murcha-de-fusário em feijão-comum em diferentes anos/gerações na população F<sub>2</sub> obtida a partir das cultivares BRS Esplendor e BRS Horizonte.

QTL	Cromossomo	Ano	Intervalo (Mb)	NT <sup>a</sup>	Marcador selecionado	Posição (cM)	R <sup>2</sup> (%) <sup>b</sup>	LR <sup>c</sup>	LOD <sup>d</sup>	LODc <sup>e</sup>	EA <sup>f</sup>
FOP8.1	Pv 08	Conjunta	2,2-4,1	209	Ch_8_2819713_14794_SNP	71,37	66,07	118,18	25,63	7,8	-2,11
FOP8.2	Pv 08	2018	2,2-4,1	209	Ch_8_2819713_14794_SNP	71,37	62,04	116,08	25,18	9,9	-2,32
FOP8.3	Pv 08	2019	2,2-4,1	209	Ch_8_2819713_14794_SNP	71,37	55,03	102,59	22,25	6,3	-1,88

<sup>a</sup>Número de transcritos; <sup>b</sup>Coeficiente de determinação; <sup>c</sup>Teste de razão de verossimilhança; <sup>d</sup>LODscore: Likelihood of odds score (LR/4,61); <sup>e</sup>LODcrítico: valor mínimo para identificação do QTL; <sup>f</sup>Efeito aditivo do QTL.



**Figura 1.** Análise gráfica dos resultados obtidos na análise de QTL para reação à murcha-de-fusário identificado na população  $F_2$  do cruzamento entre BRS Esplendor e BRS Horizonte para os diferentes anos/gerações testados, utilizando o método de mapeamento por intervalo composto (CIM) do software QTL Cartographer. Os grupos descritos de Pv01 a Pv11 representam os cromossomos de 1a 11.



**Figura 2.** Boxplot das médias das progênies para o marcador identificado na análise de QTL, localizado no cromossomo Pv08, associado a reação à murcha-de-fusário, no ano de 2018 (A), 2019 (B) e análise conjunta (C) juntamente com a sonda utilizada na validação dos dados (AN33KKZ) no ano de 2021 (D), 2022 (E) e na análise conjunta (F). Os pontos representam as médias. A e B correspondem a médias das progênies em homozigose provenientes dos genitores BRS Horizonte e BRS Esplendor, respectivamente, e H são genótipos heterozigotos.

### 3.3.4 Genes anotados

Foram identificados 209 transcritos no intervalo de confiança delimitado a partir da região selecionada na análise de mapeamento. A região analisada no mapa físico teve início na posição 2,2 Mb do cromossomo oito (Pv08) do genoma de *Phaseolus vulgaris* L., versão 2,1, e finalizou na posição 4,1 Mb, compreendendo 1,9

Mb no total. Dos 209 transcritos 197 (94,2%) possuem função atribuída, sendo que 50 (23,9% do total) estão relacionados à resistência do feijão-comum a doenças.

Dos transcritos relacionados a doenças 37 compreendem sequências de repetições ricas em leucina (LRR) e proteínas ricas em receptores quinases (Serine/Threonine-Protein Kinase) estando associadas ao mecanismo de defesa a ataque de patógenos (Burt et al., 2015; Ashfield et al., 2012; McHale et al., 2006). Dentre os transcritos LRR, dois estão associados ao gene RPP13 que confere resistência a doenças fúngicas em plantas, como o míldio em *Arabidopsis* (Bittner-Eddy et al., 2000) e oídio na cevada (Wu et al., 2018) e no trigo (Wu et al., 2019). Outros 10 transcritos estão associados à indução da via de isoflavonas, reação associada a resistência ao crestamento bacteriano comum em feijão (Cox et al., 2021). Os 3 restantes são domínios de endo-1,3- $\beta$ -glucanase, também associados a resistência (Burt et al., 2015).

A região de interesse selecionada neste trabalho foi similar a destacada por Burt et al. (2015) trabalhando na identificação de resistência à antracnose em feijão-comum. Os autores obtiveram 32 potenciais genes associados à resistência a doenças no intervalo de 1,8 a 2,7 Mb, sendo 27 transcritos sequências de repetições ricas em leucina. Essa semelhança corrobora com o fato da região de interesse conter genes que atuam na resistência a diversas doenças, incluindo a murcha-de-fusário.

Adicionalmente, há trabalhos que apontam para a existência de um importante cluster de genes de resistência no cromossomo PV08 da espécie de feijão-comum, dentre eles tem-se o gene SU91, associado à resistência ao Crestamento Bacteriano Comum (Pedraza et al., 1997; Passos, 2016), o CPMMV.Pv08 que confere resistência ao *Carlavirus* (Silva et al., 2024) e Phg-2 relacionado à resistência a mancha angular (Lobaton et al., 2018; Gil et al., 2019). Estes genes também são pertencentes às classes de LRR e proteínas ricas em repetições quinases, sendo essas ferramentas base na defesa de feijão-comum a patógenos (Gil et al., 2019; Andersen et al., 2018; Keller et al., 2015).

### 3.3.5 Validação dos marcadores

Neste estudo, o protocolo desenvolvido para a SAM inicia com uma avaliação fenotípica das reações das plantas à murcha-de-fusário, seguida pela utilização de marcadores moleculares para identificar genótipos ligados à resistência e suscetibilidade. Os CVs obtidos a partir da fenotipagem dos experimentos de validação,

para os dois ambientes e na análise conjunta, variaram de 14% a 21%, com AS de 0,93 a 0,98, indicando boa precisão e elevada confiabilidade dos dados obtidos (Cavalheiro et al. 2023a e b; Torres et al. 2021; 2022; 2024) (Tabela 6). Foi observada existência de variabilidade entre as linhagens para reação à murcha-de-fusário, com médias variando entre 2,2 e 7,8 (Tabela 8) na análise conjunta. As estimativas de herdabilidade (95%) e de ganho esperado com a seleção (36%) na análise conjunta confirmam grande possibilidade de sucesso na seleção entre essas linhagens (Tabela 7). Aproximadamente 48% das linhagens foram consideradas resistentes, sendo que 12% mostraram-se iguais ou mais resistentes do que BRS Esplendor (2,5).

**Tabela 6.** Resumo das análises de variância para reação à murcha-de-fusário, avaliada em Santo Antônio de Goiás, na época de inverno nos anos de 2021 e 2022 e para análise conjunta, em 25 linhagens oriundas de BRS Esplendor e outros genitores contrastantes.

Fonte de Variação	GL	Quadrados Médios		
		2021	2022	Conjunta
Tratamentos	36	13,1**	8,3**	19,7**
Testemunhas (T)	11	9,0**	9,1**	17,3**
Genitores (G)	3	14,3**	16,2**	28,9**
Cultivares (C)	7	7,7**	7,2**	14,4**
G x C	1	1,7ns	0,9ns	2,5ns
Progênes (P)	24	15,5**	8,2**	21,7**
T vs P	1	2,2*	1,8ns	0,0ns
Anos/Gerações (A)	1	-	-	0,0ns
Tratamentos x A	36	-	-	1,7**
T x A	11	-	-	0,8ns
G x A	3	-	-	1,6ns
C x A	7	-	-	0,5ns
(G vs C) x A	1	-	-	0,1ns
P x A	24	-	-	2,0**
(T vs P) x A	1	-	-	4,0*
Resíduo Individual		0,5	1,0	-
Resíduo Conjunta	144	-	-	0,8
Média Progênes	-	4,9	5,0	5,0
Média das Testemunhas	-	5,2	4,8	5,0
Correlação	-	-	-	0,82**
CV (%)	-	14,16	20,5	17,6
AS	-	0,98	0,93	0,98

Para os resultados da genotipagem utilizando a sonda AN33KKZ, o genitor BRS Esplendor apresentou os alelos GG (Tabela 8). Entre as linhagens, onze foram homozigotas para o alelo de resistência (GG), representando 44% das linhagens, doze foram homozigotas para o alelo suscetível (AA, 48%) e duas foram heterozigotas (A/G,

8%) (Tabela 8). A nota média das linhagens resistentes foi 3,2, em forte contraste com a nota média das linhagens suscetíveis (6,6). A eficiência de seleção calculada foi de 97% com fração de recombinação de 0,09, indicando que esse marcador é efetivo na seleção das linhagens resistentes à murcha-de-fusário e pode ser utilizado por programas de melhoramento genético na seleção assistida por marcadores moleculares (SAMM).

As testemunhas resistentes (IPR Bem-Te-Vi, BRS FC415, BRS FC402, BRS FP403 e BRS Notável) mostraram-se homozigotas para o alelo que confere suscetibilidade (AA), para a sonda AN33KKZ (QTL FOP8.1<sup>EH</sup>), sugerindo que a resistência nessas cultivares é conferida por um gene distinto ao que confere resistência à BRS Esplendor (Tabela 8). Este resultado corrobora com os de Torres et al. (2024) e Cavalheiro (2021) que utilizando os genótipos resistentes BRS FP403 e BRS Notável obtiveram diferenças alélicas com BRS Esplendor para os locos de interesse localizados nos cromossomos Pv02 e Pv07, respectivamente, associados a resistência à murcha-de-fusário (Tabela 9). Dessa forma, é possível considerar que as cultivares BRS Esplendor, BRS Notável e BRS FP403 possuem resistência a murcha-de-fusário conferida por genes diferentes localizados nos cromossomos Pv08, Pv07 e Pv02, respectivamente, favorecendo o uso da seleção assistida por marcadores para piramidação dos alelos em uma única cultivar, de forma a aumentar a resistência e maximizar sua durabilidade.

Adicionalmente, Torres et al. (2024) observaram que as cultivares BRS FC402 e BRS FC415 possuem os alelos de resistência de BRS FP403 (CC e TT) para as sondas ANAAJK6 e ANCFDDU, respectivamente (Tabela 9), associadas ao QTL FOP2.3<sup>403H</sup> sugerindo que a resistência nessas cultivares é oriunda do mesmo gene. BRS Notável e BRS Esplendor, consideradas resistentes, apresentaram os alelos GG para a sonda ANAAJK6 e AA para a sonda ANCFDDU, diferindo de BRS FP403 (Tabela 9), o que sugere que essas cultivares possuem uma fonte de resistência diferente. No trabalho de Cavalheiro (2021) foi observado que a cultivar BRS Notável possui o alelo de resistência AA para a sonda ANKCHTP, associada ao QTL FOP7.1<sup>NS</sup>, diferindo das cultivares BRS Esplendor, BRS FC402, BRS FC415, BRS FP403 e IPR Bem-te-vi que, embora resistentes, apresentaram o alelo GG (Tabela 9), indicando que a origem da resistência é através de um gene distinto ou que os marcadores estão segregando independentemente desse gene nos genótipos mencionados. As testemunhas BRS Estilo e BRS Esteio, consideradas suscetíveis, apresentaram alelos divergentes aos obtidos nas três fontes de resistência comentadas (BRS Esplendor, BRS Notável e BRS

FP403), sendo eles AA para a sonda AN33KKZ, GG para a sonda ANKCHTP, GG para a sonda ANAAJK6 e AA para a sonda ANCFFDU, assim como o esperado (Tabela 9).

Diante dos resultados apresentados, observa-se a possibilidade de desenvolver uma cultivar que combine as diferentes fontes de resistência identificadas nas cultivares BRS Esplendor, BRS FP403 e BRS Notável através da piramidação de genes. O cruzamento feito entre BRS Esplendor e BRS FP403 resultaria em uma cultivar de grãos pretos com duas fontes de resistência distintas localizadas nos cromossomos Pv08 e Pv02. Para o grupo carioca pode ser realizado o cruzamento entre BRS Notável e BRS FC415 ou BRS FC402, que possuem a mesma fonte de resistência que BRS FP403, resultando em uma cultivar com fontes de resistência distintas nos cromossomos Pv07 e Pv02. O desenvolvimento de piramidação para reação à murcha-de-fuário visa aumentar a durabilidade e eficiência da resistência, favorecendo cultivos de feijão-comum em áreas em que há ocorrência do patógeno.

O emprego da seleção assistida por marcadores para o desenvolvimento das cultivares com piramidação de genes pode resultar na seleção precoce de genótipos possibilitando múltiplos ciclos de seleção por ano. Esta estratégia também permite a integração de marcadores já validados para outros caracteres de interesse, como escurecimento lento do tegumento (Alvares et al., 2019) e resistência à antracnose (Gomes-Messias et al., 2022; Vieira et al., 2018), levando a otimização de tempo, aumento de eficiência e redução de custos ao longo do processo de desenvolvimento de novas linhagens.

**Tabela 7.** Estimativas de variância genética ( $\sigma_g^2$ ), variância fenotípica ( $\sigma_f^2$ ), variância ambiental ( $\sigma_e^2$ ), variância da interação progênies x anos ( $\sigma_{GpS}^2$ ), herdabilidade ( $h^2$ ) e ganho esperado com a seleção direta (GS%) para reação à murcha-de-fusário com base nas análises individuais e conjunta avaliada em 25 linhagens oriundas de BRS Esplendor e outros genitores contrastantes.

Parâmetro	2021	2022	Conjunta
$\sigma_g^2$	5,0	2,4	3,7
$\sigma_f^2$	5,2	2,7	4,3
$\sigma_e^2$	0,2	0,3	0,6
$\sigma_{GpS}^2$	-	-	0,2
$h^2$ %	97,1	87,0	95,4
GS%	48,2	20,2	36,4

**Tabela 8.** Resumo da genotipagem para a sonda AN33KKZ e validação dos resultados para reação à murcha-de-fusário em linhagens obtidas entre cruzamentos de BRS Esplendor com BRS Esteio, IPR Uirapuru e BRS Supremo.

Nome	Genitores	AN33KKZ	2021		2022		Conjunta	
			FOP	Class	FOP	Class	FOP	Class
BRS Esplendor / BRS Esteio.1	BRS Esplendor / BRS Esteio	A/A	7,0	S	6,7	S	6,8	S
BRS Esplendor / BRS Esteio.2	BRS Esplendor / BRS Esteio	G/G	2,3	R	4,0	R	3,2	R
BRS Esplendor / BRS Esteio.3	BRS Esplendor / BRS Esteio	G/G	3,0	R	4,3	R	3,7	R
BRS Esplendor / BRS Esteio.4	BRS Esplendor / BRS Esteio	G/G	2,0	R	2,3	R	2,2	R
BRS Esplendor / BRS Esteio.6	BRS Esplendor / BRS Esteio	G/G	1,7	R	3,3	R	2,5	R
BRS Esplendor / BRS Esteio.7	BRS Esplendor / BRS Esteio	-/-	6,3	S	6,3	S	6,3	S
BRS Esplendor / BRS Esteio.8	BRS Esplendor / BRS Esteio	A/A	7,0	S	7,0	S	7,0	S
BRS Esplendor / BRS Esteio.10	BRS Esplendor / BRS Esteio	G/G	2,0	R	2,0	R	2,0	R
BRS Esplendor / BRS Esteio.11	BRS Esplendor / BRS Esteio	A/A	6,0	S	6,7	S	6,3	S
BRS Esplendor / BRS Esteio.13	BRS Esplendor / BRS Esteio	A/A	6,3	S	7,0	S	6,7	S
BRS Esplendor / BRS Esteio.14	BRS Esplendor / BRS Esteio	A/A	7,3	S	5,3	S	6,3	S
BRS Esplendor / BRS Esteio.17	BRS Esplendor / BRS Esteio	G/G	5,7	S	6,7	S	6,2	S
BRS Esplendor / BRS Esteio.21	BRS Esplendor / BRS Esteio	G/G	3,0	R	2,7	R	2,8	R
BRS Esplendor / BRS Esteio.22	BRS Esplendor / BRS Esteio	A/G	7,3	S	5,3	S	6,3	S
BRS Esplendor / BRS Esteio.26	BRS Esplendor / BRS Esteio	A/A	7,0	S	6,0	S	6,5	S
BRS Esplendor / BRS Esteio.27	BRS Esplendor / BRS Esteio	A/A	7,0	S	6,0	S	6,5	S
BRS Esplendor / BRS Esteio.28	BRS Esplendor / BRS Esteio	A/A	8,0	S	7,3	S	7,7	S
BRS Esplendor / BRS Esteio.29	BRS Esplendor / BRS Esteio	G/G	2,7	R	4,0	R	3,3	R
BRS Esplendor / BRS Esteio.30	BRS Esplendor / BRS Esteio	A/A	8,3	S	7,0	S	7,7	S
CNFP19714	BRS Esplendor/IPR Uirapuru	G/G	2,3	R	3,7	R	3,0	R
CNFP19719	BRS Esplendor/IPR Uirapuru	A/A	6,3	S	6,3	S	6,3	S
CNFP17959	BRS Esplendor/BRS Supremo	A/G	3,3	R	5,0	S	4,2	R
CNFP17962	BRS Esplendor/BRS Supremo	A/A	5,0	S	4,0	R	4,5	R
CNFP17973	BRS Esplendor/BRS Supremo	G/G	2,7	R	4,3	R	3,5	R
CNFP17975	BRS Esplendor/BRS Supremo	G/G	2,7	R	3,0	R	2,8	R
BRS FC402	LM 96200246/LP 9632	A/A	4,3	R	3,0	R	3,7	R

Continuação...

Nome	Genitores	AN33KKZ	2021		2022		Conjunta		
			FOP	Class	FOP	Class	FOP	Class	
IPR Bem-te-vi	Não obtida	A/A	3,7	R	4,0	R	3,8	R	
BRS FC415	BRS Horizonte/LM202206076	A/A	4,0	R	3,3	R	3,7	R	
BRS Esplendor	CB911863/AN9123293	G/G	2,7	R	2,3	R	2,5	R	
BRS Notável	A769/5/A774/4/A429/XAN252//V8025/G4449// WAF2/A55//GN31/XAN170	A/A	3,0	R	3,3	R	3,2	R	
BRS FP403	POT51 /// ICA PIJAO / XAN170 // BAC16 /XAN91	A/A	4,7	S	4,3	R	4,5	R	
BRS Estilo	EMP250/4/A769///A429/XAN252//V8025/PINTOUI114	A/A	6,7	S	6,3	S	6,5	S	
BRS Esteio	FT85-113 / POT51	A/A	6,7	S	4,7	S	5,7	S	
CNFP 15171	Não obtida	G/G	7,0	S	6,0	S	6,5	S	
VP22	Não obtida	G/G	7,0	S	7,0	S	7,0	S	
IPR Uirapuru	Não obtida	A/A	5,0	S	5,0	S	5,0	S	
BRS Supremo	W22-34/VAN163,	A/A	7,7	S	8,0	S	7,8	S	
Fração de Recombinação (fr): 0,0909			Eficiência de seleção (%): 96,7						

**Tabela 9.** Genotipagem das testemunhas de feijão-comum utilizadas na análise de reação à murcha-de-fusário tendo como fonte de resistência BRS Esplendor (AN33KKZ), BRS FP403 (ANAAJK6 e ANCFFDU) e BRS Notável (ANKCHTP).

Testemunhas	Sondas*			
	AN33KKZ	ANAAJK6	ANCFFDU	ANKCHTP
BRS Esplendor	G/G	G/G	A/A	G/G
BRS FP403	A/A	C/C	T/T	G/G
BRS FC402	A/A	C/C	T/T	G/G
BRS FC415	A/A	C/C	T/T	G/G
BRS Notável	A/A	G/G	A/A	A/A
IPR Bem-te-vi	A/A	-	-	G/G
BRS Estilo	A/A	G/G	A/A	G/G
BRS Esteio	A/A	G/G	A/A	G/G

\*A sonda AN33KKZ, identificada neste trabalho, está associada ao QTL FOP8.1<sup>EH</sup> que confere resistência à BRS Esplendor, as sondas ANAAJK6 e ANCFFDU, identificadas no trabalho de Torres et al. (2024), estão associadas ao QTL FOP2.3<sup>403H</sup> que confere resistência à BRS FP403 e a sonda ANKCHTP, identificada no trabalho de Cavalheiro (2021), está associada ao QTL FOP7.1<sup>NS</sup> que confere resistência à BRS Notável.

### 3.4 CONCLUSÕES

Há variabilidade genética na população obtida a partir de BRS Esplendor e BRS Horizonte para reação à murcha-de-fusário, evidenciada pelas estimativas de variância genética, herdabilidade e ganho esperado com a seleção.

O QTL FOP8.1<sup>EH</sup>, que controla a reação a murcha-de-fusário na cultivar BRS Esplendor e está localizado no cromossomo PV08, é estável nos diferentes anos e explica 66% da variação fenotípica na análise conjunta.

A sonda AN33KKZ, associada ao QTL FOP8.1<sup>EH</sup>, apresentou eficiência de 97%, demonstrando ser uma ferramenta eficiente para utilização em seleção assistida por marcadores.

A fonte de resistência identificada em BRS Esplendor é diferente das encontradas nas cultivares BRS Notável, BRS FP403, BRS FC402, BRS FC415 e IPR Bem-te-vi, possibilitando desenvolvimento de cultivares com piramidação de genes, visando aumentar a durabilidade e eficiência da resistência.

### 3.5 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALVARES, R. C.; STONEHOUSE, R.; SOUZA, T. L.; MELO, P. G.; MIKLAS, P. N.; BETT, K. E.; MELO, L. C.; RODRIGUES, L. A.; SOUZA, L. L.; PEREIRA, H. S. Generation and validation of genetic markers for the selection of carioca dry bean genotypes with the slow-darkening seed coat trait. **Euphytica**, v. 215, n. 141, 2019. Doi: 10.1007/s10681-019-2461-y.

ANDERSEN, E. J.; ALI, S.; BYAMUKAMA, E.; YANG, Y.; NEPAL, M. P. Disease Resistance Mechanisms in Plants. **Genes**, v.9, p.339, 2018. Doi: 10.3390/genes9070339.

ASHFIELD, T.; EGAN, A. N.; PFEIL, B. E.; CHEN, N. W. G.; PODICHETI R.; RATNAPARKHE, M. B.; AMELINE-TORREGROSA, C.; DENNY, R.; CANNON, S.; DOYLE, J. J.; GEFFROY, V.; ROE, B. A.; MAROOF, M. A. S.; YOUNG, N. D.; INNES, R. W. Evolution of a Complex Disease Resistance Gene Cluster in Diploid *Phaseolus* and Tetraploid *Glycine*, **Plant Physiology**, v. 159, n. 1, p. 336-354, 2012. Doi: 10.1104/pp.112.195040.

AZZIMONTI, G.; MARCEL, T.C.; ROBERT, O.; PAILLARD, S.; LANNOU, C.; GOYEAU, H. Diversity, specificity and impacts on field epidemics of QTLs involved in components of quantitative resistance in the wheat leaf rust pathosystem. **Molecular Breeding**, v. 34, p. 549–567, 2014. Doi: 10.1007/s11032-014-0057-8.

BENJAMINI, Y; HOCHEBERG, Y. Controlling the false Discovery rate: a practical and powerfull approach to multiple testing. **Journal Royal Statistical Society**, v. 57, p. 289-300, 1995. Doi: 10.1111/j.2517-6161.1995.tb02031.x.

BATISTA, R. O.; SILVA, L. C.; MOURA, L. M.; SOUZA, M. H.; CARNEIRO, P. C. S.; CARVALHO FILHO, J. L. S.; CARNEIRO, J. E. S. Inheritance of resistance to fusarium wilt in common bean. **Euphytica**, v. 213, n. 7, p. 133, 2017. Doi: 10.1590/1984-70332022v22n4a37

BITTNER-EDDY, P. D.; CRUTE, I. R.; HOLUB, E. B.; BEYNON, J. L. RPP13 is a simple locus in *Arabidopsis thaliana* for alleles that specify downy mildew resistance to different avirulence determinants in *Peronospora parasitica*. **Plant J**. v. 21, n. 2, p. 177-188, 2000. Doi: 10.1046/j.1365-313x.2000.00664.x.

BORBA, M. C.; GARCÉS-FIALLOS, F. R.; STADNIK, M. J. Reactions of black bean seedlings and adult plants to infection by *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*. **Crop Protection**, v. 96, p. 221-227, 2017. Doi: 10.1016/j.cropro.2017.02.019.

BORÉM, A.; CAIXETA, E. **Marcadores moleculares**. Viçosa: Editora UFV, 2016, 385 p.

BRIÑEZ, B.; PERSEGUINI, J. M. K. C.; ROSA, J. S.; BASSI, D.; GONÇALVES, J. G. R.; ALMEIDA, C.; PAULINO, J. F. C; BLAIR, M. W; CHIORATTO, A. L; CARBONELL, S. A. M; VALDISSER, P. A. M. R; VIANELLO, R. P; BENCHIMOLREIS, L. L. Mapping QTLs for drought tolerance in a SEA 5 × AND 277

common bean cross with SSRs and SNP markers. **Genetics and molecular biology**, v. 40, n. 4, p. 813-823, 2017. Doi: 10.1590/1678-4685-GMB-2016-0222.

BURT, A. J.; WILLIAM, H. M.; PERRY, G.; KHANAL, R.; PAULS, K.P.; KELLY, J.D.; NAVABI, A. Candidate Gene Identification with SNP Marker-Based Fine Mapping of Anthracnose Resistance Gene Co-4 in Common Bean. **PLoS One**. v. 10, n. 10, 2015. Doi: 10.1371/journal.pone.0139450.

CÂNDIDA, D. V.; COSTA, J. G. C.; RAVA, C. A.; CARNEIRO, M. S. Controle genético da murcha do fusário (*Fusarium oxysporum*) em feijoeiro comum. **Tropical Plant Pathology**, Brasília, v. 34, n. 6, p. 379-384, 2009. Doi: 10.1590/S1982-56762009000600003

CAVALHEIRO, S. B.; MELO, L. C.; SOUZA, T. L. P. O. D.; PEREIRA, H. S. Genetic parameters and selection of carioca common bean lines resistant to fusarium wilt. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 58, p. e03313, 2023a.

CAVALHEIRO, S. B.; MELO, L. C.; SOUZA, T. L. P. O.; PEREIRA, H. S. Selection of parents and segregating populations of carioca common bean resistant to Fusarium wilt. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 44, n. 2, p. 499-514, 2023b.

CAVALHEIRO, S. B. **Seleção de genótipos e mapeamento de QTLs para resistência à murcha de fusário em feijão carioca**. 2021. 108f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2021.

CHEN, J.; ULLAH, C.; REICHEL, M.; GERSHENZON, J.; HAMMERBACHER, A. *Sclerotinia sclerotiorum* circumvents flavonoid defenses by catabolizing flavonol glycosides and aglycones. **Plant Physiol.**, v. 180, p.1975-1987, 2019. Doi: 10.1104/pp.19.00461.

CHIORATO, A. F.; CARBONELL, S. A. M.; BOSETTI, F.; SASSERON, G. R.; LOPES, R. L. T.; AZEVEDO, C. V. G. Common bean genotypes for agronomic and market-related traits in VCU trials. **Scientia Agricola**, v. 72, n. 1, p. 34-40, 2015. Doi: 10.1590/0103-9016-2013-0172.

CHIWINA, K.; XIONG, H.; BHATTARAI, G.; DICKSON, R.W.; PHIRI, T.M.; CHEN, Y.; ALATAWI, I.; DEAN, D.; JOSHI, N.K.; CHEN, Y.; et al. Genome-Wide Association Study and Genomic Prediction of Fusarium Wilt Resistance in Common Bean Core Collection. **International Journal of Molecular Sciences**, v. 24, n. 15300, 2023. Doi: 10.3390/ijms242015300

CHU, Y.; CHEE, P.; CULBREATH, A.; ISLEIB, T. G.; HOLBROOK, C. C.; OZIAS-AKINS, P. Major QTLs for resistance to early and late leaf spot diseases are identified on chromosomes 3 and 5 in peanut (*Arachis hypogaea*). **Front. Plant Sci.**, v. 10, n. 883, 2019. Doi: 10.3389/fpls.2019.00883.

CONAB, Companhia Nacional de Abastecimento. **Safra Brasileira de Grãos**, 2023. Disponível em <<https://www.conab.gov.br/info-agro/safra/graos>>. Acesso em 21, janeiro, 2024.

- COX, L. D.; MUNHOLLAND, S.; MATS, L.; ZHU, H.; CROSBY, W. L.; LUKENS, L.; PAULS, K. P.; BOZZO, G. G. The Induction of the Isoflavone Biosynthesis Pathway Is Associated with Resistance to Common Bacterial Blight in *Phaseolus vulgaris* L. **Metabolites**. v. 11, n. 7, 2021. Doi: 10.3390/metabo11070433.
- CROSS, H.; BRICK, M.A.; SCHWARTZ, H. F.; PANELLA, L. W.; BYRNE, P. F. Inheritance of resistance to fusarium wilt in two common beans races. **Crop Science**, v. 40, p. 954-958, 2000. Doi: 10.2135/cropsci2000.404954x.
- CRUZ, C. D. Genes - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum. Agronomy**. v. 35, n. 3, p. 271-276, 2013. Doi: 10.4025/actasciagron.v35i3.21251.
- DOERGE, R. W; CHURCHILL, G. A. Permutation tests for multiple loci affecting a quantitative character. **Genetics**, v. 142, n. 1, p. 285-294, 1996. Doi: 10.1093/genetics/142.1.285.
- FALEIRO, F. G.; AMABILE, R. F.; SILVA, C. B. M. C. Marcadores moleculares aplicados ao melhoramento genético de plantas. In: AMABILE, R. F.; VILELA, M. S.; PEIXOTO, J. R. **Melhoramento de plantas: variabilidade genética, ferramentas e mercado**. 1. Ed. Brasília/DF: SBMP, 2018. p. 48-72.
- FALL, A. L.; BYRNE, P. F.; JUNG, G.; COYNE, D. P.; BRICK, M. A.; SCHWARTZ, H. F. Detection and mapping of a major locus for Fusarium wilt resistance in common bean. **Crop science**, v. 41, n. 5, p. 1494-1498, 2001. Doi: 10.2135/cropsci2001.4151494x.
- GIL, J.; SOLARTE, D.; LOBATON, J. D.; MAYOR, V.; BARRERA, S.; JARA, C.; BEEBE, S.; RAATZ, B. Fine-mapping of angular leaf spot resistance gene Phg-2 in common bean and development of molecular breeding tools. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 132, n.11, p. 2003-2016, 2019. Doi: 10.1007/s00122-019-03334-z.
- GOMES-MESSIAS, L. M.; VIANELLO, R. P.; MONTEIRO-JÚNIOR, J. P.; RODRIGUES, L. A.; MOTA, A. P.S.; PEREIRA, H. S.; MELO, L. C.; RAATZ, B.; SOUZA, T. L. P. O. Molecular characterization of parental lines and validation of SNP markers for anthracnose and angular leaf spot in common bean. **Euphytica**, v. 218, p. 49, 2022. Doi: 10.1007/s10681-022-03002-2.
- HOISINGTON, D.; KHAIRALLAH, M.; GONZALEZ-DE LION, D. **Laboratory protocols: CIMMYT applied molecular genetics laboratory**. 2nd edn. Mexico DF: CIMMYT. 1994.
- KAMFWA, K.; BEAVER, J. S.; CICHY, K. A.; KELLY, J. D. QTL mapping of resistance to bean Weevil in common bean. **Crop Science**, v. 58, no. 6, p. 2370-2378, 2018. Doi: 10.2135/cropsci2018.02.0106.
- KELLER, B.; MANZANARES, C.; JARA, C.; LOBATON, J. D.; STUDER, B.; RAATZ B. Fine-mapping of a major QTL controlling angular leaf spot resistance in

common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Theoretical Applied Genetics**, v. 128, p. 813-826, 2015. Doi: 10.007/s00122-015-2472-6.

KILIAN, A.; WENZL, P.; HUTTER, E.; CARLING, J.; XIA, L.; BLOIS, H.; CAIG, V.; HELLER-USZYNSKA, K.; JACCOUD, D.; HOPPER, C.; ASCHENBRENNERKILIAN, M.; EVERS, M.; PENG, K.; CAYLA, C.; HOK, P.; USZYNSKI, G. Diversity arrays technology: a genetic genome profiling technology on open platforms. In: Pompanon, F., Bonin, A. **Data Production and Analysis in Population Genomics: Methods and Protocols** 1. ed. Totowa: Humana Press. cap 5, p. 67- 89. 2012.

LANGAT, C. K.; OMBORI, O.; CHERUIYOT, R.; GATHAARA, M., KARANJA, D.; LELEY, P. Mapping of Quantitative Trait Loci (QTL) Related to Drought Tolerance in Common Bean (*Phaseolus vulgaris* L.) Using F2 Population from (KATB1 X GLP2). **International Annals of Science**, v. 8, no. 1, p. 75-86, 2020. Doi: 10.21467/ias.8.1.75-86.

LIU, B. H. **Statistical Genomics: linkage, Mapping, and QTL analysis**. CRC Press, Washington, D.C, 1998. 644 p.

LOBATON, J. D.; MILLER, T.; GIL, J.; ARIZA, D.; FERNANDO DE LA HOZ, J.; SOLER, A.; BEBEE, S.; DUITAMA, J.; GEPTS, P.; RAATZ, B. Resequencing of Common Bean Identifies Regions of Inter-Gene Pool Introgression and Provides Comprehensive Resources for Molecular Breeding. **Plant Genome**, v.11, n.2, 2018. Doi: 10.3835/plantgenome2017.08.0068

MARGARIDO, G. R. A.; SOUZA, A. P.; GARCIA, A. A. F. OneMap: software for genetic map in outcrossing species. **Hereditas**, v. 144, p. 78-79, 2007. Doi: 10.1111/j.2007.0018-0661.02000.x.

MCHALE, L.; TAN, X.; KOEHL, P.; MICHELMORE, R. W. Plant NBS-LRR proteins: adaptable guards. **Genome Biol.** v. 7, n. 212, 2006. Doi: 10.1186/gb-2006-7-4-212.

MELO, L. C.; FARIA, L. C.; RAVA, C. A.; PELOSO, M. J. D.; COSTA, J. G. C.; DIAZ, J. L. C.; FARIA, J. C.; SILVA, H. T.; SARTORATO, A.; BASSINELLO, P. Z.; ZIMMERMANN, F. J. P. Cultivar release 'BRS Horizonte': new bean variety of the carioca grain type. **Crop Breeding and applied biotechnology**, 2005.

PASSOS, A. L. P. **Mapeamento de locos de resistência ao Crestamento Bacteriano Comum do feijoeiro** (*Phaseolus vulgaris* L.). 2016. 78 f. (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2016.

PAULINO, J. F. C.; ALMEIDA, C. P.; BUENO, C. J.; SONG, Q.; FRITSCHKE-NETO, R.; CARBONELL, S. A. M.; CHIORATO, A. F.; BENCHIMOL-REIS, L. L. Genome-Wide Association Study Reveals Genomic Regions Associated with Fusarium Wilt Resistance in Common Bean. **Genes**, v. 12, n. 765, 2021. Doi: 10.3390/genes12050765.

PEDRAZA, F.; GALLEGO, G.; BEEBE, S. E.; TOHME, J. Marcadores SCAR y RAPD para la resistencia a la bacteriosis común (CBB). In: SINGH, S. P.; VOYSEST,

O. (Ed), **Taller de mejoramiento de frijol para el Siglo XXI**: Bases para una estrategia para América Latina. CIAT, Cali, Colombia, 1997, p. 130-134.

PEREIRA, D. G.; FARIA, L. C.; SOUZA, T. L. P. O.; MELO, L. C.; PEREIRA, H. S. Selection of parents and segregating populations of black bean resistant to fusarium wilt with high yield and seed weight. **Genetics and Molecular Research**, v. 18, n. 71, 2019. Doi: 10.4238/gmr18276.

PEREIRA, D. G.; FARIA, L. C.; TORGA P. P.; SOUZA, T. L. P. O.; MELO, L. C.; PEREIRA, H. S. Genetic potential of fusarium wilt-resistant elite common bean lines assessed in multiple environments. **Genetics and Molecular Research**, v. 19, n. 2, 2020. Doi: 10.4238/gmr18617.

PEREIRA, H. S.; MELO, L. C.; SOUZA, T. L. P. O.; FARIA, L. C.; WENDLAND, A.; MAGALDI, M. C. S. Resistance to Fusarium wilt in common bean cultivars and lines in pre-commercial stage. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative, Prosser**, v. 59, p. 103-104, Apr. 2016.

PEREIRA, M. J. Z.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, Â. D. F. B. Inheritance of resistance to *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli* Brazilian race 2 in common bean. **Scientia Agricola**, v. 66, n. 6, p. 788-792, 2009. Doi: 10.1590/S0103-90162009000600010.

RESENDE, M. D. V.; ALVES, R. S. Statistical significance, selection accuracy, and experimental precision in plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 22, n. 3, 2022. Doi: 10.1590/1984-70332022v22n3a31.

ROCHA, J. R. A. S. C.; NUNES, K. V.; CARNEIRO, A. L. N.; MARÇAL, T. S. Selection of superior inbred progenies toward the common bean ideotype. **Agronomy Journal**, v. 111, n. 3, p. 1181-1189, 2019. Doi: 10.2134/agronj2018.12.0761.

SALGADO, M. O.; SCHWARTZ, HOWARD F.; BRICK, MARK A. Inheritance of resistance to a Colorado race of *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli* in common beans. **Plant Disease**, v. 79, n. 3, p. 279-281, 1995.

SCHMUTZ, J.; MCCLEAN, P. E.; MAMIDI, S.; WU, G. A.; CANNON, S. B.; GRIMWOOD, J.; JENKINS, J.; SHU, S.; SONG, Q.; CHAVARRO, C.; TORRES-TORRES, M. A reference genome for common bean and genome-wide analysis of dual domestications. **Nature genetics**. v. 46, n. 7, p. 707-13, 2014. Doi: 10.1038/ng.3008.

SILVA, R. S.; FARIA, J. C.; KNUPP, A. M.; AGUIAR, M. S.; PEREIRA, H. S.; FERREIRA, A. L.; ZAIDEM, A. L. M.; PINHEIRO, P. V.; MELO, L. C.; SOUZA, T. L. P. O. Development and selection of transgenic advanced lines of carioca seeded common bean with multiple resistance to viruses. **Euphytica**, v. 218, p. 67, 2022. Doi: 10.1007/s10681-022-03017-9

SILVA, R. S.; FARIA, J. C.; VIANELLO, R. P.; VALDISSER, P. A. M. R.; PEREIRA, H. S.; MELO, L. C.; PINHEIRO, P. V.; SOUZA, T. L. P. O. Inheritance and genetic mapping of the first CPMMV tolerance locus in common bean. **Plant Pathology**, v. 73, n. 6, p. 1436-1445, 2024. Doi: 10.1111/ppa.13892

SOUZA, T. L. P. O.; FARIA, J. C.; ARAGÃO, F. J. L.; PELOSO, M. J. D.; FARIA, L. C.; WENDLAND, A.; AGUIAR, M. S.; QUINTELA, E. D.; MELO, C. L. P.; HUNGRIA, M.; VIANELLO, R. P.; PEREIRA, H. S.; MELO, L. C. Agronomic Performance and Yield Stability of the RNA Interference-Based -Resistant Common Bean. **Crop Science**, v. 58, n. 2, 2018. Doi: 10.2135/cropsci2017.06.0355.

TORRES, M. H. R. M.; VIANELLO, R. P.; SOUZA, T. L. P. O. D.; MELO, L. C.; MARTINS, S. M.; GOMES-MESSIAS, L. M.; PEREIRA, H. S. Identification of QTLs and validation of molecular markers associated with reaction to Fusarium wilt in the common bean cultivar BRS FP403. **Crop Science**, 2024. Doi: 10.1002/csc2.21218

TORRES, M. H. R. M.; SOUZA, T. L. P. O. D.; FARIA, L. C. D.; MELO, L. C.; PEREIRA, H. S. Genetic parameters and selection of black bean lines for resistance to fusarium wilt and yield. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 57, 2022. Doi: 10.1590/S1678-3921.pab2022.v57.02846

TORRES, M. H. R. M.; SOUZA, T. L. P. O. D.; MELO, L. C.; PEREIRA, H. S. Combining ability for resistance to Fusarium wilt and yield in black bean. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 56, 2021. Doi: 10.1590/S1678-3921.pab2021.v56.02591

VIEIRA, A. F.; ALMEIDA, L. C.; RODRIGUES, L. A.; COSTA, J. G.; MELO, L. C.; PEREIRA, H. S.; SANGLARD, D. A.; de SOUZA T. L. P. O. Selection of resistance sources to common bean anthracnose by field phenotyping and DNA marker-assisted screening. **Genetics and Molecular Research**, v. 17, n. 3, 2018. Doi: 10.4238/gmr18066.

VOORRIPS, R. E. MapChart: software for the graphical presentation of linkage maps and QTLs. **Journal Hereditare**, v. 93, n. 1, p. 77-78, 2002. Doi: 10.1093/jhered/93.1.77.

WANG, S.; BASTEN, C.J.; ZENG, B. (2012). **Windows QTL Cartographer 2.5**. Department of Statistics, North Carolina State University. Disponível em: <<http://statgen.ncsu.edu/qtlcart/WQTLCart.htm>>. Acesso em: 22 de janeiro de 2024.

WENDLAND, A.; PEREIRA, H. S.; FARIA, L. C.; SOUZA, T. L. P. O.; DEL PELOSO, M. J.; COSTA, J. G. C.; DÍAZ, J. L. C.; MAGALDI, M. C. S.; ALMEIDA, V. M. CARVALHO, H. W. L.; MELO, C.L. P.; COSTA, A. F.; ABREU, Â, F. B.; MELO, L. C. BRS Sublime - Common bean cultivar with carioca grain, resistance to angular leaf spot and high nutritional quality. **Crop Breeding Applied Biotechnonology**, v. 18, n. 4, p. 440-445, 2018. Doi:10.1590/1984-70332018v18n4c65.

WU, P.; HU, J.; ZOU, J.; QIU, D.; QU, Y.; LI, Y.; et al. Fine mapping of the wheat powdery mildew resistance gene Pm52 using comparative genomics analysis and the Chinese Spring reference genomic sequence. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 132, p. 1451–1461, 2019. Doi: 10.1007/s00122-019-03291-7.

WU, Y.; MA, X.; PAN, Z.; KALE, S. D.; SONG, Y.; KING, H.; et al. Comparative genome analyses reveal sequence features reflecting distinct modes of host-adaptation

between dicot and monocot powdery mildew. **BMC Genomics**, v. 19, n. 705, 2018. Doi: 10.1186/s12864-018-5069-z.

XUE, R.; WU, J.; ZHU, Z.; WANG, L.; WANG, X.; WANG, S.; BLAIR, M. W. Differentially expressed genes in resistant and susceptible common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) genotypes in response to *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*. **PLoS One**, v. 10, n. 6, e0127698, 2015. Doi: 10.1371/journal.pone.0127698.

YANG, Y.; WANG, Y.; JIANG, D.; TIAN, C.; ZHU, C.; LI, G.; CHEN, H. ddRADseq-assisted construction of a highdensity SNP genetic map and QTL fine mapping for growth-related traits in the spotted scat (*Scatophagus argus*). **BMC Genomics**, v. 21, n. 1, 2020. Doi: 10.1186/s12864-020-6658-1.

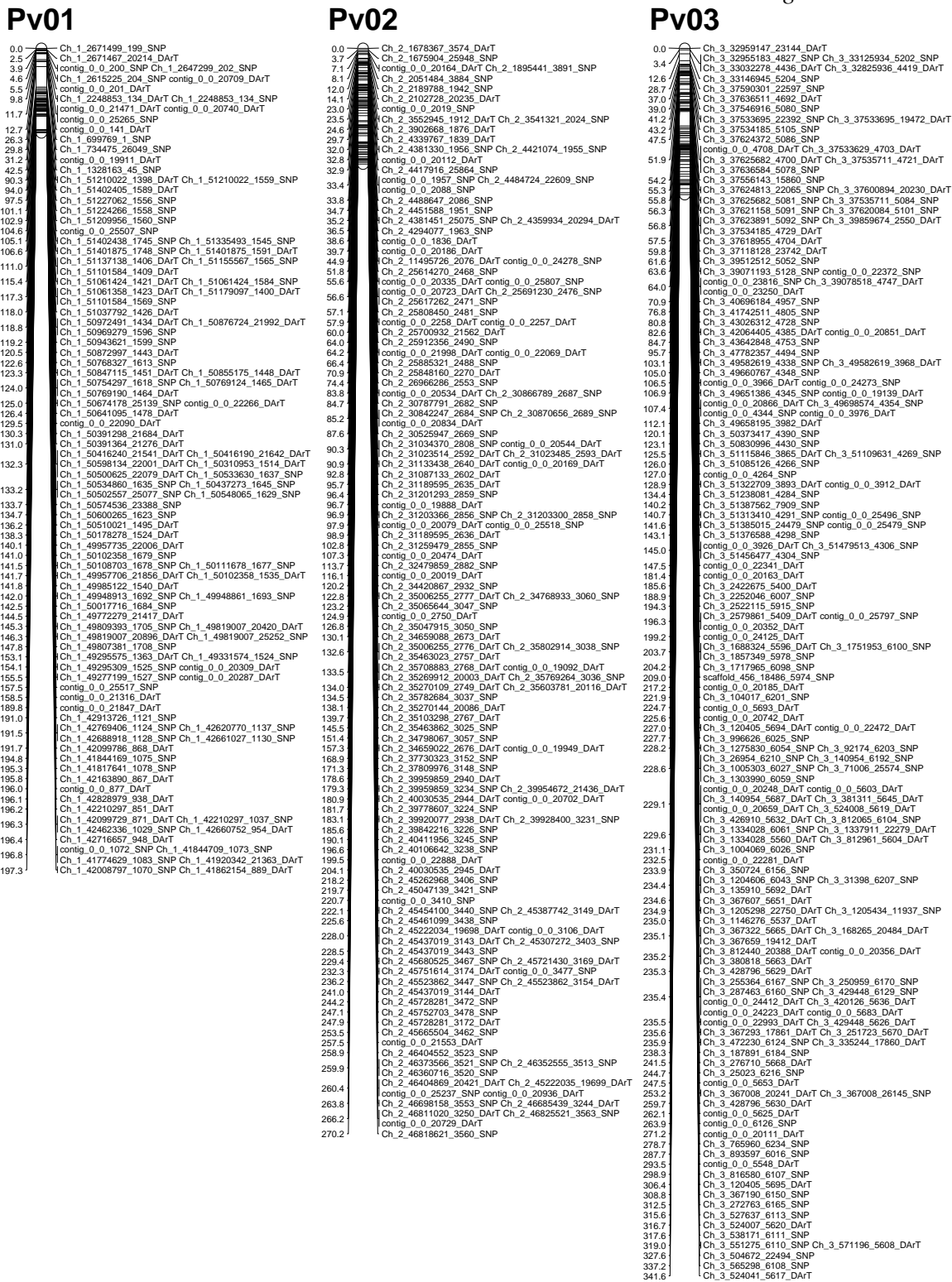
## ANEXOS

**Anexo I.** Distribuição dos marcadores utilizados no desenvolvimento inicial do mapa genético de ligação utilizando a população F<sub>2</sub> do cruzamento entre BRS Esplendor e BRS Horizonte.

Cromossomo	Marcas totais		Monomórficas <sup>a</sup>		Distorcidas <sup>b</sup>		Polimórficas e não distorcidas <sup>c</sup>		Marcas restantes <sup>d</sup>
	SNP	Dart	SNP	Dart	SNP	Dart	SNP	Dart	
Pv01	1938	1730	1701	1548	180	132	57	50	123
Pv02	2425	2213	2185	1970	167	192	73	51	159
Pv03	2261	2127	1981	1881	198	177	82	69	182
Pv04	1801	1590	1576	1299	178	225	47	66	149
Pv05	1491	1304	1291	1161	119	73	81	70	196
Pv06	1768	1502	1491	1307	148	98	129	97	304
Pv07	1941	1767	1686	1534	163	173	92	60	230
Pv08	2568	2312	2185	1991	185	133	198	188	534
Pv09	1851	1702	1641	1536	167	129	43	37	88
Pv10	1693	1439	1440	1228	178	92	75	119	240
Pv11	2588	1911	2309	1665	208	155	71	91	219
Scaffold	742	371	635	309	84	50	23	12	49 (unliked)
Contig	3395	6724	2975	5076	291	1185	129	463	
Total	26462	26692	23096	22505	2266	2814	1100	1373	2473

<sup>a</sup>Marcas sem alteração da base nucleotídica em pelo menos 95% dos locos; <sup>b</sup>Marcas que não se adequaram a hipótese de segregação de 1:2:1 (SNPs) e 3:1 (DART) pelo teste de  $\chi^2$ ; <sup>c</sup>Marcas que se ajustaram aos parâmetros estabelecidos; <sup>d</sup>Total de marcas distribuídas ao longo dos grupos de ligação aptas a serem utilizadas na análise de mapeamento

**Anexo II.** Representação gráfica do mapa de ligação final (Tabela 3) construído a partir da população F<sub>2</sub> do cruzamento BRS Esplendor e BRS Horizonte, com 2189 marcadores distribuídos nos 11 cromossomos de *Phaseolus vulgaris* L.



### Pv04

0.0	Ch_4_1552768_7547_SNP
7.4	Ch_4_1487539_6872_DaRT
12.2	Ch_4_2169413_6956_DaRT
12.9	Ch_4_1594234_25990_SNP
15.0	contig_0_0_21102_DaRT
	Ch_4_629444_6873_DaRT contig_0_0_21051_DaRT
17.6	Ch_4_1743652_19994_DaRT contig_0_0_19987_DaRT
	Ch_4_1557024_6881_DaRT Ch_4_494770_20368_DaRT
	Ch_4_485248_20467_DaRT
22.0	contig_0_0_20297_DaRT Ch_4_1141796_7001_DaRT
	Ch_4_1438605_6487_DaRT contig_0_0_20695_DaRT
	Ch_4_302767_7047_DaRT contig_0_0_20942_DaRT
23.9	Ch_4_1560921_6886_DaRT Ch_4_345233_6985_DaRT
	contig_0_0_21070_DaRT Ch_4_1560855_6885_DaRT
	contig_0_0_22455_DaRT contig_0_0_20669_DaRT
	Ch_4_1587359_21023_DaRT contig_0_0_19970_DaRT
	Ch_4_1389480_7518_SNP
24.9	Ch_4_1610863_7564_SNP Ch_4_1557024_7550_SNP
	contig_0_0_21027_DaRT Ch_4_1959023_6970_DaRT
25.4	contig_0_0_21123_DaRT Ch_4_1587317_6889_DaRT
	contig_0_0_23774_SNP Ch_4_1965809_7636_SNP
	Ch_4_1587317_7554_SNP
25.8	Ch_4_1391858_7523_SNP
27.3	Ch_4_2138494_6951_DaRT Ch_4_1849112_7606_SNP
	contig_0_0_21153_DaRT Ch_4_1672704_20360_DaRT
28.2	contig_0_0_6890_DaRT
30.2	Ch_4_2272161_7261_SNP
30.7	Ch_4_2276788_7263_SNP Ch_4_2272161_6608_DaRT
35.4	Ch_4_3472363_6887_DaRT Ch_4_3472363_7335_SNP
46.0	Ch_4_3865311_6781_DaRT
48.0	Ch_4_3866122_7438_SNP
	contig_0_0_6773_DaRT Ch_4_3894175_6777_DaRT
48.9	Ch_4_3906916_7425_SNP Ch_4_3910103_25522_SNP
	Ch_4_3923830_7420_SNP Ch_4_3994174_6779_DaRT
	contig_0_0_20547_DaRT Ch_4_3910103_21872_DaRT
49.9	Ch_4_3869119_7434_SNP
52.5	Ch_4_3894170_6778_DaRT
54.3	Ch_4_4271566_7389_SNP Ch_4_4412829_6731_DaRT
55.4	Ch_4_521178_6703_DaRT Ch_4_4266707_20552_DaRT
61.1	Ch_4_6277463_7476_SNP
66.5	Ch_4_5299507_6811_DaRT Ch_4_5299507_7468_SNP
67.0	contig_0_0_7466_SNP
68.4	Ch_4_5055093_7353_SNP
	Ch_4_5211278_7342_SNP Ch_4_5346092_7465_SNP
	contig_0_0_7471_SNP Ch_4_5313297_7474_SNP
68.9	Ch_4_5362219_7464_SNP Ch_4_5313297_7467_SNP
	contig_0_0_21375_DaRT contig_0_0_6814_DaRT
69.1	Ch_4_5448211_19540_DaRT
69.3	Ch_4_5211235_6702_DaRT
69.4	Ch_4_5142324_6705_DaRT Ch_4_5277397_7477_SNP
70.3	contig_0_0_18591_DaRT Ch_4_5429826_7460_SNP
	contig_0_0_19985_DaRT contig_0_0_21780_DaRT
73.7	Ch_4_5447890_22554_SNP
80.3	Ch_4_4876903_6720_DaRT
81.1	Ch_4_4876903_7365_SNP Ch_4_4876903_6719_DaRT
85.7	contig_0_0_20944_DaRT
95.9	Ch_4_41083804_6336_DaRT
99.8	Ch_4_19647825_19079_DaRT
104.8	Ch_4_9847864_6554_DaRT Ch_4_7352870_6842_DaRT
107.5	Ch_4_4532868_6728_DaRT
123.0	contig_0_0_19916_DaRT contig_0_0_6159_DaRT
	contig_0_0_20359_DaRT contig_0_0_25138_SNP
124.7	contig_0_0_20055_DaRT
125.2	Ch_4_4344028_6156_DaRT
126.1	Ch_4_43299358_6086_DaRT Ch_4_43299396_6084_DaRT
	Ch_4_43299358_6085_DaRT contig_0_0_19982_DaRT
130.8	Ch_4_43251013_23230_SNP
140.5	Ch_4_43659139_6039_DaRT
142.0	Ch_4_43659205_6037_DaRT Ch_4_43661398_6036_DaRT
147.1	Ch_4_44271213_6052_DaRT
158.7	Ch_4_45474337_6495_SNP
159.9	Ch_4_45604626_19373_DaRT Ch_4_45599917_22186_SNP
161.0	contig_0_0_21226_DaRT
161.7	Ch_4_45502402_5954_DaRT
162.5	Ch_4_45599851_22189_SNP
163.1	Ch_4_45748905_6392_SNP Ch_4_45748905_5864_DaRT
164.0	Ch_4_45822558_22236_DaRT
164.6	Ch_4_45822558_24637_SNP
165.4	Ch_4_45673288_6519_SNP Ch_4_45664035_6514_SNP
	Ch_4_45822492_5878_DaRT contig_0_0_5881_DaRT
166.3	Ch_4_45804197_6405_SNP Ch_4_45836028_6416_SNP
	Ch_4_45783821_6401_SNP
167.0	Ch_4_45804151_6403_SNP
168.2	Ch_4_45836028_5888_DaRT contig_0_0_6411_SNP
172.6	Ch_4_46387897_6392_SNP Ch_4_46398280_6386_SNP
173.6	Ch_4_46387997_5856_DaRT contig_0_0_22522_DaRT
174.5	Ch_4_46263241_6465_SNP
181.4	Ch_4_46952961_6323_SNP
182.4	contig_0_0_21145_DaRT contig_0_0_21167_DaRT
183.6	contig_0_0_20329_DaRT
187.3	Ch_4_47681637_6259_SNP

### Pv05

0.0	contig_0_0_21009_DaRT
2.1	Ch_5_465036_20454_SNP
3.6	Ch_5_571601_18263_DaRT Ch_5_560690_20457_SNP
	contig_0_0_18261_DaRT
4.6	Ch_5_621017_20756_SNP
9.0	Ch_5_816031_20718_SNP
11.4	Ch_5_914332_7093_DaRT Ch_5_914332_7788_SNP
12.3	Ch_5_1004042_7815_SNP
17.2	Ch_5_1461216_7119_DaRT Ch_5_1664020_7168_DaRT
	Ch_5_1680842_7865_SNP
18.2	Ch_5_1480897_7817_SNP
19.1	contig_0_0_25238_SNP
20.6	Ch_5_1894547_7848_SNP Ch_5_1851588_7851_SNP
	contig_0_0_7120_DaRT Ch_5_1664086_7166_DaRT
21.0	Ch_10_16981464_19444_DaRT
23.5	Ch_5_1986899_19422_DaRT Ch_5_1986899_22278_SNP
29.3	Ch_5_2472114_25648_SNP
31.3	scaffold_104_40215_22960_SNP
32.2	Ch_5_2616136_22114_SNP
32.7	Ch_5_2712442_7356_DaRT Ch_5_2736414_8051_SNP
33.7	Ch_5_2712306_7358_DaRT Ch_5_2736463_7347_DaRT
	contig_0_0_8041_SNP contig_0_0_7335_DaRT
36.1	Ch_5_3471494_7935_SNP
37.6	contig_0_0_7244_DaRT Ch_5_3190714_7953_SNP
37.8	Ch_5_3275245_7249_DaRT
	Ch_5_3275245_7946_SNP Ch_5_3056184_8035_SNP
38.0	Ch_5_3184456_7955_SNP Ch_5_3290881_25117_SNP
	contig_0_0_7247_DaRT
39.5	Ch_5_3273616_7947_SNP
41.2	contig_0_0_7252_DaRT
45.4	Ch_5_3585795_7929_SNP
48.8	contig_0_0_7989_SNP
49.3	Ch_5_3754097_7985_SNP contig_0_0_7990_SNP
	Ch_5_3462970_7238_DaRT Ch_5_3584197_7228_DaRT
49.8	contig_0_0_23514_DaRT contig_0_0_7275_DaRT
51.1	Ch_5_4391532_7908_SNP
51.6	Ch_5_4432973_7912_SNP Ch_5_4415431_20244_DaRT
53.0	Ch_5_4488512_25683_SNP
54.2	contig_0_0_20056_DaRT
55.1	contig_0_0_7225_DaRT
58.4	contig_0_0_7918_SNP
62.8	Ch_5_4446252_7914_SNP
65.0	contig_0_0_20334_DaRT
65.8	Ch_5_3949464_7970_SNP
67.8	contig_0_0_21240_DaRT contig_0_0_21388_DaRT
68.7	Ch_5_4447371_7916_SNP
71.0	Ch_5_3900810_7265_DaRT
74.1	Ch_5_5226355_8019_SNP
77.5	contig_0_0_7286_DaRT contig_0_0_8018_SNP
78.4	Ch_5_5175497_21981_SNP
	Ch_5_5175497_21979_SNP Ch_5_5175497_21980_SNP
78.8	contig_0_0_19700_DaRT
79.0	Ch_5_5163335_19269_DaRT
79.2	Ch_5_5175497_19423_DaRT
79.3	Ch_5_5569171_7698_DaRT Ch_5_5399860_7602_DaRT
	Ch_5_5400336_8372_SNP
79.5	contig_0_0_7277_DaRT Ch_5_5120509_7276_DaRT
79.6	contig_0_0_7603_DaRT Ch_5_5175497_19270_DaRT
79.8	Ch_5_5683807_8264_SNP Ch_5_5649364_7611_DaRT
	Ch_5_5683807_7612_DaRT contig_0_0_20973_DaRT
	Ch_5_5161609_20615_DaRT Ch_5_5150222_20591_DaRT
80.6	Ch_5_5269428_20387_DaRT
84.7	Ch_5_5226421_7298_DaRT
90.3	Ch_5_7425356_8470_SNP
91.3	Ch_5_19807473_7468_DaRT Ch_5_7542072_8526_SNP
91.8	Ch_5_7534091_8527_SNP Ch_5_7376561_8471_SNP
93.7	Ch_5_22309022_20289_DaRT Ch_5_16497738_8144_SNP
	Ch_5_27619305_8079_SNP contig_0_0_25783_SNP
	Ch_5_21581068_8264_SNP contig_0_0_26233_SNP
	Ch_5_22002319_8265_SNP Ch_5_19486782_8505_SNP
	Ch_5_18281884_8539_SNP Ch_5_19909649_8268_SNP
	Ch_5_21283656_8266_SNP Ch_5_19328468_8153_SNP
	Ch_5_21587869_8262_SNP Ch_5_26193250_8070_SNP
	Ch_5_12493014_8138_SNP
	Ch_5_1653048_8145_SNP
94.7	Ch_5_21462110_19961_SNP scaffold_33_21224_7704_DaRT
	Ch_5_21587869_7508_DaRT Ch_5_22327049_18719_DaRT
96.1	Ch_5_21534182_21308_DaRT
	Ch_9_6174608_19693_DaRT
97.0	contig_0_0_21681_DaRT
99.6	Ch_5_14514497_21323_DaRT Ch_5_26802453_7695_DaRT
100.7	Ch_5_18033272_7483_DaRT
102.6	contig_0_0_7719_DaRT
104.1	Ch_5_17383068_7368_DaRT Ch_5_19081628_8084_SNP
104.8	contig_0_0_19908_DaRT Ch_5_19223878_7368_DaRT
105.8	Ch_5_25283825_8339_SNP
106.8	contig_0_0_25942_SNP contig_0_0_7463_DaRT
	Ch_5_19907015_7516_DaRT Ch_5_16497738_7430_DaRT
	Ch_5_21587869_7507_DaRT Ch_5_18034346_7480_DaRT
108.2	Ch_5_20437378_8397_SNP
	Ch_5_27716688_7582_DaRT Ch_5_18033972_7482_DaRT
	contig_0_0_18954_DaRT
110.5	Ch_5_17695856_7485_DaRT
113.8	Ch_5_32081213_22695_SNP
119.4	Ch_5_19907473_7467_DaRT
123.5	Ch_5_21748906_8259_SNP Ch_5_19127239_8083_SNP
125.1	Ch_5_18034265_7481_DaRT
127.5	Ch_5_19836553_8191_SNP
131.9	Ch_5_18281818_7730_DaRT Ch_5_18281818_8540_SNP
142.4	contig_0_0_8553_SNP
144.4	Ch_5_3594839_8566_SNP
145.8	Ch_5_35955118_8664_SNP Ch_5_35948839_7756_DaRT
157.8	scaffold_15_78686_8765_SNP
160.0	contig_0_0_7963_DaRT
162.2	scaffold_30_265710_8692_SNP
	scaffold_15_423601_7917_DaRT scaffold_15_395563_7923_DaRT
165.1	scaffold_15_395563_8725_SNP scaffold_15_405652_8722_SNP
	scaffold_15_423615_7918_DaRT
169.9	contig_0_0_8005_DaRT
171.1	Ch_5_3812848_8827_SNP
173.4	Ch_5_38965539_8923_SNP
179.2	Ch_5_39555155_20010_DaRT
179.9	Ch_5_39479129_20928_DaRT Ch_5_39003307_8935_SNP
	Ch_5_38935048_8111_DaRT
180.5	contig_0_0_22899_DaRT
183.3	Ch_5_38819544_8103_DaRT Ch_5_38819583_8105_DaRT
186.7	Ch_5_39934393_22528_DaRT Ch_5_39934393_9066_SNP
188.0	contig_0_0_7984_DaRT
188.7	contig_0_0_9154_SNP Ch_5_40100140_9148_SNP
	Ch_5_4007332_9152_SNP Ch_5_40091081_9149_SNP
189.2	Ch_5_40124807_9146_SNP
194.0	Ch_5_4043683_9132_SNP
196.5	Ch_5_40472572_9124_SNP
197.9	Ch_5_40551999_8265_DaRT Ch_5_40561497_8280_DaRT
198.4	Ch_5_40551999_9116_SNP
200.0	Ch_5_40577032_9108_SNP
200.8	Ch_5_40561431_8281_DaRT
202.8	Ch_5_40715796_9093_SNP Ch_5_40709705_9095_SNP
203.3	Ch_5_40667648_9100_SNP Ch_5_40683264_8244_DaRT
205.0	Ch_5_4066717_9098_SNP
205.7	Ch_5_40683304_8271_DaRT
210.2	Ch_5_40800840_9080_SNP

Pv06 [1]

0.0	Ch. 8_3414350_9159_SNP
0.5	Ch. 8_3875112_9238_SNP
1.0	Ch. 8_1110227_9158_SNP
2.0	Ch. 8_5710889_9300_SNP
2.9	Ch. 8_12410864_8737_DAT
6.0	Ch. 8_12269595_9694_SNP
6.9	Ch. 8_12236988_9690_SNP
8.9	Ch. 8_12287887_20645_DAT
10.3	Ch. 8_11429194_9480_SNP
10.8	Ch. 8_12263584_9686_SNP
10.9	Ch. 8_11590927_9483_SNP
11.2	Ch. 8_12003349_9681_SNP
12.1	Ch. 8_11655084_9482_SNP
13.5	Ch. 8_11511633_9576_DAT
13.5	Ch. 8_1440830_9670_SNP
17.1	Ch. 8_11067890_20238_DAT
19.1	Ch. 8_12270776_9683_SNP
29.3	Ch. 8_0_21450_DAT
32.4	Ch. 8_11708962_8707_DAT
33.7	Ch. 8_16625278_8623_DAT
36.8	Ch. 8_15651743_8646_DAT
38.0	Ch. 8_15505229_8658_DAT
	Ch. 8_15405266_8664_DAT
	Ch. 8_15436233_21983_DAT
	Ch. 8_15423159_8662_DAT
	Ch. 8_15423581_21886_DAT
	Ch. 8_15423581_8663_DAT
	Ch. 8_15128245_8674_DAT
	Ch. 8_15187851_8671_DAT
	Ch. 8_15533297_20749_DAT
	Ch. 8_15505276_9594_SNP
	Ch. 8_15627975_9584_SNP
	Ch. 8_0_25666_SNP
	Ch. 8_15611466_9587_SNP
	Ch. 8_15478759_9589_SNP
	Ch. 8_15560124_8653_DAT
	Ch. 8_0_8642_DAT
	Ch. 8_15405266_9605_SNP
	Ch. 8_15484305_9600_SNP
	Ch. 8_15752749_8638_DAT
	Ch. 8_16642779_9560_SNP
	Ch. 8_0_8622_DAT
	Ch. 8_0_9556_SNP
	Ch. 8_16579584_9554_SNP
	Ch. 8_16642945_9561_SNP
	Ch. 8_16642945_8626_DAT
	Ch. 8_16591958_9551_SNP
	Ch. 8_16601450_8620_DAT
	Ch. 8_16601450_9555_SNP
	Ch. 8_0_23384_DAT
	Ch. 8_17315252_19617_DAT
	Ch. 8_0_25662_SNP
	Ch. 8_17130422_8714_SNP
	Ch. 8_17259591_21844_SNP
	Ch. 8_17243098_9755_SNP
	Ch. 8_17272930_9757_SNP
	Ch. 8_17272930_9755_SNP
	Ch. 8_17270733_9865_SNP
	Ch. 8_0_9753_SNP
	Ch. 8_17385910_9729_SNP
	Ch. 8_17107029_9738_DAT
	Ch. 8_17169522_9750_SNP
	Ch. 8_0_19177_DAT
	Ch. 8_0_21016_DAT
	Ch. 8_17403598_9728_SNP
	Ch. 8_17316176_19818_DAT
	Ch. 8_17620898_9718_SNP
	Ch. 8_0_8796_DAT
	Ch. 8_0_19208_DAT
	Ch. 8_17570391_8772_DAT
	Ch. 8_17574027_9714_SNP
	Ch. 8_17340408_8790_DAT
	Ch. 8_17259591_19178_DAT
	Ch. 8_18014473_8854_DAT
	Ch. 8_0_8786_DAT
	Ch. 8_18595919_8862_DAT
	Ch. 8_18519881_8878_DAT
	Ch. 8_17842962_23776_SNP
	Ch. 8_17842962_22126_DAT
	Ch. 8_0_22094_DAT
	Ch. 8_0_25873_SNP
	Ch. 8_0_21532_DAT
	Ch. 8_0_21638_DAT
	Ch. 8_0_21662_DAT
	Ch. 8_0_21354_DAT
	Ch. 8_18283018_8954_DAT
	Ch. 8_18738726_8814_DAT
	Ch. 8_18688530_8809_DAT
	Ch. 8_18550344_8949_SNP
	Ch. 8_18250128_8868_DAT
	Ch. 8_18301625_8620_SNP
	Ch. 8_18569612_24385_SNP
	Ch. 8_18018261_9808_SNP
	Ch. 8_18551101_9850_SNP
	Ch. 8_0_25731_SNP
	Ch. 8_18498375_9847_SNP
	Ch. 8_0_25200_SNP
	Ch. 8_18689597_9763_SNP
	Ch. 8_18699010_8810_DAT
	Ch. 8_18589712_8890_DAT
	Ch. 8_18651645_9758_SNP
	Ch. 8_18280134_9823_SNP
	Ch. 8_18743470_9767_SNP
	Ch. 8_18887643_9776_SNP
	Ch. 8_18892098_9774_SNP
	Ch. 8_0_25762_SNP
	Ch. 8_18897122_9775_SNP
	Ch. 8_19043741_9790_SNP
	Ch. 8_19043675_9779_SNP
	Ch. 8_18738726_8813_DAT
	Ch. 8_19204292_8845_DAT
	Ch. 8_19164338_8836_DAT
	Ch. 8_19164338_8838_DAT
	Ch. 8_19164508_9794_SNP
	Ch. 8_19284065_19166_DAT
	Ch. 8_19406956_8949_DAT
	Ch. 8_19248518_8847_DAT
	Ch. 8_19265943_8950_DAT
	Ch. 8_19535594_8962_DAT
	Ch. 8_0_19939_DAT
	Ch. 8_19458392_8953_SNP
	Ch. 8_0_23487_DAT
	Ch. 8_20094654_8858_DAT
	Ch. 11_8004681_17079_DAT
	Ch. 8_19465100_21092_DAT
	Ch. 8_19446411_9032_SNP
	Ch. 8_19535592_8961_DAT
	Ch. 8_0_8968_DAT
	Ch. 8_19406956_8948_DAT
	Ch. 8_19565863_8968_DAT
	Ch. 8_0_8966_DAT
	Ch. 8_19552977_8959_DAT
	Ch. 8_19535624_8963_DAT
	Ch. 8_19548182_9039_SNP
	Ch. 8_19551907_21866_DAT
	Ch. 8_19555184_21638_DAT
	Ch. 8_0_26012_SNP
	Ch. 8_19670890_9954_SNP
	Ch. 8_19665628_9951_SNP
	Ch. 8_19941307_9983_SNP
	Ch. 8_19917710_9979_SNP
	Ch. 8_19452333_8947_DAT
	Ch. 5_37789544_14221_DAT
	Ch. 8_0_20752_DAT
	Ch. 8_0_8659_SNP
	Ch. 8_20093133_9865_SNP
	Ch. 8_20095346_9867_SNP
	Ch. 8_20084823_9863_SNP
	Ch. 8_20076736_9862_SNP
	Ch. 8_20636741_9922_SNP
	Ch. 8_20501264_8928_DAT
	Ch. 8_20502692_8930_DAT
	Ch. 8_20541428_9923_SNP
	Ch. 8_20687700_8942_DAT
	Ch. 8_20502692_8930_DAT
	Ch. 8_0_20726_DAT
	Ch. 8_0_20816_DAT
	Ch. 8_20465424_9959_SNP
	Ch. 8_20465933_9999_SNP
	Ch. 8_0_25527_SNP
	Ch. 8_0_25471_SNP
	Ch. 8_0_19071_SNP
	Ch. 8_20768967_9030_DAT
	Ch. 8_0_8941_DAT
	Ch. 8_20735711_10019_SNP
	Ch. 8_20730476_10023_SNP
	Ch. 8_20688911_9930_SNP
	Ch. 8_20765236_10021_SNP
	Ch. 8_0_20908_DAT
	Ch. 8_20768966_9039_DAT
	Ch. 8_0_9113_DAT
	Ch. 8_0_9110_DAT
	Ch. 8_0_9112_DAT

Pv06 [2]

152.7	Ch. 8_21655066_10064_SNP
	Ch. 8_21895500_10050_SNP
153.2	Ch. 8_0_20199_DAT
	Ch. 8_21656338_10139_SNP
	Ch. 8_22325205_10239_SNP
	Ch. 8_0_18029_DAT
153.7	Ch. 8_0_18029_DAT
	Ch. 8_22526897_9217_DAT
	Ch. 8_22526897_9217_DAT
	Ch. 8_22573443_10220_SNP
154.7	Ch. 8_0_10223_SNP
155.1	Ch. 8_22568997_10222_SNP
	Ch. 8_22701554_10116_SNP
155.6	Ch. 8_22568997_10116_SNP
160.0	Ch. 8_22568997_10116_SNP
162.9	Ch. 8_23581453_10189_SNP
163.8	Ch. 8_23581453_10189_SNP
	Ch. 8_22807534_9152_DAT
	Ch. 8_0_9187_DAT
	Ch. 8_23580999_9181_DAT
	Ch. 8_0_21633_DAT
164.3	Ch. 8_23580999_9181_DAT
	Ch. 8_23648903_9183_DAT
	Ch. 8_23665254_10204_SNP
	Ch. 8_23644127_10200_SNP
	Ch. 8_23666436_10183_SNP
	Ch. 8_23540656_10182_SNP
	Ch. 8_23597029_10137_SNP
	Ch. 8_23040979_10132_SNP
	Ch. 8_22907700_10123_SNP
	Ch. 8_22807534_9152_DAT
	Ch. 8_23075853_10139_SNP
	Ch. 8_23687931_9200_DAT
	Ch. 8_23292939_10124_SNP
	Ch. 8_23565588_10186_SNP
	Ch. 8_23597029_10137_SNP
	Ch. 8_23075849_10140_SNP
	Ch. 8_23116049_10142_SNP
	Ch. 8_24106771_9271_DAT
	Ch. 8_24124995_9284_DAT
	Ch. 8_24033177_9282_DAT
	Ch. 8_24185637_9290_DAT
	Ch. 8_24026528_9292_SNP
	Ch. 8_0_9261_DAT
	Ch. 8_2411584_9276_DAT
	Ch. 8_0_21817_DAT
	Ch. 8_24001153_9257_DAT
	Ch. 8_24001153_10261_SNP
	Ch. 8_23985300_10259_SNP
	Ch. 8_24241209_10296_SNP
	Ch. 8_0_20526_SNP
	Ch. 8_0_22489_DAT
	Ch. 8_0_10299_SNP
	Ch. 8_24415494_10311_SNP
	Ch. 8_24305944_9296_DAT
	Ch. 8_24328189_9295_DAT
	Ch. 8_0_22029_DAT
	Ch. 8_0_21239_DAT
	Ch. 8_24328189_9295_DAT
	Ch. 8_0_21063_DAT
	Ch. 8_0_26139_SNP
	Ch. 8_25286929_10355_SNP
	Ch. 8_25262141_10379_SNP
	Ch. 8_24311204_10301_SNP
	Ch. 8_24321796_10302_SNP
	Ch. 8_0_10320_SNP
	Ch. 8_24448783_10315_SNP
	Ch. 8_24415494_10311_SNP
	Ch. 8_24427228_18761_DAT
	Ch. 8_24328189_9295_DAT
	Ch. 8_24659591_10323_SNP
	Ch. 8_24746783_10334_SNP
	Ch. 8_24659591_10323_SNP
	Ch. 8_25497410_10406_SNP
	Ch. 8_0_21455_DAT
	Ch. 8_0_10399_SNP
	Ch. 8_25436342_10403_SNP
	Ch. 8_25285377_10398_SNP
	Ch. 8_25190141_10368_SNP
	Ch. 8_0_24687_SNP
	Ch. 8_25269590_10390_SNP
	Ch. 8_25321556_10394_SNP
	Ch. 8_25195936_10374_SNP
	Ch. 8_0_9399_DAT
	Ch. 8_25152856_9342_DAT
	Ch. 8_25269590_10390_SNP
	Ch. 8_25260818_9350_DAT
	Ch. 8_25272883_10384_SNP
	Ch. 8_25151092_10381_SNP
	Ch. 8_25260752_10382_SNP
	Ch. 8_35091522_19322_DAT
	Ch. 8_25270289_10416_SNP
	Ch. 8_25728237_10419_SNP
	Ch. 8_25734883_10420_SNP
	Ch. 8_26077235_10440_SNP
	Ch. 8_26040738_10440_SNP
	Ch. 8_26144255_9431_DAT
	Ch. 8_25190141_9343_DAT
	Ch. 8_0_22638_DAT
	Ch. 8_0_21293_DAT
	Ch. 8_25734883_9402_DAT
	Ch. 8_25734883_9402_DAT
	Ch. 8_25712851_9394_DAT
	Ch. 8_25265377_9394_DAT
	Ch. 8_0_10448_SNP
	Ch. 8_27577692_9545_DAT
	Ch. 8_25151092_9340_DAT
	Ch. 8_0_22638_DAT
	Ch. 8_28478442_10326_SNP
	Ch. 8_28493831_9603_DAT
	Ch. 8_0_21054_DAT
	Ch. 8_2887226_8627_DAT
	Ch. 8_0_20035_DAT
	Ch. 8_28614531_9611_DAT
	Ch. 8_30749679_9789_DAT
	Ch. 8_30828041_10867_SNP

Pv07 [1]

0.0	Ch. 7_39957165_20544_SNP
4.0	Ch. 7_39920317_23168_DAT
	Ch. 7_39915453_23804_DAT
4.4	Ch. 7_39957114_20545_SNP
4.9	Ch. 7_39920317_20549_SNP
12.0	Ch. 7_39422123_20683_SNP
19.0	Ch. 7_39407231_18330_DAT
24.4	Ch. 7_39407267_18331_DAT
24.9	Ch. 7_38361481_25516_SNP
24.9	Ch. 7_3832698_11461_DAT
25.9	Ch. 7_38524914_11475_DAT
28.8	Ch. 7_38432185_12728_SNP
28.8	Ch. 7_38456779_11471_DAT
36.3	Ch. 7_38508242_12727_SNP
36.3	Ch. 7_38508242_12727_SNP
39.3	Ch. 7_36991252_12584_SNP
40.2	Ch. 7_36991252_12584_SNP
41.2	Ch. 7_36824013_25137_SNP
41.2	Ch. 7_36713155_12585_SNP
41.6	Ch. 7_36731993_12588_SNP
42.1	Ch. 7_36731993_12588_SNP
43.7	Ch. 7_36965214_10282_DAT
47.0	Ch. 7_36965214_10282_DAT
53.8	Ch. 7_36965214_10282_DAT
54.3	Ch. 7_36965214_10282_DAT
55.0	Ch. 7_36965214_10282_DAT
55.1	Ch. 7_36965214_10282_DAT
55.7	Ch. 7_36965214_10282_DAT
57.2	Ch. 7_36965214_10282_DAT
58.0	Ch. 7_36965214_10282_DAT
73.0	Ch. 7_30319444_12203_SNP
74.9	Ch. 7_30734706_12220_SNP
79.3	Ch. 7_24033177_9282_DAT
81.8	Ch. 7_28710117_10947_DAT
	Ch. 7_28424254_12123_SNP
	Ch. 7_28710117_10948_DAT
	Ch. 7_29800202_9379_SNP
	Ch. 7_29811198_10897_DAT
	Ch. 7_28715833_10898_DAT
	Ch. 7_13375385_20993_SNP
	Ch. 7_19156271_10800_DAT
	Ch. 7_21231946_10791_DAT
	Ch. 7_20826516_11792_SNP
	Ch. 7_11884110_11819_SNP
	Ch. 7_12047368_11832_SNP
	Ch. 7_11205736_11826_SNP
	Ch. 7_12180546_11838_SNP
	Ch. 7_11951922_11823_SNP
	Ch. 7_21641947_10800_DAT
	Ch. 7_21231946_10791_DAT
	Ch. 7_16501736_20925_SNP
	Ch. 7_0_24303_DAT
	Ch. 7_16429075_10807_DAT
	Ch. 7_11205736_11831_SNP
	Ch. 7_12771642_11939_SNP
	Ch. 7_11713381_10878_DAT
	Ch. 7_0_24633_DAT
	Ch. 7_11457771_11728_SNP
	Ch. 7_11478433_11715_SNP
	Ch. 7_11295778_11721_SNP
	Ch. 7_11295778_11721_SNP
	Ch. 7_11303920_11729_SNP
	Ch. 7_0_10682_DAT
	Ch. 7_0_20790_SNP
	Ch. 7_0_25196_SNP
	Ch. 7_0_23973_DAT
	Ch. 7_0_24326_DAT

# Pv08 [1]

0.0	Ch_8_18746036_12579_DaRT
3.1	contig_0_0_21116_DaRT
4.4	Ch_8_10056267_19249_DaRT
7.0	Ch_8_9856268_21062_DaRT
13.9	Ch_8_9030271_12620_DaRT
18.6	Ch_8_81690470_11595_DaRT
20.8	Ch_8_8243867_11499_DaRT
24.4	Ch_8_8046258_13032_DaRT
25.6	Ch_8_7537881_19950_DaRT
39.8	Ch_8_1633549_15067_SNP
40.8	Ch_8_1630011_15059_SNP
41.2	Ch_8_1633154_23388_DaRT
41.3	Ch_8_1633232_15066_SNP Ch_8_1633232_13588_DaRT
52.0	Ch_8_4385149_14673_SNP
54.1	contig_0_0_13241_DaRT Ch_8_3810012_14723_SNP
56.0	Ch_8_3785569_14720_SNP
57.0	contig_0_0_14727_SNP Ch_8_3706169_14710_SNP <b>Ch_8_3711888_14714_SNP</b>
57.5	contig_0_0_14719_SNP
58.4	Ch_8_4031326_14703_SNP Ch_8_4031469_14701_SNP Ch_8_4031535_14698_SNP
58.4	Ch_8_3243083_21643_DaRT
58.4	Ch_8_3243083_25448_SNP
58.6	Ch_8_3243017_14752_DaRT
59.3	Ch_8_3183541_14749_SNP Ch_8_3267002_13280_DaRT Ch_8_3130070_18708_DaRT
59.3	contig_0_0_21932_DaRT
60.2	Ch_8_3177219_21492_SNP
61.6	contig_0_0_14739_SNP
62.6	Ch_8_2943805_14791_SNP Ch_8_2803158_23075_DaRT
65.0	Ch_8_2602502_14820_SNP Ch_8_2353678_14840_SNP Ch_8_2495212_14821_SNP
65.5	contig_0_0_21953_SNP contig_0_0_22259_DaRT
67.0	Ch_8_2732201_13328_DaRT
71.4	Ch_8_2819713_14794_SNP Ch_8_2803143_22181_DaRT
76.3	Ch_8_3089174_14742_SNP
87.9	Ch_8_5983293_19018_DaRT
93.5	Ch_8_5997949_14543_SNP
103.4	Ch_8_6120784_14556_SNP
113.8	Ch_8_7543518_12988_DaRT
117.8	Ch_8_9030272_12621_DaRT
121.3	Ch_8_5989656_14541_SNP
125.7	Ch_8_6081237_14553_SNP
132.8	Ch_8_6040447_14547_SNP
140.0	Ch_8_5752377_23265_SNP
142.5	Ch_8_5989732_14542_SNP
142.9	contig_0_0_20965_DaRT contig_0_0_20283_DaRT Ch_8_6060675_14552_SNP
143.4	contig_0_0_25142_SNP
144.8	Ch_8_6004645_14544_SNP
147.2	Ch_8_6380025_14570_SNP
148.1	Ch_8_6673093_13069_DaRT contig_0_0_25696_SNP
149.7	contig_0_0_20401_DaRT Ch_8_6642806_14584_SNP
149.7	Ch_8_6691171_14581_SNP
149.7	Ch_8_6676301_13077_DaRT Ch_8_7163433_13088_DaRT Ch_8_6676359_13078_DaRT
149.2	contig_0_0_20549_DaRT Ch_8_7261452_13085_DaRT Ch_8_7508972_12985_DaRT
149.2	Ch_8_6959725_13111_DaRT
149.3	Ch_8_6673088_13074_DaRT Ch_8_7617256_12998_DaRT
149.6	Ch_8_7761748_14496_SNP Ch_8_7559236_14484_SNP Ch_8_6953212_14610_SNP
149.6	Ch_8_6953212_14610_SNP contig_0_0_26003_SNP contig_0_0_14492_SNP
150.1	Ch_8_7462290_14467_SNP
151.0	Ch_8_7740268_14493_SNP
151.0	Ch_8_7813820_14510_SNP
151.9	Ch_8_7789553_14504_SNP
153.4	Ch_8_7606423_14496_SNP
154.4	contig_0_0_20668_DaRT
157.7	Ch_8_7905197_14521_SNP Ch_8_7617261_12997_DaRT Ch_8_7502334_20312_DaRT
160.6	Ch_8_7664883_12999_DaRT Ch_8_7462290_12980_DaRT Ch_8_7163433_13087_DaRT
162.1	Ch_8_7543452_14476_SNP
163.5	Ch_8_7419157_14461_SNP
165.4	Ch_8_7419157_14463_SNP Ch_8_7996056_13023_DaRT Ch_8_8018527_13027_DaRT
166.3	Ch_8_8843567_14015_SNP
166.3	Ch_8_7996056_14530_SNP
166.8	contig_0_0_25339_SNP contig_0_0_14041_SNP Ch_8_8820341_14017_SNP
167.0	contig_0_0_12654_DaRT Ch_8_8749668_12631_DaRT Ch_8_8156562_11506_DaRT
167.2	Ch_8_8764744_12628_DaRT Ch_8_7996056_13022_DaRT
168.2	Ch_8_9053545_13999_SNP
171.6	Ch_8_9056897_13996_SNP
171.6	Ch_8_8467608_14038_SNP
175.0	contig_0_0_22294_DaRT Ch_8_7832874_13015_DaRT Ch_8_7984207_13024_DaRT
177.4	Ch_8_8392351_19930_DaRT Ch_8_8156496_11508_DaRT Ch_8_8156562_11507_DaRT
177.4	Ch_8_7865491_19907_DaRT Ch_8_7987382_14533_SNP
177.4	contig_0_0_21744_DaRT Ch_8_8108231_14540_SNP
177.9	Ch_8_8156496_12767_SNP Ch_8_8157607_14462_SNP Ch_8_8142847_21185_SNP
177.9	Ch_8_8044481_14536_SNP Ch_8_8454688_24684_SNP Ch_8_8046258_14537_SNP
177.9	Ch_8_8819873_12628_DaRT Ch_8_8436855_12648_DaRT Ch_8_8046258_13033_DaRT
179.3	contig_0_0_12647_DaRT
184.7	Ch_8_8476159_14035_SNP
191.6	Ch_8_8030450_14535_SNP
193.9	Ch_8_9069805_13994_SNP
193.9	Ch_8_7288507_20062_DaRT
197.3	Ch_8_9322852_12674_DaRT
198.6	contig_0_0_25954_SNP Ch_8_10056292_19250_DaRT
200.5	Ch_8_9707158_12694_DaRT Ch_8_9123714_12608_DaRT Ch_8_9056897_12614_DaRT
200.5	Ch_8_9483585_21677_DaRT Ch_8_9707158_14083_SNP contig_0_0_14068_SNP
200.5	Ch_8_11585306_12955_DaRT Ch_8_9167967_19137_DaRT
201.0	Ch_8_9624004_12704_DaRT Ch_8_9871011_12708_DaRT scaffold_520_7469_21948_SNP
201.0	Ch_8_10056333_25337_SNP Ch_8_9824004_14093_SNP contig_0_0_20240_DaRT
201.5	Ch_8_11412911_12958_DaRT Ch_8_11724512_25087_SNP Ch_8_10741822_20974_DaRT
201.5	Ch_8_11546797_14440_SNP contig_0_0_12687_DaRT
203.6	Ch_8_11412883_12959_DaRT
206.0	Ch_8_11341060_14445_SNP
209.0	Ch_8_11643544_21261_DaRT
213.7	contig_0_0_12693_DaRT Ch_8_9871010_12707_DaRT Ch_8_9749032_12698_DaRT
214.8	Ch_8_9802385_14090_SNP
214.8	scaffold_520_7469_21949_SNP Ch_8_9931202_14104_SNP
215.7	Ch_8_9460054_14066_SNP
216.2	Ch_8_9261668_14054_SNP Ch_8_9514760_14073_SNP
216.6	Ch_8_92248463_12867_DaRT
217.6	Ch_8_9415261_25794_SNP contig_0_0_20200_DaRT
219.5	contig_0_0_21946_SNP
229.9	Ch_11_37613715_12771_SNP Ch_11_37613715_11515_DaRT
235.9	Ch_8_21250746_12860_DaRT Ch_8_20219170_12939_DaRT
238.7	Ch_8_29248463_12867_DaRT
241.2	Ch_8_20195192_14283_SNP Ch_5_21020694_7562_DaRT
244.1	Ch_8_18829334_12825_SNP
246.5	Ch_8_20922590_12853_DaRT contig_0_0_25113_SNP
247.0	Ch_8_20922590_14291_SNP Ch_8_18668148_13947_SNP Ch_8_20079721_18774_DaRT
247.0	contig_0_0_21444_DaRT Ch_8_20922590_12854_DaRT Ch_8_18683964_12578_DaRT
247.6	Ch_8_20695821_11514_DaRT
247.6	Ch_8_20079682_18775_DaRT
248.8	Ch_8_18463729_13945_SNP

# Pv08 [2]

251.2	Ch_8_20494848_12560_DaRT
254.7	Ch_8_44482745_14402_SNP
256.6	Ch_8_51591953_13672_SNP
258.6	Ch_8_50704597_12429_DaRT Ch_8_50592211_13771_SNP Ch_8_50649626_13772_SNP
262.0	Ch_8_52576696_13702_SNP Ch_8_52568440_12356_DaRT
264.4	Ch_8_52852394_13718_SNP
267.3	Ch_8_52814602_12370_DaRT Ch_8_52814602_13716_SNP
268.8	Ch_8_5290325_18851_DaRT Ch_8_52704369_13709_SNP
269.0	Ch_8_53592364_12387_DaRT
269.3	Ch_8_53807836_13754_SNP Ch_8_53767579_13746_SNP contig_0_0_21269_DaRT
270.2	Ch_8_53592364_12386_DaRT
290.5	Ch_8_60278022_13312_SNP
292.5	contig_0_0_11970_DaRT contig_0_0_20813_DaRT Ch_8_60398822_13290_SNP
292.5	Ch_8_60209981_21267_DaRT
292.9	contig_0_0_3730_DaRT Ch_8_60441430_22632_DaRT contig_0_0_13291_SNP
293.1	contig_0_0_3731_SNP
293.4	contig_0_0_22574_DaRT
293.4	contig_0_0_11969_DaRT
294.4	contig_0_0_3732_DaRT contig_0_0_11952_DaRT Ch_8_60484316_24757_SNP
295.3	Ch_8_60511975_21587_DaRT
295.3	Ch_8_60478302_11945_DaRT
295.6	contig_0_0_21920_DaRT contig_0_0_3729_DaRT contig_0_0_22807_DaRT
296.1	Ch_8_60470214_11948_DaRT contig_0_0_12006_DaRT Ch_8_60471002_13266_SNP
297.5	contig_0_0_20912_DaRT Ch_8_60442759_11956_DaRT Ch_8_60504283_13264_SNP
297.5	contig_0_0_11943_DaRT Ch_8_60470280_11947_DaRT
298.5	contig_0_0_20859_DaRT Ch_8_45893200_12016_DaRT
307.3	Ch_8_60841127_13208_SNP
308.2	Ch_8_60831986_11903_DaRT
308.8	Ch_8_61047732_25477_SNP Ch_8_60997888_19917_DaRT
309.3	Ch_8_60973319_11900_DaRT contig_0_0_11901_DaRT contig_0_0_11878_DaRT
313.2	Ch_8_61248693_11855_DaRT Ch_8_61062731_22672_SNP
313.2	Ch_8_61133478_13169_SNP Ch_8_61133478_11872_DaRT
316.1	Ch_8_61047666_11888_DaRT Ch_8_61133250_13171_SNP
319.0	contig_0_0_13170_SNP
320.3	Ch_8_61218858_11860_DaRT
323.9	Ch_8_61133741_13167_SNP Ch_8_61130143_20225_DaRT
327.8	contig_0_0_11853_DaRT
331.5	contig_0_0_20167_DaRT
332.3	Ch_8_61163698_13156_SNP Ch_8_61163698_11867_DaRT
334.3	Ch_8_61248693_11854_DaRT Ch_8_61360776_11843_DaRT Ch_8_61266692_13141_SNP
335.3	contig_0_0_19605_DaRT
336.2	contig_0_0_20050_DaRT
338.2	Ch_8_61461719_13122_SNP
340.1	contig_0_0_11820_DaRT Ch_8_61450547_25291_SNP
341.8	Ch_8_61408701_11828_DaRT
342.6	Ch_8_61153217_13161_SNP
347.5	Ch_8_61902022_21922_DaRT
349.5	Ch_8_61918725_11805_DaRT Ch_8_45857418_11537_DaRT Ch_8_61856911_11788_DaRT
350.2	contig_0_0_20417_DaRT contig_0_0_19966_DaRT Ch_8_61888757_13097_SNP
352.4	contig_0_0_22445_DaRT
352.4	contig_0_0_21017_DaRT
353.4	contig_0_0_20301_DaRT contig_0_0_13111_SNP
355.3	Ch_8_61849022_11785_DaRT contig_0_0_20211_DaRT Ch_8_62283820_12906_SNP
358.7	Ch_8_62451163_12927_SNP
359.6	contig_0_0_22524_DaRT
359.6	Ch_8_62486809_12933_SNP Ch_8_62687455_12533_DaRT contig_0_0_22571_DaRT
359.6	contig_0_0_22501_DaRT Ch_8_62605633_12551_DaRT contig_0_0_22342_DaRT
361.6	Ch_8_62510507_22486_DaRT
361.6	contig_0_0_25212_SNP Ch_8_62399890_12924_SNP
361.7	Ch_8_62212288_18895_DaRT contig_0_0_19203_DaRT contig_0_0_19623_DaRT
361.7	contig_0_0_22287_DaRT
361.8	contig_0_0_18632_DaRT contig_0_0_19486_DaRT Ch_4_1176630_19314_DaRT
361.8	contig_0_0_11781_DaRT contig_0_0_18631_DaRT Ch_8_62266957_11628_DaRT
361.9	Ch_8_61932096_18723_DaRT Ch_8_62219098_11621_DaRT
362.1	contig_0_0_12891_SNP Ch_8_62081178_12988_SNP Ch_8_45849402_20879_SNP
362.1	Ch_8_62081178_12989_SNP
362.5	contig_0_0_25852_SNP contig_0_0_20503_DaRT contig_0_0_20358_DaRT
362.5	Ch_8_9544283_5133_DaRT contig_0_0_21423_DaRT contig_0_0_21452_DaRT
362.5	Ch_8_899904_22383_DaRT contig_0_0_19208_DaRT contig_0_0_19858_DaRT
362.5	contig_0_0_11780_DaRT contig_0_0_19624_DaRT contig_0_0_19484_DaRT
363.4	Ch_8_45849402_20879_SNP contig_0_0_21542_DaRT Ch_8_61806090_13091_SNP
364.4	contig_0_0_20516_DaRT Ch_8_61984883_11723_DaRT
364.4	Ch_8_61868457_13050_SNP Ch_8_61701090_13056_SNP Ch_8_61868263_11756_DaRT
364.4	Ch_8_62268567_11629_DaRT
367.8	Ch_8_61868960_13045_SNP
371.1	Ch_8_61698195_11755_DaRT
376.3	Ch_8_62727203_13874_SNP
378.7	Ch_8_62589327_12965_SNP
380.2	contig_0_0_25504_SNP
382.1	contig_0_0_24580_DaRT contig_0_0_12943_SNP
384.6	Ch_8_62734846_12503_DaRT Ch_8_62734846_13859_SNP Ch_8_62687468_12532_DaRT
384.8	contig_0_0_20234_DaRT
385.0	Ch_8_62727897_12510_DaRT contig_0_0_25124_SNP Ch_8_63011117_13803_SNP
385.0	Ch_8_62824113_13833_SNP Ch_8_62942253_13813_SNP
385.5	contig_0_0_25145_SNP Ch_8_62942253_12464_DaRT Ch_8_62687535_23972_DaRT
385.5	contig_0_0_23988_DaRT contig_0_0_24225_DaRT Ch_8_63020673_12457_DaRT
389.8	Ch_8_62778239_12490_DaRT Ch_8_62804455_12480_DaRT Ch_8_62509630_11654_DaRT
390.3	Ch_8_62614542_12550_DaRT
390.3	contig_0_0_24423_DaRT
390.3	Ch_8_62782033_12485_DaRT Ch_8_62782033_13843_SNP
390.3	Ch_8_63007046_13806_SNP Ch_8_63007046_12460_DaRT contig_0_0_24219_DaRT
390.3	Ch_8_62571619_11689_DaRT
390.3	Ch_8_62911158_12469_DaRT
390.3	contig_0_0_24113_DaRT Ch_8_62721370_13880_SNP Ch_8_62537235_12949_SNP
390.3	Ch_8_62939295_13822_SNP Ch_8_62722152_13877_SNP Ch_8_62730337_13863_SNP
390.3	contig_0_0_23702_SNP
390.8	Ch_8_62904521_13839_SNP
391.7	Ch_8_62778239_13850_SNP Ch_8_62939602_13820_SNP contig_0_0_25723_DaRT
391.7	Ch_8_63000141_13808_SNP
391.7	Ch_8_62529003_12946_SNP contig_0_0_24346_DaRT Ch_8_62727831_12512_DaRT
391.7	Ch_8_62745289_12500_DaRT Ch_8_62556758_24107_DaRT Ch_8_62583951_24112_DaRT
391.7	Ch_8_62589261_11679_DaRT contig_0_0_20169_DaRT Ch_8_63019504_12459_DaRT
392.1	Ch_8_62730337_23889_DaRT Ch_8_62911158_12471_DaRT Ch_8_62734912_12502_DaRT
392.1	contig_0_0_24115_DaRT contig_0_0_24021_DaRT Ch_8_62721370_12520_DaRT
392.1	Ch_8_62927321_12468_DaRT contig_0_0_24064_DaRT contig_0_0_24218_DaRT
392.1	Ch_8_62537235_18798_DaRT contig_0_0_24345_DaRT Ch_8_62584956_11674_DaRT
393.3	contig_0_0_23986_DaRT
393.8	Ch_8_62605633_12553_DaRT
393.8	contig_0_0_11661_DaRT
397.0	Ch_8_62675789_13897_SNP
402.4	Ch_8_62939668_13818_SNP
406.8	Ch_8_6275852_13852_SNP
409.1	contig_0_0_24481_DaRT
420.3	Ch_8_62175462_11711_DaRT Ch_8_62175462_11713_DaRT
430.9</	

Pv09

0.0	Ch_9_3807069_15109_SNP	Ch_9_38117639_13640_DART
4.5	Ch_9_3810684_13641_DART	
6.1	Ch_9_3810684_15100_SNP	
10.4	Ch_9_38192024_15098_SNP	
11.3	Ch_9_38234387_15090_SNP	
11.6	Ch_9_38197716_13636_DART	
11.7	Ch_9_38117639_15098_SNP	Ch_9_38086121_15105_SNP
13.7	Ch_9_3807069_15108_SNP	Ch_9_38072850_15107_SNP
14.8	Ch_9_38081141_13640_DART	
16.7	Ch_9_38235573_26280_SNP	
17.2	contig_0_0_20741_DART	
17.2	contig_0_0_24855_SNP	
22.6	Ch_9_3746574_21648_SNP	
24.6	Ch_9_37393393_15160_SNP	
31.4	Ch_9_37065961_15187_SNP	
34.3	Ch_9_36709305_15212_SNP	
35.3	contig_0_0_20979_DART	
36.3	Ch_9_36819686_15220_SNP	
37.2	Ch_9_36793696_15206_SNP	
37.7	Ch_9_36795487_15203_SNP	
40.2	Ch_9_36793630_15200_SNP	
44.1	Ch_9_36698256_15218_SNP	
46.7	Ch_9_30004356_15598_SNP	
60.0	Ch_9_30099488_20434_DART	
69.6	Ch_9_30046395_25098_SNP	Ch_9_30008408_14104_DART
107.8	Ch_9_7419772_19086_DART	Ch_9_1760204_5614_DART
108.3	Ch_9_512957_14829_DART	Ch_9_612957_16392_SNP
108.3	contig_0_0_21192_DART	
109.5	Ch_9_564350_14832_DART	
110.7	Ch_9_5905159_18636_DART	Ch_9_5905159_21007_SNP
113.3	Ch_9_1947329_14946_DART	
115.2	Ch_9_8509057_14993_DART	
117.6	Ch_9_7705761_18545_SNP	
118.5	Ch_9_7705761_14959_DART	
123.0	Ch_9_8447772_16582_SNP	contig_0_0_20378_DART
126.9	Ch_9_769219_16533_SNP	
128.8	Ch_9_7892145_14988_DART	Ch_9_7869536_16550_SNP
128.8	Ch_9_7609285_16534_SNP	Ch_9_7764697_20836_DART
129.3	contig_0_0_22520_DART	Ch_9_7581707_25667_SNP
130.2	contig_0_0_14985_DART	
130.2	Ch_9_564350_14833_DART	
131.1	Ch_9_10_9443952_19142_DART	
143.6	Ch_9_13889001_15117_DART	
147.6	Ch_9_12110984_20209_DART	
148.6	contig_0_0_20639_DART	
149.5	Ch_9_12110105_15177_DART	
150.4	Ch_9_12110105_15179_DART	
154.1	Ch_9_12388970_16794_SNP	
154.6	Ch_9_12264810_16798_SNP	
164.1	Ch_9_13666296_16725_SNP	
165.0	contig_0_0_25141_SNP	
171.5	Ch_9_14706652_15097_DART	Ch_9_13716769_16718_SNP
169.4	contig_0_0_21292_DART	Ch_9_14161364_15679_SNP
187.4	Ch_9_14445584_16670_SNP	
173.3	Ch_9_14457178_16666_SNP	
173.3	Ch_9_13924701_16705_SNP	

Pv10

0.0	Ch_10_42920952_15683_DART	Ch_10_42920952_17277_SNP
1.0	Ch_10_42920952_17277_SNP	Ch_10_42920952_15684_DART
1.0	contig_0_0_20390_DART	
6.3	Ch_10_42727719_20077_DART	Ch_10_42178926_18733_DART
6.3	Ch_10_42727719_17255_SNP	
9.7	Ch_10_42727719_17252_SNP	
10.2	Ch_10_42287719_17395_SNP	
11.0	contig_0_0_20089_DART	Ch_10_42387947_15617_DART
11.0	contig_0_0_20275_DART	Ch_10_42351191_19165_DART
12.2	Ch_10_42410969_25608_SNP	
13.1	Ch_10_42510933_17212_SNP	
14.6	Ch_10_42153760_15789_DART	contig_0_0_20488_DART
14.6	Ch_10_42269419_15806_DART	Ch_10_42269419_17389_SNP
17.4	Ch_10_42269419_15803_DART	Ch_10_42240682_15802_DART
19.9	Ch_10_42048552_17368_SNP	
21.8	Ch_10_42014529_17360_SNP	
23.7	Ch_10_42014529_17359_SNP	
26.7	Ch_10_41798502_17328_SNP	
28.4	Ch_10_41798502_15744_DART	
29.5	Ch_10_41798502_15742_DART	
30.8	Ch_10_41708650_14435_SNP	
31.4	Ch_10_41643072_17440_SNP	Ch_10_41798901_17330_SNP
31.6	Ch_10_41845299_15755_DART	
31.7	Ch_10_41838665_22375_DART	
31.9	Ch_10_41754986_21271_SNP	
32.4	Ch_10_41798502_17326_SNP	
33.3	contig_0_0_17348_SNP	
33.9	Ch_10_41922479_17347_SNP	
36.0	contig_0_0_15763_DART	Ch_10_41844873_22405_DART
37.4	contig_0_0_22420_DART	
40.4	Ch_10_40904931_15888_DART	Ch_10_40917763_15897_DART
46.4	contig_0_0_23301_DART	Ch_10_40904287_15899_DART
46.4	Ch_10_40846623_15905_DART	Ch_10_40904287_15899_DART
49.6	Ch_10_40997868_15887_DART	
52.1	Ch_10_40988614_17520_SNP	
53.4	Ch_10_40949412_15896_DART	
54.5	Ch_10_40846614_17520_SNP	
55.5	Ch_10_40846614_15903_DART	
73.9	Ch_10_4247008_18614_DART	
75.6	Ch_10_34246940_18613_DART	
76.9	Ch_10_28343564_18077_DART	
79.9	Ch_10_34888153_17949_SNP	Ch_10_28592701_21825_DART
82.3	contig_0_0_18273_SNP	
83.8	Ch_10_32918964_18207_SNP	
84.3	contig_0_0_21818_DART	
85.2	Ch_10_24189122_18021_SNP	
85.6	Ch_10_31918812_21503_SNP	
85.7	Ch_10_17353024_18628_DART	
85.8	Ch_10_286568_21749_DART	Ch_10_18977536_16350_DART
85.8	Ch_10_31918812_18977_DART	Ch_10_27300995_16357_DART
86.6	Ch_10_14379763_17996_SNP	
90.0	Ch_10_1432698_17996_SNP	
93.4	Ch_10_23466511_18203_SNP	Ch_10_23620339_16525_DART
93.4	Ch_10_23568941_16528_DART	Ch_10_23466511_16479_DART
95.3	Ch_10_18914952_21854_DART	
95.3	Ch_10_23568941_16530_DART	Ch_10_23620339_18275_SNP
95.8	Ch_10_2038259_20900_SNP	Ch_10_22001697_17963_SNP
95.8	Ch_10_29637109_16395_DART	Ch_10_13192721_18686_DART
99.7	Ch_10_10614049_18051_SNP	
104.1	Ch_10_11201997_18233_SNP	
104.1	Ch_10_9402169_18113_SNP	
109.0	Ch_10_11466961_18036_SNP	
110.4	Ch_10_8326044_16451_DART	
111.9	Ch_10_13191219_21061_SNP	
112.3	Ch_10_12552252_18197_SNP	
112.6	Ch_10_10730761_16335_DART	
112.8	Ch_10_11374294_17986_SNP	Ch_10_11374724_16314_DART
112.8	Ch_10_11474067_16366_DART	
113.8	Ch_10_11467027_18037_SNP	
114.7	Ch_10_11794787_18523_DART	Ch_10_10714330_16333_DART
114.7	Ch_10_11374698_17988_SNP	contig_0_0_18041_SNP
115.3	contig_0_0_24158_DART	
115.3	Ch_10_27818976_16344_DART	
119.0	Ch_10_2973699_23521_DART	
121.2	contig_0_0_16118_DART	
122.6	Ch_10_8842814_18140_SNP	
123.6	Ch_10_8842814_18173_SNP	
124.1	Ch_10_8100867_17942_SNP	
125.6	Ch_10_7578492_17748_SNP	Ch_10_7578492_16096_DART
127.0	Ch_10_7948392_16216_SNP	
127.9	Ch_10_7603727_17747_SNP	
128.4	Ch_10_7945201_18211_SNP	
129.8	Ch_10_7532895_17790_SNP	
129.8	Ch_10_7532897_18294_DART	contig_0_0_24547_DART
130.8	Ch_10_7274391_17708_SNP	
131.3	Ch_10_7258860_17711_SNP	contig_0_0_24338_DART
132.9	contig_0_0_20443_DART	
135.4	contig_0_0_20419_DART	
135.4	contig_0_0_16036_DART	
138.7	Ch_10_2424724_20228_DART	
139.8	contig_0_0_23831_DART	
141.6	Ch_10_4215678_15328_DART	
142.3	Ch_10_4213847_15327_DART	Ch_10_5380148_16027_DART
142.3	Ch_10_4917035_16006_DART	Ch_10_5417869_17665_SNP
142.8	Ch_10_4989150_17636_SNP	Ch_10_4671091_17618_SNP
143.2	contig_0_0_23222_SNP	
143.7	Ch_10_3785_16828_SNP	contig_0_0_21426_DART
144.7	Ch_8_32472382_12811_DART	contig_0_0_25956_SNP
145.6	Ch_10_2562893_16916_SNP	contig_0_0_17080_SNP
145.6	Ch_10_2038473_17038_SNP	
146.0	contig_0_0_20567_DART	Ch_10_2021290_15452_DART
146.0	Ch_10_2759014_20048_DART	Ch_10_5830320_16054_DART
146.0	Ch_10_2100731_15447_DART	Ch_10_3117589_16349_SNP
146.5	Ch_10_2577653_17084_SNP	Ch_10_2249689_21052_DART
146.5	Ch_10_4065185_15511_DART	Ch_10_1416206_17015_SNP
146.5	Ch_10_1416206_17016_SNP	Ch_10_3085695_21942_SNP
146.5	Ch_10_3085695_21943_SNP	contig_0_0_25214_SNP
146.5	contig_0_0_20482_DART	Ch_10_1395003_20124_DART
147.0	contig_0_0_15336_DART	Ch_10_1397800_15424_SNP
147.0	Ch_10_1474664_15434_DART	Ch_10_862658_21730_DART
147.0	Ch_10_2009647_15455_DART	
148.0	Ch_10_2997841_25925_SNP	
150.0	Ch_10_574780_15394_DART	contig_0_0_22972_DART
153.3	Ch_9_9289404_21474_DART	
156.9	Ch_10_472349_15387_DART	scaffold_100_9380_20445_DART
159.7	contig_0_0_15444_DART	contig_0_0_21497_DART
161.2	Ch_10_1973980_15470_DART	Ch_10_3117523_15379_DART
165.0	contig_0_0_24360_DART	
165.5	Ch_8_32472316_12812_DART	Ch_10_2237652_20222_DART
173.3	Ch_10_5485592_16044_DART	contig_0_0_24111_DART
175.2	Ch_10_4376344_15977_DART	
176.5	Ch_10_4893634_15988_DART	Ch_10_3986591_21311_DART
179.7	contig_0_0_21238_DART	
182.9	Ch_10_5485664_23530_DART	
182.9	contig_0_0_15514_DART	Ch_10_4448548_15968_DART
184.8	Ch_10_1416098_15427_DART	Ch_10_3307120_15312_DART
184.8	Ch_10_713524_15401_DART	Ch_10_3381478_15298_DART
184.8	Ch_10_4114884_19363_DART	Ch_10_3307120_15313_DART
184.8	contig_0_0_24275_DART	Ch_10_3307120_15314_DART
184.8	contig_0_0_23489_DART	
188.8	Ch_10_3768960_23011_DART	contig_0_0_23201_DART
188.8	contig_0_0_21710_DART	contig_0_0_23672_DART
188.8	Ch_10_3411591_24274_DART	Ch_10_3264247_15319_DART
188.8	contig_0_0_24105_DART	Ch_10_5879536_16056_DART
188.8	Ch_10_3986833_23104_DART	Ch_10_3321149_15308_DART
188.8	Ch_10_3307120_15290_DART	contig_0_0_24091_DART
188.8	Ch_7_10883780_10624_DART	
188.8	Ch_10_5879566_20783_DART	
187.7	contig_0_0_21926_DART	
190.1	contig_0_0_23775_DART	
193.5	contig_0_0_21480_DART	Ch_10_4908085_16004_DART
193.5	Ch_10_5260210_16028_DART	Ch_10_2038407_15448_DART
193.5	Ch_10_3853436_20213_DART	Ch_10_4917101_20478_DART
193.5	Ch_10_3859151_15282_DART	contig_0_0_20985_DART
194.9	Ch_10_5291189_19008_DART	
198.4	Ch_10_5279649_16021_DART	
202.3	Ch_10_2759071_15358_DART	
202.3	Ch_10_2276669_20697_DART	Ch_10_3080276_20308_DART
204.3	Ch_10_2982292_15369_DART	
205.3	Ch_10_2997841_21666_DART	

Pv11

0.0	Ch_11_39817_20727_SNP	
1.6	Ch_11_17853_18443_DART	Ch_11_44297_18448_DART
2.5	Ch_11_27513_20726_SNP	Ch_11_17825_20725_SNP
14.3	Ch_11_53414_22965_SNP	Ch_11_30175_18445_DART
14.4	Ch_11_815687_18737_SNP	
18.4	Ch_11_802975_18374_SNP	
21.8	Ch_11_915597_16632_DART	Ch_11_915597_18394_SNP
24.1	contig_0_0_20259_DART	
25.2	Ch_11_735020_18370_SNP	
28.1	Ch_11_819175_18378_SNP	
31.0	Ch_11_915663_16636_DART	Ch_11_891645_18388_SNP
32.4	Ch_11_915663_18395_SNP	
32.9	Ch_11_891711_18399_SNP	Ch_11_867233_18384_SNP
33.1	Ch_11_911153_20219_DART	Ch_11_915663_16634_DART
33.1	Ch_11_926035_20252_DART	Ch_11_939957_16644_DART
33.4	contig_0_0_18397_SNP	contig_0_0_16638_DART
33.4	Ch_11_923935_18396_SNP	
34.0	contig_0_0_18402_SNP	Ch_11_935072_18401_SNP
35.8	Ch_11_939589_16645_DART	
38.1	Ch_11_991734_18411_SNP	
38.1	Ch_11_154696_16671_DART	
39.2	contig_0_0_21975_DART	contig_0_0_20774_DART
39.2	Ch_11_1095199_16666_DART	contig_0_0_20472_DART
39.6	Ch_11_1042709_18426_SNP	
40.5	Ch_11_1015713_18416_SNP	
40.5	Ch_11_1030237_16660_DART	Ch_11_1218547_18450_SNP
41.0	Ch_11_1249793_18456_SNP	contig_0_0_16657_DART
43.4	contig_0_0_24284_SNP	contig_0_0_20416_DART
43.4	contig_0_0_20527_DART	
43.9	Ch_11_1379057_18483_SNP	
44.4	Ch_11_1372075_18476_SNP	
44.4	Ch_11_1379165_18485_SNP	
46.8	Ch_11_1378751_18481_SNP	
48.2	Ch_11_1378702_16697_DART	Ch_11_1378702_18478_SNP
48.2	contig_0_0_25523_SNP	Ch_11_1370861_16694_DART
48.7	Ch_11_1	

#### 4. CONCLUSÕES GERAIS

Há variabilidade genética entre as linhagens de feijão para reação à murcha-de-fusário. As estimativas de herdabilidade e ganho esperado com a seleção foram altas para todos os caracteres, indicando possibilidade de sucesso na obtenção de linhagens promissoras.

O cruzamento entre BRS FC402 e BRS FC406 resultou na seleção de quatro linhagens que combinam resistência à murcha-de-fusário, produtividade, massa de 100 grãos e coloração dos grãos após a colheita adequadas às necessidades de mercado. As linhagens selecionadas deverão passar por avaliação em múltiplos ambientes antes de serem lançadas comercialmente.

A herança para reação a murcha-de-fusário é poligênica. Existe um QTL de efeito maior (QTL FOP8.1<sup>EH</sup>), localizado no cromossomo Pv08, associado à murcha de fusário, que apresenta estabilidade nos diferentes anos e explicou 66% da variação fenotípica. A sonda AN33KKZ, derivada desse QTL, apresentou eficiência de 97%, demonstrando ser uma ferramenta eficiente para incorporar a seleção assistida por marcadores moleculares (SAM).

Há possibilidade de piramidação de genes de resistência à murcha-de-fusário tendo em vista que a fonte de resistência identificada em BRS Esplendor difere das encontradas em BRS Notável, BRS FP403, BRS FC402, BRS FC415 e IPR Bem-te-vi.

## 5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AZZIMONTI, G.; MARCEL, T.C.; ROBERT, O.; PAILLARD, S.; LANNOU, C.; GOYEAU, H. Diversity, specificity and impacts on field epidemics of QTLs involved in components of quantitative resistance in the wheat leaf rust pathosystem. **Molecular Breeding**, v. 34, p. 549–567, 2014. Doi: 10.1007/s11032-014-0057-8
- BATISTA, R. O.; LEITE, T. S.; NICOLI, A.; CARNEIRO, J. E. S.; CARNEIRO, P. C.S.; PAULA JUNIOR, T. J.; QUEIROZ, M. V. Infection and colonization of common bean by EGFP transformants of *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*. **Genetics and Molecular Research**, v. 18, n. 4, 2019. Doi: 10.4238/gmr18370
- BATISTA, R. O.; SILVA, L. C.; MOURA, L. M.; SOUZA, M. H.; CARNEIRO, P. C. S.; CARVALHO FILHO, J. L. S.; CARNEIRO, J. E. S. Inheritance of resistance to fusarium wilt in common bean. **Euphytica**, v. 213, n. 7, p. 133, 2017. Doi: 10.1590/1984-70332022v22n4a37
- BENCHIMOL-REIS, L. L.; BUENO, C. J.; CARBONELL, S. A. M.; CHIORATO, A. F. Fusarium wilt–common bean pathosystem: Pathogen variability and genetic control. **Crop Science**, v. 63, n. 5, p. 2609–2622, 2023. Doi: 10.1002/csc2.21063
- BORBA, M. C.; GARCÉS-FIALLOS, F. R.; STADNIK, M. J. Reactions of black bean seedlings and adult plants to infection by *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*. **Crop Protection**, v. 96, p. 221-227, 2017. Doi: 10.1016/j.cropro.2017.02.019.
- CÂNDIDA, D. V.; COSTA, J. G. C.; RAVA, C. A.; CARNEIRO, M. S. Controle genético da murcha do fusário (*Fusarium oxysporum*) em feijoeiro comum. **Tropical Plant Pathology**, Brasília, v. 34, n. 6, p. 379-384, 2009. Doi: 10.1590/S1982-56762009000600003
- CAVALHEIRO, S. B.; MELO, L. C.; SOUZA, T. L. P. O. D.; PEREIRA, H. S. Genetic parameters and selection of carioca common bean lines resistant to fusarium wilt. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 58, p. e03313, 2023a.
- CAVALHEIRO, S. B.; MELO, L. C.; SOUZA, T. L. P. O.; PEREIRA, H. S. Selection of parents and segregating populations of carioca common bean resistant to Fusarium wilt. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 44, n. 2, p. 499-514, 2023b.
- CAVALHEIRO, S. B. **Seleção de genótipos e mapeamento de QTLs para resistência à murcha-de-fusário em feijão carioca**. 2021. 108 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Goiás, Goiânia/GO, 2021.
- CHIORATO, A. F.; CARBONELL, S. A. M.; BOSETTI, F.; SASSERON, G. R.; LOPES, R. L. T.; AZEVEDO, C. V. G. Common bean genotypes for agronomic and market-related

traits in VCU trials. **Scientia Agricola**, v. 72, n. 1, p. 34-40, 2015. Doi: 10.1590/0103-9016-2013-0172

CHIWINA, K.; XIONG, H.; BHATTARAI, G.; DICKSON, R.W.; PHIRI, T.M.; CHEN, Y.; ALATAWI, I.; DEAN, D.; JOSHI, N.K.; CHEN, Y.; et al. Genome-Wide Association Study and Genomic Prediction of Fusarium Wilt Resistance in Common Bean Core Collection. **International Journal of Molecular Sciences**, v. 24, n. 15300, 2023. Doi: 10.3390/ijms242015300

CONAB, Companhia Nacional de Abastecimento. **Safra Brasileira de Grãos**, 2023. Disponível em <<https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos>>. Acesso em 21, janeiro, 2024.

CROSS, H.; BRICK, M.A.; SCHWARTZ, H. F.; PANELLA, L. W.; BYRNE, P. F. Inheritance of resistance to fusarium wilt in two common beans races. **Crop Science**, v. 40, p. 954-958, 2000. Doi: 10.2135/cropsci2000.404954x.

FALEIRO, F. G.; AMABILE, R. F.; SILVA, C. B. M. C. Marcadores moleculares aplicados ao melhoramento genético de plantas. In: AMABILE, R. F.; VILELA, M. S.; PEIXOTO, J. R. **Melhoramento de plantas: variabilidade genética, ferramentas e mercado**. 1. Ed. Brasília/DF: SBMP, 2018. p. 48-72.

FALL, A. L.; BYRNE, P. F.; JUNG, G.; COYNE, D. P.; BRICK, M. A.; SCHWARTZ, H. F. Detection and mapping of a major locus for Fusarium wilt resistance in common bean. **Crop science**, v. 41, n. 5, p. 1494-1498, 2001. Doi: 10.2135/cropsci2001.4151494x.

FAOSTAT, Food and Agriculture Organization of the United Nations. **Crops**, 2022. Disponível em: <<https://www.fao.org/faostat/en/#data/QCL>>. Acesso em: 26 de jan. 2024.

GUIMARÃES, E. P.; SOUZA, T. L. P. O. Feijão comum: o uso de sementes certificadas na cadeia produtiva. **Seed News**. Ano XXIII, n. 1, p. 30-35, 2019.

PAULINO, J. F. C.; ALMEIDA, C. P.; BUENO, C. J.; SONG, Q.; FRITSCHÉ-NETO, R.; CARBONELL, S. A. M.; CHIORATO, A. F.; BENCHIMOL-REIS, L. L. Genome-Wide Association Study Reveals Genomic Regions Associated with Fusarium Wilt Resistance in Common Bean. **Genes**, v. 12, n. 765, 2021. Doi: 10.3390/genes12050765.

PEREIRA, D. G.; FARIA, L. C.; SOUZA, T. L. P. O.; MELO, L. C.; PEREIRA, H. S. Selection of parents and segregating populations of black bean resistant to fusarium wilt with high yield and seed weight. **Genetics and Molecular Research**, v. 18, n. 71, 2019. Doi: 10.4238/gmr18276.

PEREIRA, D. G.; FARIA, L. C.; TORGA P. P.; SOUZA, T. L. P. O.; MELO, L. C.; PEREIRA, H. S. Genetic potential of fusarium wilt-resistant elite common bean lines assessed in multiple environments. **Genetics and Molecular Research**, v. 19, n. 2, 2020. Doi: 10.4238/gmr18617.

PEREIRA, H. S.; MELO, L. C.; SOUZA, T. L. P. O.; FARIA, L. C.; WENDLAND, A.; MAGALDI, M. C. S. Resistance to Fusarium wilt in common bean cultivars and lines in

pre-commercial stage. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative, Prosser**, v. 59, p. 103-104, Apr. 2016.

PEREIRA, M. J. Z.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, Â. D. F. B. Inheritance of resistance to *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli* Brazilian race 2 in common bean. **Scientia Agricola**, v. 66, n. 6, p. 788-792, 2009. Doi: 10.1590/S0103-90162009000600010.

PEREIRA, M. J. Z.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, Â. F. B. Reação de linhagens de feijoeiro ao fungo *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli* em condições controladas. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 35, p. 940-947, 2011. Doi: 10.1590/S1413-70542011000500011

RIBEIRO, N. D.; CASAGRANDE, C. R.; MEZZOMO, H. C.; KLÄSENER, G. R.; STECKLING, S. D. M.. Consumer preference and the technological, cooking and nutritional quality of carioca beans. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 40, n. 2, p. 651-664, 2019. Doi: 10.5433/1679-0359.2019v40n2p651

ROCHA, J. R. A. S. C.; NUNES, K. V.; CARNEIRO, A. L. N.; MARÇAL, T. S. Selection of superior inbred progenies toward the common bean ideotype. **Agronomy Journal**, v. 111, n. 3, p. 1181-1189, 2019. Doi: 10.2134/agronj2018.12.0761.

SILVA, R. S.; FARIA, J. C.; KNUPP, A. M.; AGUIAR, M. S.; PEREIRA, H. S.; FERREIRA, A. L.; ZAIDEM, A. L. M.; PINHEIRO, P. V.; MELO, L. C.; SOUZA, T. L. P. O. Development and selection of transgenic advanced lines of carioca seeded common bean with multiple resistance to viruses. **Euphytica**, v. 218, p. 67, 2022. Doi: 10.1007/s10681-022-03017-9

SOUZA, T. L. P. O.; FARIA, J. C.; ARAGÃO, F. J. L.; PELOSO, M. J. D.; FARIA, L. C.; WENDLAND, A.; AGUIAR, M. S.; QUINTELA, E. D.; MELO, C. L. P.; HUNGRIA, M.; VIANELLO, R. P.; PEREIRA, H. S.; MELO, L. C. Agronomic Performance and Yield Stability of the RNA Interference-Based -Resistant Common Bean. **Crop Science**, v. 58, n. 2, 2018. Doi: 10.2135/cropsci2017.06.0355.

TORRES, M. H. R. M.; VIANELLO, R. P.; SOUZA, T. L. P. O. D.; MELO, L. C.; MARTINS, S. M.; GOMES-MESSIAS, L. M.; PEREIRA, H. S. Identification of QTLs and validation of molecular markers associated with reaction to Fusarium wilt in the common bean cultivar BRS FP403. **Crop Science**, 2024. Doi: 10.1002/csc2.21218

TORRES, M. H. R. M.; SOUZA, T. L. P. O. D.; FARIA, L. C. D.; MELO, L. C.; PEREIRA, H. S. Genetic parameters and selection of black bean lines for resistance to fusarium wilt and yield. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 57, 2022. Doi: 10.1590/S1678-3921.pab2022.v57.02846

TORRES, M. H. R. M.; SOUZA, T. L. P. O. D.; MELO, L. C.; PEREIRA, H. S. Combining ability for resistance to Fusarium wilt and yield in black bean. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 56, 2021. Doi: 10.1590/S1678-3921.pab2021.v56.02591

XUE, R.; WU, J.; ZHU, Z.; WANG, L.; WANG, X.; WANG, S.; BLAIR, M. W. Differentially expressed genes in resistant and susceptible common bean (*Phaseolus*

*vulgaris* L.) genotypes in response to *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*. **PloS One**, v. 10, n. 6, 2015. Doi: 10.1371/journal.pone.0127698