

NODULAÇÃO EM ACESSOS DIVERGENTES DE FEIJÃO (*Phaseolus vulgaris* L.): II. AVALIAÇÃO DO POTENCIAL GENÉTICO DE PARENTAIS EM CRUZAMENTO DIALÉLICO.

Franco¹, M.C.; Cassini¹, S.T.A.; Oliveira², V.R.; Cruz², C.D.; Vieira², C.; Tsai; S.M.

Tentativas de um melhor entendimento do controle genético das características diretamente ligadas à simbiose *Rhizobium*-feijoeiro têm sido realizadas por vários grupos de pesquisa abordando diferentes metodologias de análise genética envolvendo aspectos quantitativos e moleculares. O conhecimento dos mecanismos de controle genético das características a serem melhoradas é fundamental para o planejamento de programas de melhoramento. Entre as diversas técnicas disponíveis para a determinação do controle genético, o método de análise dialélica desenvolvido por HAYMAN permite avaliar a existência e a magnitude dos efeitos gênicos no modelo aditivo-dominante e quantificar o potencial genético dos parentais, além de fornecer outros parâmetros de natureza mais básica e teórica.

O objetivo do presente trabalho foi determinar o controle genético da nodulação em acessos de feijão de diferentes origens em cruzamentos dialélicos. Foram utilizados cinco acessos de feijão, do Banco de Germoplasma da Universidade Federal de Viçosa, divergentes quanto à origem e nodulação: WAF 15, Mineiro Precoce e Batatinha (andinos), BAT 304 e Ouro (mesoamericanos). Os 10 híbridos e os 5 parentais, foram avaliados com um delineamento em blocos casualizados, com 4 repetições e parcelas experimentais de 3 plantas. O ensaio foi conduzido em câmara de crescimento, sendo utilizado como inoculante a estirpe de *Rhizobium tropici*, CIAT 899. Os dados de nodulação foram submetidos à análise dialélica, conforme metodologia descrita por HAYMAN, utilizando o programa computacional GENES.

Os acessos Batatinha, WAF15 e Ouro apresentaram-se com a maior concentração de genes dominantes para os caracteres número de nódulos (NN), matéria seca dos nódulos (MSN) e peso médio dos nódulos (PMN), respectivamente. O acesso BAT 304 apresentou a maior concentração de genes recessivos para os caracteres NN e MSN. Para PMN o acesso Batatinha apresentou a maior proporção de genes recessivos. Predominância da ação gênica de dominância sobre a aditiva foi observada no caráter NN. Para o caráter MSN, apenas os desvios devido aos efeitos gênicos aditivos foram significativos, enquanto para o caráter PMN não houve predomínio de um tipo específico de ação gênica. A correlação negativa observada entre $(\bar{V}_r + \bar{V}_r^2)$ e \bar{V}_r para MSN, indica que alelos dominantes, predominantemente, mas não exclusivamente, atuam no sentido de aumentar a expressão do caráter. Considerando-se o PMN, a correlação positiva indica que os alelos recessivos predominantemente, mas não exclusivamente atuam no sentido de aumentar a expressão do caráter. Dominância bidirecional é exibida pelos genes sobre o caráter NN. Essa correlação, sendo significativa, indica que o efeito de dominância é, principalmente unidirecional e possibilita estimar os limites seletivos. No caso presente, esses limites foram 1,53 e 2,05 mg/planta, para o caráter MSN, e 0,74 e 1,14 mg, para PMN. As estimativas do grau médio de dominância indicam sobredominância, dominância incompleta e dominância completa dos caracteres, NN, MSN e PMN, respectivamente.

1. Dept. Microbiologia/UFV
2. Dept. Biologia Geral/UFV, 36.571-000-Viçosa-MG