

INTROGRESSÃO DE GENES DE FEIJÕES SILVESTRES EM FEIJÃO CULTIVADO

ARRAES PEREIRA, P.A.¹, DE SOUZA CARNEIRO, J.E.², TORRES DA SILVA, H.³, DEL PELOSO, M.J.⁴ y P. GEPTS⁵

¹Pesquisador, Ph.D., EMBRAPA - Centro Nacional de Pesquisa de Arroz e Feijão (CNPAP), Caixa Postal 179, 74001 - 970 Goiânia, G.O.; ²Professor, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa (UFV) - Depto. de Fitotecnia, Caixa Postal 216, 3657-000 Viçosa, MG.; ³Pesquisador, M.Sc., EMBRAPA - CNPAP; ⁴ Pesquisador, Dr., EMBRAPA - CNPAP; ⁵Professor, Ph.D., Universidade da Califórnia, Davis, Estados Unidos.

RESUMO

As evidências arqueológicas, bioquímicas e moleculares indicam que o feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.) apresenta uma base genética restrita. Por outro lado, o aumento da variabilidade genética é imperativo para a obtenção de progressos em qualquer programa de melhoramento de plantas. Atualmente existe coletado um número expressivo de acessos de feijões silvestres de diferentes "pools" gênicos que podem permitir uma melhoria significativa nos caracteres de importância econômica. Neste estudo foram avaliados três métodos de melhoramento para algumas características morfológicas e produtividade, em dois cruzamentos envolvendo dois acessos de feijões silvestres (GI 2929 e GI 3030) em feijão cultivado W 22-55. As populações foram conduzidas em três métodos: cruzamento simples avançando por descendência de uma única semente; retrocruzamento com autofecundação; dois retrocruzamentos gerações F₄ e F₅; RC₁S₄³ e RC₁S₄⁴; RC₂S₂ e RC₂S₃, em blocos ao acaso com três repetições. As variáveis comprimento e largura do folíolo central, comprimento e largura da vagem e peso de 100 sementes foram medidas em um ano, enquanto a produtividade foi avaliada nos dois anos. Na população RC₁S₄³ do cruzamento W22-25 x GI2929, foram avaliadas 58 sondas de RFLP, espaçadas aproximadamente de 10 em 10 cm nos 11 grupos de ligação do feijoeiro. Foram também testados 100 "primers" de RAPD, na tentativa de se obter a maior saturação possível do genoma. Houve diferenças significativas entre as famílias estudadas nos dois cruzamentos para todas as características morfológicas, como também para o peso de 100 sementes. A análise conjunta para produtividade indicou efeito altamente significativo nos dois cruzamentos em todos os métodos, o mesmo ocorrendo para as famílias, em todos os métodos e nos dois cruzamentos. Interessante observar que houve um incremento nas características morfológicas à medida que se realizaram os retrocruzamentos. Para o peso de 100 sementes, observou-se a mesma tendência; entretanto, a partir do primeiro retrocruzamento, obtiveram-se famílias com sementes de maior peso do que o progenitor recorrente. Por outro lado, no cruzamento W22-55 x GI3030, mesmo no cruzamento simples, não se obteve nenhuma família com peso de sementes similar ao progenitor silvestre. Apesar de se tratar de cruzamento de feijão cultivado com silvestre, o nível de polimorfismo foi muito baixo, provavelmente porque os dois genótipos pertenciam ao mesmo "pool" gênico (mesoamericano). Das 58 sondas e 100 "primers" avaliados, apenas 18 e oito apresentaram polimorfismo entre os progenitores, respectivamente. A regressão simples detectou associações entre seis sondas e cinco "primers" com as características estudadas.

**INSTITUTO NACIONAL DE TECNOLOGÍA AGROPECUARIA,
CENTRO REGIONAL SALTA-JUJUY, ESTACION EXPERIMENTAL
AGROPECUARIA SALTA**

**UNIVERSIDAD NACIONAL DE JUJUY, FACULTAD DE CIENCIAS
AGRARIAS**

**UNIVERSIDAD NACIONAL DE SALTA, FACULTAD DE CIENCIAS
NATURALES**

PRIMER TALLER INTERNACIONAL DE RECURSOS FITOGÉNETICOS DEL NOROESTE ARGENTINO

RESÚMENES

**SEDE: COMPLEJO UNIVERSITARIO GENERAL JOSÉ DE SAN
MARTÍN. UNIVERSIDAD NACIONAL DE SALTA.**

♣♣♣♣♣♣SALTA, ARGENTINA, 19 AL 23 DE MAYO DE 1997♣♣♣♣♣♣