

VARIABILIDADE, HERDABILIDADE E GANHO GENÉTICO EM TAXI-BRANCO (*Sclerolobium paniculatum* Vogel). João Tomé de Farias Neto-EMBRAPA-CPAF/AP e Alberto William Viana de Castro, EMBRAPA- CPATU.

O taxi-branco é uma espécie arbórea pertencente a família leguminosae, sendo os Estados do Pará e Amazonas as principais regiões de ocorrência. Graças a madeira de boa qualidade para produção de carvão e ao bom comportamento silvicultural verificado em amplas condições ecológicas da Região Amazônica, essa espécie vem tomando cada vez mais importância na região, já merecendo atenção em termos de melhoramento genético. As vinte e uma progênies de meio-irmãos foram avaliadas no Campo Experimental do Cerrado em Macapá, AP, em delineamento de blocos casualizados e dez repetições. Aos quatro anos de idade, os seguintes caracteres foram medidos: altura da planta, DAP (diâmetro a altura do peito) e biomassa. Foram estimados herdabilidade e ganhos genéticos. Os coeficientes de variação experimental oscilaram de 9,34% (altura) até 26,89% (biomassa), indicando boa precisão em se tratando de experimentos com espécies florestais. Foram constatadas diferenças significativas ao nível de 1% de probabilidade para todos os caracteres avaliados. As estimativas de herdabilidade ao nível de médias foram 85%, 74,8% e 74,5% para biomassa, DAP e altura, respectivamente, superiores aquelas estimadas a nível individual e de plantas dentro de famílias. Considerando-se um esquema seletivo empregando-se seleção de 30% entre e 20% dentro das famílias, obteve-se ganhos superiores dentro aos ganhos entre famílias com o caráter biomassa apresentando maior ganho (44,38%) seguido pelo caracteres de crescimento DAP (12,52%) e altura (9,03%). Com base nestes resultados, conclui-se que esta população possui alta variabilidade, evidenciando ser um conjunto geneticamente promissor para a prática da seleção.

Auxílio Financeiro: EMBRAPA

ANALYSES OF SELFING AND BACKCROSSING PROCEDURES FOR INTROGRESSION OF *PHASEOLUS ACUTIFOLIUS* GENOME INTO *P. VULGARIS*. Cristina de Fátima Machado and Luiz Ricardo Goulart Laboratório de Genética Molecular, Universidade Federal de Uberlândia, Campus Umuarama, Bloco 2E - Sala 24, 38.400-902, Uberlândia, MG.

Interspecific hybrid viability and regeneration of *P. vulgaris* and *P. acutifolius* crosses have not been successful, with few good examples of introgression of desired characters into common bean. There are major problems to overcome, such as fertilization barriers, endosperm and embryo abortion, inviable seeds, and hybrid sterility. Furthermore, embryo rescue is difficult to accomplish with very few successful regenerations. It was demonstrated by Machado & Goulart [Brazilian J. Genet. 19(3):208. 1996] that viable seeds can be produced without embryo rescue; however, it remains to uncover the effectiveness of selfing and backcrossing during introgression. Therefore, the objectives of this experiment were to advance generations by selfing and backcrossing hybrids from crosses between *P. vulgaris* and *P. acutifolius* without embryo rescue and to analyse the viability of seeds and plants during introgression into common bean. Introgression by selfing was analysed in seven different crosses while only two-cross derived populations by backcrossing were investigated. Results indicated that viability is genotype dependent of both progenitors. Viability also decreased during selfing, with only 13 viable plants from a total of 249 F₂ seeds. In the F₃ generation derived from Carioca 80SH x 0441 cross, only 18 viable plants were obtained from 508 seeds. The backcross method used for introgression was not so effective as expected. Although germinability of seeds was very high, whole plant regeneration was low, as indicated by the low regeneration average of plants (20%) in all generations during backcrossing of the population derived from the Carioca 80SH x 0441 cross. It was also demonstrated that regeneration problems of seeds and plants originated from selfing may be partially overcome by backcrossing the hybrids at least once.

Financial aid: FAPEMIG, CNPq.

ANÁLISE GENÉTICA E MAPEAMENTO DE CARACTERES IMPORTANTES PARA O MELHORAMENTO DO FEIJOEIRO (*PHASEOLUS VULGARIS* L.). Gismar S. Vieira; Luiz Ricardo Goulart e Siu Mui Tsai. Laboratório de Genética Molecular, Univ. Fed. de Uberlândia, Campus Umuarama, Bloco 2E - Sala 24, 38.400-902, Uberlândia, MG. ²CENA/USP - Lab. De Biol. Mol. Piracicaba, SP.

A aplicação de técnicas de Melhoramento Genético depende entre outras, de informações básicas da Genética. Estudos de ligação são importantes, na escolha da melhor metodologia a ser utilizada em um processo de seleção ou melhoramento. Com a finalidade de realizar uma análise genética e mapeamento de caracteres importantes para o melhoramento do feijoeiro procedeu-se esta investigação. A partir do cruzamento entre a cultivar AND 277 de origem Andina e Rosinha G2 de origem Mesoamericana, obteve-se as progênies F₁ e F₂ para estudos: a) agrônômicos, (gene de resistência à mancha angular - *A1s*), b) morfológicos, (hábito de crescimento, cor de semente, flor e vagem, escurecimento da coroa, peso, largura e comprimento da semente), c) bioquímicos, (faseolina, e *Spa* e *Spb*) e d) moleculares (marcadores de RAPD). Para peso, comprimento e largura, verificou uma alta herdabilidade, com 4,98, 2,89, e 1,46 genes, respectivamente. As demais informações genéticas foram mapeadas pelo programa "Software" Mapmaker 3b, e a estrutura do grupos foi montada de acordo com LOD score 3.0-0.3, o qual as dividiu em três grupos de ligações. O grupo I apresentou uma extensão mapeada de 95,9 cM incluindo duas marcas moleculares (RAPDs) ligados ao *A1s* e ao gene *C*, que determina coloração na semente. No grupo II mapeou-se 57,06 cM o que compreendeu um RAPD mais os genes *V*, que determina cor de flor mais o gene *Cor* que é responsável pela coloração escura na coroa. O grupo III ficou restrito às características bioquímicas estudadas, porém foi determinado uma distância de 1,7 cM entre *Spa* e *Spb* o que não havia sido relatado. O hábito de crescimento (*HC*) e demais locos, de acordo com o número de marcadores estudados, não correlacionaram com nenhuma característica estudada.

Suporte financeiro: FAPEMIG, CAPES.

CONSERVAÇÃO GENÉTICA DE LOURO-PARDO, *Cordia trichotoma*, EM PLANTIOS "EX SITU" L. de C. ETTORI, A. C. M. De F. SIQUEIRA, A. C. S. ZANATTO. Instituto Florestal, São Paulo - SP.

Com o objetivo de promover a conservação genética de *Cordia trichotoma*, louro-pardo, foi avaliada a diversidade genética de uma população proveniente da região de Bauru - SP, através de teste de progênies de matrizes de fecundação livre, implantado em Luiz Antonio - SP, sob delineamento estatístico blocos casualizados. Através de medições de altura e diâmetro à altura do peito (DAP), realizadas aos 2, 3, 6 e 7 anos do plantio, foram comparadas as médias de crescimento entre 22 progênies pelo teste F e teste de Tukey e estimados coeficiente de variação genética (CV_g), coeficiente de variação dentro de progênies (CV_d) e herdabilidade no sentido restrito (h²) dessas características. Os resultados do teste F para a característica altura não apresentaram diferenças significativas entre as progênies, em qualquer idade. Porém, na análise da característica DAP, as diferenças foram significativas a partir dos 6 anos de idade, o que pode indicar variação genética entre as progênies. Com efeito, os coeficientes de variação genética (CV_g) e de herdabilidade (h²) estimados para esta característica vêm aumentando com o passar dos anos, de 5,58% a 8,42% e, de 0,10 a 0,30, respectivamente, enquanto para a altura essas estimativas foram bastante inferiores. Assim como tem sido relatado para outras espécies florestais nativas, o coeficiente de variação dentro de progênies (CV_d), estimado para as duas características, foi superior ao coeficiente de variação genética (CV_g), demonstrando que a variação é maior entre indivíduos da mesma progênie. Com esses resultados, obtidos até a idade de 7 anos do plantio, a população estudada apresenta pouca diversidade genética. No entanto, outras avaliações devem ser realizadas para estimar os parâmetros genéticos em idades posteriores, visto que, em espécies nativas, ocorre muita variação das estimativas genéticas de características de crescimento com o decorrer da idade e estabelecimento das plantas no campo.

Auxílio Financeiro: CNPq