

Melhoramento do feijoeiro-comum para resistência ao Vírus do Mosaico Dourado utilizando seleção recorrente

Letícia Mirian Mendes¹, Luíce Gomes Bueno², Helton Santos Pereira³, Adriane Wendland^{3}, Thiago Lívio P. O. de Souza³, Luís Cláudio de Faria³, Leonardo Cunha Melo^{3**}*

O Vírus do Mosaico Dourado do Feijoeiro (VMDF) é uma doença limitante em muitas regiões produtoras, especialmente na safra da seca na região central do Brasil. O objetivo deste trabalho foi selecionar famílias de feijoeiro-comum com grãos pretos, para utilização como genitores e desenvolvimento de linhagens promissoras em programas de melhoramento para a resistência ao VMDF. A população base foi formada por cruzamentos cônicos entre oito genitores identificados como fonte de resistência ao VMDF: Pinto 114, A775, A429, IAPAR57, LM21360-0, Onix, RM35 e RGLC. Essa população foi submetida a um processo de avanço de gerações utilizando o método de seleção recorrente, até a obtenção das famílias C₂S_{1:2}, na qual se inicia este trabalho. Na safra da Seca de 2011 foram semeadas 347 famílias C₂S_{1:2} e realizada a avaliação foliar, considerando-se uma escala de notas de 1 (ausência de sintomas) a 9 (plantas próximas ao colapso ou mortas). Foram selecionadas 201 famílias mais tolerantes, para avanço de geração. Na safra das Águas-2011, essas famílias C₂S_{1:3} foram semeadas para nova avaliação, porém devido a baixa incidência da doença, tornou-se inviável a seleção das mais resistentes. Dessa forma, na safra da Seca-2012, realizou-se nova avaliação das 201 famílias C₂S_{1:3} e selecionou-se as 27 mais tolerantes ao VMDF, objetivando a recombinação para formação da população base do próximo ciclo (C₃) e também abertura de linhas para seleção de linhagens resistentes. A fim de reduzir o número de cruzamentos na formação da nova população base sem comprometer a manutenção da variabilidade genética, essas famílias serão avaliadas por meio de marcadores SSR. Essa avaliação visa determinar o nível de diversidade alélica e a estrutura genética da população base, por meio da quantificação da contribuição de cada genitor na constituição genética das famílias resistentes. Serão selecionadas as dez famílias mais divergentes e representativas dos genitores iniciais para recombinação e início de um novo ciclo de seleção recorrente (C₃S₀).

¹ Estudante de Graduação em Agronomia - Universidade Federal de Goiás, bolsista PIBIC na Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, leticiamendes@cnpaf.embrapa.br

² Doutora em Genética e Melhoramento de Plantas, co-orientadora, bolsista de Pós-Doutorado da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, luice@cnpaf.embrapa.br

³ Doutor em Genética e Melhoramento de Plantas/Fitopatologia, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, helton@cnpaf.embrapa.br, adrianew@cnpaf.embrapa.br, thiagosouza@cnpaf.embrapa.br, lcfaria@cnpaf.embrapa.br, **orientador, leonardo@cnpaf.embrapa.br