

POTENCIAL GENÉTICO DE UMA POPULAÇÃO DE SELEÇÃO RECORRENTE PARA PRODUTIVIDADE EM FEIJOEIRO-COMUM

Filipe Cavalcante Farias¹; Danilo Almeida Valente¹; Patrícia Guimarães Melo²;
Leonardo Cunha Melo³

¹Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas – EA/UFG (felipefarias@tutamail.com; danilo.almeida015@gmail.com). ²Escola de Agronomia/UFG – Setor Melhoramento de Plantas (pgsantos@gmail.com)

³EMBRAPA (leonardo.melo@embrapa.br).

A seleção recorrente tem algumas vantagens como a obtenção de ganhos genéticos contínuos em caracteres quantitativos e a manutenção e aquisição de variabilidade genética. Portanto, o estudo dos parâmetros genéticos e fenotípicos contribui para melhorar a eficiência da avaliação e a predição do potencial genético das populações de seleção recorrente. O objetivo desse trabalho foi avaliar o potencial genético das famílias obtidas em dois ciclos de seleção recorrente para a produtividade de grãos. Foram avaliadas as 20 melhores progênies do ciclo CI e as 19 melhores progênies do CII e três testemunhas (BRS Cometa, BRS pontal e BRS estilo) em 6 ambientes. Os tratamentos foram dispostos em blocos casualizados com três repetições, as parcelas foram compostas por duas linhas de 4 m, espaçadas de 0,5 m. Foram realizadas análises individuais e conjunta de variância e os graus de liberdade de tratamento foram desdobrados verificou-se em todos os ambientes testados que o coeficiente de variação experimental (CV%) foram satisfatórios variando de 12,31% a 23,71% que são considerados baixo a médio, o que demonstra boa precisão experimental. Houve diferenças entre os tratamentos em todos ambientes. A análise conjunta revelou efeito significativo para todas as fontes de variação testadas, inclusive interação genótipo x ambiente (GxA), que foi altamente significativo ($p \leq 0,01$), indicando que os genótipos apresentaram resposta diferenciada em relação às mudanças de ambiente. Com relação ao coeficiente de determinação genotípica, foi observada alta magnitude, 82% em média, indicando uma maior herdabilidade em relação a este caráter, sofrendo com uma menor influência ambiental. Foi possível identificar variabilidade genética entre as progênies dos dois ciclos, isso permite selecionar as melhores para posteriormente recombinar e ao mesmo tempo extrair linhagens superiores. Assim conclui-se que a população em estudo apresenta variabilidade suficiente para ser explorada, buscando aumentar a frequência dos alelos favoráveis gradativamente.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris*, interação GxA, variabilidade genética

Agradecimentos: CAPES, EMBRAPA e Escola de Agronomia - UFG