

## AVALIAÇÃO DA CAPACIDADE COMBINATÓRIA PARA NODULAÇÃO EM FEIJÃO.

Franco<sup>1</sup>, M.C.; Cassini<sup>1</sup>, S.T.A.; Oliveira<sup>2</sup>, V.R.; Cruz<sup>2</sup>, C.D.; Vieira<sup>2</sup>, C.; Tsai; S.M.

Decisões num programa de melhoramento genético requerem informações relacionadas com a quantidade e tipo de variação genética disponível, este último sendo função do modo de ação gênica envolvida. Métodos genético-estatísticos que empregam cruzamentos dialélicos podem ser usados para esse fim. O objetivo do presente trabalho foi avaliar a capacidade combinatória de acessos de feijão de diferentes origens em cruzamentos dialélicos, com vistas à seleção de genótipos para futuros programas de melhoramento na obtenção de plantas com uma capacidade de nodulação mais persistente e eficiente, em condições de campo. Foram utilizados cinco acessos de feijão, do Banco de Germoplasma da Universidade Federal de Viçosa (UFV), divergentes quanto à origem e nodulação: WAF 15, Mineiro Precoce e Batatinha (andinos), BAT 304 e Ouro (mesoamericanos). Obtiveram-se todos os 10 possíveis híbridos F<sub>1</sub> entre eles, sem recíprocos. Os 10 híbridos e os 5 parentais, totalizando 15 tratamentos, foram avaliados com um delineamento em blocos casualizados, com 4 repetições, sendo as parcelas experimentais constituídas de 3 plantas. O ensaio foi conduzido em câmara de crescimento, sendo utilizado como inoculante a estirpe de *Rhizobium tropici*, CIAT 899. As seguintes características foram avaliadas: número de nódulos por planta (NN), matéria seca de nódulos (MSN), peso médio de nódulos (PMN) e matéria fresca da planta (MFP). A decomposição dos efeitos de tratamento em efeitos da capacidade geral (CGC) e específica de combinação (CEC) foi feita segundo a metodologia de análise dialélica de GRIFFING (método 2), utilizando o programa computacional GENES, desenvolvido no Departamento de Biologia Geral da UFV.

A análise da capacidade de combinação indicou que a variância devido a C.G.C. foi significativa para todos os quatro caracteres. A magnitude da variância devido a C.G.C. foi maior do que a C.E.C. para todos os caracteres, evidenciando a importância dos efeitos gênicos aditivos para a expressão destes.

Estimativas dos efeitos da C.G.C. indicam que os acessos WAF 15 e Mineiro precoce, de origem andina, com C.G.C. no sentido de aumentar o número de nódulos, também, apresentaram C.G.C. no sentido de aumentar a MSN e MFP.

De acordo com as estimativas dos efeitos da C.E.C. destacaram-se os híbridos WAF x Ouro e Mineiro precoce x BAT 304 para as características NN, MSN e MFP e WAF 15 x BAT 304 para MSN, PMN e MFP. Para todas as combinações os progenitores são contrastantes quanto a origem e nodulação.

1. Dept. Microbiologia/UFV

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

[CAPES/CNPq]