

Predição de ganhos genéticos por índices de seleção em clones de batata-doce

André Dutra Silva Júnior^{1*}; Luan del Rey Silva de Melo¹; Breno Botiko¹; Jéssica Lino Gomes¹; Mariane Goncalves Copati¹; Carlos Nick Gomes¹

¹Universidade Federal de Viçosa – Departamento da Agronomia, CEP: 36570-900, Viçosa-MG, Brasil; andre.junior@ufv.br; luan.melo@ufv.br; breno.botiko@ufv.br; jessica.lino@ufv.br; mariane.goncalves@ufv.br; carlos.nick@ufv.br

*** Apresentador do trabalho no 57º CBO**

RESUMO

A crescente demanda por batata-doce impulsiona esforços para melhorar sua qualidade e produção. Nos estágios iniciais dos programas de melhoramento genético, é comum a avaliação de vários caracteres. Identificar clones mais promissores em uma ampla população de plantas é um desafio. Uma forma de seleção multicausal é através de índices que permitem ao melhorista selecionar as características desejáveis. Assim, objetivou-se avaliar a eficácia dos índices de seleção Multi-Trait Genotype-Ideotype Distance Index (MGIDI) e Índice da Soma de Postos (IMM) na obtenção de ganhos. Foram obtidos 966 clones através de policruzamento. Esses, avaliados em campo utilizando delineamento de blocos aumentados, com testemunhas: ‘Canadense’, ‘BRS Amélia’ e ‘BRS Cotinga’. Os caracteres avaliados foram: o número total de raízes (NTR), número de raízes comerciais (NRC), produção de raízes totais (PRT), produção de raízes comerciais (PRC), porcentagem de raízes comerciais (%RC), resistência a pragas de solo (RP), aparência de raízes (AR). Os dados foram submetidos aos índices de seleção MGIDI e IMM. Observou-se que o índice de seleção MGIDI obteve maiores ganhos de seleção para a maioria dos parâmetros, alcançando 123,85%, 120,71%, 36,95%, 39,98%, 73,75%, 63,12% e 13,03% para NRC, PRC, AR, RC, NTR, PRT e RP, respectivamente. Já o índice IMM, obteve ganho de 122,28%, 0,00%, 44,3%, 0,00%, 0,00%, 50,66% e 0,00% para NRC, PRC, AR, RC, NTR, PRT e RP, respectivamente. Os resultados demonstraram que o índice de seleção MGIDI é mais eficaz na obtenção de ganhos em diversas características.

PALAVRAS-CHAVE: meios-irmãos, melhoramento genético, raiz tuberosa.

AGRADECIMENTOS

Os autores agradecem o apoio financeiro das agências CAPES, CNPq e FAPEMIG, ao suporte da UFV e aos funcionários da Unidade de Ensino, Pesquisa e Extensão (UEPE “Horta Velha”) pelas contribuições prestadas nas atividades do campo.