

ESTIMAÇÃO DE PARAMETROS GENÉTICOS EM POPULAÇÃO SEXUAL DE *Panicum maximum*

Hugo Junqueira Ematne¹; José Airton Rodrigues Nunes²; Liana Jank³; Mateus Figueiredo Santos³

¹Doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas – UFLA/Lavras-MG/Brasil. - email: so_hugo85@yahoo.com.br; ²Professor Associado–Departamento de Biologia, Setor de Genética e Melhoramento de Plantas – UFLA/Lavras-MG/Brasil. ³Pesquisadores - Embrapa Gado de Corte– Campo Grande-MS/Brasil.

Panicum maximum Jacq. é uma importante forrageira tropical, sendo uma das mais produtivas do mercado brasileiro. Sua propagação é por sementes, oriundas de plantas apomíticas, entretanto plantas sexuais são encontradas na natureza, as quais viabilizam os cruzamentos para obtenção das populações segregantes, na proporção de 1:1 (apomítico:sexual). No melhoramento, as plantas sexuais são destinadas à formação das populações base e as apomíticas são avaliadas com foco no lançamento de cultivares. O objetivo deste trabalho foi estimar parâmetros genéticos e valores genotípicos de caracteres agrônômicos em uma população de plantas sexuais, que está sendo usada para iniciar um programa de seleção recorrente intra-populacional. Foram avaliadas 20 plantas sexuais e duas cultivares apomíticas (Mombaça e Tanzania), realizando-se quatro cortes (três das águas e um da seca) no ano de 2013. O Experimento foi conduzido em DBC, com duas repetições e parcelas de quatro plantas, na área experimental da Embrapa Gado de Corte, localizada em Campo Grande-MS. As características avaliadas foram: Matéria Verde Total (MVT); Matéria Seca Total (MST); Matéria Seca foliar Total (MSFT); Porcentagem de Folhas (PF) e Rebrotas Após os Cortes (RB). As análises estatísticas foram realizadas via abordagem de modelos mistos, com informação genealógica via matriz de parentesco, sendo considerada a análise conjunta dos quatro cortes. Para isto, utilizou-se o software ASReml v3.00. As estimativas de acurácia seletiva para as características MVT, MST e MSFT indicaram alta precisão experimental ($>0,7$), já para PF apresentou baixa precisão e intermediária para RB. As herdabilidades na média estimadas para as características MVT; MST; MSFT; PF e RB foram: $0,64 \pm 0,088$; $0,52 \pm 0,106$; $0,53 \pm 0,105$; $0,1 \pm 0,09$ e $0,35 \pm 0,114$ respectivamente. Ou seja, as herdabilidades estimadas para os caracteres MVT, MST e MSFT foram de média/alta magnitude, favorecendo a seleção e obtenção de futuros ganhos genéticos, já para as demais características, foram de baixa magnitude, dificultando a seleção. As maiores médias BLUPs obtidas para a característica MVT foram do genótipo B107 e das cultivares. Já para MST e MSFT foram dos genótipos A42, B107, B87 e cultivares, para PF os genótipos A47, C16, B87, BX4 e T4610 se destacaram e para RB os genótipos S16, A42 e C16. Conclui-se nestas análises preliminares que a população base não apresenta concordância na classificação dos genótipos entre as características, entretanto, o cruzamento intra-populacional pode permitir seleção de genótipos recombinantes que reúna fenótipos favoráveis para várias características.

Palavras-chave: *Panicum maximum*; Seleção Recorrente; Apomixia

Apoio Financeiro: CNPq; CAPES e FAPEMIG