

## Distribuição da variação genética entre e dentro de sub-populações de Brachiaria ruziziensis tetraploide e sua aplicação na seleção direcional

VENTURA, E. F. (1); SIMEÃO, R. M. (3) \*; RAGALZI, C. M. (2); VILELA, M. M. (3)

(1) Universidade Anhanguera - UNIDERP (2) Universidade Católica Dom Bosco (3) Embrapa Gado de Corte, Melhoramento de Forrageiras, Laboratório de Biotecnologia Vegetal \*Autor para correspondência:rosangela.simeao@embrapa.br

Progênies de meios-irmãos em uma população estruturada da gramínea forrageira Brachiaria ruziziensis Germain & Evrard (sin.: B. eminii, Urochloa ruziziensis) foram analisadas usando a metodologia de modelos mistos. Foram estimados parâmetros genéticos e fenotípicos e preditos os valores genéticos individuais e das subpopulações com a finalidade de subsidiar e aumentar a acurácia na seleção direcional. Foram avaliados os caracteres associados à produção de biomassa em plantas individuais de 59 progênies, num experimento delineado em blocos ao acaso com 20 repetições. As herdabilidades individuais no sentido restrito variaram de 0,13 a 0,38.As herdabilidades estimadas entre populações variaram de 0,03 a 0,10 para os caracteres associados à produção de biomassa. O coeficiente de endogamia entre populações (F<sub>ST</sub>) variou de 0,10 a 0,19 e o coeficiente de variação relativa (CVr) para as progênies variou de 0,37 a 0,60. Evidenciou-se uma correlação de ranking de alta magnitude e significativa entre a herdabilidade individual e o CVr. esse último relacionado com a evolvability, ou seja, a capacidade de resposta da população à seleção direcional para fins de melhoramento. Os valores de F<sub>ST</sub> obtidos para os quantitativos presentemente avaliados deverão ser comparados futuramente com aqueles obtidos para marcadores moleculares neutros na seleção natural e artificial, tais como microssatélites, para a realização de novas inferências sobre a divergência das sub-populações. Apesar dos méritos genéticos de populações não serem comumente considerados no melhoramento de forrageiras, os valores presentemente estimados demonstram que há distribuição da variação genética entre e dentro de populações em B. ruziziensis, nos caracteres de relevância para a produção forrageira. Essa variação nos dois níveis deve ser considerada visando o aumento dos ganhos com seleção.

Palavras-chave: BLUP, Fst, melhoramento de forrageiras, parâmetros genéticos, progênies.

Parceria/Apoio financeiro: CNPq, Unipasto e Embrapa.



Realização:



Patrocínio:













Promoção:



