ANÁLISE GENÉTICA DE *Panicum maximum* JACQ. EM REDE NACIONAL

Liana Jank[1], Rosangela Maria Simeão Resende[2], Judson Ferreira Valentim[3], Francisco Duarte Fernandes[4], Francisco José da Silva Lédo[5], Newton de Lucena Costa[6] e Cacilda Borges do Valle[7]

Resumo

Panicum maximum é uma ótima opção para engorda de animais por apresentar bom valor nutritivo e alta produtividade. Genótipos da espécie selecionados e gerados pelo melhoramento genético necessitam ser avaliados em experimentos multilocais para serem indicados para lançamento. Dezoito genótipos selecionados na Embrapa Gado de Corte e cinco testemunhas comerciais foram avaliados nos estados do AC, MS, RO, DF e RJ em delineamento em blocos completos com três repetições, e sob cortes. As variáveis matéria seca total, de folhas e de colmos e a porcentagem de folhas foram analisados a fim de predizer os valores genotípicos pelo Software Selegen REML/BLUP. As herdabilidades encontradas foram de alta magnitude, bem como a acurácia na seleção. A correlação genética entre os locais foi mediana, e a interação genótipo x ambiente foi significativa. Os genótipos mais produtivos foram indicados para cada local e média dos locais.

Introdução

A produção de carne e leite do Brasil está baseada, principalmente, no uso de pastagens, por constituírem alimento mais barato que as forragens processadas ou conservadas. Entretanto, os índices de produtividade alcançados são baixos, em virtude de diversos fatores, dentre eles a pouca disponibilidade de forrageiras de alto potencial de crescimento e qualidade nutricional sendo utilizadas. A intensificação dos sistemas de produção de carne e leite vem ocorrendo em ritmo acelerado nos últimos anos, exigindo para aumento da produtividade, além de animais de maior potencial genético, a utilização de forrageiras que combinem elevada capacidade de produção com alta qualidade. Forrageiras da espécie *P. maximum* Jacq. (=*Megathyrsus maximus*) constituem boa opção para animais de maior potencial genético, já que, em geral, apresentam bom valor nutritivo e alta produtividade.

A Embrapa Gado de Corte dispõe de uma coleção desta espécie, representativa da variabilidade natural, porém que ainda não foi totalmente explorada e, tampouco, os primeiros híbridos obtidos pelo melhoramento genético. Por este motivo, foi implantada a II Rede Nacional de Avaliação da espécie, coordenada pela Embrapa Gado de Corte, que objetivou avaliar e selecionar entre 23 genótipos da espécie em cinco estados brasileiros: Acre, Rondônia, Goiás, Mato Grosso do Sul e Rio de Janeiro (Jank et al., 2005). Da avaliação da I Rede Nacional da espécie, foram lançados comercialmente três cultivares, Tanzânia-1 (1990), Mombaça (1993) e Massai (2001), que hoje ocupam cerca de 20% das pastagens cultivada brasileiras (Jank *et al.*, 2008).

[1] Primeira Autora é Engenheira-Agrônoma, PhD, Pesquisadora da Embrapa Gado de Corte e bolsista de Produtividade em Desenvolvimento Tecnológico e Extensão Inovadora do CNPq, CxP. 154, Campo Grande, MS, CEP 79200-300. E-mail: liana@cnpgc.embrapa.br

[2] Segunda autora é Bióloga, Pesquisadora da Embrapa Gado de Corte, CxP. 154, Campo Grande, MS, CEP 79200-300. E-mail: rosangela@cnpgc.embrapa.br

[3] Terceiro Autor é Engenheiro-Agrônomo, PhD, Pesquisador da Embrapa Acre, CxP. 321, Rio Branco, AC CEP 69908-970, E-mail: judson@cpafac.embrapa.br

[4] Quarto autor é Engenehiro Agrônomo, MSc, Pesquisador da Embrapa Cerrados, CxP 08223, Brasilia, DF , CEP 73310-970, E-mail: duarte@cpac.embrapa.br

[5] Quinto autor é Engenheiro-Agrônomo, DSc, Pesquisador da Embrapa Gado de Leite, Rua Eugênio do Nascimento, 610, Juiz de Fora, MG, CEP 36038-330, E-mail: ledo@cnpgl.embrapa.br

[6] Sexto autor é Engenheiro-Agrônomo, DSc, Pesquisador da Embrapa Roraima, CxP. 133, Boa Vista, RR, CEP 69306-350, E-mail: newton@cpafrr.embrapa.br

[7] Sétima autora é Engenheira-Agrônoma, PhD, Pesquisadora da Embrapa Gado de Corte e bolsista de Produtividade em Pesquisa do CNPq, CxP. 154, Campo Grande, MS, CEP 79200-300. E-mail: cacilda@cnpgc.embrapa.br

SP 4326
P.144

Material e Metódos

Os experimentos em rede foram implantados em novembro de 2002 em cinco locais: Campo Grande, MS (Embrapa Gado de Corte), Rio Branco, AC (Embrapa Acre), Presidente Médici, RO (Embrapa Rondônia), Planaltina, DF (Embrapa Cerrados), Valença, RJ (Embrapa Gado de Leite). Os acessos (14) foram pré-selecionados na Embrapa Gado de Corte, e os híbridos (4) foram desenvolvidos e pré-selecionados também na Embrapa Gado de Corte. As testemunhas foram as cultivares Tanzânia-1, Mombaça e Massai lançadas pelo programa da Embrapa Gado de Corte e parceiros, a cultivar Milênio, também selecionada pelo programa e que será lançada comercialmente, e a cultivar Aruana, lançada pelo Instituto de Zootecnia de São Paulo.

Os experimentos foram implantados em novembro de 2002, em blocos ao acaso com três repetições, em parcelas de 6 linhas de 4 metros de comprimento. O espaçamento foi de 50 cm entrelinhas com 2 metros entre parcelas. Os solos dos experimentos foram: Campo Grande, Goiás e Rio de Janeiro - Latossolo vermelho; Rondônia – Podzólico vermelho amarelo; Acre - Argissolo vermelho amarelo. As adubações foram realizadas de acordo com as análises de solo.

A produção forrageira foi avaliada na parcela útil de 4 m^2, envolvendo as quatro linhas centrais e eliminando-se um metro de bordadura no final de cada linha. As parcelas foram uniformizadas em abril. As avaliações iniciaram-se com o corte da seca em outubro de 2003, e constaram de cortes da época das águas a cada 35 dias a uma altura de 20 cm do solo até abril do ano seguinte. Após cada corte, as plantas foram separadas em folhas, colmos e material morto, que foram secas em estufa a 65°C durante 72 horas. Foram calculadas a produção forrageira em termos de matéria seca total (MSTOTAL), foliar (MSF) e de colmos (MSC) e porcentagem de folhas (FO).

Os dados foram analisados empregando-se o Modelo 54 do software Selegen- REML/BLUP (RESENDE, 2002A), segundo o modelo linear misto (delineamento em blocos completos em vários locais e uma observação por parcela): $y = Xr + Zg + Wi + e$, em que y, r, g, i e e são vetores de dados: de efeitos fixos (combinações repetição- local), de efeitos genotípicos (aleatórios), de efeitos da interação genótipo x ambiente (aleatórios) e de erros aleatórios, respectivamente; X, Z e W: matrizes de incidência para b, g e i, respectivamente. Estimou-se a herdabilidade da média do genótipo (h^2mg) e a acurácia na seleção de genótipos (acgen), assumindo sobrevivência completa. Estimou-se também a correlação genotípica entre o desempenho nos vários locais (rgloc), o coeficiente de variação genotípica (CVg, %), o coeficiente de variação ambiental (Cve, %) e o coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x local (CDI). Foram preditos os valores genotípicos dos indivíduos avaliados.

Resultados e Discussão

A avaliação dos genótipos em cinco locais possibilitou a estimação de parâmetros genéticos e predição dos valores genotípicos para as variáveis de produção em *P. maximum*. As herdabilidades da média dos genótipos no sentido amplo foram de alta magnitude para todas as variáveis avaliadas (Tabela 1), tendo variado de 0,772 a 0,904. A herdabilidade desta magnitude (acima de 0,7) indica o grau de facilidade na seleção para as variáveis avaliadas nesta população, indicando que é possível identificar genótipos superiores com base apenas em seu fenótipo, em qualquer local. Os valores da acurácia seletiva também foram muito altos (acima de 0,878). Como os parâmetros acurácia seletiva e herdabilidade estão intimamente relacionados (RESENDE, 2002b), evidenciou-se uma elevada acurácia na seleção dos genótipos para essas variáveis.

As correlações genotípicas entre os valores obtidos nos diferentes locais foram de magnitude moderada para as variáveis avaliadas (0,472 a 0,580) e mais altas para a porcentagem de folhas (0,705) (Tabela 1). Para esta variável, a variação de seu desempenho entre os locais foi menor e a seleção de genótipos é possível de ser realizada em apenas um local. Para MSTOTAL, MSC e MSF a avaliação em vários locais é importante.

O coeficiente de variação genotípica mais alto foi apresentado pela variável MSC. Isso indica que entre os genótipos, a MSC apresentou a maior variação genética disponível para a realização do melhoramento, lembrando que a seleção para esta variável deve ser feita no sentido contrário, ou seja,

genótipos com os menores valores são preferíveis. Uma alta quantidade de colmos prejudica o pastejo pelos animais e causa irregularidade na pastagem, uma vez que as plantas com rápido crescimento de grande quantidade de colmos é rejeitada pelos animais. A menor variação genética foi encontrada para porcentagem de folhas.

O maior coeficiente de variação ambiental também foi encontrado para MSC, indicando que apesar de existir variação genética disponível para a seleção desta variável, o controle ambiental para sua avaliação deve ser melhorado. Para todas as variáveis, observou-se interação significativa entre genótipo e local, com base na análise de *deviance*.

A Tabela 2 apresenta o ordenamento dos genótipos pré-selecionados em cada local e em todos locais. Verifica-se que os genótipos selecionados, apresentaram ordenamento diferente em cada local. Na média dos locais, o genótipo mais produtivo foi o PM40, seguido do PM41, PM39, PM35 e PM32. O PM40 se destacou no Acre, Distrito Federal e no Rio de Janeiro. Em Mato Grosso do Sul e Rondônia, ele ficou em quarto e quinto lugares, respectivamente. O PM41 se destacou no Acre, Rio de Janeiro e Rondônia. O PM39 se destacou no Acre, Mato Grosso do Sul e Rio de Janeiro. O PM35 ficou em primeiro lugar e em terceiro no Distrito Federal. O PM32 se destacou no Acre e Distrito Federal. Das cultivares comerciais, a cv. Massai se destacou no Acre e no Rio de Janeiro. O lançamento desta cultivar foi estimulada pela Embrapa Acre, devido ao seu desempenho na I Rede Nacional de Avaliação da espécie, realizada a partir de 1988 (JANK et al., 1993).

Os resultados obtidos são importantes, uma vez que vários genótipos foram mais produtivos que as cultivares comerciais, mostrando o grande potencial do germoplasma da espécie, bem como dos híbridos obtidos a partir do cruzamento entre genótipos selecionados.

Conclusões

A seleção de genótipos mais produtivos que as cultivares comerciais é possível. As variáveis de produção são facilmente selecionadas.

A correlação genética entre os locais de avaliação apresenta magnitude moderada de forma que a estratégia de seleção deve ser com base nos melhores genótipos por local para fins de indicação de ensaios de pastejo.

Agradecimentos

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico – CNPq; Fundação de Apoio ao Desenvolvimento de Ensino, Ciência e Tecnologia do MS – FUNDECT; Associação para o Fomento a Pesquisa de Melhoramento de Forrageiras Tropicais – UNIPASTO pelo suporte financeiro ao programa de melhoramento genético de *Panicum maximum* da Embrapa Gado de Corte.

Referências

JANK, L. COSTA, J.C.G.; SAVIDAN, Y.H.; VALLE, C.B. New *Panicum maximum* cultivars for diverse ecosystems in Brazil. In: INTERNATIONAL GRASSLAND CONGRESS, Australia, 17.; 1993. Palmerston North. *Proceedings*... Palmerston North: New Zealand Grassland Association, 1993. p.509-511.

JANK, L; RESENDE, R. M. S.; CALIXTO, S.; GONTIJO NETO, M. M.; LAURA, V. A.; MACEDO, M. C. M.; VALLE, C. B. do. Preliminary performance of *Panicum maximum* accessions and hybrids in Brazil. In: INTERNATIONAL GRASSLAND CONGRESS. 20., 2005, Dublin. *Proceedings*... Dublin: Wageningen Academic Publishers, 2005. p. 109.

JANK, L.; RESENDE, R. M. S.; VALLE, C. B.; RESENDE, M. D. V.; CANÇADO, L. J.; SIMIONI, C. Melhoramento genético de *Panicum maximum.* In: RESENDE, R.M.S; VALLE, C. B. do; JANK, L.(Eds.) *Melhoramento de forrageiras tropicais.* Campo Grande: Embrapa Gado de Corte, 2008.p.55-97.

RESENDE, M.D.V. 2002a. Software SELEGEN – REML/BLUP. Colombo: Embrapa Florestas. Documentos, 77, 65 p.

RESENDE, M.D.V. 2002b. Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes. Embrapa Informação Tecnológica, Brasília, 975p.

Tabela 1. Parâmetros genéticos obtidos na avaliação de 23 genótipos de *Panicum maximum* em cinco locais: Acre, Rondônia, Goiás, Mato Grosso do Sul e Rio de Janeiro para variáveis de produção.

Parâmetro genético[1]	Matéria Seca Total (kg/ha)	Matéria Seca de Folhas (kg/ha)	Matéria seca de Colmos (kg/ha)	Porcentagem de Folhas %
h^2mg	0,772	0,822	0,848	0,904
Acgen	0,878	0,906	0,921	0,951
rgloc	0,472	0,563	0,580	0,705
CVg	10,487	12,027	29,036	4,227
CVe	10,832	11,565	21,085	2,446
CDI	0,351 **	0,287 **	0,321 **	0,239 **

h^2mg = herdabilidade da média do genótipo, assumindo sobrevivência completa; acgen = acurácia na seleção de genótipos, assumindo sobrevivência completa; rgloc = correlação genotípica entre o desempenho nos vários locais; CVg = coeficiente de variação genotípica; Cve = coeficiente de variação ambiental; CDI = coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x local. ** = significância a 1% pela análise de *deviance*.

Tabela 2. Seleção em *Panicum maximum* considerando o ordenamento com base no valor genotípico de cada genótipo para o caráter produção de matéria seca foliar (t/ha) em cada local da rede e em todos locais.

Acre		Distrito Federal		Mato Grosso do Sul		Rio de Janeiro		Rondônia		Todos Locais	
PM40	14,6	PM40	13,2	PM35	13,7	PM40	11,9	PM41	21,4	PM40	14,2
Mass	14,4	PM34	12,9	PM39	13,2	PM41	11,8	PM46	21,1	PM41	13,9
PM41	14,3	PM35	12,8	PM30	12,9	Mass	11,6	PM38	20,9	PM39	13,9
PM32	14,2	PM32	12,7	PM40	12,7	PM39	11,5	PM42	20,8	PM35	13,8
PM39	14,0	PM46	12,6	PM36	12,6	PM31	11,3	PM40	20,7	PM32	13,7
PM31	13,8	PM36	12,6	Momb	12,4	PM36	11,2	PM39	20,6	PM46	13,6
PM46	13,6	PM39	12,5	Mass	12,3	PM35	11,0	PM32	20,5	PM30	13,5
PM47	13,5	PM41	12,5	Mile	12,1	PM32	11,0	Momb	20,5	PM36	13,4
PM36	13,3	PM37	12,4	PM46	12,0	PM38	10,9	PM35	20,4	Mass	13,4
PM30	13,2	Mass	12,3	PM31	11,8	Mile	10,8	Tanz	20,3	Momb	13,3
Momb[1]	13,1	PM33	12,3	PM32	11,7	PM46	10,7	PM30	20,3	PM42	13,2
PM33	13,0	PM30	12,2	PM42	11,6	PM42	10,7	PM33	20,2	Tanz	13,2
PM42	12,9	PM31	12,2	PM41	11,5	PM30	10,6	Mile	20,0	Mile	13,1
Tanz	12,9	Mile	12,2	Tanz	11,4	PM34	10,5	PM36	19,9	PM33	13,1
PM35	12,8	PM47	12,1	PM47	11,3	Tanz	10,5	PM47	19,7	PM38	13,0
Mile	12,7	PM38	12,1	PM37	11,3	PM47	10,4	PM34	19,6	PM47	13,0
PM44	12,6	Tanz	12,1	PM33	11,2	PM45	10,3	PM44	19,4	PM34	12,9
PM37	12,5	PM42	12,0	PM45	11,1	Momb	10,3	PM37	19,2	PM31	12,9
PM34	12,5	PM44	12,0	PM44	11,0	PM37	10,2	PM45	19,1	PM37	12,8
PM45	12,4	Momb	11,9	PM34	11,0	PM33	10,2	Mass	18,9	PM44	12,8
PM38	12,3	PM45	11,9	PM38	10,9	PM43	10,1	PM43	18,7	PM45	12,7
PM43	12,1	PM43	11,8	PM43	10,7	PM44	10,0	PM31	18,5	PM43	12,6
Arua	11,8	Arua	11,6	Arua	10,5	Arua	9,8	Arua	18,1	Arua	12,4

[1] Momb = cv. Mombaça; Mass= cv. Massai; Mile= cv. Milênio; Tanz= cv. Tanzânia; Arua= cv. Aruana.

ANAIS do 5º Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas

5º CBMP

10 a 13 de agosto de 2009

SESC - GUARAPARI-ES

O melhoramento e os novos cenários da agricultura.

Documentos nº 011
ISSN 1518-4854