

Seleção de genótipos de *Panicum maximum* visando resistência à *Bipolaris maydis* e *Pratylenchus brachyurus*

Primeiro autor: Haroldo Antunes Chagas

Demais autores: Chagas, H. A.^{1*}; Fernandes, C. D.²; Verzignassi, J. R.²; Mallmann, G.¹; Queiróz, C. A.³; Muller, J. A. I.⁴; Conti, B. P.⁵; Batista, M. V.⁶; Quetez, F. A.⁷

Resumo

Apesar da sua importância socioeconômica, as pastagens não têm sido valorizadas e estão sob grande pressão antrópica, devido à expansão da agricultura e ao manejo inadequado. Além disso, as mudanças climáticas, com interferências no ciclo de chuvas e severidade de eventos extremos, de veranicos e de geadas, como também as doenças podem afetar a qualidade da matéria seca produzida, a produtividade e qualidade das pastagens. Relatos recentes de produtores revelam o aumento preocupante da incidência do fungo *Bipolaris maydis* e do fitonematoide *Pratylenchus* spp. em *Panicum maximum*, que interferem negativamente na produtividade dessa forrageira. A dificuldade de pulverização das áreas de pastagens com fungicidas e o conhecimento sobre o(s) gene(s) envolvido(s) na resposta à infecção por esses patógenos reveste-se de extremo interesse para os programas de melhoramento genético de *P. maximum*, visando à obtenção de cultivares resistentes que garantam a manutenção e a sustentabilidade da bovinocultura brasileira. O objetivo no presente trabalho é identificar fontes de resistência de genótipos de *P. maximum* à *B. maydis* e *P. brachyurus*, bem como genes envolvidos

(1) Bolsista DCR Fundect/CNPq, haroldo.antunes@yahoo.com.br. (2) Pesquisador(a) Embrapa Gado de Corte. (3) Doutoranda da Universidade Federal do Mato Grosso do Sul - UFMS. (4) Bolsista Pibic/CNPq. (5) Bolsista DTI-C/CNPq. (6) Técnico A da Embrapa Gado de Corte. (7) Bolsista PIBIC da Universidade Anhanguera-Uniderp. * Autor correspondente.

em processos de resistência. Para isso, a metodologia utilizada consistirá na obtenção e produção de isolados de organismos para estudos de resistência genética em genótipos de *P. maximum*; avaliação de genótipos de *P. maximum* à *B. maydis*; identificação de genótipos de *P. maximum* resistentes à *P. brachyurus*; avaliação de danos causados por *B. maydis* na quantidade e qualidade de matéria seca produzida por espécies de *P. maximum*; biblioteca de sequências diferencialmente expressas de *P. maximum* em resposta à infecção pelo fungo *B. maydis*. Após a realização deste trabalho espera-se selecionar genótipos de *P. maximum* com diferentes graus de resistência à *B. maydis* e *P. brachyurus*, consideradas limitantes para a produtividade e qualidade da forrageira.

Parceria / Apoio financeiro

Embrapa, UFMS, Universidade Anhanguera Uniderp, CNPq, Fundect, Unipasto e Fundapam.