



Avaliação Genética e Seleção de Genótipos de *Paspalum sp*

Ana Cristina Gonçalves Ceolin¹, Graziela C. Carpejane², Beatriz Lempp³, José Oscar Novelino⁴
Luiz Alberto Rocha Batista⁵

¹Doutoranda do Programa de Pós-graduação em Agronomia – Universidade Federal da Grande Dourados –UFGD. Rod. Dourados Itahum s/n , Cx. Postal 533 CEP 79804-970 - Bolsista da CAPES. e-mail: acgceolin@yahoo.com.br

²Mestranda do Programa de Pós-graduação em Agronomia – UFGD. Bolsista da CAPES. e-mail: grazielacaceres@hotmail.com

³Professora Titular do Departamento de Ciências Agrárias, Universidade Federal da Grande Dourados-UFGD, Rod. Dourados Itahum s/n , Cx. Postal 533 CEP 79804-970 -Dourados, MS. E-mail: blempp@ceud.ufgd.br

⁴Professor Titular do Departamento de Ciências Agrárias, Universidade Federal da Grande Dourados-UFGD, Rod. Dourados Itahum s/n , Cx. Postal 533 CEP 79804-970 - Dourados, MS. E-mail: jnovel@ceud.ufgd.br

⁵Pesquisador do Centro de Pesquisa de Pecuária do Sudeste - CPPSE/EMBRAPA, Rodovia Washington Luiz km 234, Caixa Postal 339, CEP 13560-970, São Carlos-SP. E-mail: ibatista@cppse.embrapa.br

Resumo: Foram avaliados oito genótipos de *Paspalum*, em experimento instalado em vasos em casa de vegetação, com quatro repetições, com a finalidade de selecionar aqueles geneticamente superiores, através de parâmetros genéticos, avaliados em quatro cortes, com intervalo de 35 dias. Características de lâminas foliares e produtividade foram avaliadas e os dados analisados em uma análise conjunta dos quatro cortes, na qual estimou-se os parâmetros herdabilidade e repetibilidade individual, correlação genética através das colheitas, efeitos genotípicos, herdabilidade da média de genótipos e a acurácia na seleção de genótipos. Utilizando a metodologia dos modelos mistos (Reml/Blup), obtiveram-se os valores genotípicos para a média dos cortes e também os valores genotípicos em cada corte, porém usando os dados de todos os cortes simultaneamente. Foi possível selecionar os melhores genótipos quanto à característica área foliar específica (AFE) e produção de matéria seca total (PMST) considerando os valores genéticos estimados em cada corte e na avaliação conjunta dos cortes. Sendo assim, os cinco melhores genótipos para AFE foram P0030, P0191, P0114, P0065 e o P0127, e para PMST, os cinco melhores foram P116, P96, P65, P14 e o P30, em ordem decrescente.

Palavras-chave: gramínea forrageira, modelos mistos, parâmetros genéticos, variabilidade genética

Genetic evaluation and selection of Genotypes of *Paspalum sp*

Abstract: Eight genotypes of *Paspalum* were evaluated in an experiment installed in vases in a vegetation house with four replications, aiming to select the ones genetically superior, based on genetic parameters, evaluated in four cuts, with the interval of 35 days. Characteristics of leaf strips and productivity were evaluated and the data analyzed in a joint analysis of the four cuts, in which the parameters of coinheritance and individual repeatability, genetic correlation through harvests, genotypic effects, and coinheritance of the genotypes average and the accurate selection of genotypes were esteemed. Using the methodology of mixing models (Reml/Blup), the genotypic values for the average of the cuts and also the genotypic values for each cut were gotten, however using the data of all the cuts simultaneously. It was possible to select the best genotypes according to the specific leaf area characteristic (AFE) and production of total dry substance (PMST) considering the genetic values esteemed in each cut and the joint evaluation of the cuts. Thus, the five best genotypes for AFE were P0030, P0191, P0114, P0065 and P0127, and for PMST the five best ones were P116, P96, P65, P14 and P30, in a decreasing sequence.

Keywords: grassy forage, mixing models, genetic parameters, genetic variability

Introdução

A pecuária brasileira, atualmente, é sustentada por um número restrito de espécies forrageiras, limitando a capacidade de elevação dos níveis de produtividade. No Brasil, a atividade com gramíneas vem sendo executada na forma de coletas e intercâmbios de germoplasma exótico, principalmente do continente africano, de onde foram introduzidas espécies dos gêneros *Panicum*, *Andropogon*, *Brachiaria* e outras, em detrimento dos gêneros e espécies nativas da própria região, como o gênero *Paspalum*. A importância das espécies de *Paspalum* como pastagem cultivada vem sendo evidenciada por vários autores, os quais, na sua maioria, se referem à grande variabilidade inter e intraespecífica, o que sugere ser a América do Sul o centro de origem e diversificação genética das espécies deste gênero (BATISTA e GODOY, 1997). Em função das peculiaridades agrônomicas do *Paspalum* e suas conseqüências, como a redução na taxa de sobrevivência dos experimentos durante sua vida útil, fato que tende a gerar dados desbalanceados e o uso de avaliações repetidas em cada indivíduo ao longo do tempo, tem-se a

necessidade do uso de métodos especiais de estimação de parâmetros genéticos e na predição dos valores genéticos aditivos e genotípicos. Neste estudo utilizaram-se características morfológicas e de produtividade de lâminas foliares de genótipos de *Paspalum*, analisadas com métodos ótimos de estimação de parâmetros genéticos e de predição de valores genéticos, o REML/BLUP, para estimar os componentes da variância por máxima verossimilhança restrita (REML) e prever os valores genéticos pela melhor predição linear não viciada (BLUP) (RESENDE, 2002a), que é um procedimento analítico padrão recomendado para os estudos em genética quantitativa e também para a prática da seleção em plantas perenes. Conforme o exposto o objetivo deste estudo foi selecionar os melhores genótipos, utilizando parâmetros genéticos estimados e valores genéticos preditos em oito genótipos de *Paspalum*.

Material e Métodos

O experimento foi realizado com sementes de oito genótipos de seis espécies de *Paspalum sp* (*P. malacophyllum*, *P. guenoarum*, *P. glaucescens*, *Paspalum sp*, *P. regnelli* e *P. atratum*) fornecidas pelo Centro de Pesquisa de Pecuária do Sudeste, CPPSE/EMBRAPA - São Carlos (SP). O experimento foi instalado em casa de vegetação no Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal da Grande Dourados (UFGD), Campus II localizada no município de Dourados-MS. Adotou-se o delineamento experimental em blocos ao acaso com oito tratamentos, quatro repetições e três plantas por parcela, e cada vaso foi considerado uma unidade experimental. Após o corte de uniformização foram realizadas quatro colheitas com intervalos de 35 dias. Avaliou-se, em todos os cortes, cinco lâminas foliares das últimas folhas recém expandidas onde foram medidos: comprimento, largura, peso verde, peso seco e área foliar. A partir destas variáveis foram calculadas: Área foliar específica (AFE= Área / Peso seco); Densidade linear (DL= Peso verde/comprimento) e Densidade por área (DA= Peso verde/área). Características de produtividade foram medidas na parcela inteira, onde se obteve o peso verde total e realizou-se a separação botânica (folha, colmo e material morto). Com estes componentes secos e pesados, calculou-se % de folha (%F), produção de matéria seca foliar (PMSF), % de matéria seca total (%MST) e produção de matéria seca total (PMST) de cada parcela.

Tomando-se os dados de todas as colheitas, a análise conjunta das colheitas foi realizada segundo o modelo 55 do Software Selegen-Reml/Blup (RESENDE, 2002b). Este modelo é apropriado para delineamento em blocos completos com Estabilidade e adaptabilidade temporal – Método MHPRVG, para um local e várias colheitas, com o seguinte modelo estatístico: $y = \mathbf{Xm} + \mathbf{Zg} + \mathbf{Wp} + \mathbf{Ti} + \mathbf{e}$, em que y é o vetor de dados, m é o vetor dos efeitos das combinações medição-repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), p é vetor dos efeitos de ambiente permanente (parcelas no caso) (aleatórios), i é o vetor dos efeitos da interação genótipos x medições e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos. O referido modelo gera os componentes de variância (REML Individual), componentes de Média (BLUP Individual) e a partir destes, fornece a seleção de genótipos por safra e para todas as safras, bem como a estabilidade de valores genéticos e (MHGV), a adaptabilidade de valores genético (PRVG) e a estabilidade e adaptabilidade de valores genéticos (MHPRVG).

Resultados e Discussão

Tomando-se os dados de todas as colheitas, a análise conjunta de colheitas foi realizada segundo o modelo 55 do Software Selegen-Reml / Blup (RESENDE, 2002b) e os principais resultados estão na tabela 1. A herdabilidade de parcelas individuais variou de baixa a alta magnitude, com valores de 0,6% para DL à 94% para a característica largura foliar (Tabela1), o que determina um controle genético alto para os caracteres que apresentaram os maiores valores para herdabilidade. Devido à acurácia seletiva ser altamente relacionada com herdabilidade (RESENDE, 2002a), observou-se valores altos para a acurácia (> 91 %) na seleção de genótipos para caracteres com alta herdabilidade (> 50%), como largura de folha e AFE. A repetibilidade individual variou de alta (99 %) à baixa (6%) magnitude e informa que para cada característica, o número de cortes necessários para maximizar a seleção é diferente. A correlação genética através das colheitas variou de alta (99 %) na característica Largura à muito baixa (0,8%) para a característica DL. Os efeitos genotípicos e os efeitos da interação com colheitas explicaram entre 1 a 72 % das variações total de colheitas de parcelas individuais. Esta interação é problemática para o melhorista, visto que a correlação do desempenho através das colheitas foi de baixa à moderada magnitude para a maioria das características, com coincidência de aproximadamente 40 % dentre os melhores em todos os cortes. A magnitude dessa correlação indica também que o caráter não é o mesmo de uma colheita para outra. A herdabilidade da média de genótipos através das quatro colheitas e dos quatro blocos é dada por h^2_{mg} . A raiz quadrada destes valores indica a acurácia na seleção de genótipos, a qual equivalerá ao intervalo de 99 % a 17 %.

Tabela 1-Estimativas de Parâmetros genéticos para 10 características, avaliadas em oito acessos de *Paspalum sp.*, em análise conjunta de todas as colheitas

Carac.	h2g	r	rgmed	c2gm	h2mg	Acur.	Média
Largura	0,94	0,95	0,99	0,0057	0,99	0,99	1,33
Comp.	0,22	0,67	0,48	0,2403	0,63	0,79	24,75
Área	0,41	0,75	0,57	0,3036	0,80	0,89	91,37
AFE	0,51	0,54	0,99	0,0035	0,93	0,96	194,93
DL	0,006	0,75	0,008	0,7261	0,03	0,17	0,208
DA	0,44	0,55	0,94	0,0257	0,94	0,96	0,0055
% Fol.	0,15	0,47	0,45	0,1883	0,58	0,76	0,6773
PMSF	0,21	0,44	0,58	0,1480	0,69	0,83	21,72
%MS	0,03	0,06	0,5	0,0302	0,31	0,55	0,4960
PMST	0,11	0,13	0,91	0,0104	0,66	0,81	12,82

h2g- herdabilidade individual, **r** - repetibilidade de parcelas individuais, **rgmed** -correlação genotípica através das colheitas, **c2gm** - efeitos genotípicos, **h2mg** -herdabilidade da média de genótipos, **acur.**-acurácia na seleção de genótipos e a **média**. **Largura**- largura foliar, **comp**-comprimento foliar, **área**- área foliar, **AFE** – área foliar específica, **DL** – densidade linear, **DA** – densidade por área, **% Fo l**- % folhar, **PMSF** - prod. matéria seca folhar, **%MS** - % matéria seca, **PMST**-prod matéria seca total.

Para as características com magnitude de acurácia superior a 70%, é considerada uma boa precisão, embora para testes de VCU a acurácia desejada deva ser entorno de 90% ou mais (RESENDE, 2002a). Este modelo 55 também fornece os valores genotípicos para a média das colheitas (não apresentada) e os valores genotípicos em cada corte, porém usando os dados de todas as colheitas simultaneamente. Conforme o exposto ordenou-se os genótipos em função dos valores genotípicos baseados em duas características, uma de lâmina foliar (AFE) e outra de produtividade (PMSF). Utilizaram-se estas características por estarem altamente correlacionadas com qualidade da forragem, e também porque neste grupo de genótipos estudados, foram as características que obtiveram as melhores herdabilidades e repetibilidade entre as colheitas e, conseqüentemente, melhor acurácia na seleção de genótipos. Sendo assim, os cinco melhores genótipos quanto a AFE em ordem decrescente, foram os genótipos P0030, P0191, P0114, P0065 e o P0127 em todas as colheitas individuais e na análise conjunta. Quanto a PMST os cinco melhores foram, em ordem decrescente, os genótipos P116, P96, P65, P14 e o P30. Não houve coincidência dos melhores genótipos para as duas características consideradas, porém dois genótipos (P0030 e P0065) ficaram entre os cinco melhores para AFE e PMSF, e que, portanto são candidatos a seleção. Também foram verificadas neste estudo a estabilidade e a adaptabilidade dos genótipos quanto à característica AFE (não apresentados) dos oito genótipos nos quatro cortes realizados, evidenciando diferença entre a capacidade de adaptação e estabilidade de produção de cada genótipo, após vários cortes, em um mesmo ambiente. Os genótipos que se destacaram quanto a estabilidade e adaptabilidade foram P0030 e P0191, e os piores foram P0096 e P0116.

Conclusões

Neste estudo foi possível selecionar os melhores genótipos de *Paspalum sp* para as características AFE e PMST em função dos valores genéticos estimados e preditos, com alta acurácia seletiva representando ganhos com a seleção. Para uma seleção mais focada, sugere-se incluir, em um próximo estudo, características de qualidade de forragem por serem estas de alta relevância no consumo sob pastejo.

Literatura citada

- BATISTA, L.A.R., GODOY, R. Variabilidade intraespecífica em *Paspalum notatum* Fluegge. In: CONGRESSO NACIONAL DE GENÉTICA, 43, 1997, Goiânia. **Anais**. Ribeirão Preto: SBG, 1997, p.323
- RESENDE, M. D. V. de. **Genética Biométrica e Estatística no Melhoramento de Plantas Perenes**. Brasília, DF:Embrapa Informação Tecnológica, 2002a. 975p.
- RESENDE, M.D.V. **Software Selegen-REML/BLUP**. Curitiba: Embrapa Florestas, 2002b. 67p (Documentos 77).