



XXXV SALÃO de INICIAÇÃO CIENTÍFICA

6 a 10 de novembro

Evento	Salão UFRGS 2023: SIC - XXXV SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2023
Local	Campus Centro - UFRGS
Título	Mapeamento de associação genômica para desvendar o controle genético da debulha, dormência e a velocidade de germinação de sementes de <i>Paspalum notatum</i>
Autor	WELITON MENEZES DOS SANTOS
Orientador	ANDRÉ PICH BRUNES

O *Paspalum notatum* é uma gramínea perene de clima estival, nativa dos campos sulinos. Devido as suas características morfofisiológicas, apresenta um elevado potencial forrageiro e para recuperação de áreas degradadas. No entanto, características relacionadas a produção de sementes limitam seu emprego em escala comercial, tais como elevadas perdas por debulha, elevado percentual de dormência e germinação lenta e desuniforme. Desse modo, o objetivo da presente pesquisa foi realizar um estudo por mapeamento genético associativo para identificação de marcadores moleculares relacionados a debulha, dormência e vigor inicial de sementes. A etapa inicial deste trabalho consistiu na caracterização fenotípica da retenção de sementes em uma coleção de 222 ecótipos de *P. notatum* oriundos de diferentes regiões do continente americano. O estudo foi realizado em casa de vegetação, em lattice com blocos aumentados e três repetições. As avaliações da retenção de sementes foram realizadas em todas as inflorescências, aos 14, 21 e 28 dias após antese, em três sementes da região central do racemo, através da determinação quantitativa da Resistência à Tensão de Ruptura, determinada por meio de um medidor de força digital, Modelo FGV-Digital Force Gauge – DART 2.0, SHIMPO. O teste de razão de verossimilhança apresentou efeitos genotípicos significativos em duas épocas (14 e 28 dias), apontando variância genotípica essencial para seleção. Os valores obtidos para herdabilidade individual clonal variaram de 0,20 a 0,36 e entre 0,41 e 0,62 para herdabilidade média de clone. Os resultados foram satisfatórios para acurácia seletiva (0,79 e 0,66 para as avaliações aos 14 e 21 dias após antese, respectivamente), refletindo correlação entre os valores genotípicos clonais verdadeiros e os preditos. A variação genética foi de 19,03 a 22,45%, mostrando variabilidade na população. Com base nesses parâmetros genéticos, a seleção teria mais sucesso na 1ª época, aumentando chance de obter marcadores para seleção assistida na debulha.