



PORCENTAGEM DE COLMOS EM HÍBRIDOS DE *Panicum maximum* AVALIADOS NO BIOMA AMAZÔNICO

Paulo Márcio Beber¹; Daniela Popim Miqueloni²; Giselle Mariano Lessa de Assis³

¹Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Embrapa Acre, Rio Branco/Acre, paulobeber@yahoo.com.br

²Universidade Federal do Acre, Rio Branco/Acre

³Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Embrapa Acre, Rio Branco/Acre

RESUMO: No melhoramento genético de *Panicum maximum* para formação de pastagens, busca-se genótipos com baixa porcentagem de colmos devido sua menor qualidade nutricional em relação às folhas. Objetivou-se com este trabalho identificar híbridos de *Panicum maximum* com menor porcentagem de colmos. Foram avaliados 20 híbridos e as cultivares Mombaça e Tanzânia, em delineamento de blocos ao acaso com quatro repetições, na Embrapa Acre, sendo realizados 16 cortes entre 2013 e 2015. A porcentagem de colmos, composta pelos componentes colmo e bainha, em relação à matéria seca total, foi obtida pela separação dos componentes morfológicos, que, posteriormente, foram secos em estufa de circulação forçada de ar. Os dados foram analisados pela metodologia de modelos mistos REML/BLUP, utilizando-se modelo de repetibilidade. Houve variabilidade entre os genótipos ($p < 0,01$) que apresentaram média genotípica de 12,6%, mínimo de 6,9% e máximo de 20,3% de colmos. A herdabilidade individual foi moderada (0,20) e a acurácia de seleção foi muito alta (0,93), indicando boa qualidade experimental. As cultivares Tanzânia e Mombaça apresentaram valores genotípicos de 13,8% e 14,2%, respectivamente, ocupando os 16º e 17º lugares no ranqueamento. Os híbridos com menor porcentagem de colmos possuem, conseqüentemente, maior porcentagem de folhas, o que lhes confere potencialmente melhor qualidade de forragem. Há possibilidade de ganhos na seleção de híbridos de *P. maximum* para a característica porcentagem de colmos, devido à existência de variabilidade genética e grande número de híbridos de desempenho superior às testemunhas.

PALAVRAS-CHAVE: Melhoramento de forrageiras, Seleção, Valores genotípicos

AGRADECIMENTOS: CNPq, CAPES, FAPAC e UNIPASTO