

AVALIAÇÃO AGRONÔMICA E SELEÇÃO DE ACESSOS DA LEGUMINOSA FORRAGEIRA *Stylosanthes guianensis* EM MATO GROSSO DO SUL

Matida, E. T. (1); Resende, R. M. S. (2); Chiari, L. (3). Lazarotto, E. (4). (1) Bolsista de Apoio Técnico CNPq-Fundect, liaetm@pop.com.br. (2) Pesquisadora, Embrapa Gado de Corte. (3) Bolsista DCR-CNPq. (4) Bolsista de Iniciação Científica CNPq-Fundect.

A utilização da leguminosa forrageira *Stylosanthes guianensis* atende à demanda de espécies adaptadas às condições de solos de baixa fertilidade e com estação seca bem definida nos Cerrados e promove ganho significativo de peso em animais, quando em cultivo consorciado com gramíneas. Desta forma, o melhoramento genético dessa leguminosa é altamente relevante. Notrabalho a ser desenvolvido tem-se como objetivos: a) estimar parâmetros genéticos e fenotípicos para caracteres agronômicos avaliados em 35 acessos da coleção nuclear de *S. guianensis*; b) estimar a distância genética entre os mesmos acessos com base em caracteres morfológicos; c) caracterizar os acessos quanto ao padrão fenológico do florescimento e, d) estabelecer um programa de melhoramento para obtenção de cultivares melhorados dessa espécie. Serão estudados 35 acessos de *S. guianensis* em delineamento de blocos ao acaso, com quatro repetições e parcelas lineares de quatro metros, espaçadas em um metro. Caracteres morfológicos e agronômicos serão avaliados ao longo de dois anos em todos os acessos. Considerando a importância da precocidade na produção de sementes, e a produtividade de sementes nessa espécie, será avaliado o comportamento fenológico com base em contagens de número de inflorescências por plantas e número de sementes por inflorescência, bem como a distribuição do período do florescimento. Métodos preditivos da heterose serão adotados com base em diferenças morfológicas, agronômicas e moleculares. Será utilizada como medida de dissimilaridade a distância de Mahalanobis, método de agrupamento de Tocher e gráfico de dispersão pela técnica de Variáveis Canônicas para reconhecimento de grupos homogêneos e heterogêneos. As análises serão realizadas empregando-se o Programa Genes. Os resultados obtidos através deste trabalho serão de grande importância para programas de melhoramento genético desta espécie. (Projeto financiado pela Embrapa, UNIPASTO, FUNDECT e CNPq).