

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA - UNESP
CÂMPUS DE JABOTICABAL**

**DESEMPENHO DE HÍBRIDOS INTRAESPECÍFICOS DE
Brachiaria decumbens DESENVOLVIDOS POR SELEÇÃO
RECORRENTE RECÍPROCA**

**Filipe Inácio Matias
Engenheiro Agrônomo**

2015

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA - UNESP
CÂMPUS DE JABOTICABAL**

**DESEMPENHO DE HÍBRIDOS INTRAESPECÍFICOS DE
Brachiaria decumbens DESENVOLVIDOS POR SELEÇÃO
RECORRENTE RECÍPROCA**

Filipe Inácio Matias

Orientador: Prof. Dr. Gustavo Vitti Môro

Coorientador: Dr. Sanzio Carvalho Lima Barrios

Dissertação apresentada à Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – Unesp, Câmpus de Jaboticabal, como parte das exigências para a obtenção do título de Mestre em Agronomia (Genética e Melhoramento de Plantas)

2015

Matias, Filipe Inácio
M433d Desempenho de híbridos interespecíficos de *Brachiaria decumbens* desenvolvidos por seleção recorrente recíproca / Filipe Inácio Matias. – – Jaboticabal, 2015
xii, 60 p. : il. ; 29 cm

Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, 2015
Orientador: Gustavo Vitti Mõro
Coorientador: Sanzio Carvalho Lima Barrios
Banca examinadora: Cacilda Borges do Valle, Ricardo Andrade Reis
Bibliografia

1. *Urochloa decumbens*. 2. Melhoramento de Forrageiras. 3. Parametros Genéticos. 4. Correlações Genéticas. 5. Índice de Seleção. I. Título. II. Jaboticabal-Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias.

CDU 631.52:633.2

Ficha catalográfica elaborada pela Seção Técnica de Aquisição e Tratamento da Informação – Serviço Técnico de Biblioteca e Documentação - UNESP, Câmpus de Jaboticabal.



UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA

CAMPUS DE JABOTICABAL

FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS DE JABOTICABAL

CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

TÍTULO: DESEMPENHO DE HÍBRIDOS INTRAESPECÍFICOS DE *Brachiaria decumbens*
DESENVOLVIDOS POR SELEÇÃO RECORRENTE RECÍPROCA

AUTOR: FILIPE INÁCIO MATIAS

ORIENTADOR: Prof. Dr. GUSTAVO VITTI MÓRO

CO-ORIENTADOR: Prof. Dr. SANZIO CARVALHO LIMA BARRIOS

Aprovado como parte das exigências para obtenção do Título de MESTRE EM AGRONOMIA
(GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS), pela Comissão Examinadora:

Prof. Dr. SANZIO CARVALHO LIMA BARRIOS
Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária / Campo Grande/MS

Prof. Dr. RICARDO ANDRADE REIS
Departamento de Zootecnia / Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias de Jaboticabal

Profa. Dra. CACILDA BORGES DO VALLE
Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária / Campo Grande/MS

Data da realização: 19 de janeiro de 2015.

DADOS CURRICULARES DO AUTOR

FILIFE INÁCIO MATIAS, nascido em 23 de Dezembro de 1990 em Brasília – DF, filho de Maurilio Matias e Eleuzabeti Inácio Matias. É Engenheiro Agrônomo graduado pela Universidade Federal de Uberlândia (UFU), Câmpus de Uberlândia, com ingresso em Agosto de 2008 e término em Junho de 2013. Em Agosto de 2013 ingressou no Programa de Pós-graduação em Agronomia (Genética e Melhoramento de Plantas), nível mestrado, área de concentração em Melhoramento de Forrageiras Tropicais pela Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias (FCAV) da Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” – Unesp, Câmpus de Jaboticabal.

“Não é o mais forte que sobrevive, nem o mais inteligente, mas o que melhor se adapta às mudanças.”

Leon C. Megginson

DEDICO

Aos meus pais e irmã, pelos ensinamentos, pela paciência, pelo exemplo de pessoas nas quais sempre me espelho e por sempre acreditarem na minha capacidade.

Aos meus amigos, pelo companheirismo e apoio.

AGRADECIMENTOS

Nuca é tarde para realizar nossos sonhos, pois a melhor maneira de prever o futuro é inventa-lo. Hoje, ao concluir esse trabalho, procuro entre palavras àquelas que, talvez, conseguissem expressar meus sentimentos às pessoas tão queridas. E só encontro um simples e sincero: Obrigado!

Obrigado primeiramente a Deus que tão generosamente distribuíra a dádiva dos talentos entre nós.

Obrigado aos meus pais e minha irmã, pela força que me deram, pelo apoio incondicional, pelo incentivo, pela alegria nas minhas conquistas, e mais, por fazerem seus, o meu sonho.

Obrigado aos meus familiares queridos, aos meus primos e tios que tanto me apoiaram e me ajudaram nos momentos que precisei.

Obrigado as minhas grandes amigas Andréa Bastos e Risely Almeida pelos conselhos, segredos compartilhados, aventuras, diversões e por serem tão presentes em minha vida. E obrigado também a todos os amigos que fiz em Jaboticabal por terem sido minha família nesse tempo longe de casa.

Obrigado ao meu amigo Alysson Jalles por todo o tempo, conhecimento e por se dispor em ajuda sempre durante o desenvolvimento desta dissertação.

Obrigado ao Professor Dr. Gustavo Vitti Moro e toda sua equipe, pelos ensinamentos transmitidos, pela orientação e paciência.

Obrigado ao Dr. Sanzio Carvalho Lima Barrios pela oportunidade, pela coorientação, por acreditarem no meu potencial e por todo conhecimentos que adquiri. Agradeço

também a todos os membros de sua equipe da EMBRAPA Gado de Corte em Campo Grande/MS, pelos esforços na condução do experimento.

Obrigado ao Dr. Rinaldo Cesar de Paula e Dra. Adriane de Andrade Silva, pela participação na banca de qualificação desta dissertação e pelas considerações feitas.

Obrigado ao Dr. Ricardo Andrade Reis pela participação na banca de defesa, pela dedicação e pelas contribuições feitas, as quais, com certeza, engrandeceram este trabalho.

Obrigado a Dra. Cacilda Borges do Valle por ser uma inspiração profissional, por ter me influenciado a seguir o caminho do melhoramento de forrageiras tropicais e por todos os ensinamentos.

Obrigado a Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Capes pelo auxílio financeiro concedido em forma de bolsa.

Obrigado a Associação para o Fomento à Pesquisa de Melhoramento de Forrageiras Tropicais - UNIPASTO e a Fundação para o Desenvolvimento da Educação, Ciência e Tecnologia do Estado de Mato Grosso do Sul - FUNDECT pelo apoio financeiro.

Obrigado a Embrapa Gado de Corte pela oportunidade de realizar esta pesquisa.

SUMÁRIO

	Página
RESUMO.....	i
ABSTRACT.....	ii
CAPTÍTULO 1 – Considerações gerais.....	1
I. Introdução.....	1
II. Revisão de literatura.....	4
1. <i>Brachiaria decumbens</i>	4
2. Melhoramento de forrageiras tropicais.....	5
2.1 Geração da variabilidade.....	7
2.2 Avaliação agronômica e nutricional de genótipos potenciais.....	8
2.3 Ensaio multilocacional (VCU Corte).....	10
2.4 Ensaio sob pastejo (VCU Pastejo).....	11
2.5 Multiplicação e Comercialização de Sementes.....	12
3. Análises Estatísticas.....	13
3.1 Componentes de Variância.....	14

3.1.1	Variabilidade Genética ou Variância Genotípica.	14
3.1.2	Herdabilidade.	15
3.1.3	Repetibilidade.	17
3.2	Correlações Genéticas.	18
3.3	Índice de Seleção.	18
III.	Referências.	19
CAPÍTULO 2 - Estimativa de parâmetros e correlações genéticas em híbridos de <i>Brachiaria decumbens</i>		25
I.	Resumo.	25
II.	Introdução.	27
III.	Material e Métodos.	28
IV.	Resultado e Discussão.	31
V.	Conclusão.	41
VI.	Referências.	41
CAPÍTULO 3 - Uso de índices na seleção de genitores sexuais em um programa de seleção recorrente recíproca em <i>Brachiaria decumbens</i>		44

I. Resumo.	44
II. Introdução.	46
III. Material e Métodos.	47
IV. Resultado e Discussão.	50
V. Conclusão.	58
VI. Referências.	59
APÊNDICES.	61
I. Apêndice A - Médias mensais de temperatura (°C) e precipitação (mm) da área experimental nos anos de 2012, 2013 e 2014.	62
II. Apêndice B - Análise de solo da área experimental em 2012.	63

DESEMPENHO DE HÍBRIDOS INTRAESPECÍFICOS DE *Brachiaria decumbens* DESENVOLVIDOS POR SELEÇÃO RECORRENTE RECÍPROCA

RESUMO – O mercado forrageiro possui uma demanda por novas cultivares de *Brachiaria decumbens* que apresentem diferenciais quanto ao desempenho agrônomico e valor nutritivo. Essa demanda impulsiona o surgimento de programas de melhoramento da espécie voltado para o desenvolvimento de cultivares. Para isso, é necessário à seleção de genótipos sexuais superiores de *Brachiaria decumbens* como fonte de variabilidade para o programa e formação da população base para recombinação, estes genótipos podem ser usados, por exemplo, na recombinação em esquemas de seleção recorrente recíproca que por sua vez é dependente do desempenho de suas progênes obtidas em cruzamentos com um genótipo apomítico testador. Assim, o objetivo deste trabalho foi estimar parâmetros genéticos e correlações genéticas para características agrônomicas e de valor nutritivo em híbridos intraespecíficos de *Brachiaria decumbens* e comparar diferentes índices para a seleção dos melhores genitores e os ganhos obtidos com diferentes intensidades de seleção, bem como verificar o padrão multivariado das progênes por meio de análise de componentes principais. Para isso, uma população de 1.415 híbridos foi avaliada em campo experimental na Embrapa Gado de Corte em Campo Grande/MS/Brasil, durante sete cortes, para as características: peso verde de campo (PVC); matéria seca total (MST); velocidade de rebrota (VEL); densidade de perfilhos rebrotados (DEN); capacidade de rebrota (REB); proteína bruta (PB); digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica (DIV); fibra em detergente neutro (FDN) e lignina (LIG). Avaliações complementares em casa de vegetação para definição de resistência as cigarrinhas das pastagens estão em andamento. As análises estatísticas foram realizadas utilizando a metodologia de modelos mistos e componentes principais. Evidenciou-se a presença de variabilidade genética para todos os caracteres avaliados e estimativas de herdabilidade de média a elevada magnitude, indicando a possibilidade de ganhos com a seleção. Associações significativas foram observadas entre PVC e MST (0,99), MST e VEL (0,81), MST e DIV (-0,71), MST e LIG (0,71) e PB e DIV (0,70), indicando que a seleção indireta ou índices de seleção que consideram essas associações podem ser utilizados. As variáveis agrônomicas apresentaram ganhos de seleção mais expressivos quando comparados com as de valor nutritivo, impactando mais acentuadamente os índices de seleção. A atribuição de diferentes pesos para as características agrônomicas e nutricionais não afetou drasticamente o ranqueamento das progênes, podendo-se utilizar pesos iguais entre as características. A identificação visual de genitores sexuais superiores, por meio de gráficos BIPLLOT, foi semelhante à obtida pelos índices. Os genótipos T019, T036, R134, S018, R033 e B003 se mostraram superiores pelos índices e também pela análise de componentes principais.

Palavras-chave: *Urochloa decumbens*, Melhoramento de Forrageiras, Parametros Genéticos, Correlações Genéticas, Índice de Seleção.

PERFORMANCE OF *Brachiaria decumbens* INTRASPECIFIC HYBRID PRODUCED BY RECIPROCAL RECURRENT SELECTION

ABSTRACT - The forage market has a demand for new cultivars of *Brachiaria decumbens* with superior agronomic performance and nutritional value. This demand encourages the pasture species improvement program. Therefore, it is necessary to select superior sexual genotypes of *Brachiaria decumbens* for the recombination in projects of reciprocal recurrent selection as a source of variability for the program and for the formation of a base population for selection. These genotypes can be used, for example, in the reciprocal recombination in recurrent selection schemes which in turn depend on the performance of their progenies. These progenies are obtained from a cross with an apomictic tester genotype. The objective of this study was to estimate genetic parameters and genetic correlations for agronomic traits and nutritional value in intraspecific hybrids of *B. decumbens*. Furthermore, it aimed at comparing different indices for the selection of the best hybrids and genetic gain with different intensities of selection, as well as verifying the multivariate pattern of the progenies using a principal component analysis. For that, a population of 1,415 hybrids was evaluated in field plots at Embrapa Beef Cattle in Campo Grande/MS/Brazil, with seven cuts, estimating: field green weight (PVC); total dry matter (MST); speed of regrowth (VEL); tiller regrowth density (DEN); regrowth ability (REB); crude protein (CP); in vitro organic matter digestibility (DIV); neutral detergent fiber (NDF) and lignin (LIG). The statistical analyses were conducted using the mixed models methodology and principal component methodology. The presence of genetic variability for all characters assessed were detected and estimates of heritability of medium to high magnitude, indicating the possibility of gains with selection. Significant associations were observed between PVC and MST (0.99), MST and VEL (0.81), MST and DIV (-0.71), MST and LIG (0.71) and PB and DIV (0.70), indicating that indirect selection or selection indices to consider these associations can be used in the breeding program. The agronomic variables had more significant gains with selection compared to the nutritional value traits, thus turn first impacted more the selection indices. Assigning of different weights for the agronomic and nutritional characteristics did not drastically affect the ranking of the progenies, thus allowing for equal weights for all traits. The visual identification of superior sexual genitors by means of Biplot graphs, was similar to the one using selection indices, thus it can be used as a complement to these indices. The genotypes T019, T036, R134, S018, R033 and B003 were the best for all analyzes.

Keywords: *Urochloa decumbens*, Improvement of Forage, Genetic Parameters, Genetic Correlations, Indices for the Selection.

CAPITULO 1 - Considerações gerais

Introdução

Pastagens constituem no sistema pecuário brasileiro de corte, a principal fonte de alimentação adotada para a suplementação e produção animal (JANK et al., 2014). São também estratégicas no manejo nutricional da pecuária leiteira (DEMINICIS et al., 2012).

Alguns países tropicais e subtropicais com aptidão para produção pecuária devido à sua topografia e clima (GOEDERT; WAGNER; BARCELLOS, 2008), podem possuir pastagens que se não forem bem manejadas sofrem degradação. Para que a produção animal seja viável nessas condições deve-se buscar investir em tecnologias de manejo e cultivares mais adaptadas para evitar a degradação (MACEDO et al., 2013). Essa estratégia se torna de grande importância principalmente nos países que dependem economicamente desta produção, seja para suprir a demanda interna como também para exportação (GASPAR; FONSECA; RAMALHO, 2011). Além disso, em muitos casos pode-se tratar de segurança nacional o fato de se conseguir produzir alimentos que pertencem à base nutricional do homem e que impactam fortemente a economia do país em momentos de crise (BURANELLO; AIRES, 2014).

Como um dos principais representantes desta realidade na América do Sul e no mundo, o Brasil possui áreas de pastagens significativas que se estendem por mais de 100 milhões de hectares em todo o território nacional (MACEDO et al., 2013), o que equivale a uma área superior a soma dos demais produtos agrícolas cultivados no país (JANK et al., 2014).

Inicialmente, a pecuária comercial brasileira dependeu do uso de pastagens nativas e de algumas gramíneas introduzidas na época colonial que ganharam vastas extensões com a progressiva colonização do território nacional. A América do Sul nunca possuiu naturalmente uma expressiva fauna de ruminantes que pudessem promover ao longo de um processo evolutivo uma seleção de genótipos de gramíneas mais tolerantes ao superpastejo (RESENDE; VALLE; JANK, 2008).

Fato oposto ocorreu na África subsaariana, que possui vastos rebanhos de diferentes ruminantes proporcionando ao longo do tempo, forte pressão de seleção natural sobre os principais genótipos de forrageiras tropicais utilizados hoje no mundo (RESENDE; VALLE; JANK, 2008).

Muitos desses materiais foram introduzidos em países tropicais, possibilitando o avanço da pecuária e o desenvolvimento de vários setores envolvidos direta e indiretamente na cadeia produtiva da carne ou leite, por elevar, por exemplo, a produção de forragem (REZENDE et al., 2000). Este foi um dos principais fatores que, aliado às melhorias de manejo e sanidade animal, fizeram com que o Brasil passasse de importador desses produtos para um dos principais produtores e exportadores mundiais de cultivares forrageiras tropicais (KARIA; DUARTE; ARAÚJO, 2006).

Alguns dos genótipos introduzidos possuíam resistência a solos mais ácidos e de baixa fertilidade, conseguindo suportar uma carga animal maior que outras forrageiras tropicais sob estas condições. Assim, a utilização destes genótipos possibilitou a conquista e a valorização de regiões antes não consideradas produtivas, como o cerrado brasileiro (JANK et al., 2014). A pecuária, ao entrar nesta região, trouxe não apenas fazendas, mas cidades, universidades, indústrias e o desenvolvimento de vários setores produtivos para todo o país.

Hoje o cerrado é um bioma estratégico na economia nacional, tanto para a produção animal quanto agrícola, se destacando na produção de aproximadamente um terço dos grãos de soja, milho, sorgo, café, entre outros (GOEDERT; WAGNER; BARCELLOS, 2008). Este fato mostra que o uso correto de forrageiras adaptadas foi também uma forma de conquista do espaço.

Contudo, a utilização das mesmas cultivares comerciais, consagradas por suas inúmeras vantagens, promoveu a formação de extensos monocultivos que perduram até os dias atuais (JANK et al., 2014). A monocultura, da mesma forma que para outras espécies vegetais, carrega grandes riscos fitotécnicos e fitossanitários.

Como agravante, há o fato do pecuarista ser conservador na escolha das forrageiras ou no uso de genótipos diferentes, bem como a pouca disponibilidade de novas cultivares devido à carência de programas de melhoramento de forrageiras

tropicais (JANK et al., 2014). Assim, o desenvolvimento e a seleção de novas cultivares para o mercado se torna urgente frente às flutuações de pragas, doenças e mudanças climáticas.

Em geral o melhoramento de forrageiras é longo e oneroso, envolvendo várias etapas que diferem das demais espécies vegetais, pelo fato de necessitar avaliações com animais em pastejo uma vez que a forrageira em si não é o produto final desejado senão o substrato para síntese de proteína animal na forma de carne ou leite (RESENDE; VALLE; JANK, 2008).

Assim, além de passar pelas etapas tradicionais de geração de variabilidade e seleções agronômicas tradicionais, envolve análises bromatológicas visando a nutrição animal, capacidade de suporte, estudos de morfogênese da forrageira para determinação do manejo da pastagem e principalmente conversão em proteína animal (provas de ganho de peso e produção de leite) (VALLE; JANK; RESENDE, 2009).

Embora semelhante a outras espécies, o melhoramento de forrageiras possui peculiaridades que o torna mais complexo, e exige envolvimento de uma equipe multidisciplinar a fim de selecionar genótipos com potencial agronômico e nutricional que supram as demandas do mercado e permitam ganhos econômicos ao produtor.

Com base nessas informações, o presente trabalho teve por objetivo avaliar caracteres agronômicos e nutricionais de uma população de 1.415 híbridos intraespecíficos de *Brachiaria decumbens*, oriundos de 75 progênies de irmãos germanos, a fim de selecionar os genitores sexuais superiores que deram origem as melhores progênies, visando à recombinação e formação do próximo ciclo seletivo do programa de seleção recorrente recíproca da Embrapa Gado de Corte.

Para isso, primeiramente o capítulo 2 abordará a avaliação dos componentes da variância associados a em características agronômicas e nutricionais, bem como a estimação de parâmetros genéticos para cada característica. Além disso, as correlações genéticas serão estimadas entre os caracteres, para definir estratégias de seleção.

No capítulo 3 será abordada a aplicação da seleção direta sobre cada característica, bem como a comparação de diferentes índices de seleção e os

ganhos de seleção obtidos visando a seleção de genitores sexuais superiores para futura recombinação.

Revisão de literatura

1. *Brachiaria decumbens*

A *B. decumbens* é uma espécie perene nativa no leste tropical da África, onde forma um relvado bastante procurado pelo gado. Destaca-se pela elevada tolerância ao superpastejo, isto é, cargas animal elevada, o que a faz rústica e promoveu no Brasil e nas condições tropicais latinoamericanas à formação de pastagens dominadas por *B. decumbens* (SEIFFERT, 1980).

O primeiro genótipo de *Brachiaria decumbens* foi introduzido no Brasil em 1952, na cidade de Belém/PA, no Instituto de Pesquisa Agropecuária do Norte (IPEAN), recebendo o nome de cultivar IPEAN. Porém, esta não foi a cultivar que se tornou a mais consagrada desta espécie entre os pecuaristas e sim a cv. Basilisk, introduzida em 1960 em Matão/SP pelo Instituto de Pesquisas Internacionais (IPI) (RESENDE; VALLE; JANK, 2008). Devido às suas vantagens como adaptação a solos ácidos e pobres e boa capacidade de produzir sementes que a IPEAN não tinha, favoreceu a expansão da agropecuária no cerrado, (JANK et al., 2014), pois na década de 80 no Brasil, não havia nenhuma cultivar que a substituísse (SEIFFERT, 1980).

Segundo Seiffert (1980) essa cultivar é perene, de 0,6-1 m de altura, subereta, geniculada em alguns dos nós inferiores e pouco radicante. Os rizomas apresentam-se em forma de nódulos pequenos. As folhas são linear-lanceoladas, 150-250 mm de comprimento e 20 mm de largura, rígidas e esparsamente pilosas. A inflorescência é formada por 1-5 racemos, de 20-100 mm de comprimento. Ráquis de 1,5 mm de largura. As espiguetas são ligeiramente pilosas no ápice com 5 mm de comprimento e bisseriadas ao longo da ráquis.

Durante os anos de 70 e 80 grandes importações de sementes dessa cultivar foram feitas da Austrália para formação das primeiras pastagens (RESENDE;

VALLE; JANK, 2008). Posteriormente, graças à boa produção de sementes então feita por firmas brasileiras, essa cultivar tornou-se em poucos anos a mais importante das Américas, com formação de extensos monocultivos (VALLE; JANK; RESENDE, 2009).

Como consequência, logo surgiram problemas significativos com cigarrinhas das pastagens e fotossensibilização de animais, que fizeram com que esta cultivar tivesse que ser gradativamente substituída por outras espécies como a *B. brizantha* cv. Marandu (VALLE; JANK; RESENDE, 2009). Além disso, registros antigos mostram que a cultivar Basilisk não apresenta grande qualidade nutricional quando comparada a outras comerciais, como a *B. ruziziensis* cv. Comum (SEIFFERT, 1980).

Porém, nenhum outro genótipo apresenta tanta resistência a estresses causados por acidez de solo e baixa fertilidade quanto à cv. Basilisk, o que a mantém entre os cinco genótipos mais utilizados pelos pecuaristas (KARIA; DUARTE; ARAÚJO, 2006). Assim, embora existam duas cultivares registradas da espécie (MAPA, 2014), a cv. Basilisk é a única de expressão comercial.

A tentativa de unir em um único genótipo características como resistência a estresses abióticos, maior potencial nutricional e resistência a doenças e pragas como a cigarrinha das pastagens é fundamental e estratégico para o setor, o que agora é possível via programas de melhoramento específicos.

2. Melhoramento de forrageiras tropicais

Ao iniciar um programa de melhoramento de plantas o pesquisador deve estabelecer quais são seus objetivos em médio e longo prazo, devendo também fazer um levantamento do mercado que irá absorver as futuras cultivares a serem lançadas (BORÉM; MIRANDA, 2013). Estas informações são fundamentais para traçar as estratégias econômicas e estruturais do programa.

Os objetivos dos programas de forrageiras tropicais podem ser divididos em gerais e específicos. Entre os gerais, um grande consenso é a diversificação das pastagens cultivadas tropicais através da liberação de novas cultivares selecionadas

para o bom desempenho animal (RESENDE; VALLE; JANK, 2008). Quanto aos objetivos específicos se destacam: estudo de diversidade genética; herança do modo de reprodução; viabilidade de cruzamentos intra e interespecíficos; estimativa de parâmetros genéticos, fenotípicos e ambientais; seleção de acessos e híbridos superiores às cultivares em uso quanto à produtividade, ao valor nutritivo e resistentes a estresses bióticos e abióticos (RESENDE; VALLE; JANK, 2008).

O programa de melhoramento de *Brachiaria decumbens* da Embrapa Gado de Corte em Campo Grande/MS esta representado na figura 1, cujos processos que ocorrem em cada etapa estão descritos a seguir.

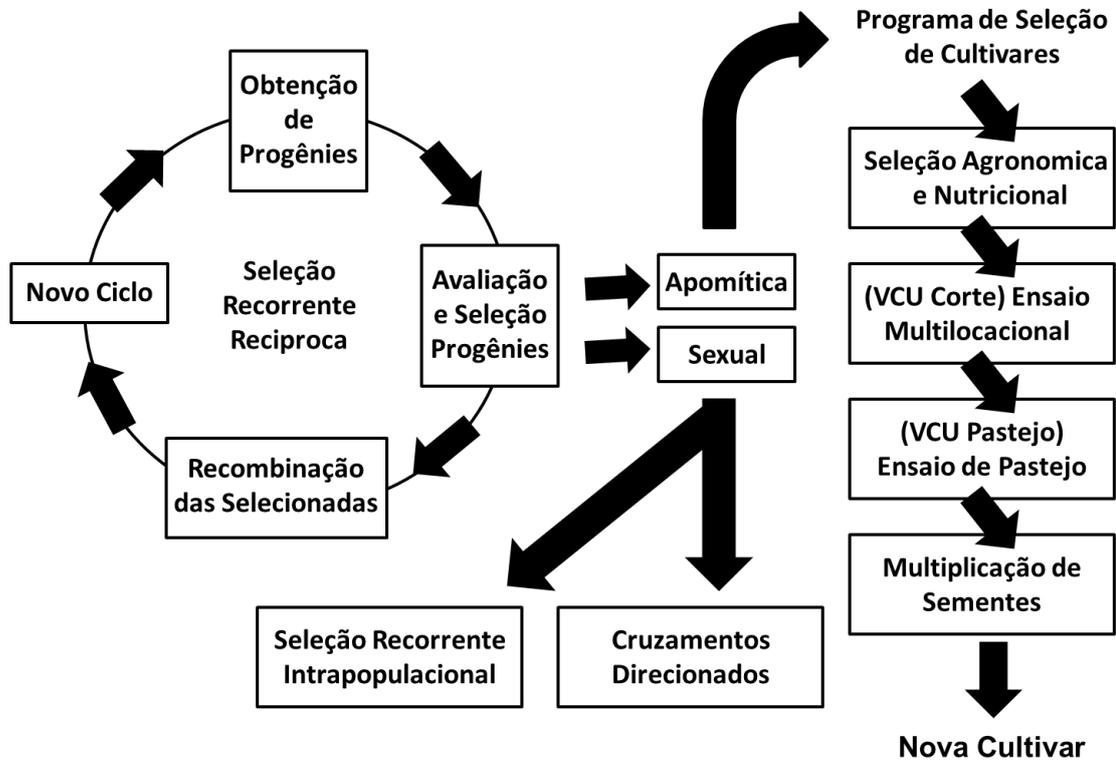


Figura 1. Estratégia adotada no programa de melhoramento de *Brachiaria decumbens* da Embrapa Gado de Corte em Campo Grande/MS.

Assim, conforme a figura 1, o programa de melhoramento de forrageiras tropicais para a seleção de novas cultivares é dividido em basicamente cinco etapas: 1. Geração da variabilidade; 2. Seleção agrônômica e nutricional de genótipos potenciais; 3. Ensaio multilocacional para avaliar a relação genótipo ambiente; 4. Ensaio de pastejo (ganho individual e por área e capacidade de suporte) e

5. Multiplicação e Comercialização de Sementes. Esse processo foi descrito detalhadamente em vários trabalhos (JANK et al., 2014; RESENDE; VALLE; JANK, 2008; VALLE; JANK; RESENDE, 2009).

2.1 Geração da variabilidade

Para promover uma seleção de características de interesse é necessária a existência de diferenças capazes de serem identificadas, avaliadas e assim selecionadas. Essas diferenças são chamadas pelos melhoristas de variabilidade (BUENO; MENDES; CARVALHO, 2006).

Existem diferentes técnicas de geração de variabilidade, entre elas se destacam a introdução de genótipos de outras regiões, hibridação intra e interespecífica, poliploidização, autofecundação de materiais não homozigotos e a mutação induzida ou natural (BORÉM; MIRANDA, 2013).

Na realidade atual do melhoramento de forrageiras tropicais, as três primeiras técnicas citadas são as mais utilizadas (VALLE; JANK; RESENDE, 2009). A introdução de genótipos oriundos principalmente da África foi muito utilizada inicialmente para desenvolver cultivares em *Brachiaria*, pelo fato da apomixia impedir autofecundações e hibridações entre os indivíduos elites existentes e os sexuais que apresentavam ploidias diferentes (RESENDE; VALLE; JANK, 2008).

Exatamente por esse motivo, no mercado forrageiro predomina a comercialização de cultivares apomíticas derivadas de genótipos introduzidos e adaptados as diferentes condições edafoclimáticas brasileiras (KARIA; DUARTE; ARAÚJO, 2006). Quando se fez a duplicação cromossômica de indivíduos sexuais diploides, a apomixia conseguiu ser superada, por meio da hibridação entre genótipos apomíticos, geralmente uma cultivar elite e reconhecida no mercado, com um genitor tetraploidizado sexual e não comercial (PEREIRA et al., 2012).

Na Embrapa Gado de Corte isso foi possível, cruzando-se a cv. Basilisk com três plantas providas de um acesso sexual diploide, duplicado com colchicina na Embrapa Gado de Corte (SIMIONI; VALLE, 2009). Neste caso a variabilidade foi gerada por hibridação, formando uma população base para futuras avaliações.

O sucesso de cultivares comerciais oriundas destas técnicas de duplicação cromossômica seguida de ciclos de cruzamentos e seleção já foi registrado em *Brachiaria* com a comercialização das cultivares Mulato I e Mulato II, lançadas pelo CIAT (SOUZA SOBRINHO et al., 2009). Isso mostra inúmeras possibilidades para o melhoramento da *B. decumbens* agora que a apomixia não é mais uma barreira para a geração de variabilidade.

2.2 Avaliação agronômica e nutricional de genótipos potenciais

Após gerar a variabilidade, existem várias formas de conduzir essa população base a fim de chegar ao objetivo final que é lançar cultivares. Pode-se utilizar o método de populações, genealógico, retrocruzamento, seleção recorrente, entre outros (BORÉM; MIRANDA, 2013). Além disso, diferentes índices de seleção podem ser usados em cada etapa de avaliação, para obter genótipos superiores para várias características simultaneamente (CRUZ; CARNEIRO, 2006).

No programa de melhoramento da *B. decumbens* da Embrapa Gado de Corte, a população base é resultante do cruzamento de um indivíduo, a cv. Basilisk (apomítica), com três genótipos sexuais tetraploidizados artificialmente. Como a herança da apomixia em *Brachiaria* é simples e dominante sobre a sexualidade (VALLE; SAVIDAN, 1996), espera-se que 50% das progênes geradas sejam apomíticas e 50% sejam sexuais (VALLE; RESENDE; BARRIOS, 2013). O modo de reprodução pode ser determinado por marcadores moleculares ou por exame de ovários clarificados em microscópio com contraste interferencial (KARIA; DUARTE; ARAÚJO, 2006; VALLE; SAVIDAN, 1996).

Para as progênes sexuais o foco é a seleção de indivíduos com características superiores que possam ser passadas adiante em hibridações futuras (JANK; RESENDE; VALLE, 2005). Por tanto, deve-se avaliar e selecionar aqueles com alelos de interesse prático, como os que fornecem uma melhor qualidade nutricional ou resistência a algum estresse. As progênes por sua vez, podem seguir linhas diferentes de seleção recorrente ou intrapopulacional, que objetivam

justamente aumentar a frequência de alelos favoráveis a cada ciclo de seleção (BORÉM; MIRANDA, 2013) (Figura 1).

Já para as progênes apomíticas, que possuem seu genótipo fixado, a seleção pode seguir o caminho do desenvolvimento de cultivares (JANK; RESENDE; VALLE, 2005) (Figura 1). Neste caso, este(s) genótipo(s) superior(es) serão avaliadas em vários ensaios com repetição e competição, para definir o valor de cultivo e uso (VCU) e, assim, selecionar quais deles apresentam melhores características agrônômicas e zootécnicas, para que posteriormente possam ser inseridos no mercado forrageiro (VALLE; JANK; RESENDE, 2009).

Em geral, o processo de seleção de forrageiras tropicais está incluído no termo seleção agrobromatológica, onde deve-se avaliar os genótipos quanto ao desempenho agrônômico básico, como produção de massa seca total e de folhas, relação folha e colmo, massa verde, massa seca, porcentagem de material morto, altura de planta, velocidade de rebrota, produção de sementes, época e a duração da floração, potencial de produção de pólen, número de perfilhos, dormência de sementes, resistência a déficit hídrico, resistência a solos ácidos, nível de fertilidade exigido, potencial de competição com plantas invasoras, resistência a herbicidas, potencial de associação com outras culturas ou em rotação, resistências a doenças e pragas (JANK et al., 1994; EUCLIDES e EUCLIDES FILHO, 1998; RESENDE; VALLE; JANK, 2008).

Dentro deste contexto também existem as avaliações bromatológicas ou de valor nutritivo, que buscam inferir o efeito destes genótipos para o animal, ou seja, a qualidade nutricional. Os principais parâmetros considerados são porcentagem de proteína bruta, de digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica, fibra em detergente neutro, fibra em detergente ácido, celulose e lignina (REIS; TEIXEIRA; SIQUEIRA, 2006).

Todas essas avaliações devem ser conduzidas nas diferentes estações do ano em cada região. No caso do cerrado existem duas estações bem definidas, chamadas de período das águas e período da seca, que influenciam diretamente no desempenho dos genótipos, de tal forma que os que mais se destacam em um podem não ser os mesmos no outro (EUCLIDES et al., 2009). Por isso, deve-se

avaliar a adaptabilidade e a estabilidade destes genótipos em locais e anos diferentes (BUENO; MENDES; CARVALHO, 2006).

Entre as possíveis metodologias de condução de um programa de melhoramento o esquema de seleção recorrente recíproca (SRR) ou interpopulacional (COMSTOCK; ROBINSON; HARVEY, 1949) pode ser adotado para aumentar a frequência de alelos favoráveis sem reduzir a variabilidade (BORÉM; MIRANDA, 2013). Neste esquema, a seleção na população sexual é dependente do desempenho dos híbridos obtidos de cruzamentos entre indivíduos da população sexual com um genótipo testador (genótipo apomítico superior) (RESENDE, 2002).

Como descrito anteriormente, basicamente os genitores sexuais recombinantes são selecionadas em função do desempenho de suas progênes híbridas com uma cultivar apomítica. Assim, dentro do esquema da figura 1, espera-se que na população de avaliação cerca da metade dos híbridos sejam sexuais e a outra apomítica. Desta forma, os genitores sexuais que originaram as melhores progênes serão levados para novos blocos de cruzamentos como fonte de variabilidade e os híbridos apomíticos superiores selecionados dentro das progênes, continuarão nas próximas etapas de seleção de cultivares (VALLE; JANK; RESENDE, 2009) que serão descritas a seguir.

2.3 Ensaio multilocacional (VCU Corte)

Os genótipos potenciais devem ser avaliados em diferentes locais, a fim de verificar a existência de interação dos genótipos com ambiente (BORÉM; MIRANDA, 2013). O VCU (corte) é avaliado sem a presença animal, e pode ser conduzido por meio de simulação de pastejo e corte manual (RESENDE; VALLE; JANK, 2008). Basicamente, repetem-se as avaliações das características citadas no item 2.2 para verificar o potencial agrônomo e nutricional da população. O objetivo dessa análise é observar se ocorrem modificações no ranqueamento entre os genótipos dependendo das condições do local do ensaio (RESENDE; VALLE; JANK, 2008).

Estas avaliações são fundamentais para definir as próximas estratégias de seleção do programa, pois um genótipo pode apresentar estabilidade, resposta

similar em todos os ambientes, ou adaptabilidade, resposta positiva a melhoria do ambiente (BUENO; MENDES; CARVALHO, 2006). Desta forma, é possível definir quais genótipos e em quais condições ambientais deverão ser conduzidas as próximas fases do programa de melhoramento que envolve o fator animal.

2.4 Ensaio sob pastejo (VCU Pastejo)

Os genótipos que foram selecionados na etapa anterior que considerava características agrônômicas e zootécnicas são multiplicados e semeados em piquetes maiores. Nesta fase entra o fator que diferencia o melhoramento das forrageiras tropicais das demais espécies cultivadas e melhoradas, que é o animal (KARIA; DUARTE; ARAÚJO, 2006). São utilizados principalmente bovinos, e ocasionalmente, caprinos e ovinos, que vão promover o pisoteio e o consumo destes genótipos.

Esta pressão de pastejo é avaliada para verificar quais genótipos conseguem suportar o pastejo sob diferentes condições edafoclimáticas e formas de manejo como pastejo contínuo ou rotacionado. Basicamente avalia o efeito do pasto sobre o animal. Alguns parâmetros avaliados são, por exemplo, cobertura do solo, profundidade de bocado, taxa de bocado, tempo de pastejo, entre outros ligado ao manejo das forrageiras (SILVA; NASCIMENTO JÚNIOR, 2007).

Ao mesmo tempo, pode-se avaliar a aceitabilidade destes materiais e a preferência animal por cada genótipo, verificando taxa de retorno e consumo, altura de planta, danos do pastejo as plantas, cobertura do solo, entre outras avaliações possíveis em esquemas de piquete fantasma (EUCLIDES; EUCLIDES FILHO, 1998).

O desempenho animal é sem dúvida, a avaliação mais importante, pois não basta ser uma planta agronomicamente excelente, ser resistente a pragas e doenças, suportar o pastejo, mas não conseguir se transformar eficientemente em proteína animal. Assim, deve-se avaliar ao final o potencial de pastejo com as avaliações de resposta animal, verificando o ganho individual e o ganho por área (EUCLIDES; EUCLIDES FILHO, 1998). Para explicar o desempenho é necessário conhecer a disponibilidade de forragem antes da entrada dos animais e após sua

saída no caso de usar o pastejo rotativo ou colocar gaiolas de exclusão no pastejo contínuo para estimar o crescimento da forrageira entre pesagens dos animais a cada 28-35 dias. Os ensaios de VCU sob pastejo são caros e trabalhosos uma vez requerem piquetes com repetições e que suportem um número mínimo de animais (2-3) durante o período de menor crescimento (seca).

Materiais consagrados no mercado e que são considerados pelos pecuaristas como principal opção de escolha para formação de pastagens são utilizados como testemunhas em ensaios de pastejo como, por exemplo, a *B. brizantha* cv. Marandu e a *B. decumbens* cv. Basilisk (VALLE; JANK; RESENDE, 2009). Uma vez que este genótipo se mostrar superior em alguma ou várias características a estas testemunhas, ele poderá ser lançado como uma nova cultivar.

Além das informações geradas nos ensaios de VCU corte e pastejo é necessário conduzir ensaios paralelos para determinar o comportamento do genótipo frente a estresses bióticos e abióticos, e também estratégias de manejo, manutenção e condução da pastagem.

2.5 Multiplicação e Comercialização de Sementes

Antes de colocar este material elite no mercado, deve-se submetê-lo as avaliações de produção de sementes, geralmente iniciada durante a avaliação agrônômica em parcelas, e conduzida paralelamente aos testes de manejo citados no item anterior. Uma vez determinado o potencial de produção é necessário multiplicá-las a fim de cumprir a regulamentação da lei de sementes para a comercialização. Essa etapa nas fases finais de avaliação pode estar associada à iniciativa privada (VALLE; JANK; RESENDE, 2009), que geralmente possui empresas capacitadas para produção de campos de sementes de qualidade bem como aparato comercial para realizar a colheita e beneficiamento das sementes.

Geralmente cada etapa do programa de melhoramento de forrageiras tropicais dura dois anos, podendo acrescentar entre cada etapa um ano para multiplicação de mudas e sementes, totalizando aproximadamente de 8 a 10 anos (JANK et al., 2014). Porém, é interessante frisar que após iniciar o programa,

sempre haverá genótipos em cada etapa de seleção, possibilitando o lançamento de pelo menos uma nova cultivar a cada 2-3 anos após o lançamento da anterior.

3. Análises Estatísticas

O sucesso do programa de melhoramento é dependente, além da sensibilidade e percepção visual do melhorista, da identificação das diferenças significativas entre os genótipos, que podem ser estimadas por avaliações estatísticas. Essas por sua vez vêm sendo aperfeiçoadas continuamente por meio de potentes softwares ligados ao melhoramento, como o Selegen REML-BLUP (RESENDE, 2014), que possui modelos estatísticos específicos para diferentes delineamentos experimentais e grupos vegetais como espécies de propagação vegetativa, alógamas e autógamas.

Independente da espécie ou do delineamento adotado no experimento, antes de selecionar genótipos potenciais, deve-se verificar a existência de variabilidade na população, ou seja, se existe diferença genética entre os indivíduos. Uma vez detectada a variabilidade na população, deve-se verificar o quanto desta tem potencial para ser herdada, detectada na geração seguinte e assim conseguir prever qual o provável ganho com a seleção dos genótipos superiores.

Além da estimação dos componentes de variância, deve-se verificar se existem correlações genéticas entre as características avaliadas no programa. Esta informação permitirá avaliar se características de importância econômica são correlacionadas ou não: se sim, se essa correlação é de reduzida, média ou elevada magnitude e também se são positivas ou negativas. Além disso, essa análise pode auxiliar na escolha da variável correlacionada mais fácil de ser medida.

Para fins de seleção, pode-se considerar as características individualmente, permitindo ganhos de seleção diretos e indiretos, ou se houver interesse, agrupá-las em índices de seleção, ou seleção multivariada, a fim de ranquear os indivíduos que reúnam mais características de interesse (CRUZ; CARNEIRO, 2006).

Desta forma acredita-se que seguindo estas etapas experimentais de condução do programa, bem como avaliações estatísticas adequadas ao finalizar

um processo seletivo, será possível obter progênes sexuais superiores para recombinação e/ou híbridos apomíticos potenciais para novas cultivares comerciais.

3.1 Componentes de Variância

Estes componentes ou parâmetros da variância são formas de verificação ou estudo da variação observada entre os dados. Eles podem auxiliar nas respostas de alguns questionamentos, como por exemplo: Quanto da variação observada pode ser de origem genética e quanto será mero efeito ambiental? Qual a proporção herdável de cada característica? É possível obter ganhos com a seleção nesta população? O número de repetições adotados foi o suficiente para garantir uma boa precisão de resultados? Qual a probabilidade de obter os mesmos resultados se eu repetir esse experimento? Essas e várias outras perguntas devem ser feitas pelo melhorista antes e durante a condução do programa de seleção. Em seu trabalho, (CRUZ; CARNEIRO, 2006) descreve os principais componentes de variância genotípica, mostrando também como estima-los sob diferentes formas descritas na literatura.

3.1.1 Variabilidade Genética ou Variância Genotípica

A variabilidade genética somada à variabilidade ambiental define a variabilidade fenotípica, que é a variabilidade visível ou mensurável nos experimentos de melhoramento. Basicamente, após coletar os dados em campo ou em laboratório dos genótipos da população que esta sendo avaliada, é possível estimar a variância fenotípica (σ_f^2) da população, ou seja, a variância dos dados observados. Essa variância possui influência de cada genótipo da população recebendo o nome de variância genotípica (σ_g^2), bem como o efeito do ambiente sobre estes, a variância ambiental (σ_a^2). Além desses dois efeitos, quando os genótipos são avaliados em mais de um ambiente, pode existir o efeito da interação do genótipo com o ambiente ($\sigma_{g \times a}^2$) podendo mascarar mais a seleção. Esses parâmetros definem o modelo $\sigma_f^2 = \sigma_g^2 + \sigma_a^2 + \sigma_{g \times a}^2$ (BORÉM; MIRANDA, 2013).

Assim, para evitar a seleção de indivíduos inferiores, que estão em vantagem devidos o efeito do ambiente sobre eles, deve-se aproximar o efeito genético do efeito fenotípico através de rigor experimental. Devem-se fazer delineamentos adequados para cada situação ambiental, coletar os dados com rigor e, quando possível, ter um número de repetições adequado (CARVALHO et al., 2001).

O número de repetições dentro do programa de melhoramento varia conforme a fase de seleção em que este se encontra. Inicialmente existe grande número de genótipos para serem avaliados então muitas vezes não é possível ter área para mais de uma repetição de cada genótipo, neste caso deve-se buscar selecionar para características altamente herdáveis, como as características qualitativas (cor de flor, cor do tegumento, formato de folha, etc) (BORÉM; MIRANDA, 2013). Posteriormente, devido à seleção, vai reduzindo o número de genótipos, sendo possível elevar o número de repetições e com isso promover a seleção para características menos herdáveis como algumas quantitativas de importância econômica (produção de grãos ou sementes, teor nutricional, etc).

A variabilidade genética ou variância genotípica (σ_g^2) pode ser dividida entre os componentes do modelo $\sigma_g^2 = \sigma_A^2 + \sigma_D^2 + \sigma_I^2$, em que variância aditiva (σ_A^2) refere-se ao efeito aditivo de cada alelo herdado, variância dominante (σ_D^2) referente ao efeito da dominância alélica no loco gênico e o efeito epistático (σ_I^2) resultante das interações inter alélicas (CRUZ; CARNEIRO, 2006). O tipo de população avaliada, sua estrutura básica, bem como seu modo de reprodução definirá a melhor estratégia de seleção a ser adotada para predizer os ganhos genéticos médios na população melhorada devido à seleção.

3.1.2 Herdabilidade

A herdabilidade é proporção genética da variabilidade total, portanto, aquela variabilidade capaz de ser herdada (BORÉM; MIRANDA, 2013). Esta geralmente é dividida em herdabilidade ampla e restrita, podendo ser ao nível de plantas individuais ou ao nível de médias (repetições). A primeira é utilizada para

populações que já possuem seu genótipo fixado, por exemplo, clones oriundos de propagação vegetativa. A herdabilidade ampla considera simultaneamente o efeito dominante e aditivo das interações alélicas, isso, pois todo o genótipo dos genitores é passado aos descendentes, sendo a variação observada nas progênes devido ao efeito ambiental sobre o fenótipo (BORÉM; MIRANDA, 2013). A herdabilidade ao nível de plantas considera a existência de apenas uma repetição do genótipo, enquanto que ao nível de médias as presenças de repetições auxiliam na redução do efeito ambiental e na aproximação da variância fenotípica da genotípica, pois a variância ambiental é dividida pelo número de repetições desse genótipo (CRUZ; CARNEIRO, 2006).

A herdabilidade restrita é utilizada quando ocorrem cruzamentos, pois esta representa apenas o efeito aditivo dos alelos, uma vez que o efeito dominante não é passado à descendência. Isso ocorre devido ao fato de cada indivíduo parental contribuir com apenas metade dos alelos para o loco gênico após um cruzamento, assim é possível estimar apenas o efeito que cada alelo possui separadamente sendo a interação entre eles no genótipo final uma incógnita (CARVALHO et al., 2001).

$$\text{Herdabilidade no sentido amplo ao nível individual: } h^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_f^2}$$

$$\text{Herdabilidade no sentido amplo ao nível de médias: } h^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \frac{\sigma_a^2}{r}}$$

$$\text{Herdabilidade no sentido restrito ao nível individual: } h^2 = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_f^2}$$

$$\text{Herdabilidade no sentido restrito ao nível de médias } h^2 = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_g^2 + \frac{\sigma_a^2}{r}}$$

Para: $\sigma_f^2 = \sigma_A^2 + \sigma_D^2 + \sigma_I^2 + \sigma_a^2 + \sigma_{g,a}^2$ e r é o nº de repetições;

Vários fatores podem interferir na herdabilidade como, por exemplo, o tipo de característica avaliada, o método de estimação, diversidade na população, nível de endogamia da população, número de ambientes considerados e vários outros fatores (BORÉM; MIRANDA, 2013).

Uma prova da variação da h^2 na média de progênies entre espécies para a mesma característica é, por exemplo, para matéria seca total ou de parte aérea, onde 0,69 foi observado em *Brachiaria humidicola* (FIGUEIREDO; NUNES; VALLE, 2012), 0,29 em *Panicum maximum* (BRAZ et al., 2013) e 0,20 em *Pennisetum purpureum* (SILVA et al., 2011).

3.1.3 Repetibilidade

A repetibilidade (r) é um parâmetro que auxilia a definir quantas observações fenotípicas dos mesmos genótipos são necessárias para estabelecer um limite de confiança que permitirá a realização da seleção na população (FALCONER; MACKAY; FRANKHAM, 1996).

Existem na literatura vários métodos de estimação da r que podem ser simples como os baseados na ANOVA, ou mais complexos que utilizam análises multivariadas de componentes principais (RUTLEDGE, 1974) ou como o da máxima verossimilhança (SEARLE, 1971). Trabalhos utilizando esses e outros métodos foram utilizados para as mais diversas características em várias culturas perenes, como para seringueira (COSTA VASCONCELLOS et al., 1985), cajueiro anão (CAVALCANTI et al., 2000), laranjeira doce (NEGREIROS et al., 2014), bananeira (LESSA et al., 2014).

Estimativas de repetibilidade para características forrageiras como produção de matéria seca, altura de planta, relação folha colmo, teor de proteína bruta total, digestibilidade da matéria orgânica, incidência de doença, entre outras também utilizaram diferentes métodos em várias espécies como a alfafa (FERREIRA et al., 1999), capim elefante (SHIMOYA et al., 2002; CAVALCANTE et al., 2012) e *Panicum maximum* (LÉDO et al., 2008),

3.2 Correlações Genéticas

As correlações genéticas correspondem ao fato de uma característica poder estar ligada a outra(s) de tal forma que ao selecionar para a alterá-la, provoca-se indiretamente modificações na outra. Essa influência pode ser baixa, média ou forte, podendo ainda ser positiva ou negativa (FALCONER; MACKAY; FRANKHAM, 1996).

As principais explicações das correlações genéticas são o efeito da pleiotropia e da ligação genica. O gene pleiotrópico interfere em duas ou mais características ao mesmo tempo, assim se selecionar uma estará indiretamente agindo sobre a outra. O efeito da ligação gênica é devido a dois ou mais genes, que são responsáveis por características diferentes, estarem tão próximos no cromossomo que são sempre herdados juntos, uma vez que a recombinação genica se torna rara (RAMALHO; SANTOS; PINTO, 2008).

Correlações genéticas entre caracteres forrageiros agrônômicos e nutricionais foram observados em azevém (MÜLLER et al., 2012), mostrando correlações positivas entre matéria seca total (MST) com o teor de fibra (FDN), e negativa destas com a proteína bruta (PB). Isso indica que ao selecionar para elevar a MST o teor de FDN também aumenta, por outro lado à seleção positiva da MST provocaria a redução da PB, o que não é interessante zootecnicamente. Correlações genéticas semelhantes também foram observadas entre características agrônômicas e nutricionais em *Brachiaria humidicola* (FIGUEIREDO; NUNES; VALLE, 2012).

Outras correlações genéticas entre caracteres agrônômicos também foram observadas em diferentes espécies forrageiras como a palma forrageira (PAIXÃO et al., 2014), o capim Sudão (SILVA; ARENHARDT; GEWEHR, 2014) e o sorgo forrageiro (CUNHA; LIMA, 2010).

3.3 Índice de Seleção

Os índices de seleção são estabelecidos com base em um conjunto de caracteres de importância econômica para o programa e tem por finalidade

classificar os genótipos superiores da população, em conformidade a critérios escolhidos pelo melhorista (BUENO; MENDES; CARVALHO, 2006).

A seleção de uma característica pode ser direta, provocando aumento ou redução desta, porém devido à possível correlação genética com outras características a seleção direta provocaria a seleção indireta sobre outra(s), o que poderia ser positivo ou não para o programa de melhoramento (CRUZ, 2006). Assim, os índices de seleção visam sanar essa dificuldade ao poder selecionar para todas as características de interesse permitindo, além disso, definir se deseja aumentar ou reduzir cada uma das características avaliadas.

Em sua obra, Cruz e Carneiro (2006) dedicaram um capítulo para a seleção simultânea de caracteres, mostrando detalhadamente a aplicação de diferentes métodos e modelos biométricos existentes na literatura para a definição de índices de seleção, como o índice clássico, índice de Kempthorne e Nordskog, índice de Tallis, índice de Pesek e Baker, entre outros.

Softwares próprios para análise de dados em melhoramento genético como o SELEGEN REML/BLUP (RESENDE, 2014) e o GENES (CRUZ, 2006), possuem normalmente modelos adequados para a análise dos índices de seleção, tendo como opção os principais modelos biométricos utilizados nos programas de melhoramento, como por exemplo, os modelos aditivo, multiplicativo ou livre de pesos.

Existem relatos na literatura da utilização de diferentes índices de seleção em várias populações de espécies comerciais que permitiram ganhos genéticos e sucesso na escolha de cultivares, como milho pipoca (GRANATE; CRUZ; PACHECO, 2002), maracujazeiro (OLIVEIRA et al., 2008), feijoeiro comum (MENDES; RAMALHO; ABREU, 2009) e também em forrageiras como para *Brachiaria humidicola* (FIGUEIREDO; NUNES; VALLE, 2012).

Referências

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 6. ed. Viçosa, MG: UFV, 2013. 523 p.

BRAZ, T. G. D. S.; FONSECA, D. M. D.; JANK, L.; RESENDE, M. D. V. D.; MARTUSCELLO, J. A.; SIMEÃO, R. M. Genetic parameters of agronomic characters in *Panicum maximum* hybrids. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 42, n. 4, p. 231-237, 2013.

BUENO, L. D. S.; MENDES, A. N. G.; CARVALHO, S. P. D. **Melhoramento de plantas: princípios e procedimentos**. 2. ed. Lavras: UFLA, 2006. 319 p.

BURANELLO, R. M.; AIRES, A. M. F. Atratividade de investimento e o desenvolvimento do agronegócio no Brasil. **Revista de Direito Empresarial**, v. 3, p.179, 2014.

CARVALHO, F. D.; SILVA, S.; KUREK, A.; MARCHIORO, V. **Estimativas e implicações da herdabilidade como estratégia de seleção**. Pelotas: UFPel. 2001. 99 p.

CAVALCANTI, J. J. V.; PAIVA, J. D.; BARROS, L. D. M.; CRISÓSTOMO, J. R.; CORRÊA, M. P. F. Repetibilidade de caracteres de produção e porte da planta em clones de cajueiro-anão precoce. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 35, n. 4, p. 773-777, 2000.

COMSTOCK, R. E.; ROBINSON, H.; HARVEY, P. A breeding procedure designed to make maximum use of both general and specific combining ability. **Agronomy Journal**, v. 41, n. 8, p. 360-367, 1949.

COSTA VASCONCELLOS, M. E. D.; SOUZA GONÇALVES, P. D.; PAIVA, J. R. D.; VALOIS, A. C. C. Métodos de estimação do coeficiente de repetibilidade no melhoramento da seringueira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 20, n. 4, p. 433-437, 1985.

CRUZ, C. D. **Programa GENES: biometria**. Viçosa: UFV, 2006. 382 p.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. Viçosa: UFV, 2006. 514 p.

CUNHA, E. E.; LIMA, J. Caracterização de genótipos e estimativa de parâmetros genéticos de características produtivas de sorgo forrageiro. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 39, n. 4, p. 701-706, 2010.

DEMNICIS, B. B.; GUIMARÃES FILHO, C. C.; DO ROSÁRIO RODRIGUES, P.; FREITAS, G. S.; PANDOLFI FILHO, A. D.; JARDIM, J. G. Capítulo 15-Desafios e tendências da produção animal a pasto no Brasil. **Tópicos especiais em Ciência Animal I**, v. 138, p. 138-147, 2012.

EUCLIDES, V. P. B.; EUCLIDES FILHO, K. **Uso de animais na avaliação de forrageiras**. Embrapa-CNPGC, 1998. 59 p. (Embrapa-CNPGC. Documentos, 74)

EUCLIDES, V. P. B.; MACEDO, M. C. M.; VALLE, C. B.; DIFANTE, G. D. S.; BARBOSA, R. A.; CACERE, E. R. Valor nutritivo da forragem e produção animal em pastagens de *Brachiaria brizantha*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 44, n. 1, p. 98-106, 2009.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F.; FRANKHAM, R. Introduction to Quantitative Genetics (4th edn). **Trends in Genetics**, v. 12, n. 7, p. 280, 1996.

FERREIRA, R. D. P.; BOTREL, M. D. A.; PEREIRA, A.; CRUZ, C. Avaliação de cultivares de alfafa e estimativas de repetibilidade de caracteres forrageiros. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 34, n. 6, p. 995-1002, 1999.

FIGUEIREDO, U. J. D.; NUNES, J. A. R.; VALLE, C. B. D. Estimation of genetic parameters and selection of *Brachiaria humidicola* progenies using a selection index. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 12, n. 4, p. 237-244, 2012.

GASPAR, H. V. S.; FONSECA, M. B.; RAMALHO, H. M. B. O acordo Mercosul-UE e os impactos gerados sobre o mercado de trabalho agrícola no Brasil. **Revista de Estudos Sociais**, v. 12, n. 24, p. 52-74, 2011.

GOEDERT, W. J.; WAGNER, E.; BARCELLOS, A. D. O. Savanas tropicais: dimensão, histórico e perspectivas. In: Faleiro, F. G.; Farias Neto, A. L. **Savanas: Desafios e estratégias para o equilíbrio entre sociedade, agronegócio e recursos naturais**. EMBRAPA Cerrados. Planaltina, D.F., 2008.

GRANATE, M. J.; CRUZ, C. D.; PACHECO, C. A. P. Predição de ganho genético com diferentes índices de seleção no milho pipoca CMS-43. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 37, n. 7, p. 1001-1008, 2002.

JANK, L.; BARRIOS, S. C.; VALLE, C. B.; SIMEÃO, R. M.; ALVES, G. F. The value of improved pastures to Brazilian beef production. **Crop and Pasture Science**, v. 65, p. 1132-1137, 2014.

JANK, L.; RESENDE, R. M. S.; VALLE, C. B. Genética em pastagem. **Revista USP**, n. 64, p. 86-93, 2005.

JANK, L.; SAVIDAN, Y.; SOUZA, M. D.; COSTA, J. Avaliação do germoplasma de *Panicum maximum* introduzido da África: 1. Produção forrageira. **Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, v. 23, n. 3, p. 433-440, 1994.

KARIA, C. T.; DUARTE, J. B.; ARAÚJO, A. D. **Desenvolvimento de cultivares do gênero *Brachiaria* (trin.) Griseb. no Brasil**. Embrapa Cerrados, 2006. 56 p. (Embrapa Cerrados. Documentos, 163)

LÉDO, F. J. D. S.; PEREIRA, A. V.; SOUZA SOBRINHO, F. D.; AUAD, A. M.; JANK, L.; OLIVEIRA, J. S. Estimativas de repetibilidade para caracteres forrageiros em *Panicum maximum*. **Ciênc. agrotec.,(Impr.)**, v. 32, n. 4, p. 1299-1303, 2008.

LESSA, L. S.; DA SILVA LEDO, C. A.; AMORIM, E. P.; DE OLIVEIRA, S. Estimativas de repetibilidade de híbridos diploides (AA) de bananeira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 49, n. 2, p. 109-117, 2014.

MACEDO, M. C. M.; ZIMMER, A. H.; KICHEL, A. N.; DE ALMEIDA, R. G.; DE ARAÚJO, A. R. Degradação de pastagens, alternativas de recuperação e renovação, e formas de mitigação. In: ENCONTRO DE ADUBAÇÃO DE PASTAGENS DA SCOT CONSULTORIA-TEC-FÉRTIL, 1., 2013, Ribeirão Preto, SP. **Anais...** Bebedouro: Scot Consultoria, 2013. p. 158-181.

MAPA. **Registro Nacional de Cultivares**. 2014. Disponível em: <http://extranet.agricultura.gov.br/php/snpc/cultivarweb/cultivares_registradas.php>. Acesso em 26/11/2014.

MENDES, F. F.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. Índice de seleção para escolha de populações segregantes de feijoeiro-comum. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 44, n. 10, p. 1312-1318, 2009.

MÜLLER, L.; MANFRON, P. A.; MEDEIROS, S. L. P.; RIGÃO, M. H.; BANDEIRA, A. H.; TONETTO, C. J.; DOURADO-NETO, D. Correlações de Pearson e canônica entre componentes da matéria seca da forragem e sementes de azevém. **Revista Brasileira de Sementes**, v. 34, n. 1, p. 086-093, 2012.

NEGREIROS, J. R. D. S.; NETO, R. D. C. A.; MIQUELONI, D. P.; LESSA, L. S. Estimativa de repetibilidade para caracteres de qualidade de frutos de laranja-doce. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 49, n. 1, p. 40-48, 2014.

OLIVEIRA, E. J. D.; SILVA SANTOS, V. D.; LIMA, D. S. D.; MACHADO, M. D.; LUCENA, R. S.; MOTTA, T. B. N.; DA SILVA CASTELLEN, M. Seleção em progênies de maracujazeiro-amarelo com base em índices multivariados. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 43, n. 11, p. 1543-1549, 2008.

PAIXÃO, S. L.; DE ANDRADE LIRA, M.; DE MELO, A. C. L.; DOS SANTOS, D. C.; FERRAZ, I.; CAVALCANTE, M. Estimativas de Parâmetros Genéticos em Clones de Palma Forrageira no Município de São Bento do Una. **Revista Científica de Produção Animal**, v. 13, n. 1, p. 28-32, 2014.

PEREIRA, R.C.; DAVIDE, R. C. P. L. C.; TECHIO, V. H.; TIMBÓ, A. L. O. Duplicação cromossômica de gramíneas forrageiras: uma alternativa para programas de melhoramento genético. **Ciência Rural**, v. 42, n. 7, p.1278-1285, 2012.

RAMALHO, M.; SANTOS, J. B.; PINTO, C. B. **Genética na agropecuária**. 4. ed. Lavras, MG: UFLA, 2008. 463 p.

REIS, R. A.; TEIXEIRA, I.; SIQUEIRA, G. R. Impacto da qualidade da forragem na produção animal. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 43. 2006, João Pessoa. **Anais...** João Pessoa: SBZ, 2006. 1 CD-ROM.

- RESENDE, M. D. V. **SELEGEN-REML/BLUP**: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos. Colombo: Embrapa Florestas, 2014. 17 p.
- RESENDE, M. D. V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica, 2002. 975 p.
- RESENDE, R. M. S.; VALLE, C. B.; JANK, L. **Melhoramento de forrageiras tropicais**. 1. ed. Campo Grande: Embrapa Gado de Corte, 2008. 293 p.
- REZENDE, A.; EVANGELISTA, A.; CURI, N.; CARVALHO, M. Melhoramento de pastagens nativas por meio de introdução de gramíneas exóticas em áreas de Latossolo. **Pasturas Tropicales**, Cali, v. 22, p. 9-13, 2000.
- RUTLEDGE, J. A scaling which removes bias of Abeywardena's estimator of repeatability. **Journal of Genetics**, v. 61, n. 3, p. 247-250, 1974.
- SEARLE, S. **Linear Models**. Wiley, New York, 1971. 532 p.
- SEIFFERT, N. F. **Gramíneas forrageiras do gênero *Brachiaria***. Campo Grande: Embrapa-CNPGC, 1980. (Circular Técnica nº1). Disponível em: <<http://www.cnpqc.embrapa.br/publicacoes/ct/ct01/04especies.html#4.9>>. Acesso em: 26/11/2014.
- SHIMOYA, A.; PEREIRA, A. V.; FERREIRA, R. D. P.; CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. Repetibilidade de características forrageiras do capim-elefante. **Scientia Agricola**, v. 59, n. 2, p. 227-234, 2002.
- SILVA, A. L. C. D.; DOS SANTOS, M. V. F.; LUIZ, R.; FERREIRA, C.; JÚNIOR, J. C. B. D.; DE ANDRADE LIRA, M.; DA CUNHA, M. V.; VANDER PEREIRA, A.; DE ARAÚJO, G. G. L. Variabilidade e herdabilidade de caracteres qualitativos relacionados à qualidade de forragem de clones de capim-elefante na Zona da Mata de Pernambuco1. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 40, n. 1, p. 39-46, 2011.
- SILVA, J. A. D.; ARENHARDT, E. G.; GEWEHR, E. Variabilidade genética na busca de eficiência à produção de sementes e biomassa de capim Sudão. **Revista Brasileira de Eng. Agrícola e Ambiental**, v. 18, n. 1, p. 19-24, 2014.
- SILVA, S. C. D.; NASCIMENTO JÚNIOR, D. D. Avanços na pesquisa com plantas forrageiras tropicais em pastagens: características morfofisiológicas e manejo do pastejo. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 36, p. 122-138, 2007.
- SIMIONI, C.; VALLE, C. Chromosome duplication in *Brachiaria* (A. Rich.) Stapf allows intraspecific crosses. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 9, n. 4, p. 328-333, 2009.

SOUZA SOBRINHO, F. D.; LÉDO, F. D. S.; KOPP, M.; PEREIRA, A.; SOUZA, F. D. Melhoramento de gramíneas forrageiras na Embrapa Gado de Leite. In: 7º SIMPÓSIO DE FORRAGICULTURA E PASTAGENS, 2009, Lavras. **Anais...** UFLA: Lavras, 2009, p. 98-111.

VALLE, C. B.; JANK, L.; RESENDE, R. M. S. O melhoramento de forrageiras tropicais no Brasil. **Revista Ceres**, v. 56, n. 4, p. 460-472, 2009.

VALLE, C. B.; SAVIDAN Y. H. Genetics, cytogenetics and reproductive biology of *Brachiaria*. In: MILES, J. W.; MAASS B. L.; VALLE C. B. (Eds.) **Brachiaria: biology, agronomy, and improvement**. Cali: CIAT/EMBRAPA, 1996, p.147-163.

VALLE, C. B.; SIMEÃO, R. M.; BARRIOS, S. C. L. Seleção e melhoramento de plantas forrageiras. In: REIS, R. A. et al. (Eds) **Forragicultura: Ciência, Tecnologia e Gestão dos Recursos Forrageiros**. 1. ed. Jaboticabal: Gráfica Multipress, 2013, v. 1, p. 349-366.

CAPÍTULO 2 - Estimativa de parâmetros e correlações genéticas em híbridos de *Brachiaria decumbens*

Resumo

A demanda por novas cultivares de *Brachiaria decumbens* que apresentam diferenciais quanto ao desempenho agrônomico, valor nutritivo e principalmente resistência às cigarrinhas das pastagens impulsiona o programa de melhoramento da espécie voltado para o desenvolvimento de cultivares. O objetivo deste trabalho foi estimar parâmetros genéticos e correlações genéticas para características agrônomicas e de valor nutritivo em híbridos intraespecíficos de *Brachiaria decumbens*. Para isso, uma população de 1.415 híbridos foi avaliada em campo experimental na Embrapa Gado de Corte em Campo Grande/MS/Brasil, em sete cortes, foram analisadas para as características: peso verde de campo (PVC); matéria seca total (MST); velocidade de rebrota (VEL); densidade de perfilhos rebrotados (DEN); capacidade de rebrota (REB); proteína bruta (PB); digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica (DIV); fibra em detergente neutro (FDN) e lignina (LIG). As análises estatísticas foram realizadas utilizando a metodologia de modelos mistos. Evidenciou-se a presença de variabilidade genética em todos os caracteres avaliados e estimativas de herdabilidade de média a elevada magnitude, indicando a possibilidade de ganhos com a seleção. Associações significativas foram observadas entre PVC e MST (0,99), MST e VEL (0,81), MST e DIV (-0,71), MST e LIG (0,71) e PB e DIV (0,70), indicando que a seleção indireta ou índices de seleção que consideram essas associações podem ser utilizados no programa de melhoramento.

Palavras-chave: *Urochloa decumbens*, cultivar Basilisk, seleção recorrente, herdabilidade, híbridos.

Estimation of parameters and genetic correlations in *Brachiaria decumbens* hybrids

Abstract

The demand for new cultivars of *Brachiaria decumbens* with superior agronomic performance, nutritional value and especially resistance the spittlebugs encourages this pasture species improvement program. The objective of this study was to estimate genetic parameters and genetic correlations for agronomic traits and nutritional value in intraspecific hybrids of *B. decumbens*. For that, a population of 1,415 hybrids was evaluated in field plots at Embrapa Beef Cattle in Campo Grande/MS/Brazil, with seven cuts, estimating: field green weight (PVC); total dry matter (MST); speed of regrowth (VEL); tiller regrowth density (DEN); regrowth ability (REB); crude protein (CP); in vitro organic matter digestibility (DIV); neutral detergent fiber (NDF) and lignin (LIG). The statistical analyses were conducted using the mixed models methodology. The presence of genetic variability for all characters assessed were detected and estimates of heritability of medium to high magnitude, indicating the possibility of gains with selection. Significant associations were observed between PVC and MST (0.99), MST and VEL (0.81), MST and DIV (-0.71), MST and LIG (0.71) and PB and DIV (0.70), indicating that indirect selection or selection indices to consider these associations can be used in the breeding program.

Keywords: *Urochloa decumbens*, signalgrass, recurrent selection, heritability, hybrids.

Introdução

A necessidade de novas cultivares de forrageiras tropicais que melhor atendam as demandas do setor pecuário tem influenciado e incentivado o desenvolvimento de programas de melhoramento das principais espécies comerciais (VALLE et al., 2009; ALVES et al., 2013). Estes programas buscam constantemente novos genótipos que possuam simultaneamente desempenho agrônomo, valor nutritivo e resistências a pragas e doenças que superem os padrões apresentados pelas cultivares existentes no mercado (JANK et al., 2014).

O melhoramento genético de *B. decumbens* não podia ser realizado até recentemente devido à ausência de acessos sexuais compatíveis com a cv. Basilisk (tetraplóide e apomítica), única cultivar de *B. decumbens* disponível comercialmente. Finalmente um acesso diplóide dessa espécie foi duplicado por colchicina resultando em três plantas sexuais e tetraploides (SIMIONI; VALLE, 2009), o que viabilizou a realização de cruzamentos intraespecíficos e a obtenção de progênies híbridas. Com essas progênies, inéditas no mundo, abriu-se a oportunidade de explorar a variabilidade genética em *B. decumbens* por meio de métodos de melhoramento que promovam o aumento da frequência de alelos favoráveis dos principais caracteres.

Esse trabalho relata o início da seleção recorrente recíproca (COMSTOCK et al., 1949) em *B. decumbens*, uma estratégia cíclica de melhoramento visando à obtenção de híbridos apomíticos superiores dessa espécie. Para isso, foi utilizada uma população de 1.415 híbridos intraespecíficos de *B. decumbens* obtida na Embrapa Gado de Corte por meio do cruzamento entre 75 híbridos sexuais tetraploides da população base de *B. decumbens* com a cultivar Basilisk (BARRIOS et al., 2013). O objetivo desse trabalho foi estimar parâmetros genéticos e correlações genéticas para as principais características agrônomicas e nutricionais no programa de seleção recorrente recíproca em *B. decumbens* da Embrapa Gado de Corte.

Material e Métodos

Três plantas sexuais tetraploidizadas artificialmente (SIMIONI; VALLE, 2009) foram, inicialmente, cruzadas com a cultivar apomítica Basilisk. Desses cruzamentos, 457 híbridos intraespecíficos foram obtidos os quais constituem a população base (ciclo zero) do programa de melhoramento em *B. decumbens*. Dessa população, 75 híbridos sexuais, previamente selecionados, foram utilizados como genitor feminino em novos cruzamentos com a cultivar Basilisk, utilizada como genitor masculino, em um esquema de seleção recorrente recíproca. Foram obtidos 1.415 híbridos, referente às 75 progênes de irmãos germanos, os quais foram avaliados individualmente em campo experimental. O experimento foi implantado na Embrapa Gado de Corte, Campo Grande/MS, em dezembro de 2012, em um Latossolo Distroférico, por meio de mudas, sendo conduzido e avaliado durante sete cortes (cinco cortes no período das águas e dois no período da seca). O delineamento experimental foi em blocos casualizados (DBC) com quatro blocos e cinco plantas por parcela, avaliadas individualmente. Foi adotado um espaçamento entre plantas de 1,5 m entre plantas nas linhas e 1,5 m entre linhas, com área útil da parcela de 11,25m². Uma bordadura externa, circundando todo o experimento, foi plantada com a cultivar Massai de *Panicum maximum*. Como testemunhas foram utilizadas as cultivares comerciais de *B. brizantha* CV. Marandu e Piatã e a *B. decumbens* cv. Basilisk.

As variáveis agronômicas, avaliadas individualmente em cada planta da parcela, foram peso verde de campo (PVC), em g/planta; matéria seca total (MST), em kg/ha; nota visual de velocidade de rebrota (VEL), nota visual de densidade de perfilhos rebrotados (DEN). Estas duas últimas características foram utilizadas para determinar a capacidade de rebrota final da planta (REB) segundo a tabela 1, de acordo com a metodologia descrita por Figueiredo et al. (2012).

Tabela 1. Notas de rebrota (REB) estimada pela combinação das notas de densidade (DEN) e velocidade de rebrota (VEL).

DEN	VEL		
	1	2	3
1	0	1	2
2	1	2	3
3	2	3	4
4	3	4	5
5	4	5	6

As pesagens após o corte foram realizadas no campo com dinamômetro para avaliação do PVC de cada planta individualmente, sendo que uma sub-amostra de cerca de 150 g foi retirada para a determinação da umidade e estimativa da MST. A REB foi estimada sete dias após o corte, sendo que a nota final de rebrota foi obtida por meio da combinação entre as escalas de notas de densidade de perfilhos rebrotados e velocidade de rebrota conforme a tabela 1, sendo a escala DEN (1= menos de 20 % dos perfilhos rebrotados; 2= 20-40 %; 3= 40-60 %; 4= 60-80 %; e 5= mais de 80 %), e a escala VEL (1= baixa, 2=média e 3=elevada). Os caracteres agronômicos foram avaliados em todas as plantas da parcela, em sete cortes, sendo cinco cortes no período das chuvas (26/03/2013, 15/05/2013, 12/12/2013, 06/02/2014 e 02/04/2014) e dois cortes no período da seca (18/06/2013 e 16/10/2013).

Os caracteres relacionados ao valor nutritivo da forragem foram avaliados em três cortes (dois cortes das águas e um corte da seca). Para isso, uma amostra verde de forragem foi obtida por meio de simulação de pastejo, que consiste em amostrar uma massa de forragem de aproximadamente 80 g, em cada planta da parcela, imitando o bocado do animal. Posteriormente, essa amostra foi seca, moída e encaminhada para as análises de valor nutritivo utilizando espectrometria de refletância por infravermelho próximo (NIRS), segundo Marten et al. (1985). Os parâmetros avaliados foram: proteína bruta (PB), digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica (DIV), fibra em detergente neutro (FDN) e lignina (LIG). Essa simulação de pastejo foi feita um dia antes da realização dos cortes, nos dias 14/05/2013 e 11/12/2013 na época das águas e 15/10/2013 na época da seca.

Para as análises estatísticas foi utilizado a metodologia de modelos mistos (REML/BLUP), implementada no Software SELEGEN REML/BLUP (RESENDE, 2014). Como os caracteres de desempenho agrônomico e valor nutritivo foram avaliados em vários cortes na mesma unidade experimental (medidas repetidas ao longo do tempo), foi adotada inicialmente uma análise individual para cada corte separadamente e posteriormente uma análise conjunta para época do ano (águas e seca) e conjunta com todos os cortes. O modelo linear misto utilizado na análise conjunta foi o modelo 170 do Software SELEGEN REML/BLUP:

$$y = Xr + Wg + Ti + Zb + Qs + Sp + e, \text{ em que:}$$

y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos das combinações repetição-medição (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos dos genótipos da população (assumidos como aleatórios), i é o vetor dos efeitos da interação genótipos x cortes (aleatórios), b é o vetor dos efeitos de bloco (aleatório), s é o vetor dos efeitos permanentes de indivíduo (aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcelas (aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Para determinação das características nutricionais do período seco, onde foi utilizado somente um corte, o modelo linear misto 147 do Software SELEGEN REML/BLUP (avaliação de irmãos germanos um local e várias observações por parcela) foi adotado:

$$y = Xr + Zg + Wp + e, \text{ em que:}$$

y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos individuais (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcelas (aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Os seguintes componentes de variância e parâmetros genéticos foram estimados, tendo como referência as análises conjuntas: variância genotípica (σ_g^2), variância da interação genótipos x cortes (σ_{gc}^2), herdabilidade individual total no

sentido restrito, ajustada para os efeitos do modelo (h_{atc}^2), herdabilidade entre médias de progênies (h_m^2), acurácia ($Acgen$), repetibilidade média dos cortes (r_m), correlação genotípica entre cortes ($rgmed$), média geral (\bar{X}) e a razão da diferença entre máximo e mínimo valor genotípico predito em relação à média geral (*Amplitude*). Os valores genotípicos das progênies foram preditos para cada caráter e os componentes de variância estimados e testados por meio da razão de verossimilhança (LRT), sendo a significância verificada pelo teste de qui-quadrado com 1 grau de liberdade.

A fim de verificar as correlações genéticas ($r_{G(x,y)}$) entre as características agronômicas e nutricionais, após a análise conjunta de todos os cortes, estes foram submetidos ao modelo 102 do Software SELEGEN REML/BLUP para a obtenção das estimativas de correlação. A significância das estimativas foi verificada pelo teste t de Student, considerando $n - 2$ graus de liberdade associados, conforme exposto em Steel e Torrie (1960) e apresentado abaixo:

$$t = \frac{r}{\sqrt{1-r^2}} \sqrt{n-2} \text{ , em que:}$$

t é o valor calculado da estatística do teste (t), r é o coeficiente de correlação genética entre as duas características consideradas e n é o número total de indivíduos avaliados.

Resultados e Discussão

Na maioria dos caracteres analisados foi observada a presença de variabilidade genética (σ_g^2) entre os híbridos independentemente da época do ano, com exceção de DIV na época das águas e REB na época da seca. Entretanto, considerando a análise conjunta, verificou-se a presença de variabilidade genética ($p < 0,01$) em todas as variáveis (Tabela 2). Isso também foi observado na várias características em outras populações e espécies, como no gênero *Paspalum* (PEREIRA et al., 2012), gênero *Arachis* (MENEZES et al., 2012), *Panicum maximum* (BRAZ et al., 2013), *Brachiaria ruziziensis* (SOUZA SOBRINHO et al., 2011), *B.*

humidicola (FIGUEIREDO et al., 2012) e *B. decumbens* (MENDONÇA et al., 2013; MATEUS et al., 2013). Ter variabilidade genética é fundamental para obter ganhos de seleção em um programa de melhoramento vegetal (RAMALHO, 2005; VALLE et al., 2009; CRUZ et al., 2012). Com os resultados obtidos evidencia-se a possibilidade de ganhos com a seleção tanto para caracteres agrônômicos quanto de valor nutritivo em híbridos intraespecíficos de *B. decumbens*.

Tabela 2. Estimativas da variância genotípica (σ_g^2), variância da interação genótipos x cortes (σ_{gc}^2), herdabilidade individual total no sentido restrito (h_{atc}^2), herdabilidade entre médias de progênies (h_m^2), acurácia ($Acgem$), coeficiente de repetibilidade individual (r_i), correlação genotípica entre cortes ($rgmed$), média geral (\bar{X}) e *Amplitude*, com base na avaliação de progênies de *Brachiaria decumbens*.

Conjunta (sete cortes)									
Parâmetro	PVC	MST	DEN	VEL	REB	PB	DIV	FDN	LIG
σ_g^2	243484,33**	371814,52**	0,061**	0,065**	0,058**	0,637**	2,656**	2,337**	0,079**
σ_{gc}^2	29220,22**	46356,41**	0,032**	0,016**	0,055**	0,165**	1,372**	0,258**	0,008**
h_{atc}^2	0,615	0,523	0,202	0,273	0,143	0,306	0,139	0,335	0,376
h_m^2	0,799	0,776	0,688	0,743	0,566	0,585	0,512	0,740	0,756
$Acgem$	0,894	0,881	0,829	0,862	0,752	0,765	0,716	0,860	0,870
r_i	0,672	0,617	0,398	0,420	0,400	0,457	0,241	0,403	0,484
$rgmed$	0,806	0,800	0,487	0,670	0,347	0,659	0,492	0,819	0,835
\bar{X}	1484,881	1926,708	1,980	2,410	3,390	14,056	70,598	67,606	2,514
<i>Amplitude</i> [#]	150,595	289,879	53,140	43,039	32,264	22,467	10,096	11,368	50,128
Águas (cinco cortes)									
Parâmetro	PVC	MST	DEN	VEL	REB	PB	DIV	FDN	LIG
σ_g^2	253338,79**	374380,22**	0,046**	0,065**	0,065**	0,306*	1,197	1,887**	0,061**
σ_{gc}^2	32714,11**	40963,76**	0,031**	0,013**	0,037**	0,272**	1,647**	0,159**	0,003**
h_{atc}^2	0,574	0,497	0,171	0,295	0,170	0,162	0,083	0,289	0,345
h_m^2	0,769	0,749	0,585	0,724	0,571	0,311	0,249	0,669	0,729
$Acgem$	0,877	0,866	0,765	0,851	0,755	0,557	0,499	0,818	0,854
r_i	0,642	0,602	0,353	0,446	0,419	0,349	0,222	0,369	0,443
$rgmed$	0,795	0,820	0,430	0,709	0,465	0,359	0,267	0,856	0,903
\bar{X}	1567,077	2001,705	1,899	2,339	3,237	14,013	68,674	67,974	2,695
<i>Amplitude</i> [#]	147,733	319,006	42,060	44,239	36,638	10,165	4,388	8,752	40,578

Cont.

Parâmetro	Seca (dois cortes)								
	PVC	MST	DEN	VEL	REB	PB ⁺	DIV ⁺	FDN ⁺	LIG ⁺
σ_g^2	196161,78**	319839,76**	0,078**	0,045**	0,005	0,548**	2,995**	1,868**	0,068**
σ_{gc}^2	24121,46**	71270,04**	0,042**	0,031**	0,111**	-	-	-	-
h_{atc}^2	0,786	0,636	0,211	0,186	0,012	0,370	0,188	0,432	0,409
h_m^2	0,740	0,647	0,480	0,407	0,024	0,709	0,568	0,729	0,711
<i>Acgem</i>	0,860	0,804	0,693	0,638	0,154	0,842	0,753	0,854	0,843
r_i	0,809	0,711	0,433	0,408	0,372	-	-	-	-
<i>rgmed</i>	0,803	0,692	0,480	0,421	0,022	-	-	-	-
\bar{X}	1291,06	1754,99	2,18	2,59	3,77	14,33	74,69	66,66	2,15
<i>Amplitude</i> [#]	128,04	125,99	38,33	24,07	1,44	15,25	8,17	7,95	33,63

Peso verde de campo (PVC), g/planta; matéria seca total (MST), kg/ha; velocidade de rebrota (VEL), nota; densidade de perfilhos rebrotados (DEN), nota; capacidade de rebrota final da planta (REB), nota; proteína bruta (PB), % na matéria seca; digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica (DIV), %; fibra em detergente neutro (FDN), % na matéria seca; lignina (LIG), % na matéria seca. * $p < 0,05$ ** $p < 0,01$ ipelo teste de χ^2 . ⁺ Avaliado em apenas um corte no período seco. [#] Razão da diferença entre o máximo e mínimo valor genotípico predito (BLUP) em relação à média geral (BLUP max – BLUP min)/(BLUP médio).

A interação genótipos x cortes (σ_{gc}^2) foi significativa para todas as características, tanto na análise conjunta com todos os cortes quanto na análise por época do ano. Esse resultado indica que o desempenho dos híbridos não foi coincidente nas diferentes épocas do ano (águas x seca) como também entre cortes dentro da mesma época (Tabela 2). Na análise conjunta a significância da σ_{gc}^2 se justifica por considerar todos os cortes em períodos contrastantes (agua e seca), o que naturalmente provocaria variação. Nas águas σ_{gc}^2 essa significância, pode estar relacionada às possíveis variações climáticas durante a época das chuvas. Um exemplo poderia ser a variação pluviométrica entre o início, meio e fim das chuvas, que pode promover grande variação entre os dados observados em cada corte para o mesmo genótipo, bem como entre as fases de transição seca e agua (BRÂNCIO et al., 2002), princípio que também pode definir a σ_{gc}^2 significativa na seca, com o início e o fim do período de estiagem.

As estimativas de herdabilidade individual no sentido restrito (h_{atc}^2) variaram de 0,13 para DIV a 0,61 para PVC na análise conjunta (sete cortes). As características agrônômicas PVC e MST apresentaram estimativas mais elevadas,

tanto na análise conjunta, quanto separadamente na época das águas e seca, com destaque no período seco onde ambas apresentaram estimativas acima de 0,60. Nas demais características as estimativas de h_{atc}^2 foram de menor magnitude (Tabela 2), sugerindo que além dos efeitos aditivos, os efeitos não aditivos podem contribuir para a expressão dessas características (RAMALHO et al., 2008). Neste aspecto, por se tratar de uma etapa inicial do programa de melhoramento de *B. decumbens*, visando a elevação da frequência de alelos favoráveis, espera-se que em ciclos posteriores de seleção e recombinação ocorra a elevação da h_{atc}^2 (BORÉM; MIRANDA, 2013).

Ao considerar a estimativa de herdabilidade entre médias de progênes (h_m^2) em todas as características na análise conjunta, observou-se que estas apresentaram de média a elevada magnitude, variando de 0,51 na DIV a 0,79 no PVC, sugerindo a possibilidade de elevados ganhos genéticos com a seleção das progênes superiores para o próximo ciclo de cruzamentos. Na época das águas destacaram-se as estimativas de h_m^2 das variáveis agrônomicas em relação às de PB e DIV que foram de menor magnitude, fato não evidente no período seco, em que as estimativas do parâmetro foram mais elevadas na PB (0,71) e DIV (0,57). Esse resultado pode ser explicado, em parte, pelo modelo utilizado na seca (considerando apenas um corte) quando comparado ao da época das águas, em que cinco cortes foram considerados.

Em geral, as forrageiras na seca tendem a diminuir o crescimento, como observado em *B. ruziziensis* (SOUZA SOBRINHO et al., 2011). Conforme também foi observado na *B. decumbens* (MENDONÇA et al., 2013) isso ocorre devido a vários fatores abióticos do meio afetando diretamente o metabolismo das plantas como a redução da luminosidade, temperatura e pluviosidade comum no cerrado. Por isso a seleção de genótipos mais produtivos na seca é fundamental no cenário tropical brasileiro, mostrando que para essa população ganhos com seleção serão elevados. Isso é comprovado ao observar na tabela 2 as variáveis agrônomicas, PVC e o MST, que apresentaram estimativas de h_m^2 elevadas, 0,74 e 0,65, respectivamente, estimativas de maior magnitude do que as observadas em

Panicum maximum e *B. humidicola* no MST (FIGUEIREDO et al., 2012; BRAZ et al., 2013).

Outro fato interessante é que independente do período avaliado, a DEN e VEL apresentaram estimativas de h_m^2 superiores a REB. Esta última porém, deve ser considerada como critério principal de seleção, uma vez que é uma ponderação entre as outras duas variáveis e contextualiza o potencial de recuperação de um genótipo após o corte. Essa característica no entanto não proporcionará ganhos para seleção no período seco, visto que não foi observada variabilidade genética entre os híbridos, acarretando também uma reduzida magnitude da estimativa de h_m^2 (0,02). A REB é importante uma vez que esta diretamente ligada ao manejo da pastagem por afetar a disponibilidade de forragem, capacidade de suporte e manutenção dos animais no piquete (EUCLIDES, 2001).

Ao avaliar os dados conjuntamente, em vários cortes, aumentam-se o número de observações em cada parcela, reduzindo o efeito do ambiente e permitindo maior precisão de avaliação (RESENDE; DUARTE, 2007), fato comprovado pelas estimativas de $Acgem$ que foram de média a elevada magnitude para todas as características na análise conjunta. Valores semelhantes de acurácia foram observados em progênies de *B. humidicola* em nove cortes (FIGUEIREDO et al., 2012). Seguindo o mesmo padrão observado na h_m^2 , as estimativas de $Acgem$ no período seco foram superiores ao observado nas águas para as características PB e DIV e inferiores para as agronômicas (Tabela 2). Provavelmente, o efeito não genético referente ao fator corte influenciou na precisão das avaliações nutricionais na época das águas, uma vez que esse período foi composto por dois cortes em relação a apenas um corte na época da seca.

As estimativas de repetibilidade individual (r_i) variaram de 0,24 para DIV a 0,67 para PVC na análise conjunta, sendo considerada de reduzida à média magnitude (Tabela 2). Isso demonstra que o número de cortes provavelmente não tenha sido suficiente para garantir elevada r_i , porém por se tratar de uma fase inicial do programa de melhoramento, em que os híbridos são avaliados individualmente, essas estimativas são aceitáveis. As variáveis PVC e MST apresentaram estimativas mais elevadas para r_i , independente do período de avaliação, indicando que nessas características o número de cortes adotado foi adequado para selecionar os híbridos

de melhor desempenho. Fato completamente oposto ao observado para REB, com estimativas de 0,37 para a seca e 0,42 nas águas (Tabela 2). Resultados de estimativas de r_i de baixa magnitude também foram observados para *Panicum maximum* em análise conjunta com 7 cortes para a variável REB, comprovando que geralmente essa variável não possui repetibilidade elevada (BRAZ et al., 2013).

Considerando as estimativas de *rgmed* na análise conjunta (Tabela 2), observa-se uma maior estabilidade no desempenho dos híbridos nos diferentes cortes no PVC, MST, FDN e LIG (estimativas acima de 0,80), quando comparadas com as demais variáveis. REB obteve a menor estimativa de 0,34, indicando uma maior oscilação entre os melhores genótipos nos diferentes cortes, fato que dificulta a seleção de genótipos mais estáveis nessa característica. As estimativas de *rgmed* fornece um indicativo da magnitude da variação do desempenho dos híbridos entre os diferentes cortes para cada variável (RESENDE, 2014).

A elevada estimativa de *rgmed* observada no período das águas em algumas variáveis como a FDN e LIG, com 0,85 e 0,90 respectivamente, mostra que, embora com menores estimativas de r_i (0,36 e 0,44, respectivamente), existe elevada correlação genotípica entre os cortes, o que é importante, pois permite a seleção dos mesmos indivíduos superiores entre os cortes (Tabela 2).

Considerando a média dos valores genotípicos de cada variável (\bar{X}), pode-se inferir que a estacionalidade de produção é um dos fatores mais limitantes nas forrageiras tropicais, pois se observa uma redução média de 276 g/planta e 247 kg/ha para PVC e MST, respectivamente, do período das águas para o período seco. Na PB, os dados médios, independente do período de avaliação, foram próximos ao esperado para *B. brizantha*, em torno de 14% (KARIA et al., 2006), e acima do observado em *B. decumbens* cv. Basilisk. Pode-se observar também que, independente do período, a FDN apresentou valores maiores que 60% da matéria seca (Tabela 2), o que poderá interferir negativamente no consumo da pastagem (VAN SOEST, 1994), porém apenas avaliações de consumo animal poderão confirmar esse fato, visto que outros fatores estão envolvidos no consumo final animal. A digestibilidade da matéria orgânica no período seco (74%) foi ligeiramente superior ao período das águas (68%), sendo, juntamente com a PB, importantes indicativos do valor nutritivo da forragem (REIS; TEIXEIRA; SIQUEIRA, 2006).

O BLUP máximo e mínimo preditos foram utilizados para definir a *Amplitude* de variação dos valores genotípicos, confirmando a magnitude da σ_g^2 estimada. De uma maneira geral, observa-se uma amplitude maior na análise conjunta, justamente pelo fato desta ser constituída dos períodos de seca e águas. Dentro desse contexto, é interessante notar na tabela 2 que, para as características nutricionais, o intervalo de variação observado pela *Amplitude* mantem-se muito inferior às características agronômicas quantitativas (PVC e MST), independente do período avaliado. Esse comportamento foi observado também em outro gênero forrageiro, *Arachis* (MENEZES et al., 2012). Apesar disso, a variância genética foi significativa tanto na análise conjunta, como nos períodos seco e chuvoso.

Foram observadas correlações genéticas significativas pelo teste *t* entre as características agronômicas e nutricionais, conforme ilustra a tabela 3. As correlações genéticas são informações importantes por auxiliarem na economia de recursos e na precisão de seleção dos programas com uso da seleção indireta (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992; RAMALHO et al., 2008), por exemplo, observa-se uma elevada e positiva estimativa de correlação genética (0,98) entre as características agronômicas PVC e MST, independente do período avaliado. Isso indica que apenas o fato de selecionar para aumento do peso verde de campo, eleva-se também a matéria seca total. Poder estimar a MST por meio do PVC traz economia para o programa, ao considerar a redução dos custos de secagem, armazenamento e mão de obra na estimação da MST. Nos experimentos em que se avaliam plantas individuais e um grande número de híbridos, como na etapa inicial do programa de melhoramento, e que normalmente não há separação dos componentes morfológicos da planta (lâminas foliares, colmo e material morto), o PVC pode ser utilizado, com segurança, em detrimento da MST. Além disso, destaca-se o fato de que, nessa população, a estimativa de herdabilidade para PVC foi ligeiramente superior a da MST (Tabela 2), permitindo ganhos genéticos similares em selecionar apenas por PVC.

Tabela 3. Estimativas de correlações genéticas entre os caracteres agrônômicos e de valor nutritivo em progênies de *Brachiaria decumbens*, considerando vários cortes.

Conjunta (sete cortes)									
	PVC	MST	DEN	VEL	REB	PB	DIV	FDN	LIG
PVC	1	0,990**	-0,423**	0,798**	0,342**	-0,457**	-0,696**	0,442**	0,681**
MST		1	-0,463**	0,818**	0,322**	-0,499**	-0,718**	0,501**	0,715**
DEN			1	-0,430**	0,544**	0,599**	0,584**	-0,698**	-0,652**
VEL				1	0,523**	-0,483**	-0,718**	0,616**	0,785**
REB					1	0,122**	-0,113**	-0,084**	0,115**
PB						1	0,701**	-0,700**	-0,588**
DIV							1	-0,667**	-0,772**
FDN								1	0,797**
LIG									1
Águas (cinco cortes)									
	PVC	MST	DEN	VEL	REB	PB	DIV	FDN	LIG
PVC	1	0,987**	-0,337**	0,739**	0,378**	-0,365**	-0,640**	0,322**	0,622**
MST		1	-0,389**	0,774**	0,366**	-0,409**	-0,654**	0,386**	0,668**
DEN			1	-0,341**	0,539**	0,548**	0,405**	-0,574**	-0,550**
VEL				1	0,607**	-0,389**	-0,602**	0,560**	0,746**
REB					1	0,120**	-0,196**	0,020 ^{ns}	0,206**
PB						1	0,612**	-0,589**	-0,509**
DIV							1	-0,574**	-0,710**
FDN								1	0,788**
LIG									1
Seca ⁺									
	PVC	MST	DEN	VEL	REB	PB	DIV	FDN	LIG
PVC	1	0,981**	-0,555**	0,804**	0,106**	-0,602**	-0,636**	0,623**	0,717**
MST		1	-0,543**	0,778**	0,095**	-0,621**	-0,621**	0,650**	0,689**
DEN			1	-0,416**	0,662**	0,585**	0,584**	-0,734**	-0,670**
VEL				1	0,407**	-0,499**	-0,556**	0,557**	0,634**
REB					1	0,181**	0,129**	-0,277**	-0,143**
PB						1	0,712**	-0,762**	-0,597**
DIV							1	-0,696**	-0,757**
FDN								1	0,764**
LIG									1

Peso verde de campo (PVC), em g/planta; matéria seca total (MST), em kg/ha; velocidade de rebrota (VEL), nota visual; densidade de perfilhos rebrotados (DEN), nota visual; capacidade de rebrota final da planta (REB), nota; proteína bruta (PB), % na matéria seca; digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica (DIV), %; fibra em detergente neutro (FDN), % na matéria seca; lignina (LIG), % na matéria seca, * $p < 0,05$ e ** $p < 0,01$ pelo teste t . ⁺ Avaliação no período seco de dois cortes para PVC, MST, DEN, VEL e REB e apenas um corte para PB, DIV, FDN e LIG.

Em geral, as estimativas de correlações genéticas seguem um padrão de magnitude e significância semelhante entre as análises conjunta, de águas e seca (Tabela 3). Assim, as correlações entre as características agrônômicas, correlações entre características nutricionais e as correlações entre os dois grupos são proporcionais em todas as situações. O efeito da correlação pode estar relacionado à ação de um gene em duas ou mais características simultaneamente ou a ocorrência de ligação gênica (RAMALHO et al., 2008). Isso pode estar ocorrendo entre os pares de variáveis nutricionais PB e DIV, PB e FDN, LIG e FDN, LIG e DIV e FDN com DIV. Estimativas de correlações semelhantes às obtidas nesse trabalho também foram observadas em progênies de irmãos germanos em *B. humidicola* (FIGUEIREDO et al., 2012).

Na literatura vários trabalhos já descreveram a correlação positiva de características agrônômicas como o PVC e o MST, com as características nutricionais FDN e LIG, ou ainda a correlação positiva entre PB e DIV e negativa destas com FDN e LIG (FIGUEIREDO et al., 2012; BRAZ et al., 2013). Isso justamente pelo fato desses componentes nutricionais estarem diretamente relacionados com a estrutura morfológica da planta. Em temperaturas elevadas, com umidade e luminosidade, a planta investe no acúmulo de lignina na parede celular e acelera o metabolismo, reduzindo a concentração de proteínas, lipídeos e carboidratos solúveis e elevando os carboidratos estruturais, reduzindo a DIV (VAN SOEST, 1994).

Outra associação observada é a correlação negativa entre as características agrônômicas PVC, MST e VEL com as variáveis nutricionais PB e DIV, sendo mais acentuada com a última, variando de -0,69 a -0,72 (Tabela 3). Com o crescimento da planta e o engrossamento da parede celular, ocorre a elevação da síntese de LIG e FDN, pois como dito anteriormente estas possuem importância estrutural. Por consequência, estas variáveis estão correlacionadas positivamente com o aumento do PVC e MST, que por processos fisiológicos promovem a redução do acúmulo da PB que por se tornar deficiente aos microrganismos ruminais, provoca a redução da DIV (VAN SOEST, 1994; PEREIRA et al., 2011). Isso não indica que uma planta possui mais proteína que a outra, mas sim que a distribuição e síntese desta são fenômenos fisiológicos naturais diferentes entre os genótipos.

A DIV está também relacionada à estrutura da planta onde células do mesofilo e do parênquima são rapidamente digeridas enquanto que a epiderme, bainha dos feixes e o xilema são de digestão lenta e parcial devido a LIG (KARIA et al., 2006). Neste trabalho observou-se uma melhor digestibilidade no período seco (Tabela 2) o que poderá auxiliar na nutrição dos animais mantidos sob pastejo, ao selecionar plantas com maior teor de PB correlacionadas à maior DIV.

Outras estimativas de correlações, independente da fase de avaliação, conjunta, água e seca, embora significativas não foram consideradas elevadas ao ponto de permitir uma seleção indireta. Alguns exemplos são as correlações genéticas observadas entre REB e as características agrônomicas PVC e MST e algumas associações entre variáveis nutricionais (Tabela 3). Por outro lado às estimativas de correlações positivas entre REB e DEN e VEL, indicam que ao selecionar por REB indiretamente obtém-se ganhos para DEN e VEL. Isso é importante, pois DEN e VEL possuem correlações negativas entre si, assim selecionando para uma característica a outra sofreria redução.

Quando características de interesse são inversamente proporcionais, deve-se buscar a seleção de um ideótipo para evitar que ao selecionar para uma característica específica reduza outra de grande importância (BORÉM; MIRANDA, 2013), como PVC e MST em relação a PB e DIV. Para a obtenção desse ideótipo pode-se fazer seleção considerando várias características simultaneamente através dos índices de seleção, como os índices aditivos e multiplicativos. Os pesos ou importâncias dos índices de seleção são definidos em função das características que se pretende melhorar na população (CRUZ et al., 2012). Assim, avaliar os parâmetros genéticos em um programa de melhoramento de forrageiras tropicais é fundamental para definir quais variáveis e em qual momento poderão fornecer maiores ganhos genéticos por apresentar variabilidade significativa e maior herdabilidade (VALLE et al., 2009; CRUZ et al., 2012). Além disso, a observação das correlações entre as variáveis permite definir estratégias de condução de experimentos bem como definir importâncias nos processos seletivos e índices de seleção possíveis.

Conclusão

Conclui-se que a população de *Brachiaria decumbens* avaliada apresentou estimativas de variância genética significativas, sendo que a variabilidade genética presente juntamente com as estimativas de herdabilidade de média a elevada magnitude, possibilitam a obtenção de ganhos com a seleção para todas as características consideradas.

Além disso, a ocorrência de correlações genéticas significativas entre os caracteres agronômicos, nutricionais e entre os dois grupos de características permitem a utilização de seleção indireta e/ou uso de índices de seleção que levam em consideração essas associações.

Referências

ALVES, G. F.; DE FIGUEIREDO, U. J.; PANDOLFI FILHO, A. D.; BARRIOS, S. C.; VALLE, C. B. Breeding strategies for *Brachiaria* spp. to improve productivity—an ongoing project. **Tropical Grasslands-Forrajes Tropicales**, v. 2, n. 1, p. 1-3, 2013.

BARRIOS, S. C.; VALLE, C. B.; ALVES, G. F.; SIMEÃO, R. M.; JANK, L. Reciprocal recurrent selection in the breeding of *Brachiaria decumbens*. **Tropical Grasslands-Forrajes Tropicales**, v. 1, n. 1, p. 52-54, 2013.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. Viçosa, MG: UFV, 2013. 523 p.

BRÂNCIO, P. A.; NASCIMENTO JUNIOR, D. D.; EUCLIDES, V. P. B.; REGAZZI, A. J.; ALMEIDA, R. G. D.; FONSECA, D. M. D.; BARBOSA, R. A. Avaliação de três cultivares de *Panicum maximum* Jacq. sob pastejo: composição química e digestibilidade da forragem. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 31, n. 4, p. 1605-1613, 2002.

BRAZ, T. G. D. S.; FONSECA, D. M. D.; JANK, L.; RESENDE, M. D. V. D.; MARTUSCELLO, J. A.; SIMEÃO, R. M. Genetic parameters of agronomic characters in *Panicum maximum* hybrids. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 42, n. 4, p. 231-237, 2013.

COMSTOCK, R. E.; ROBINSON, H.; HARVEY, P. A breeding procedure designed to make maximum use of both general and specific combining ability. **Agronomy Journal**, v. 41, n. 8, p. 360-367, 1949.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. Viçosa: UFV, 2012. 514 p.

EUCLIDES, V. P. B. Produção intensiva de carne bovina em pasto. In: SIMPÓSIO DE PRODUÇÃO DE GADO DE CORTE, 2., 2001, Viçosa, MG. **Anais...** Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 2001. p.55-82

FIGUEIREDO, U. J. D.; NUNES, J. A. R.; VALLE, C. B. D. Estimation of genetic parameters and selection of *Brachiaria humidicola* progenies using a selection index. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 12, n. 4, p. 237-244, 2012.

JANK, L.; BARRIOS, S. C.; VALLE, C. B.; SIMEÃO, R. M.; ALVES, G. F. The value of improved pastures to Brazilian beef production. **Crop and Pasture Science**, v. 65, p. 1132-1137, 2014.

KARIA, C. T.; DUARTE, J. B.; ARAÚJO, A. D. **Desenvolvimento de cultivares do gênero *Brachiaria* (trin.) Griseb. no Brasil**. Embrapa Cerrados, 2006. 56 p. (Embrapa Cerrados. Documentos, 163)

MARTEN, G. C.; SHENK, J. S.; BARTON II, F. E. **Near infrared reflectance spectroscopy (NIRS), analysis quality**. Washington: USDA, 1985. P. 110.

MATEUS, R. G.; BARRIOS, S. C.; FIGUEIREDO, U. J.; VALLE, C. B. Agronomic evaluation of 324 intraspecific hybrids of *Brachiaria decumbens* in Brazil. **Tropical Grasslands-Forrajes Tropicales**, v. 1, n. 1, p. 99-100, 2013.

MENDONÇA, S. A.; BARRIOS, S. C.; FIGUEIREDO, U. J.; ALVES, G.F.; VALLE, C. B. Agronomic and nutritional evaluation of intraspecific crosses in *Brachiaria decumbens*. **Tropical Grasslands-Forrajes Tropicales**, v. 1, n. 1, p. 103-105, 2013.

MENEZES, A. P. M.; ASSIS, G. M. L.; MATAVELI, M.; SILVA, H. S. F.; AZEVEDO, J. M. A.; MENDONÇA, M. S. Genetic divergence between genotypes of forage peanut in relation to agronomic and chemical traits. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 41, p. 1608-1617, 2012.

PEREIRA, E. A.; BARROS, T.; VOLKMANN, G. K.; BATTISTI, G. K.; DA SILVA, J. A. G.; SIMIONI, C.; DALL'AGNOL, M. Variabilidade genética de caracteres forrageiros em *Paspalum*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 47, n. 10, p. 1533-1540, 2012.

PEREIRA, E. A.; DALL'AGNOL, M.; NABINGER, C.; HUBER, K. G. C.; MONTARDO, D. P.; GENRO, T. C. M. Produção agrônômica de uma coleção de acessos de *Paspalum nicorae* Parodi. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 40, n. 3, p. 498-508, 2011.

RAMALHO, M. A. P.; DOS SANTOS, J. B.; PINTO, C. B. **Genética na agropecuária**. Lavras, MG: UFLA, 2008. 463 p.

RAMALHO, M. A. P. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. Lavras, MG: UFLA, 2005. 326 p.

REIS, R. A.; TEIXEIRA, I.; SIQUEIRA, G. R. Impacto da qualidade da forragem na produção animal. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 43. 2006, João Pessoa. **Anais...** João Pessoa: SBZ, 2006. 1 CD-ROM.

RESENDE, M. D. V. **SELEGEN-REML/BLUP**: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos. Colombo: Embrapa Florestas, 2014. 17 p.

RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, n. 3, p. 182-194, 2007.

SIMIONI, C.; VALLE, C. B. Chromosome duplication in *Brachiaria* (A. Rich.) Stapf allows intraspecific crosses. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 9, n. 4, p. 328-333, 2009.

SOUZA SOBRINHO, F.; LÉDO, F. J. D. S.; KOPP, M. M. Estacionalidade e estabilidade de produção de forragem de progênies de *Brachiaria ruziziensis*. **Ciênc. agrotec.,(Impr.)**, v. 35, n. 4, p. 685-691, 2011.

STEEL, R. G.; TORRIE, J. H. **Principles and procedures of statistics**. New York : McGraw-Hill, 1960. 481 p.

VALLE, C. B.; JANK, L.; RESENDE, R. M. S. O melhoramento de forrageiras tropicais no Brasil. **Revista Ceres**, v. 56, n. 4, p. 460-472, 2009.

VAN SOEST, P. J. **Nutritional ecology of the ruminant**. Cornell University Press, 1994. 476 p.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496p.

CAPITULO 3 - Uso de índices na seleção de genitores sexuais em um programa de seleção recorrente recíproca em *Brachiaria decumbens*

Resumo

A seleção de genótipos sexuais superiores de *Brachiaria decumbens* para a recombinação em esquemas de seleção recorrente recíproca é dependente do desempenho de suas progênies, obtidas em cruzamentos com um genótipo apomítico testador. Assim, o objetivo deste trabalho foi comparar diferentes índices para a seleção dos melhores genitores e os ganhos obtidos com diferentes intensidades de seleção, bem como verificar o padrão multivariado das progênies por meio de análise de componentes principais. Para isso, 1.415 híbridos intraespecíficos, oriundos de 75 progênies de irmãos germanos, foram avaliados durante sete cortes na Embrapa Gado de Corte em Campo Grande/MS/Brasil, para as características matéria seca total; capacidade de rebrota; proteína bruta; digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica; fibra em detergente neutro e lignina. As análises estatísticas foram realizadas pela metodologia de modelos mistos e componentes principais. As variáveis agronômicas apresentaram ganhos de seleção mais expressivos quando comparados com as de valor nutritivo, impactando mais acentuadamente os índices de seleção. A atribuição de diferentes pesos dentro das características agronômicas e nutricionais não afetou drasticamente o ranqueamento das progênies, podendo-se utilizar pesos iguais entre as características. A identificação visual de genitores sexuais superiores, por meio de gráficos Biplot, foi semelhante à obtida pelos índices de seleção e pode ser utilizada de forma complementar aos índices de seleção.

Palavras-chave: *Urochloa decumbens*, seleção recorrente, ganho de seleção, híbridos, componentes principais.

Use indices on the selection of sexual parents in a reciprocal recurrent selection program in *Brachiaria decumbens*

Abstract

The selection of superior sexual genotypes of *Brachiaria decumbens* for the recombination in projects of reciprocal recurrent selection depends of the performance of its progenies from a cross with an apomictic tester genotype. Thus, the objective of this work was to compare different indices on the selection of the best hybrids and genetic gain with different intensities of selection, as well as verifying the multivariate pattern of the progenies using a principal component analysis. For this, 1,415 intraspecific hybrids derived from 75 full-sib progenies were evaluated at Embrapa Beef Cattle in Campo Grande, MS, Brazil, for total dry matter; regrowth capacity; crude protein; in vitro organic matter digestibility, neutral detergent, and lignin in seven cuts. The statistical analyses were performed by a mixed models and principal component methodologies. The agronomic variables had more significant gains with selection compared to the nutritional value traits, thus impacting more the selection indices. Assigning of different weights for the agronomic and nutritional characteristics did not drastically affect the ranking of the progenies, thus allowing for used equal weights for all traits. The visual identification of superior sexual genitors by means of Biplot graphs, was similar to the one using selection indices, thus it can be used as a complement to these indices.

Keywords: *Urochloa decumbens*, recurrent selection, selection gain, hybrids, principal components.

Introdução

Recentemente adotaram-se índices de seleção nos programas de melhoramento genético de forrageiras tropicais para escolha de genótipos superiores, como observado para *Brachiaria humidicola* (FIGUEIREDO; NUNES; VALLE, 2012) e *B. decumbens* (MENDONÇA et al., 2013). Uma das vantagens dos índices de seleção é a possibilidade de selecionar para mais de uma característica simultaneamente, evitando a escolha de genótipos com padrões não comerciais (RESENDE; OLIVEIRA; HIGA, 1990). Segundo Bridgwater e Squillace (1986) citado por Resende, Oliveira e Higa (1990), os índices permitem combinar informações econômicas e genéticas em equações de regressão múltipla de forma a prever o valor global de um indivíduo. Essa informação pode ser aliada a análises multivariadas como as de componentes principais, que permitem reduzir grande número de variáveis em poucos componentes de fácil visualização gráfica (MANLY; CARMONA, 2008). Assim, a seleção simultânea para características agrônômicas e nutricionais em *B. decumbens* auxiliará na identificação de genitores sexuais e híbridos apomíticos superiores à *B. decumbens* cv. Basilisk, candidatos a novas cultivares, visto que esta cultivar ainda é, atualmente, a única cultivar comercial da espécie (KARIA; DUARTE; ARAÚJO, 2006).

Desta forma, o uso de índices de seleção e ferramentas multivariadas pode ser uma importante estratégia dentro de esquemas de seleção recorrente recíproca no programa de melhoramento de *B. decumbens*, pois ao selecionar genitores sexuais superiores para recombinação no próximo ciclo seletivo, promove-se a elevação gradativa dos alelos favoráveis na população (BORÉM; MIRANDA, 2013), além de identificar dentro das progênies híbridos apomíticos superiores, candidatos a novas cultivares. O objetivo desse trabalho foi avaliar diferentes índices de seleção e os ganhos de seleção obtidos em progênies intraespecíficas de *B. decumbens*, bem como verificar o padrão de distribuição multivariado dessas por meio de análise de componentes principais.

Material e Métodos

Uma população de irmãos germanos de *B. decumbens*, referente ao ciclo inicial (zero) de um programa de seleção recorrente recíproca (SRR), foi obtida por meio do cruzamento entre 75 híbridos sexuais previamente selecionados de *B. decumbens*, cruzados com a cultivar apomítica Basilisk. Os 1.415 híbridos obtidos, referente às 75 progênies de irmãos germanos, foram avaliados individualmente em campo experimental para a predição do valor genotípico das plantas sexuais que deram origem as progênies, as quais após a seleção serão recombinadas para a formação de um novo ciclo seletivo de SRR. O experimento foi implantado na Embrapa Gado de Corte, Campo Grande/MS, em dezembro de 2012, em um Latossolo Distroférico, por meio de plântulas oriundas de sementes dos cruzamentos, sendo conduzido e avaliado durante sete cortes. O delineamento experimental foi o de blocos casualizados (DBC) com quatro repetições e cinco plantas por parcela, avaliadas individualmente (informação entre e dentro de progênies). Foi adotado um espaçamento entre plantas de 1,5 m e 1,5 m entre linhas, com área útil da parcela de 1,125m². O experimento teve uma bordadura externa (circundando todo o experimento) plantada com *Panicum maximum* cv. Massai. Como testemunhas foram utilizadas as cultivares comerciais de *B. brizantha* CV. Marandu e Piatã e a *B. decumbens* cv. Basilisk.

As variáveis agronômicas avaliadas foram matéria seca total (MST), em kg.ha⁻¹ e capacidade de rebrota da planta (REB), nota visual, de acordo com metodologia descrita por Figueiredo, Nunes e Valle (2012). As pesagens após o corte foram realizadas no campo com dinamômetro para avaliação do peso verde de cada híbrido na parcela, sendo que uma sub-amostra de cerca de 150 g foi retirada para o cálculo da MST. A REB foi estimada sete dias após o corte, por meio de 2 escalas de notas, uma para densidade de perfilhos rebrotados (1= menos de 20 % dos perfilhos rebrotados; 2= 20-40 %; 3= 40-60 %; 4= 60-80 %; e 5= mais de 80 %), e outra para velocidade de rebrota (1= baixa, 2=média e 3=elevada). Os caracteres agronômicos foram avaliados em todas as plantas da parcela, em sete cortes, sendo cinco cortes no período das chuvas (26/03/2013, 15/05/2013, 12/12/2013,

06/02/2014 e 02/04/2014) e dois cortes no período da seca (18/06/2013 e 16/10/2013).

Os caracteres relacionados ao valor nutritivo da forragem foram avaliados em três cortes (dois cortes das águas e um corte da seca). Para isso, uma amostra verde de forragem de aproximadamente 100 g, obtida por meio de simulação de pastejo, foi seca, moída e encaminhada para o laboratório para a determinação da proteína bruta (PB), digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica (DIV), fibra em detergente neutro (FDN), lignina (LIG), todas em % da matéria seca, usando-se espectrometria de refletância por infravermelho próximo (NIRS), segundo Marten et al. (1985). A amostragem da simulação de pastejo foi feita manualmente em cada planta individual imitando o bocado do animal, um dia antes da realização dos cortes, nos dias 14/05/2013 e 11/12/2013 nas águas e 15/10/2013 na seca.

Para as análises estatísticas foi utilizada a metodologia de modelos mistos (REML/BLUP), implementada no Software SELEGEN REML/BLUP (RESENDE, 2014). Como os caracteres de desempenho agrônomico e valor nutritivo foram avaliados em vários cortes na mesma unidade experimental (medidas repetidas ao longo do tempo), após a realização das análises individuais por corte foi feita análise conjunta dos sete cortes para as características agrônomicas e dos três cortes para as nutricionais. O modelo linear misto utilizado foi o modelo 170 do software Selegen REML/BLUP:

$$y = Xr + Wg + Ti + Zb + Qs + Sp + e, \text{ em que:}$$

y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos das combinações repetição-medição (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos dos genótipos da população (assumidos como aleatórios), i é o vetor dos efeitos da interação genótipos x cortes (aleatórios), b é o vetor dos efeitos de bloco (aleatório), s é o vetor dos efeitos permanentes de indivíduo (aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcelas (aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Os seguintes componentes de variância e parâmetros foram estimados: variância genotípica (σ_g^2), variância da interação genótipos x cortes (σ_{gc}^2) e acurácia

seletiva. Os valores genotípicos (BLUP) das plantas sexuais que deram origem as progênes foram preditos para cada caráter com base no desempenho de suas progênes e os componentes de variância testados por meio da razão de verossimilhança (LRT), sendo a significância verificada pelo teste de qui-quadrado com 1 grau de liberdade.

As 75 plantas sexuais que deram origem as progênes e os híbridos dentro de cada progênie foram selecionados por meio de índice de seleção, em que as informações sobre o desempenho agrônômico e valor nutritivo foram consideradas simultaneamente. Para isso foi utilizado o índice de seleção aditivo do modelo 101 “Índice de Seleção Envolvendo os Vários Caracteres” do Software SELEGEN REML/BLUP (RESENDE, 2014) (no qual são atribuídos pesos para cada caráter, levando-se em consideração as herdabilidades, correlações genéticas e importância econômica dos diferentes caracteres), calculado da seguinte forma:

$$I = \sum_{i=1}^n vg_i peso_i \left(\frac{1}{\sigma_{gi}} \right), \text{ em que:}$$

vg_i :valor genotípico da progênie para o caráter i; $peso_i$: importância proporcional do caráter i; σ_{gi} : desvio padrão genotípico estimado para o caráter i (para padronização da unidade de medição). Para isso foram atribuídos diferentes pesos econômicos para as características MST, REB, PB, DIV, FDN e LIG para a definição de 12 índices de seleção distintos, descritos na tabela 1:

Tabela 1. Pesos econômicos das variáveis matéria seca total (MST), rebrota (REB), proteína bruta (PB), digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica (DIV), fibra em detergente neutro (FDN) e lignina (LIG), adotados para a determinação de 12 índices de seleção.

Variáveis	Índices de Seleção											
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
MST	0.3	0.1	0.1	0.166	0.25	0.4	0.1	0.35	0.2	0.125	0.15	0.225
REB	0.3	0.1	0.1	0.166	0.25	0.4	0.1	0.35	0.2	0.125	0.15	0.225
PB	0.1	0.3	0.1	0.166	0.125	0.05	0.2	0.075	0.15	0.25	0.2	0.225
DIV	0.1	0.3	0.1	0.166	0.125	0.05	0.2	0.075	0.15	0.25	0.2	0.225
FDN	0.1	0.1	0.3	0.166	0.125	0.05	0.2	0.075	0.15	0.125	0.15	0.05
LIG	0.1	0.1	0.3	0.166	0.125	0.05	0.2	0.075	0.15	0.125	0.15	0.05

Com o intuito de verificar o padrão multivariado dos setenta e cinco genitores sexuais que deram origem as progênes de *B. decumbens* e compará-los aos índices de seleção da análise conjunta, os BLUPs preditos da análise conjunta referente as características MST, REB, PB, DIV, FDN e LIG foram submetidos a análise de componentes principais pelo Software Statistica (7.0) (STATSOFT, 2014), adotando o critério de Kaiser como limiar de escolha do número de autovalores (KAISER, 1958). Para comparação também foram utilizadas nesta análise as testemunhas comerciais de *B. brizantha* cv. Marandu e cv. Piatã e a cultivar Basilisk de *B. decumbens*.

Resultados e Discussão

A seleção de progênes e híbridos é dependente primeiramente da presença de variabilidade genética na população (BUENO; MENDES; CARVALHO, 2006). Conforme se observa na Tabela 2, todas as características consideradas apresentaram significância ($p < 0,01$) pela análise de Deviance (ANADEV). Isso, pois os valores de Qui-quadrado (LRT) foram acima do tabelado 3,84 e 6,63 para os níveis de significância de 5% e 1%, respectivamente, permitindo concluir que houve diferença estatística entre as progênes com 99% de confiança (RESENDE, 2007). Além disso, observa-se interação dos genótipos com os cortes, ou seja, alguns

genótipos apresentaram desempenhos diferentes em função do período (seca ou águas) do corte, fato também observado em outros trabalhos de avaliação de progênes (FIGUEIREDO; NUNES; VALLE, 2012). Apesar da interação significativa, a identificação de progênes mais estáveis que não apresentem uma estacionalidade de produção acentuada (águas x seca) é extremamente interessante visando a recombinação posterior e formação de novo ciclo seletivo.

Tabela 2. Análise de Deviance (ANADEV) e razão de verossimilhança (LRT) para o teste de significância pelo χ^2 de uma população de 1415 híbridos oriundos de 75 progênes de irmãos germanos de *Brachiaria decumbens*, avaliada em sete cortes distribuídos entre o período das águas e da seca.

ANADEV						
Efeito	MST		REB		PB	
	Deviance	LRT	Deviance	LRT	Deviance	LRT
Progênes	132890,64	93,97**	2562,27	31,05**	7528,45	30,29**
Int. Prog. x Cortes	133240,97	444,30**	3115,69	584,47**	7624,87	126,71**
Total	132796,67		2531,22		7498,16	
Efeito	DIV		FDN		LIG	
	Deviance	LRT	Deviance	LRT	Deviance	LRT
Progênes	17108,73	17,55**	12030,29	69,66**	-2636,39	78,85**
Int. Prog. x Cortes	17172,84	81,66**	12002,26	41,63**	-2669,02	46,22**
Total	17091,18		11960,63		-2715,24	

MST: Produtividade da matéria seca total (Kg ha⁻¹); REB: Rebrotas (escala de notas); PB: Proteína bruta (%MS); DIV: Digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica (%); FDN: Fibra em detergente neutro (%MS); LIG: Lignina (%MS). ** Significativo ($p < 0,01$) pelo teste de χ^2 .

O foco do programa de seleção recorrente recíproca em *B. decumbens* da Embrapa Gado de Corte, nesta fase, é a seleção, de 20% das progênes superiores (15 genótipos sexuais que deram origem as melhores progênes) para futura recombinação e comparar potenciais ganhos em função das intensidades de seleção mais elevadas de 10, 5 e 1%. Desta forma, baseando-se na seleção de cada variável mediante o BLUP da análise conjunta, observa-se na Tabela 3, que é possível obter diferentes percentuais de ganhos em função do tipo de variável selecionada.

Tabela 3. Ganhos de seleção por característica em relação à média geral da população (GS) e em relação à *Brachiaria decumbens* cv. Basilisk (GRB), considerando as intensidades de seleção de 20, 10, 5 e 1% e utilizando o BLUP predito das 75 progênies de *B. decumbens*.

Índice Seleção	Ganhos de Seleção Progenies					
	MST	REB	PB	DIV	FDN	LIG
GS 20%	31,55	7,32	4,62	1,82	2,63	11,47
GS 10%	34,56	9,09	5,03	2,00	2,92	12,36
GS 5%	36,34	10,49	5,28	2,13	3,13	12,75
GS 1%	37,51	12,34	5,43	2,37	3,40	12,99
GRB 20%	15,15	29,31	4,03	-0,54	2,97	9,68
GRB 10%	17,78	31,44	4,44	-0,37	3,26	10,56
GRB 5%	19,34	33,13	4,69	-0,23	3,47	10,94
GRB 1%	20,36	35,36	4,84	0,00	3,74	11,18
Média Basilisk	2201,20	2,81	14,15	72,28	67,35	2,55
Média Geral	1926,71	3,39	14,07	70,61	67,58	2,51

MST: Produtividade da matéria seca total (Kg ha⁻¹); REB: Rebrotas (escala de notas); PB: Proteína bruta (%MS); DIV: Digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica (%); FDN: Fibra em detergente neutro (%MS); LIG: Lignina (%MS).

Observa-se que todas as variáveis apresentaram ganhos em relação à média das progênies sendo que, como era de se esperar, esses ganhos foram mais expressivos com o aumento da intensidade de seleção. Os ganhos na variável agrônômica MST foram mais expressivos, variando de 31,55% para 20% de intensidade a 37,51% para 1% de intensidade de seleção. Em relação a variável nutricional DIV, os ganhos foram menos expressivos, variando de 1,82 a 2,37% nas mesmas intensidades mencionadas acima (Tabela 3). Vale ressaltar que mesmo pequenos ganhos em digestibilidade podem significar ganhos significativos em termos de desempenho animal na pastagem.

O ganho de seleção para a característica agrônômica MST foi bastante expressivo, pois esta apresentou maior coeficiente de variação genética o que facilita a prática de seleção (CRUZ; CARNEIRO, 2006). Por outro lado, variáveis agrônômicas baseadas em notas como REB são mais sujeitas a erros sistemáticos pelo fato de reduzir o número de classes possíveis, além de serem menos variáveis que os caracteres quantitativos de pastagem de produção de biomassa (CUSTÓDIO; BARBIN, 2005).

Ao comparar os BLUPs das progênies selecionadas com a cv. Basilisk (GRB) verifica-se uma resposta diferente com a da média da população (GS). Para a MST, o GRB foi menor em relação ao GS, 31,55 e 15,15%, respectivamente, para intensidade de seleção de 20%. Porém, um aumento de 7% para 29% na mesma intensidade de seleção para a característica agrônômica REB foi observada comparando o GS com o GRB. Esses resultados mostram que, agronomicamente, a Basilisk possui uma melhor produção de MST em relação à média das progênies avaliadas, contudo, apresenta comparativamente uma menor REB.

Ainda dentro das comparações entre os GS com GRB da Tabela 3, observa-se que para as variáveis nutricionais PB, FDN e LIG não houve grande diferença entre GS e GRB, indicando que o valor do BLUP da Basilisk se aproxima do BLUP médio das progênies. Contudo, para a variável DIV, a seleção provocaria uma redução da digestibilidade existente em relação a principal cultivar comercial da espécie (Basilisk), como pode ser observado pelas estimativas negativas do GRB. Desta forma, deve-se trabalhar para aumentar o desempenho dessa característica na população, uma vez que normalmente são registrados valores baixos a médios para a espécie no período da seca (SANTOS et al., 2004).

Apesar das estimativas de GRB terem apresentado menor magnitude em relação às características agrônômicas, espera-se que ao selecionar genótipos com alelos superiores para essas características e com a recombinação destes dentro do esquema de SRR, a frequência desses alelos aumentem na população (BORÉM; MIRANDA, 2013). Na Tabela 4 são apresentados os ganhos para a intensidade de seleção de 20% considerando os diferentes índices de seleção adotados. Observam-se diferentes GRB entre os índices, em que os maiores ganhos estão relacionados às variáveis agrônômicas que também obtiveram, separadamente, as maiores estimativas de GRB em relação às características nutricionais (Tabela 3). Esses índices podem proporcionar ganhos multivariados ao levar em conta vários caracteres de importância econômica (CRUZ; CARNEIRO, 2006).

Tabela 4. Valor do índice (VI) das progênes selecionadas considerando uma intensidade de seleção de 20%, (VI) para a *Brachiaria decumbens* cv. Basilisk e ganho de seleção (GRB) em relação a cultivar comercial referida.

Ganho de Seleção - Matrizes												
Índice	Ind1	Ind2	Ind3	Ind4	Ind5	Ind6	Ind7	Ind8	Ind9	Ind10	Ind11	Ind12
	Conjunta											
VI	31.1	48.5	42.4	40.3	34.6	24.0	45.2	27.5	46.8	45.4	42.4	39.0
Basilisk	30.4	47.9	41.7	39.8	34.0	23.1	44.8	26.7	46.4	44.9	42.0	38.5
GRB (%)	2.29	1.12	1.77	1.13	1.77	3.89	0.88	2.98	0.99	0.95	0.99	1.39

Ind: Índices de seleção adotado segundo a Tabela 1 para as variáveis MST: Produtividade da matéria seca total (Kg ha⁻¹); REB: Rebrotas (escala de notas); PB: Proteína bruta (%MS); DIV: Digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica (%); FDN: Fibra em detergente neutro (%MS); LIG: Lignina (%MS).

Os índices 1, 6 e 8 apresentaram maiores GRB, justamente por considerarem maiores pesos para as características agrônomicas 60, 80 e 70% respectivamente. Esse comportamento também foi observado em um índice com 70% de valorização das características agrônomicas para a seleção de progênes em *B. humidicola* (FIGUEIREDO; NUNES; VALLE, 2012). Este fato pode estar associado a maior variabilidade genética observada geralmente nas características agrônomicas como também observado nos gênero *Paspalum* (PEREIRA et al., 2012), *Arachis* (MENEZES et al., 2012), *Panicum maximum* (BRAZ et al., 2013) e *B. humidicola* (FIGUEIREDO et al. 2012).

O índice 4, que considera pesos iguais para todas as características, apresentou um GRB superior aos que ponderam mais as variáveis nutricionais, Ind2, Ind7, Ind9, Ind10 e Ind11. Desta forma, a adoção de pesos iguais entre todas as variáveis, pode ser uma escolha interessante para o programa, visto que é mais simples, direto e menos subjetivo e não privilegia apenas um grupo de variáveis (RESENDE; OLIVEIRA; HIGA, 1990). O índice 2 pode ser uma alternativa, pois obteve GRB semelhante ao 4, porém valoriza o aumento da PB e da DIV, que são características que também precisam ser melhoradas na espécie (SANTOS et al., 2004).

Para averiguar as coincidências de seleção entre os índices (Tabela 4), foi feito o ranqueamento das progênes superiores, considerando uma intensidade de seleção de 20% (15 genótipos sexuais correspondentes), representado na Tabela 5.

Tabela 5. Ranqueamento (Ordem) dos genótipos sexuais que deram origem as progênes selecionadas, considerando uma intensidade de seleção de 20%, de um total de 75 progênes de *Brachiaria decumbens*.

Ordem	Genitores Selecionadas											
	Ind1	Ind2	Ind3	Ind4	Ind5	Ind6	Ind7	Ind8	Ind9	Ind10	Ind11	Ind12
1	T019	T036	T004	T019	T019	T019	R134	T019	R134	T036	T036	S018
2	R134	S018	R134	R134	R134	Y021	T026	R134	T019	S018	S018	R033
3	S018	R006	B003	T036	S018	T005	T019	S018	T036	R033	T019	T036
4	R033	T072	R019	S018	T036	R033	T036	Y021	T026	T019	R134	Y021
5	Y021	R033	T026	T026	R033	R134	B003	R033	B003	R006	T026	T019
6	T036	T012	A017	B003	B003	S018	S018	T005	S018	T068	R033	T072
7	T005	B006	A029	B007	T030	R019	B007	R019	B007	T072	B003	R006
8	T030	T068	R043	T030	T026	T030	R014	T030	R014	X006	R014	R014
9	R019	X006	T030	R033	R019	T036	T004	T036	T030	R014	B007	S014
10	B003	R091	B002	R014	Y021	T054	R006	B003	R033	T033	R006	T033
11	T026	T033	T019	R019	B007	B013	B012	T054	R019	T012	T030	X006
12	T054	R070	B007	T054	T005	B017	T030	T026	R006	Y021	Y021	T068
13	B007	S014	A016	A017	T054	B003	T068	B017	T004	T026	T068	B017
14	B017	R069	R065	B028	R014	B007	X072	B007	A017	R134	X006	R134
15	R014	T019	A039	Y021	R043	R043	T012	B013	T054	B007	T054	T054

Ind: Índices de seleção adotando segundo a Tabela 1 para as variáveis MST: Produtividade da matéria seca total (Kg ha⁻¹); REB: Rebrotas (escala de notas); PB: Proteína bruta (%MS); DIV: Digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica (%); FDN: Fibra em detergente neutro (%MS); LIG: Lignina (%MS).

De uma forma geral, os genótipos que mais se destacaram por serem selecionados praticamente em todos os índices foram o T019, T036, R134, S018 e R033. Estes genótipos sexuais originaram as progênes mais estáveis e adaptados às condições avaliadas em Campo Grande - MS, apresentando assim grande potencial agrônomo e nutricional para serem utilizados na seleção recorrente e/ou empregados em novos cruzamentos com outros genótipos apomíticos tetraploides. Por outro lado, alguns genótipos foram selecionados apenas em um índice como B006, R091, R070 e R069 para o índice 2, B028 para o 4 e os genótipos B012 e X072 para o índice 7. Os demais genótipos foram selecionados por dois ou mais índices diferentes.

Interessante notar que embora os índices 2 e 10 valorizem PB e DIV, com 60 e 50% dos pesos, respectivamente, muitos genótipos selecionados diferiram entre eles, mostrando que os 10% distribuídos entre as outras variáveis foram suficiente para mudar o ordenamento, cabendo ao melhorista decidir o ideal para o programa.

Ainda dentro desse parâmetro, observa-se que embora o GRB do índice 2 seja parecido com o 4 (Tabela 4), a escolha entre eles deve ser cautelosa, pois selecionam genótipos com padrões diferentes (Tabela 5). Deve-se mencionar que em um esquema de seleção recorrente recíproca, pelo menos de 15 a 20 genótipos sexuais devem ser recombinados para a formação de um novo ciclo seletivo (MILES, 2007). Adicionalmente, os genótipos sexuais selecionados nessa fase podem ser utilizados em cruzamentos com outros genótipos apomíticos elites de *B. brizantha*, por exemplo.

Para auxiliar na seleção das progênes superiores e avaliação de variabilidade, uma outra abordagem para auxiliar a seleção pode ser o uso da análise multivariada de componentes principais, como já relatado em várias culturas, como o feijoeiro (RODRIGUES et al., 2002) e cana de açúcar (LOPES et al., 2014). Essa análise permite representar graficamente as relações existentes entre as variáveis e o padrão geral do desempenho dos genótipos para essas variáveis (MANLY; CARMONA, 2008).

A tabela 6 representa a influência de cada variável na composição dos componentes principais CP1 e CP2. Observa-se que o CP1 é constituído principalmente pelas variáveis MST, REB, FDN e LIG, pois apresentaram os maiores valores, enquanto que o CP2 as variáveis DIV e PB são as principais responsáveis para explicar a variação observada neste componente principal. Desta forma, pode-se definir o CP1 como potencial agrônômico e o CP2 como potencial nutricional.

Tabela 6. Importâncias de cada variável para a determinação dos componentes principais CP1 e CP2 da análise multivariada de 75 progênes de *Brachiaria decumbens*.

Variáveis	CP 1	CP 2
MST	-0,796985	0,352680
REB	-0,683830	-0,018674
PB	-0,244130	-0,915236
DIV	-0,433516	-0,861370
FDN	-0,897337	-0,054157
LIG	-0,809049	0,466154

MST: Produtividade da matéria seca total (Kg ha^{-1}); REB: Rebrotas (escala de notas); PB: Proteína bruta (%MS); DIV: Digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica (%); FDN: Fibra em detergente neutro (%MS); LIG: Lignina (%MS)

seleção dos genótipos T019, T005, S003, R134, Y021, T054, X072, T030, T036, R019, B003, A018, A017, B017, S032, S018 e X006 (Figura 1) que apresentaram simultaneamente maior potencial agrônomico e nutricional. Este resultado é muito semelhante aos outros índices, principalmente aos índices 4 e 5, que consideram pesos semelhantes para todas as variáveis e entre grupos de variáveis, respectivamente (Tabela 4).

Assim, a seleção de genótipos superiores em uma população deverá seguir um ideótipo de interesse para o programa (BORÉM; MIRANDA, 2013), em que as informações de variáveis agrônomicas e de valor nutritivo devem ser consideradas simultaneamente (RESENDE; VALLE; JANK, 2008). O comportamento dos genótipos sexuais, baseado no desempenho de suas progênies, pode ser visualizado no gráfico BIPLLOT, sendo que a identificação dos genótipos sexuais superiores foi bastante coincidente com os genótipos selecionados por meio de índices de seleção. A visualização gráfica em BIPLLOT permitiu também a identificação, de forma rápida, de genótipos que aliam desempenho agrônomico e valor nutritivo.

Conclusão

Variáveis agrônomicas apresentam ganhos de seleção mais expressivos quando comparados com as de valor nutritivo, impactando mais acentuadamente os índices de seleção. A atribuição de diferentes pesos dentro das características agrônomicas ou nutricionais não afeta drasticamente o ranqueamento das progênies, podendo-se utilizar pesos iguais para cada grupo de características. Nessas condições, os ganhos serão mais expressivos nas variáveis agrônomicas, sem, contudo prejudicar o progresso nas de valor nutritivo.

Os índices de seleção não variaram tanto quanto ao ganho genético em relação a cultivar Basilisk. Os genótipos T019, T036, R134, S018, R033 e B003 se mostraram superiores pelos índices e também pela análise de componentes principais.

A identificação visual de genótipos superiores utilizando gráficos BIPLLOT, obtidos por meio de componentes principais, fornece uma distribuição dos genótipos em função das variáveis agronômicas e nutricionais e auxilia na escolha de genótipos que aliem bom desempenho agronômico e valor nutritivo.

Referências

- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. Viçosa, MG: UFV, 2013. 523 p.
- BRAZ, T. G. D. S.; FONSECA, D. M. D.; JANK, L.; RESENDE, M. D. V. D.; MARTUSCELLO, J. A.; SIMEÃO, R. M. Genetic parameters of agronomic characters in *Panicum maximum* hybrids. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 42, n. 4, p. 231-237, 2013.
- BUENO, L. D. S.; MENDES, A. N. G.; CARVALHO, S. P. D. **Melhoramento de plantas: princípios e procedimentos**. 2. ed. Lavras: UFLA, 2006. 319 p.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. Viçosa: UFV, 2006. 514 p.
- CUSTÓDIO, T. N.; BARBIN, D. Comparação de modelos mistos visando à estimação do coeficiente de herdabilidade para dados de proporções. **Rev. Mat. Estat.**, v. 23, n. 2, p. 23-31, 2005.
- FIGUEIREDO, U. J. D.; NUNES, J. A. R.; VALLE, C. B. D. Estimation of genetic parameters and selection of *Brachiaria humidicola* progenies using a selection index. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 12, n. 4, p. 237-244, 2012.
- KAISER, H. F. The varimax criterion for analytic rotation in factor analysis. **Psychometrika**, v. 23, n. 3, p. 187-200, 1958.
- KARIA, C. T.; DUARTE, J. B.; ARAÚJO, A. D. **Desenvolvimento de cultivares do gênero *Brachiaria* (trin.) Griseb. no Brasil**. Embrapa Cerrados, 2006. 56 p. (Embrapa Cerrados. Documentos, 163)
- LOPES, V. R.; BESPALHOK FILHO, J. C.; DAROS, E.; OLIVEIRA, R. A.; GUERRA, E. P. Divergência genética entre clones de cana-de-açúcar usando análise multivariada associada a modelos mistos. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 35, n. 1, p. 125-134, 2014.
- MANLY, B. J.; CARMONA, S. I. C. **Métodos estatísticos multivariados: uma introdução**. Bookman, 2008. 230 p.

MARTEN, G. C.; SHENK, J. S.; BARTON II, F. E. **Near infrared reflectance spectroscopy (NIRS), analysis quality**. Washington: USDA, 1985. P. 110.

MENDONÇA, S. A.; BARRIOS, S. C.; FIGUEIREDO, U. J.; ALVES, G. F.; DO VALLE, C. B. Agronomic and nutritional evaluation of intraspecific crosses in *Brachiaria decumbens*. **Tropical Grasslands-Forrajes Tropicales**, v. 1, n. 1, p. 103-105, 2013.

MENEZES, A. P. M.; ASSIS, G. M. L. D.; MATAVELI, M.; SILVA, H. S. F. D.; AZEVEDO, J. M. A. D.; MENDONÇA, M. S. D. Genetic divergence between genotypes of forage peanut in relation to agronomic and chemical traits. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 41, n. 7, p. 1608-1617, 2012.

MILES, J. W. Apomixis for cultivar development in tropical forage grasses. **Crop Science**, v. 47, n. 3, p. 238-249, 2007.

PEREIRA, E. A.; BARROS, T.; VOLKMANN, G. K.; BATTISTI, G. K.; DA SILVA, J. A. G.; SIMIONI, C.; DALL'AGNOL, M. Variabilidade genética de caracteres forrageiros em *Paspalum*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 47, n. 10, p. 1533-1540, 2012.

RESENDE, M. D.; OLIVEIRA, E. D.; HIGA, A. **Utilização de índices de seleção no melhoramento de eucalipto**. Colombo: Embrapa Florestas, 1990. 13 p. (Boletim de Pesquisa Florestal)

RESENDE, M. D. V. **SELEGEN-REML/BLUP**: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 360 p.

RESENDE, M. D. V. **SELEGEN-REML/BLUP**: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos. Colombo: Embrapa Florestas, 2014. 17 p.

RESENDE, R. M. S.; VALLE, C. B.; JANK, L. **Melhoramento de forrageiras tropicais**. 1. ed. Campo Grande: Embrapa Gado de Corte, 2008. 293 p.

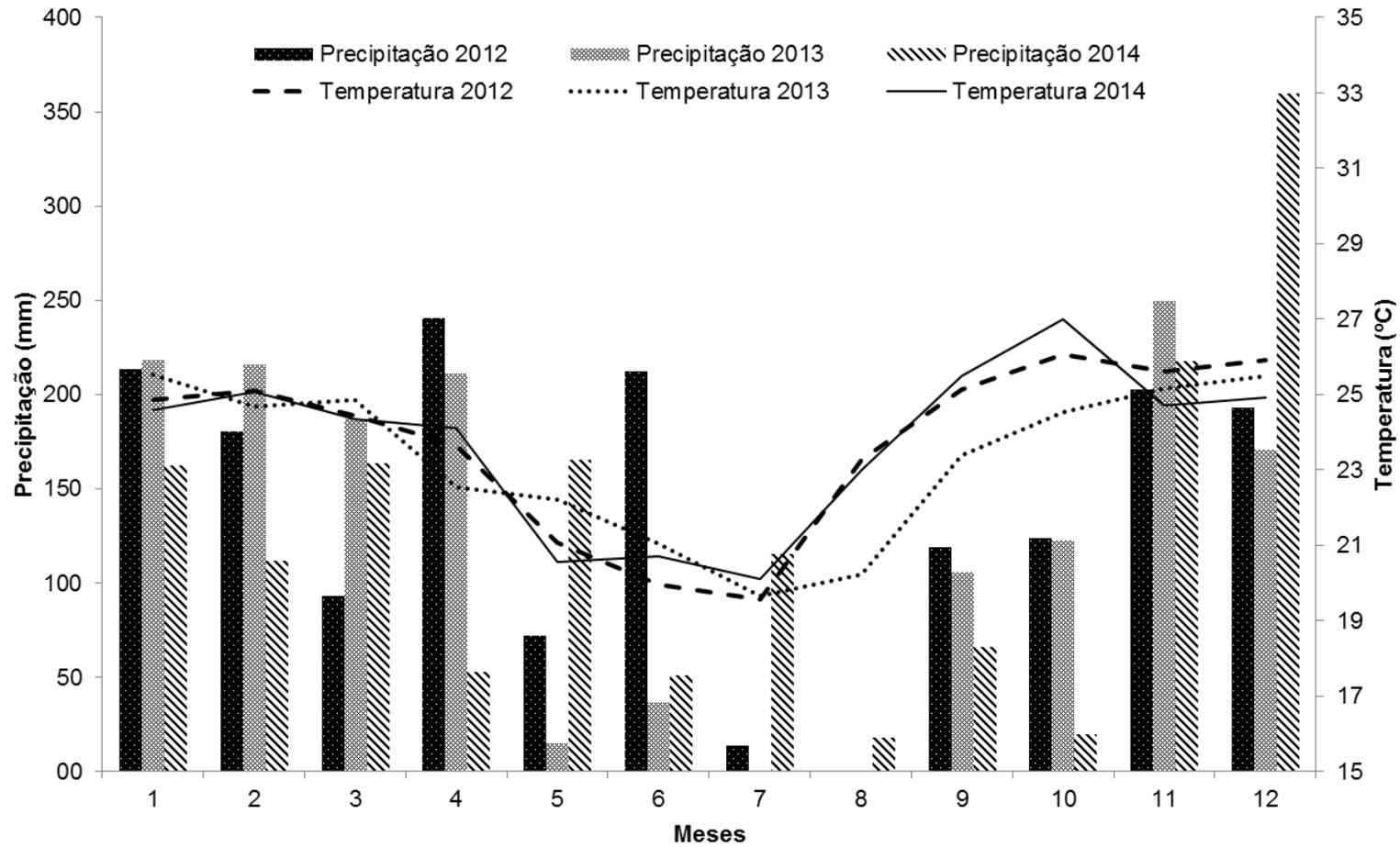
RODRIGUES, L. S.; ANTUNES, I. F.; TEIXEIRA, M. G.; SILVA, J. D. Divergência genética entre cultivares locais e cultivares melhoradas de feijão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 37, n. 2, p. 1285-1294, 2002.

SANTOS, E. D. G.; PAULINO, M. F.; QUEIROZ, D. S.; VALADARES FILHO, S.; FONSECA, D.; LANA, R. Avaliação de pastagem diferida de *Brachiaria decumbens* Stapf.: 1. Características químico-bromatológicas da forragem durante a seca. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 33, n. 1, p. 203-213, 2004.

STATSOFT, Inc. **STATISTICA** (data analysis software system), version 7, 2014. Disponível em: <www.statsoft.com>.

APÊNDICES

Apêndice A - Médias mensais de temperatura (°C) e precipitação (mm) da área experimental na Embrapa Gado de Corte em Campo Grande/MS, coletadas nos anos de 2012, 2013 e 2014.



Apêndice B – Análise de solo da área experimental na Embrapa Gado de Corte em Campo Grande/MS, coletadas no ano de 2012.

pH (CaCl ₂)	pH (Água)	P (mg/dm ³)	MO (g/dm ³)	cmol/ dm ³								
				K	Ca	Mg	Ca+Mg	Al	H	Al+H	S	T
4,97	5,57	7,63	37,95	0,17	7,00	2,70	9,70	0,00	6,72	6,72	9,87	16,59

V%	Relações				Saturação (%)					S (mg/dm ³)
	Ca/Mg	Ca+Mg/K	Ca/K	Mg/K	Ca	Mg	K	m	H	
59,49	2,59	57,06	41,18	15,88	42,19	16,27	1,02	0,00	40,51	13,77