

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA - UNESP
CÂMPUS DE JABOTICABAL

SELEÇÃO DE HÍBRIDOS DE *Megathyrsus maximus*
(*Panicum maximum*)

Jussara Barros Silva
Zootecnista

2023

**T
E
S
E**

/

**S
I
L
V
A**

**J.
B.**

**2
0
2
3**

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA - UNESP
CÂMPUS DE JABOTICABAL

SELEÇÃO DE HÍBRIDOS DE *Megathyrsus maximus*
(*Panicum maximum*)

Jussara Barros Silva

Orientador: Prof. Dr. Gustavo Vitti Môro

Coorientador: Dr. Mateus Figueiredo Santos

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

2023

S586s

Silva, Jussara Barros

Seleção de híbridos de *Megathyrsus maximus* (*Panicum maximum*)

/ Jussara Barros Silva. -- Jaboticabal, 2024

76 p. : tabs.

Tese (doutorado) - Universidade Estadual Paulista (Unesp),
Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal

Orientador: Gustavo Vitti Môro

Coorientador: Mateus Figueiredo Santos

1. Forrageiras tropicais. 2. Melhoramento genético. 3. Seleção. 4.
Híbridos. I. Título.

Sistema de geração automática de fichas catalográficas da Unesp. Biblioteca da Faculdade de
Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal. Dados fornecidos pelo autor(a).

Essa ficha não pode ser modificada.

CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

TÍTULO DA TESE: SELEÇÃO DE HÍBRIDOS DE *Megathyrus maximus* (*Panicum maximum*)

AUTORA: JUSSARA BARROS SILVA

ORIENTADOR: GUSTAVO VITTI MÔRO

COORIENTADOR: MATEUS FIGUEIREDO SANTOS

Aprovada como parte das exigências para obtenção do Título de Doutora em Agronomia (Genética e Melhoramento de Plantas), pela Comissão Examinadora:

Documento assinado digitalmente
 **GUSTAVO VITTI MÔRO**
Data: 07/11/2023 15:01:13-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Prof. Dr. GUSTAVO VITTI MÔRO (Participação Virtual)
Departamento de Ciências da Produção Agrícola / FCAV UNESP Jaboticabal

Documento assinado digitalmente
 **LIANA JANK**
Data: 16/11/2023 10:38:10-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Dra. LIANA JANK (Participação Virtual)
Departamento de Pesquisa Vegetal / Embrapa Gado de Corte - Campo Grande/MS

Prof. Dr. RINALDO CESAR DE PAULA (Participação Virtual)
Ciências da Produção Agrícola / FCAV UNESP Jaboticabal

Documento assinado digitalmente
 **RINALDO CESAR DE PAULA**
Data: 07/11/2023 15:32:58-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Dr. SANZIO CARVALHO LIMA BARRIOS (Participação Virtual)
Departamento de Pesquisa Vegetal / Embrapa Gado de Corte - Campo Grande/MS

Documento assinado digitalmente
 **SANZIO CARVALHO LIMA BARRIOS**
Data: 16/11/2023 17:07:11-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Profa. Dra. SANDRA HELENA UNÊDA TREVISOLI (Participação Virtual)
Departamento de Ciências da Produção Agrícola / FCAV UNESP Jaboticabal

Documento assinado digitalmente
 **SANDRA HELENA UNEDA TREVISOLI**
Data: 09/11/2023 11:41:56-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Jaboticabal, 07 de novembro de 2023

Impacto potencial

A identificação de cultivares de forrageiras superiores às existentes, que associem alta produtividade com alto valor nutritivo irá contribuir o desenvolvimento e intensificação da pecuária brasileira, além de diversificar as áreas de pastagens, aumentando a eficiência e reduzindo a vulnerabilidade do sistema de produção.

Potential impact

The identification of forage cultivars superior to existing ones, which combine high productivity with high nutritional value, will contribute to the development and intensification of Brazilian livestock farming, in addition to diversifying pasture areas, increasing efficiency and reducing the vulnerability of the production system.

DADOS CURRICULARES DO AUTOR

Jussara Barros Silva nasceu em Pirapora-MG, no dia 07 de fevereiro de 1985. Graduiu-se em Zootecnia no ano de 2007, pela Universidade Estadual de Montes Claros - Unimontes; concluiu o curso de Pós-Graduação *Strito Sensu* em nível de Mestrado (Produção Animal) em 2010, pela mesma universidade. Ingressou em 2019 no Programa *Strito Sensu* de Pós-Graduação em Agronomia (Genética e Melhoramento de Plantas), nível Doutorado, da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias da Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” (UNESP/FCAV), Câmpus de Jaboticabal, desenvolvendo sua pesquisa na área de concentração de Melhoramento Genético de Forrageiras Tropicais em parceria com a Embrapa Gado de Corte – CNPGC. Atualmente é professora efetiva do Ensino Básico Técnico e Tecnológico do Instituto Federal do Norte de Minas Gerais - IFNMG, câmpus Januária – MG, na área de Zootecnia, desde 2010. Atua nos cursos Técnico em Agropecuária e Bacharelado em Agronomia.

Dedico

À minha filha Maria Júlia.

AGRADECIMENTOS

A Deus, por ser meu suporte, pela sua proteção e orientação durante toda minha vida, me proporcionado capacidade de buscar novos objetivos.

Aos meus pais, Antonio e Terezinha, pelo amor incondicional e por terem garantido a oportunidade de realizar esse sonho.

Ao meu irmão Antonio Marlon, pelo companheirismo, amizade e amor, sempre com uma palavra ponderada.

Ao meu namorado Felipe Ferreira, pelo apoio, incentivo e companheirismo, sempre disposto a me ajudar.

Ao meu orientador Prof. Dr. Gustavo Vitti Môro, pela oportunidade de realização deste trabalho sob sua orientação, por conduzir essa orientação de maneira competente e compreensiva e pelos ensinamentos que muito contribuíram para meu crescimento pessoal e profissional.

Ao meu coorientador Dr. Mateus Figueiredo Santos, pela oportunidade de trabalhar com melhoramento de forrageiras na Embrapa Gado de Corte e toda orientação no desenvolvimento desta pesquisa.

À Dra. Liana Jank, por ser uma inspiração profissional, exemplo de dedicação em suas pesquisas, competência e humildade.

Ao Silvano Calixto pela acolhida, por sempre estar disponível durante toda a condução desta pesquisa, pelo excelente trabalho realizado na Embrapa Gado de Corte, exemplo de profissionalismo, dedicação e pela sua alegria e animação que tornaram os dias mais descontraídos.

Aos membros da banca examinadora pelas contribuições tão pertinentes para melhoria deste trabalho.

À Universidade Estadual Paulista – UNESP, pela oportunidade do conhecimento científico e possibilitar a realização deste estudo.

À Embrapa Gado de Corte – CNPGC/Embrapa pela oportunidade de desenvolver este trabalho.

À Associação para o Fomento à Pesquisa de Melhoramento de Forrageiras Tropicais – Unipasto, pelo apoio financeiro na condução desta pesquisa.

Ao Instituto Federal do Norte de Minas Gerais – IFNMG pelo apoio e por possibilitar a realização desse sonho.

Ao colega Gabriel Ragalzi pelo convívio agradável, amizade e ajuda durante todo o trabalho de campo e laboratório.

Às minhas colegas Lucélia Santos, Marina Vitória, Maisa Carvalho e Celina Ragalzi pela amizade, ajuda e por estarem sempre presentes nessa jornada.

SUMÁRIO

RESUMO	iii
ABSTRACT	iv
CAPÍTULO 1 – Considerações Gerais	1
1.INTRODUÇÃO	1
2.REVISÃO DE LITERATURA	3
2.1. <i>Megathyrsus maximus (Panicum maximum)</i>	3
2.2.Melhoramento genético de <i>Megathyrsus maximus</i>	5
2.3.Caracteres produtivos e nutricionais	8
2.4.Parâmetros genéticos.....	10
2.5.Índice de seleção.....	13
2.6. Análise de componentes principais	16
3.REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	18
CAPÍTULO 2 – Estimativa de parâmetros genéticos e uso de índice visando seleção de híbridos de <i>Megathyrsus maximus</i>	26
RESUMO.....	26
ABSTRACT	27
1. INTRODUÇÃO	27
2. MATERIAL E MÉTODOS	29
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	34
4. CONCLUSÃO.....	46
5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	46
CAPÍTULO 3 – Utilização de componentes principais visando seleção de híbridos de <i>Megathyrsus maximus</i>	50
RESUMO.....	50

ABSTRACT	50
1. INTRODUÇÃO	51
2. MATERIAL E MÉTODOS	52
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO	56
4. CONCLUSÃO	63
5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	63

SELEÇÃO DE HÍBRIDOS DE *Megathyrsus maximus* (*Panicum maximum*)

RESUMO - A intensificação da produção animal à pasto demanda continuamente o desenvolvimento de novas forrageiras. Na geração de cultivares superiores o conhecimento do controle genético dos caracteres de interesse e de estimativas de parâmetros genéticos é fundamental para estabelecer estratégias eficientes de condução de um programa de melhoramento. Além disso, várias estratégias têm sido adotadas visando aprimorar o processo de melhoramento, como o uso de índices e o emprego das análises de componentes principais (ACP), que possibilitam uma discriminação e seleção adequada dos genótipos baseada em um conjunto de caracteres simultaneamente considerando o menor número de variáveis possível. Assim, objetivou-se selecionar híbridos de *Megathyrsus maximus* (*Panicum maximum*) usando índice aditivo e componentes principais para caracteres produtivos e de valor nutricional durante os períodos das águas e seca. Foram avaliados 170 híbridos sob três cortes, sendo dois no período das águas e um corte no período da seca. Os caracteres avaliados foram: produção de matéria verde total (PMVT); produção de matéria seca total (PMST); produção de matéria seca foliar (PMSF); porcentagem de folhas (% F); proteína bruta (PB); digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica (DIVMO); fibra em detergente neutro (FDN) e lignina (LIG). As análises estatísticas foram realizadas utilizando a metodologia de modelos mistos. Observou-se variabilidade genética para todas as variáveis, tanto no período das águas quanto na seca, o que associado a estimativas de média a alta herdabilidade indicaram a possibilidade de ganhos com a seleção para os caracteres de interesse. Os caracteres PMVT e PMST foram positivamente correlacionados com PMSF, sendo, portanto, úteis para seleção indireta visando aumento da PMSF. Os constituintes fibrosos FDN e LIG relacionaram-se negativamente com o valor nutritivo. Assim, a seleção de genótipos com menores teores de FDN e LIG resultará em ganhos em proteína e digestibilidade. O uso de índice de seleção possibilitou ganhos simultâneos para os caracteres agrônômicos e nutricionais. Baseado no ordenamento dos híbridos foi possível selecionar os híbridos 82, 98, 22, 115, 3, 160, 20, 44, 111, 142, 145, 127, 94, 78 e 140, pois esses apresentaram desempenho produtivo e nutricional satisfatório para o período das águas e seca. A ACP se mostrou efetiva para identificar as variáveis DIVMO, PMVT, PMST e LIG como as de maior importância nesse estudo, e as variáveis PMSF, % F, PB e FDN que apresentaram baixa variabilidade ou foram redundantes por estarem correlacionadas com as de maior importância, sendo passíveis de descarte durante as avaliações. A ACP permitiu ainda, a identificação visual e rápida de híbridos superiores para os caracteres agrônômicos e de valor nutricional simultaneamente. A partir das ACP foi possível selecionar os híbridos 38, 131, 160 e 22 que apresentaram potencial produtivo e nutricional tanto no período das águas quanto no período da seca, sendo indicados para as próximas etapas do programa de melhoramento.

Palavras-chave: índice de seleção, melhoramento de forrageiras, parâmetros genéticos, produção de matéria seca, valor nutricional, variabilidade

SELECTION OF HYBRIDS OF *Megathyrsus maximus* (*Panicum maximum*)

ABSTRACT- The intensification of animal production on pasture continuously demands the development of new forages. In the generation of superior cultivars, knowledge of the genetic control of the traits of interest and estimates of genetic parameters is essential to establish efficient strategies for conducting a breeding program. In addition, several strategies have been adopted to improve the breeding process, such as the use of indices and the use of principal component analysis, which enable discrimination and adequate selection of genotypes based on a set of traits, simultaneously considering the smallest number of possible variables. Thus, the objective was to select hybrids of *Megathyrsus maximus* (*Panicum maximum*) using additive index and principal components for agronomic and nutritional traits during rainy and dry season. 170 hybrids were evaluated under three cuts, two in the rainy season and one in the dry season. The evaluated traits were: total green matter yield (TGMY); total dry matter yield (TDMY); leaf dry matter yield (LDMY); percentage of leaves (% L); crude protein (CP); *in vitro* digestibility of organic matter (IVOMD); neutral detergent fiber (NDF) and lignin (LIG). Statistical analyzes were performed using the mixed model methodology. Genetic variability was observed for all variables, both in the rainy season and in the dry season, which, associated with estimates of medium to high heritability, indicated the possibility of gains with selection for the traits of interest. TGMY and TDMY traits were positively correlated with LDMY, therefore being useful for indirect selection to increase LDMY. Fibrous constituents NDF and LIG were negatively related to nutritional value. Thus, the selection of forages with lower levels of NDF and LIG will result in gains in protein and digestibility. The use of selection index allowed simultaneous gains for agronomic and nutritional traits. Based on the ordering of the hybrids, it was possible to select hybrids 82, 98, 22, 115, 3, 160, 20, 44, 111, 142, 145, 127, 94, 78 and 140, as these presented satisfactory agronomic and nutritional performance for the rainy and dry season. ACP (Principal Component Analysis) proved effective in identifying the traits IVOMD, TGMY, TDMY, and LIG as the most important ones in this study. On the other hand, traits LDMY, % L, CP, and NDF exhibited low variability or redundancy due to their correlation with the more important variables. These latter traits can be neglected during evaluations. The ACP also allowed the visual and rapid identification of superior hybrids for both agronomic and nutritional value traits simultaneously. Hybrids 38, 131, 160 and 22 showed productive and nutritional potential both in the rainy season and in the dry season, being indicated for the next stages of the breeding program.

Keywords: selection index, forage breeding, genetic parameters, dry matter yield, nutritional value, variability

CAPÍTULO 1 – Considerações Gerais

1. INTRODUÇÃO

O Brasil é um dos países de destaque na produção pecuária mundial, possui o maior rebanho bovino comercial, com 202,78 milhões de cabeças, além disso, é o primeiro exportador e o segundo produtor mundial de carne. Em 2022 o volume de carne produzido foi de 10,79 milhões de toneladas equivalente carcaça (TEC), sendo que desse total, 3,02 milhões TEC foram exportadas, enquanto 7,78 milhões TEC permaneceram no mercado interno (ABIEC, 2023). Esses altos índices da pecuária brasileira estão em parte relacionados à sua produção baseada na utilização de pastagens, o que garante uma grande vantagem competitiva no mercado internacional.

A atividade pecuária ocupa em torno de 153,79 milhões de hectares de pastagens (ABIEC, 2023). Apesar dessa extensa área, a exploração de forragem no Brasil é baseada principalmente em gramíneas do gênero *Brachiaria* (*Urochloa*) e *Panicum* (*Megathyrsus*) em sua maioria, *Cynodon* e *Pennisetum* ou algumas gramíneas temperadas em regiões do sul (Moraes et al., 2014), tornando o sistema de produção pouco diversificado e bastante vulnerável a pragas e doenças. Além disso, o pequeno número de cultivares disponíveis e sua baixa diversidade genética, que por serem apomíticos são clonais, representa grande risco para o sistema de produção (Valle et al., 2022), gerando uma grande demanda e urgência em obter e selecionar novos genótipos visando a diversificação das áreas de pastagens no Brasil.

A área de pastagem cultivada aumentou continuamente nos últimos anos. Entre 1970 e 2017, passou de 30 milhões de hectares para 110 milhões de hectares. Atualmente, a área de pastagem cultivada representa cerca de 70% da área total de pastagem do Brasil (Omote et al., 2021). A substituição de pastagens nativas por pastagens com cultivares melhoradas foi primordial para a intensificação da produção a pasto no Brasil, com aumento significativo da capacidade de suporte, taxa de lotação e produtividade animal. Com a introdução de forrageiras do continente africano e algumas melhorias no manejo das pastagens a taxa de lotação

média passou de 0,5 UA/ha no começo dos anos 70 para 1,02 UA/ha em 2022 (Wedekin et al., 2017; ABIEC, 2023).

Atualmente os sistemas de produção estão cada vez mais intensivos, demandando a utilização de forrageiras mais produtivas, de maior valor nutricional, eficientes na utilização dos insumos e adaptados aos diversos ecossistemas do país. Essa demanda tem impulsionado os programas de melhoramento genético a desenvolverem forrageiras que possuem essas características e que sejam superiores às existentes no mercado, contribuindo assim, para a intensificação da produção animal além de atender a necessidade de diversificar o uso de forrageiras nas pastagens, aumentando a eficiência e reduzindo a vulnerabilidade dos sistemas de produção.

Assim, os novos genótipos obtidos devem responder às demandas exigidas pela cadeia produtiva até o mercado consumidor, gerando produção mais eficiente, não apenas na capacidade produtiva da forrageira em si, mas, indiretamente, na proteína animal, que é o alvo da importância econômica para o homem, seja na forma de carne, leite, couro ou pele (Valle et al., 2008).

Em um programa de melhoramento de forrageiras, os principais caracteres de importância são de natureza quantitativa, assim, a seleção de genótipos com alto potencial para serem utilizadas no melhoramento depende do conhecimento do controle genético dos caracteres a serem melhorados. Essas informações são obtidas a partir da estimação de parâmetros genéticos e seus componentes da variância (Vencovsky, 1987), e permitem ao melhorista conhecer a variabilidade existente na população de estudo e o quanto da variabilidade é de natureza herdável, identificar o tipo de ação gênica que atua sobre os principais caracteres de interesse, orientar sobre o delineamento genético mais adequado a ser adotado e possibilita estimar os progressos esperados na seleção (Vencovsky, 1969).

Vários atributos são buscados pelos melhoristas de forrageiras, como alta produção de matéria seca, especialmente de folhas, boa capacidade de rebrota, o que permite mais ciclos de pastejo ao longo do ano, alto valor nutricional quanto aos teores de proteína, menor teor de fibra, resultando em alta digestibilidade, entre outros (Resende et al., 2008). Assim, a seleção baseada em um ou poucos caracteres se mostra inadequada, visto que, na maioria das vezes, não resulta na

obtenção de genótipos superiores para vários caracteres devido a existência de correlações indesejáveis entre esses. Nesses casos, uma estratégia utilizada pelos melhoristas para obtenção de forrageiras que apresentam vários atributos é a utilização de índices de seleção. Segundo Cruz et al. (2014) o uso dos índices possibilita uma seleção simultânea de vários caracteres e, assim, a classificação adequada dos genótipos.

Além do uso de índices, as análises multivariadas, a exemplo das análises de componentes principais, podem ser adotadas para otimizar o processo de seleção. A técnica dos componentes principais além de possibilitar o estudo da diversidade genética de um grupo de genótipos, permite a seleção simultânea para vários caracteres e a avaliação da importância de cada caráter estudado sobre a variação total disponível entre os genótipos avaliados, possibilitando o descarte de caracteres que contribuem pouco para a discriminação desses, reduzindo, dessa forma, mão-de-obra, tempo e custo despendidos na experimentação agrícola (Cruz et al., 2020).

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. *Megathyrsus maximus* (*Panicum maximum*)

Megathyrsus maximus (Jacq.) B.K.Simon & S.W.L.Jacobs (sin. *Panicum maximum* Jacq.) pertence à família Poaceae, subfamília Panicoideae e tribo Paniceae. O gênero *Megathyrsus* é o maior da família Poaceae com cerca de 600 espécies (Zuloaga, 1987). Tem como centro de origem o leste da África, mais especificamente os países Quênia e Tanzânia (Combes e Pernès, 1970).

Apresenta número básico de cromossomos de $x = 8$, sendo que predominam nas populações naturais plantas tetraploides ($2n = 4x = 32$), seguidas de plantas diploides ($2n = 2x = 16$). Observou-se também uma pequena porcentagem de outros números cromossômicos, como triploides ($2n = 24$), pentaploides ($2n = 40$), hexaploides ($2n = 48$), entre outros (Combes, 1975; Bogdan, 1977).

O modo reprodutivo de *M. maximus* é assexuado e sexuado, sendo o modo assexuado por apomixia, um tipo de reprodução vegetativo via sementes (Warmke, 1954). A apomixia é resultante de uma combinação de uma aposporia (não

redução), seguida de uma partenogênese (não fecundação) em que a progênie é geneticamente idêntica a planta mãe (Savidan, 1982).

Nas populações naturais a apomixia ocorre no nível tetraploide, enquanto todas as plantas sexuais encontradas na natureza são diploides. Assim, para serem utilizadas em cruzamentos, as plantas sexuais tiveram seu número de cromossomos duplicados com colchicina (Savidan, 2000). Dessa forma, as plantas sexuais tetraploidizadas recebem o pólen das plantas apomíticas, permitindo a geração de variabilidade genética (Savidan, 1982). A herança da apomixia é determinada por um único gene dominante ou um grupo de genes muito próximos, em que, a progênie gerada, a partir de um cruzamento entre um genitor sexual feminino (aaaa) e um doador de pólen apomítico (Aaaa), segregue para o modo reprodutivo na razão de 1:1, ou seja, 50% de híbridos apomíticos e 50% sexuais (Savidan, 1982).

A apomixia apresenta grandes vantagens para o melhoramento de plantas forrageiras no que se refere à fixação de genótipos superiores, simplificação e redução dos custos de obtenção de sementes (Savidan et al., 1989), além de garantir a uniformidade das pastagens por meio da clonagem via sementes (Cruz et al., 1998).

Panicum maximum é uma forrageira perene, conhecida mundialmente por sua alta produção de biomassa, valor nutricional e adaptação a diferentes condições edafoclimáticas. Está entre as forrageiras tropicais mais produtivas propagadas por sementes e apresenta abundante produção de folhas longas, porte elevado e alta aceitabilidade por ruminantes e eqüídeos. São recomendadas principalmente para sistemas mais intensivos, com pastejo rotacionado e solos de média a alta fertilidade (Jank et al., 2022).

É uma das espécies de forrageiras mais plantadas no Brasil. Dados recentes sobre produção de sementes de forrageiras apontam que o Brasil produziu mais de 280 mil toneladas na safra 2018/2019, sendo que os capins *Urochloa brizantha* cv. Marandu e *Megathyrsus maximus* cv. Mombaça corresponderam a cerca de 70% da produção de sementes cultivadas no país. A cultivar Mombaça ocupa a segunda posição na comercialização de sementes, com aproximadamente 80.182 mil toneladas de sementes (Kist et al., 2019).

A cultivar BRS Quênia, lançada recentemente, é o segundo híbrido de *P. maximum* desenvolvido e lançado pela Embrapa Gado de Corte e vem se destacando como uma das forrageiras mais promissoras. É uma opção para solos de média a alta fertilidade, com produção média de 19 t ha⁻¹ de matéria seca total por ano e 14 t ha⁻¹ de matéria seca de folhas (Jank et al., 2001). Com base na média de cinco locais de avaliação dos ensaios regionais, a cultivar apresentou teor de proteína bruta de 11,8% e 10,6% no período das águas e da seca, respectivamente, sendo superior às cvs. Tanzânia-1 e Mombaça, e com menores valores de fibra detergente neutro (FDN) nas águas (75%) e na seca (72%) que essas cultivares (Jank et al., 2009). Considerando a digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica, a cv. BRS Quênia apresentou 65,3% e 63,6% nas águas e na seca, respectivamente, enquanto as cultivares Tanzânia-1 e Mombaça apresentaram valores menores que 60% (Jank et al., 2009).

2.2. Melhoramento genético de *Megathyrsus maximus*

O melhoramento de forrageiras tropicais é uma atividade recente no Brasil quando comparado a outras culturas como as graníferas, no entanto, já contribuiu de maneira expressiva para a intensificação da produção animal a pasto. Os programas de melhoramento visam atender a demanda do setor pecuário, que buscam obter forrageiras de maior produtividade e qualidade (biomassa e/ou sementes), adaptadas a estresses edáficos e climáticos, resistentes a pragas e doenças, eficientes no uso dos nutrientes e que resultem em maior produtividade animal, seja na forma de carne, leite ou outro produto de interesse econômico (Valle et al., 2008).

A base da pecuária brasileira durante muitos anos foi a utilização de pastagens nativas e gramíneas de origem africana introduzidas na época colonial como o capim-colonião (*Panicum maximum*), o capim-jaraguá (*Hyparrhenia rufa*) e o capim-gordura (*Melinis minutiflora*) (Mitidieri, 1988). No entanto, o uso dessas gramíneas resultava em baixos índices zootécnicos.

Com o início do desenvolvimento dos programas de melhoramento genético de forrageiras no Brasil, dentre eles, o de *M. maximus* e *Urochloa* (*Brachiaria*), houve avanços significativos no sistema de produção animal a pasto. O programa de

melhoramento na Embrapa Gado de Corte de *M. maximus* iniciou-se na década de 80, com a chegada de recursos genéticos forrageiros disponibilizados pela instituição francesa ORSTOM. A coleção continha 426 acessos apomíticos e 417 plantas sexuais, dando origem ao Banco Ativo de Germoplasma (BAG), sendo representativo da variabilidade natural da espécie. A partir da introdução desses acessos iniciou a exploração da variabilidade genética existente no BAG. Foram realizadas avaliações para caracterização morfológica e agrônômica, constatando ampla variabilidade genética disponível para o melhoramento de caracteres de interesse (Jank, 1995).

A avaliação e seleção de acessos apomíticos superiores, a partir da variabilidade natural existente no BAG, consistiu no principal método de obtenção de novas cultivares utilizado para forrageiras tropicais no Brasil. A partir dessas avaliações, foi possível o lançamento das cultivares: Tanzânia-1 (1990); Mombaça (1993); Massai (2001) e BRS Zuri (2014) (Jank et al., 2017).

A seleção a partir da variabilidade natural é um processo simples e rápido, no entanto, é finito, visto que explora somente a variabilidade genética disponível em acessos coletados na natureza. Dessa forma, o melhoramento de forrageiras via recombinação genética torna-se a melhor opção para geração de novas cultivares, contribuindo para um melhoramento eficiente e de longo prazo (Valle et al., 2009).

Atualmente, o desenvolvimento de cultivares melhoradas de *M. maximus*, envolve a obtenção de híbridos intraespecíficos, a partir do cruzamento de plantas sexuais e apomíticas, ambas no nível tetraplóide. Essa tem sido a estratégia para obter novos genótipos e aumentar a oferta de cultivares no mercado dessa forrageira, contribuindo, segundo Jank et al. (2014), para a minimização da necessidade de abertura de novas áreas de cultivo e diversificação das áreas de pastagens, reduzindo a vulnerabilidade dos sistemas de produção.

O cruzamento de plantas apomíticas e sexuais permitiu a intensificação do programa de melhoramento de *P. maximum* nas últimas décadas e a partir de 2012, a Embrapa Gado de Corte adotou o uso da seleção recorrente intrapopulacional (SRI), com o objetivo de melhorar a média *per se* da população sexual e gerar novos híbridos sexuais para serem utilizados como genitores em cruzamentos com híbridos apomíticos (Ematné, 2016).

A estratégia da SRI consiste em melhorar a população sexual por ciclos de seleção recorrente e utilização das plantas sexuais superiores para hibridização com acessos ou híbridos apomíticos superiores. Na geração obtida entre plantas sexuais e apomíticas resulta em uma descendência com metade dos indivíduos apomíticos e a outra metade sexual, em que as plantas apomíticas selecionadas continuarão nas próximas etapas de seleção de novas cultivares e as plantas sexuais podem ser utilizadas para contribuir no melhoramento da população sexual (Ematné, 2016).

As cultivares BRS Tamani (2015) e BRS Quênia (2017) são híbridos apomíticos de *P. maximum* protegidos desenvolvidos e lançados comercialmente pela Embrapa, obtidos a partir de cruzamentos entre plantas apomíticas e sexuais (Jank et al., 2017).

O desenvolvimento de cultivares de *P. maximum* envolve várias etapas, iniciando com a obtenção de novos genótipos, seguida de avaliação e seleção de genótipos superiores e a etapa final que é a recomendação e liberação de cultivares. A avaliação dos acessos do germoplasma superiores e/ou híbridos (obtidos por meio de cruzamentos dirigidos entre plantas sexuais e acessos apomíticos) para serem lançados no mercado como cultivar segue um esquema que envolve 3 Fases, incluindo as avaliações envolvendo animais. Na primeira fase de avaliação, denominada Fase I, cerca de 100 – 200 genótipos são avaliados agronomicamente em pequenas parcelas experimentais sob cortes, durante dois anos. São avaliados caracteres morfológicos e agrônômicos, resistência a pragas e doenças, produção de sementes, resposta aos nutrientes, valor nutritivo, entre outros. Cerca de 20-25 genótipos seguem para a Fase II - ensaios regionais. Nessa etapa, os genótipos são avaliados em diferentes locais, sob corte durante dois anos, a fim de determinar seu desempenho em diferentes condições ambientais, visando a identificação de genótipos com ampla adaptação e/ou específico para determinadas condições. Cerca de 1 a 3 genótipos são selecionados e seguem para a Fase III, em que se avalia o desempenho animal (individual e por área). Uma vez identificados os genótipos superiores, eles serão registrados e protegidos no MAPA (Ministério da Agricultura e Pecuária), um plano de comercialização é feito e, posteriormente, são liberados como cultivares. O processo leva de 8 a 10 anos, uma vez que cada fase dura pelo menos dois anos de avaliação e um ano entre elas para a multiplicação

das sementes. É um processo trabalhoso e caro pois é avaliado o desempenho da planta e o desempenho do animal (Jank et al., 2014).

2.3. Caracteres produtivos e nutricionais

Os programas de melhoramento de forrageiras buscam constantemente desenvolver novas cultivares que combinem simultaneamente desempenho agrônômico, valor nutricional, resistência a pragas e doenças e que superem os padrões das cultivares existentes no mercado (Jank et al., 2014), gerando produção forrageira mais eficiente e que resulte em maior produtividade por animal e por área.

A geração de cultivares mais produtivas e com maior produção foliar tem sido um dos principais objetivos dos programas de melhoramento de forrageiras. A produtividade de massa verde e seca são atributos de grande relevância no desenvolvimento de forrageiras, visto que, forrageiras que possuem um alto rendimento durante todo o período de crescimento podem resultar em maior ganho de peso médio diário dos animais e em maior capacidade de suporte da pastagem (Valle et al., 2013). Outro caráter de grande importância buscado pelos melhoristas é a produção foliar. As folhas representam o componente morfológico de maior valor nutritivo que compõe parte significativa da dieta dos animais em pastejo, possuem maior digestibilidade em relação ao colmo, favorecendo o consumo de forragem (Ruggieri et al., 2020; Freitas et al., 2012; Brâncio et al., 2003). As folhas são o componente preferido pelos animais em pastejo, provavelmente em virtude de serem mais acessíveis, possuir menor resistência à apreensão e melhor qualidade (Minson, 1982; Van Soest, 1987), resultando em maior desempenho animal.

Brâncio et al. (2003), avaliando três cultivares de *Panicum maximum* sob pastejo, observaram que a participação de folhas no pasto, o teor de proteína bruta da dieta e o tamanho de bocado foram os fatores que mais influenciaram para obtenção de maiores ganhos de peso animal. Verificaram, ainda, correlações positivas entre ganho de peso animal e a participação de folha no pasto ($r = 0,84$) e o teor de proteína bruta na dieta ($r = 0,82$).

Resultados obtidos por Euclides et al. (2000), demonstram que a ingestão de matéria seca de *Brachiaria decumbens* e *Brachiaria brizantha* foi positivamente correlacionada com a massa de forragem verde, massa foliar e porcentagem foliar.

Apesar da importância dos componentes relacionados à produção forrageira, segundo Valle et al. (2022), o melhoramento não se restringe em obter uma planta mais produtiva, mas em desenvolver plantas de qualidade, assegurando maior eficiência na transformação dessas em produto animal. Assim, caracteres relacionados ao valor nutritivo das forrageiras são desejados pelos melhoristas nos programas.

O desempenho animal em pastagens é determinado, principalmente, pela qualidade da forragem, que é função do consumo de matéria seca (MS) e do valor nutritivo da forragem (Reis et al., 2012). O valor nutritivo pode ser avaliado pela digestibilidade, teores de proteína bruta e de parede celular, características intimamente correlacionadas com o consumo de matéria seca (Mertens, 1994). De acordo com Mott e Moore (1970) o valor nutritivo refere-se à composição química da forragem e sua digestibilidade, enquanto que, qualidade de uma planta forrageira é representada pela associação da composição bromatológica, da digestibilidade e do consumo voluntário.

Das frações estudadas na composição química das plantas, a fração fibrosa e a protéica são as mais comumente analisadas, pois seus teores podem ser afetados por diversos fatores, entre eles, a espécie ou cultivar, a fertilidade do solo e a idade da planta (Van Soest et al., 1991). O estudo dessas frações é fundamental na análise qualitativa de gramíneas e leguminosas, pois esses parâmetros podem influenciar direta ou indiretamente o consumo de matéria seca pelo animal (Van Soest, 1995).

O teor de proteína da dieta pode afetar a digestão da fibra no ambiente ruminal, principalmente em dietas com forragens de baixa qualidade, uma vez que a deficiência de proteína limitaria a atividade ruminal afetando, assim, a ingestão e a digestibilidade dos nutrientes (Sousa et al., 2002).

A fibra em detergente neutro (FDN) representa toda a fração fibrosa das forragens, sendo composta principalmente de celulose, hemicelulose e lignina (Van

Soest et al., 1991) e está relacionada à mastigação, ruminação, grau de enchimento do trato digestório, taxa de passagem da digesta, motilidade do rúmen e consumo de matéria seca (NRC, 2001). Segundo Allen (2000), a FDN é o melhor componente do alimento para predição da ingestão de matéria seca por ruminantes. A lignina é um componente da parede celular que interfere negativamente na digestibilidade da forrageira, contribuindo para redução da taxa de degradação e degradabilidade efetiva da parede celular dos alimentos volumosos (Van Soest, 1995). Portanto, a avaliação e seleção de forrageiras que possuem maior valor nutritivo podem representar ganhos significativos no consumo e digestibilidade da matéria seca, consequentemente no desempenho animal.

2.4. Parâmetros genéticos

No melhoramento, informações acerca da variabilidade genética existente, o quanto dessa variabilidade é herdável e quais os principais tipos de ação gênica envolvidos no controle genético dos caracteres de interesse são fundamentais para estabelecer estratégias eficientes de seleção.

A variabilidade genética na população, que expressa a diferença entre indivíduos, é condição essencial para o estabelecimento de qualquer programa de melhoramento genético, sendo indispensável para uma seleção eficiente dos genótipos superiores. Segundo Vencovsky e Barriga (1992), a partir do conhecimento da variabilidade genética em uma população é possível inferir sobre seu potencial para a seleção e, consequentemente, se essa população será útil para o programa de melhoramento.

A variabilidade observada em uma população é denominada variância fenotípica, sendo o resultado da somatória dos componentes de variância genética e variância ambiental. A variância genética é composta pela variância aditiva, de dominância e epistática, as quais são as ações gênicas envolvidas no controle genético da expressão de caracteres (Vencovsky e Barriga, 1992). Além da existência de variabilidade na população, a eficiência da seleção de genótipos superiores irá depender de parâmetros genéticos e ambientais relacionados aos caracteres de interesse.

Com a estimação de parâmetros genéticos e seus componentes de variância é possível estimar o efeito genético e ambiental na expressão dos caracteres desejáveis (Vencovsky, 1987), permitindo ao melhorista estimar o quanto da variabilidade existente em uma população tem potencial para ser herdada, identificar quais os tipos de ações gênicas que atuam sobre os caracteres de interesse e prever o ganho com a seleção de genótipos superiores (Vencovsky, 1969).

A herdabilidade (h^2) é um dos parâmetros genéticos mais importantes para o trabalho dos melhoristas, pois quantifica a proporção da variação fenotípica que é atribuída à variação genética, indicando o quanto da variabilidade existente em uma população tem potencial para ser herdada (Falconer e Mackay, 1996).

Esse parâmetro pode ser estimado no sentido amplo e sentido restrito. A herdabilidade no sentido amplo abrange a variância genética total, ou seja, a variação genética aditiva e não aditiva (Pires et al., 2011). É utilizada para populações que já possuem seu genótipo fixado, como clones oriundos de propagação vegetativa e considera simultaneamente o efeito dominante e aditivo das interações alélicas, em que todo o genótipo dos genitores é transmitido aos descendentes, sendo a variação observada nas progênies devido ao efeito ambiental sobre o fenótipo (Borém e Miranda, 2013). Para espécies que se reproduzem por apomixia, como as forrageiras, a herdabilidade no sentido amplo é de grande interesse para os melhoristas, pois todos os tipos de ação e interação gênica são explorados durante a seleção (Bueno et al., 2006). No sentido restrito, expressa a proporção da variação total que é atribuída ao efeito médio dos genes aditivos, importante para plantas propagadas sexualmente (Dudley e Moll, 1969; Resende, 2001; Basso, 2006), sendo obtida pela relação entre a variância genética aditiva e a variância fenotípica total, em que cada genitor contribui 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).

A herdabilidade pode ser estimada ainda, ao nível de plantas individuais ou ao nível de médias (repetições). Ao nível de plantas considera a existência de apenas uma repetição do genótipo, enquanto ao nível de médias as 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 et al., 2014).

É uma propriedade não apenas de um caráter, mas também da população e das circunstâncias de ambientes às quais os indivíduos estão sujeitos e da forma em que o fenótipo é mensurado (Falconer e Mackay, 1996). Assim, as estimativas de herdabilidade em diferentes estudos podem apresentar ampla variação, devido a diversos fatores, como, a natureza do caráter mensurado, o método de estimação, diversidade na população, nível de endogamia da população, número de ambientes considerados e vários outros fatores (Borém e Miranda, 2013).

A importância da herdabilidade está associada principalmente ao seu poder preditivo ao estimar o grau de correspondência entre o valor fenotípico e o valor genético (You et al., 2016), possibilitando estimar os ganhos esperados com a seleção (Hallauer et al., 2010). Se a herdabilidade for alta, haverá uma alta correlação entre o valor fenotípico e o genotípico, em que as diferenças entre os indivíduos traduzirão as verdadeiras diferenças genéticas, portanto, o sucesso da estratégia de seleção que estiver sendo adotada. Se a herdabilidade for baixa, o valor fenotípico não é uma medida confiável do valor genotípico, e a superioridade aparente de um indivíduo em relação ao outro poderá não ser devida as causas genéticas, assim, o processo seletivo poderá estar comprometido (Cruz et al., 2014).

A predição de ganhos a serem obtidos por determinada estratégia de seleção constitui em uma das mais importantes contribuições da genética quantitativa. Por meio dessa predição, o melhorista poderá avaliar a eficácia da estratégia adotada, promovendo modificação quando necessário, além de avaliar a potencialidade da população trabalhada para fins de melhoramento (Cruz et al., 2014).

O melhoramento de uma população para um determinado caráter é resultado do ganho de seleção, que é definido como sendo a diferença entre a média da população melhorada e da população original. O ganho com a seleção depende da herdabilidade do caráter sob seleção, da intensidade de seleção praticada e do controle das condições ambientais (Vencovsky, 1987; Miranda et al., 1988).

Assim, quanto maior a variabilidade genética em relação ao ambiente e, se a proporção dessa variabilidade genética for devida, principalmente, a efeitos aditivos, maiores serão os ganhos estimados para a geração seguinte (Miranda et al., 1988).

O ganho de seleção depende também do diferencial de seleção, que expressa a diferença entre a média da população selecionada e a média da população original. O ganho genético é inversamente proporcional à intensidade de seleção, a qual quantifica o número de indivíduos selecionados (Cruz et al., 2014). Portanto, em um processo de seleção, quanto maior for a pressão de seleção, maior será esse diferencial e, conseqüentemente, o progresso genético (Paterniani e Miranda Filho, 1987).

2.5. Índice de seleção

As variâncias e covariâncias fenotípicas e genotípicas possibilitam conhecer as relações existentes entre caracteres através da estimativa de correlação, que indica as alterações que ocorrem em um determinado caráter em função da seleção praticada em outro caráter a ele correlacionado (Bernardo, 2010; Ramalho et al., 2012). O conhecimento das relações entre caracteres de interesse é de grande importância, visto que a obtenção de ganhos genéticos e a classificação dos genótipos superiores são, na maioria dos casos, dirigidas conjuntamente para vários caracteres (Cruz et al., 2014).

Quando a seleção é praticada para um determinado caráter, normalmente proporciona alterações em outros, devido a existência de correlações genéticas, e seu sentido pode ou não ser de interesse do melhorista (Martins et al., 2003). Em situações de alta correlação entre dois caracteres, o melhorista pode optar pela seleção direta baseada no caráter principal, ou indireta, que é a seleção baseada em um caráter secundário com o objetivo de obter uma resposta positiva no caráter desejável ou principal. A alta correlação genética entre as duas características e a alta herdabilidade na característica secundária poderia proporcionar ganho genético da característica desejada em menor tempo e esforço (Hallauer, 1980). Entretanto, quando os caracteres de interesse possuem baixa herdabilidade, baixa correlação ou quando a seleção para um caráter ocasiona redução em outro, a seleção de genótipos superiores é dificultada.

Diante dessa complexidade dos caracteres, os melhoristas devem utilizar procedimentos genético-estatísticos que permitam minimizar os efeitos

desfavoráveis das respostas correlacionadas, e que considerem também, a seleção para múltiplos caracteres (Santos et al., 2007) visto que, a seleção univariada, na maioria das vezes, não resulta na obtenção de genótipos superiores para vários caracteres de importância (Martins et al., 2003).

Nesses casos, uma estratégia adotada pelos melhoristas visando aprimorar o processo de melhoramento é o uso da seleção simultânea de caracteres por meio de índices de seleção. O uso de índices, estabelecido pela combinação ótima de várias características analisadas, permite a seleção simultânea de vários caracteres e, assim, a classificação adequada dos genótipos (Cruz et al., 2014).

Durante as etapas do programa, os melhoristas precisam selecionar um conjunto de caracteres, como produção de biomassa, produção de sementes, tolerância ao estresse abiótico e biótico, capacidade de rebrota da planta e valor nutritivo da forragem (Hayes et al., 2013; Jank et al., 2014), e a utilização de um índice permite combinar as múltiplas informações mensuradas em um indivíduo ou progênie, de modo que seja possível a seleção de genótipos baseada em um conjunto de variáveis que reúna vários atributos de interesse econômico, já que a seleção com base em um ou poucos caracteres, tem se mostrado inadequada (Cruz et al., 2014), pois resulta na obtenção de genótipos superiores apenas para o caráter sob seleção.

Índices de seleção foram inicialmente propostos por Smith (1936) e Hazel (1943) e são obtidos como combinações lineares das medidas de diversos caracteres, podendo ser eficientes, uma vez que permitem a avaliação de todas as informações disponíveis, atribuem diferentes pesos aos caracteres estudados e valorizam atributos julgados de maior importância pelo melhorista (Falconer, 1987).

A teoria dos índices de seleção baseia-se no fato de que cada indivíduo possui um valor genético global que lhe é peculiar (Hazel e Lush, 1942). Tal valor genético, para fins de seleção, corresponde ao somatório dos valores de melhoramento ("breeding value") associado a n caracteres de importância econômica, ponderados por valores econômicos relativos correspondentes a cada caráter (Smith, 1936; Hazel, 1943; Kempthorne, 1957).

Na literatura são encontrados vários índices de seleção, os quais podem ser utilizados no melhoramento de plantas, como o índice com base na soma de postos

(ou ranks) proposto por Mulamba e Mock (1978), o índice livre de pesos e livre de parâmetros (ou índice multiplicativo) proposto por Elston (1963), o índice aditivo (Resende, 2007), entre outros.

O índice baseado na soma de postos (ou ranks) proposto por Mulamba e Mock (1978), consiste na soma dos “ranks” de cada genótipo em relação a cada um dos caracteres em ordem favorável ao melhoramento (Cruz et al., 2014; Santos et al., 2007). O índice é realizado a partir do ranqueamento dos genótipos para cada variável, na ordem favorável à seleção. Após a classificação são somadas as posições de cada material nas diferentes variáveis. O valor da soma de cada genótipo é então ranqueado em ordem crescente. Os primeiros colocados são os melhores por esse índice. O índice com base na soma de postos não elimina genótipos, independentemente das características consideradas em sua construção, apenas classifica-os de acordo com os valores de cada variável (Mulamba e Mock, 1978).

O índice livre de pesos e livre de parâmetros (ou índice multiplicativo) proposto por Elston (1963) elimina a necessidade de estimar as variâncias e covariâncias fenotípicas e genotípicas, e de estabelecer pesos econômicos relativos aos vários caracteres (Cruz et al., 2014). O índice multiplicativo consiste em estabelecer um valor mínimo desejado para as características, subtraindo o valor médio de cada genótipo do valor de referência. Aqueles com valor abaixo do estabelecido terão resultado nulo. Após realizar tal procedimento para todas as variáveis estas são multiplicadas e o valor final ranqueado. Todos aqueles genótipos que para alguma característica tiverem sua média fora do padrão determinado terão seu valor final zerado (Elston, 1963).

No índice aditivo escolhem-se as variáveis a serem utilizadas para compor o índice e atribuem-se pesos econômicos para cada caráter, levando-se em consideração as herdabilidades, correlações genéticas e importância econômica dos diferentes caracteres (Resende, 2007). Através desse índice é possível adequar a seleção às necessidades dos programas de melhoramento, por meio do estabelecimento de pesos econômicos para cada caráter, conforme as prioridades do melhorista e, assim, os caracteres mais importantes terão maior peso, favorecendo a classificação dos genótipos.

Ganhos genéticos com a seleção de genótipos por meio de índices em forrageiras têm sido relatados por diversos autores (Matias et al., 2020; Pandolfi Filho et al., 2016; Simeão et al., 2016; Figueiredo et al., 2012), sugerindo que a aplicação dos índices de seleção constitui-se em uma estratégia eficiente para identificar genótipos superiores e prever ganhos genéticos para um conjunto de caracteres nessas espécies.

Matias et al. (2020) comparando diferentes índices aditivos para selecionar genitores e híbridos de *Urochloa decumbens* baseados nos diferentes caracteres de produção de matéria seca, rebrota, proteína bruta, digestibilidade *in vitro*, fibra em detergente neutro e lignina, observaram que a utilização de índices de seleção se constituem em uma excelente ferramenta para selecionar multicaracterísticas nessa espécie, obtendo maiores ganhos de seleção para índices que atribuíram maiores pesos para características agronômicas.

Pandolfi et al. (2016) utilizando índice aditivo para caracteres agronômicos e intensidade de seleção de 25%, obtiveram ganhos significativos para produtividade de massa seca total (12,27%), produtividade de massa seca de lâminas foliares (13,50%), porcentagem de lâminas foliares (6,45%), relação lâmina foliar:pseudocolmo (17,71%) e escores de rebrota (10,64%) permitindo a seleção de genótipos sexuais superiores de *Brachiaria* para vários caracteres simultaneamente.

2.6. Análise de componentes principais

Na seleção de genótipos de forrageiras avalia-se um grande número de caracteres, sendo que muitas vezes esses são correlacionados entre si. Nesses casos, além do uso de índices de seleção, uma técnica de grande utilidade é a análise multivariada. Essas correspondem a diversos métodos que utilizam simultaneamente todas as variáveis na interpretação teórica do conjunto de dados obtidos, permitindo um estudo global dos caracteres avaliados, evidenciando as ligações, semelhanças ou diferenças entre eles, com menor perda possível de informação (Hair et al., 2009).

Dentre as análises multivariadas, a análise de componentes principais (ACP) proposta inicialmente por Pearson (1901), e posteriormente aplicada por Hottelling

em 1933, que usou com o propósito de analisar as estruturas de correlação, é uma técnica estatística que transforma linearmente um conjunto inicial de variáveis, correlacionadas entre si, em um conjunto substancialmente menor de variáveis não correlacionadas que contém a maior parte da informação das variáveis iniciais (Hongyu et al., 2016). As ACP transformam um conjunto de variáveis originais intercorrelacionadas em um novo conjunto de variáveis não correlacionadas (componentes principais), retirando a multicolinearidade das variáveis, além disso, reduz muitas variáveis a eixos que representam algumas variáveis, sendo estes eixos perpendiculares (ortogonais) explicando a variação dos dados de forma decrescente e independente (Hongyu, 2015; Regazzi, 2000).

As ACP consistem em um método poderoso para discriminar genótipos, que reduz o número de variáveis a um número limitado de novas variáveis, que são os componentes principais (CP). Cada CP é responsável pela representação de um percentual da variância dos dados, sendo ideal que, no resultado final, parte relevante da variabilidade seja representada por, no máximo, três CP (Hair et al., 2009).

Segundo Regazzi (2000), para determinar os componentes principais, é preciso estimar a matriz de variância-covariância (matriz de correlação), determinar os autovalores e os autovetores e, posteriormente as combinações lineares, que serão as novas variáveis, denominadas de componentes principais. Assim, cada componente principal será uma combinação linear de todas as variáveis originais, independentes entre si. Esse sistema reduzido de coordenadas irá proporcionar a representação gráfica sobre as semelhanças entre os acessos, além de facilitar a interpretação dos dados (Valentin, 2000).

A ACP pode ser utilizada como critério para julgar a importância das próprias variáveis originais escolhidas, ou seja, as variáveis originais com maior peso na combinação linear dos primeiros componentes principais são as mais importantes do ponto de vista estatístico (Moita Neto e Moita, 1998). Assim, cada componente principal retém uma percentagem da variância total original, e as variâncias retidas são decrescentes do primeiro ao último CP, ou seja, o primeiro CP é o mais importante, pois retém a maior parte da variação total encontrada nos dados originais, explicando o máximo de variabilidade dos dados; o segundo componente é

o que apresenta a segunda maior variância e assim sucessivamente até o componente principal de menor importância (Gonçalves e Fritsche-Neto, 2012). Em geral, os primeiros componentes principais têm sido utilizados quando estes envolvem pelo menos 80% da variação total. Nos casos em que este limite não é atingido nos dois primeiros componentes, a análise é complementada com a dispersão gráfica em relação ao terceiro e quarto componentes. Em estudos sobre a divergência genética entre genótipos, é desejável que a variância acumulada nos dois primeiros componentes principais exceda 80% (Cruz et al., 2020).

Por outro lado, os últimos componentes principais não estão associados a muita variabilidade, ou seja, esses últimos componentes principais identificarão relações lineares entre as variáveis originais próximo de constante (Johnson e Wichern, 1998; Anderson, 2003; Ferreira, 2011), sendo passíveis de descarte em estudos futuros. Segundo Cruz et al. (2020), em estudos de diversidade genética, a ACP permite a identificação de variáveis que menos contribuem para a diferenciação dos genótipos, sendo possível o seu descarte, pois esta variável está sendo representada pelas demais da relação, sem prejuízo de informação relativa à diversidade entre os acessos.

3. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABIEC 2022: Associação Brasileira das Indústrias Exportadoras de Carne - Perfil da pecuária no Brasil (2023). Beef Report, São Paulo, 74p.

Allen MS (2000) Effects of diet on short-term regulation of feed intake by lactating dairy cattle. **Journal of Dairy Science** 83:1598-1624.

Anderson TW (Ed.) (2003) An introduction to multivariate statistical analysis. New York: Wiley, 374p.

Basso KC (2006) **Estimação de parâmetros genéticos e índice de seleção em genótipos de *Brachiaria brizantha***. 58 f. Dissertação. (Mestrado em Agronomia) - Universidade Federal da Grande Dourados, Dourados.

Basso KC, Resende RMS, Valle CB, Gonçalves MC, Lempp B (2009) Avaliação de acessos de *Brachiaria brizantha* Stapf e estimativas de parâmetros genéticos para caracteres agrônômicos. **Acta Scientiarum** 31:17-22.

Bernardo R (2010) Breeding for quantitative traits in plants. 2. ed. Woodbury: Stemma Press. 390 p.

Bogdan AV (1977) **Tropical pasture and fodder plants**. Nova York: Logman, p. 181-193.

Borém A, Miranda GV (Eds.) (2013) Melhoramento de plantas. Viçosa:UFV, 523p.

Brâncio PA, Euclides VPB, Nascimento Junior D, Fonseca DM da, Almeida RG de, Macedo MCM, Barbosa RA (2003) Avaliação de três cultivares de *Panicum maximum* Jacq. sob pastejo: disponibilidade de forragem, altura do resíduo pós-pastejo e participação de folhas, colmos e material morto. **Revista Brasileira de Zootecnia** 32:55-63.

Bueno LCS, Mendes ANG, Carvalho SP (Eds.) (2006) Melhoramento Genético de Plantas. Lavras:UFLA, 319p.

Carvalho FD, Silva S, Kurek A, Marchioro V (2001) Estimativas e implicações da herdabilidade como estratégia de seleção. Pelotas:UFPeI, 99p.

Combes D, Pernès J (1970) Variations dans Le nombres chromosomiques du *Panicum maximum* Jacq. Enrelation avec Le mode de reproduction. **Comptes Rendues Academie des Science Paris** 270:782-785.

Combes D (Ed.) (1975) Polymorphisme et modes de reproduction dans La section des *Maximae* du genre *Panicum* (Graminées) en Afrique.Paris:ORSTOM, 99p.

Cruz CD, Ferreira FM, Pessoni LA (Eds.) (2020) Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética. Viçosa:UFV, 626p.

Cruz CD, Carneiro PCS, Regazzi, AJ (Eds.) (2014) Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa: UFV, 668p.

Cruz RP, Federizzi LC, Milach SCK (1998) A apomixia no melhoramento de plantas. **Ciência rural** 28:155-161.

Dudley JW, Moll RH (1969) Interpretation and use of estimates of heritability and genetic variances in plant breeding. **Crop Science** 9:257-262.

Elston RC (1963) A weight-free index for purpose of ranking or selection with respect to several traits at time. **Biometrics** 19:85-97.

Ematne HJ (2016) **Seleção de genitores e híbridos de *Panicum maximum* pela abordagem de modelos mistos**. 88 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras.

Euclides VPB, Cardoso EG, Macedo MCM, Oliveira MP (2000) Consumo voluntário de *Brachiaria decumbens* cv. Basilisk e *Brachiaria brizantha* cv. Marandu sob pastejo. **Revista Brasileira de Zootecnia**, 29:2200-2208, 2000 (suplemento 2).

Falconer DS (Ed.) (1987) **Introdução à genética quantitativa**. UFV, Viçosa, 279 p.

Falconer DS, Mackay TFC (Eds.) (1996) Introduction to quantitative genetics. England:Longman, 464p.

Ferreira DF (Ed.) (2011) Estatística Multivariada. Lavras:UFLA, 675p.

Figueiredo UJ, Nunes JAR, Valle CB (2012) Estimation of genetic parameters and selection of *Brachiaria humidicola* progenies using a selection index. **Crop Breeding and Applied Biotechnology** 12:237-244.

Freitas FP, Fonseca DM, Braz TGS, Martuscello JA, Santos MER (2012) Forage yield and nutritive value of Tanzania grass under nitrogen supplies and plant densities. **Revista Brasileira de Zootecnia** 41:864-872.

Gonçalves MC, Fritsche-Neto R (Eds.) (2012) Tópicos especiais de biometria no melhoramento de plantas. Viçosa:Suprema, 282p.

Hair JF, Black W, Babin B, Anderson RE, Tatham RL (Eds.) (2009) Análise Multivariada de dados. Porto Alegre:Bookman, 688p.

Hallauer AR (1980) Relation of quantitative genetics to applied maize breeding. **Revista Brasileira de Genética** 3:207-233.

Hallauer AR, Carena MJ, Miranda Filho JB (Eds.) (2010) Quantitative genetics in maize breeding. Berlin:Springer-Verlag, 500p.

Hayes BJ, Cogan NOI, Pembleton LW, Goddard ME, Wang J, Spangenberg GC and Forster JW (2013) Prospects for genomic selection in forage plant species. **Plant Breeding** 132:133-143.

Hazel LN (1943) The genetic basis for constructing selection indexes. **Genetics**, 28:476-490.

Hazel LN, Lush JL (1942) The efficiency of three methods of selection. **Journal of Heredity** 33:393-399.

Hongyu K (2015) **Comparação do GGE biplot ponderado e AMMI-ponderado com outros modelos de interação genótipo × ambiente**. 155 f. Tese (Doutorado em Estatística e Experimentação Agronômica) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba.

Hongyu K, Sandanielo VLM, Oliveira Junior GJ (2016) Análise de componentes principais: resumo teórico, aplicação e interpretação. **Engineering and Science** 1:83-90.

Jank L (1995) Melhoramento e seleção de variedades de *Panicum maximum*. In.: SIMPÓSIO SOBRE MANEJO DA PASTAGEM, **Anais...**Piracicaba:FEALQ, p. 21-58.

Jank L, Valle CB, Carvalho J, Calixto S (2001) Evaluation of guineagrass (*Panicum maximum* Jacq) hybrids in Brazil. In.: INTERNATIONAL GRASSLAND CONGRESS, **Anais...** Piracicaba: FEALQ, 2001. CD-ROM.

Jank L, Resende RMS, Valentim JF, Fernandes FD, Ledo FJS, Costa NL, Valle CB (2009) Análise genética de *Panicum maximum* Jacq. em rede nacional. In.: CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS, **Anais...**Vitória:Icaper, p. 1-4.

Jank L, Barrios SC, Valle CB, Simeão RM, Alves GF (2014) The value of improved pastures to Brazilian beef production. **Crop and Pasture Science** 65:1132-1137.

Jank L, Andrade CMS de, Barbosa RA, Macedo MCM, Valério JR, Verzignassi J, Zimmer A H, Fernandes CD, Santos MF, Simeão RM (2017) **O capim-BRS Quênia (*Panicum maximum* Jacq.) na diversificação das pastagens.** Brasília:Embrapa, 2017. (Comunicado Técnico, 138).

Jank L, Martuscello J, Euclides VPB, Braz TGS, Santos MF, Resende RMS, Valle CB, (2022) *Panicum maximum*. In.: Fonseca DM, Martuscello J (Eds.) **Plantas forrageiras**,Viçosa:UFV, p.122-164.

Johnson RA, Wichern DW (1998) Applied multivariate statistical analysis. Madison: Prentice Hall International. 816p.

Kempthorne O (Ed.) (1957) An introduction to genetic statistics. New York:J.Wiley, 545p.

Kist BB, Santos CE, Carvalho C, Belling RR (2019) Anuário brasileiro de sementes 2019. Santa Cruz do Sul: Gazeta Santa Cruz, p.72.

Martins IS, Cruz CD, Regazzi AJ, Pires IE (2003) Eficiência da seleção univariada direta e indireta e de índices de seleção em *Eucalyptus grandis*. **Revista Árvore** 27:327–333.

Matias FI, Valle CB, Gouveia BT, Moro GV, Barrios SCL (2020) Using additive indices and principal components to select sexual genitors and hybrids of *Urochloa decumbens*. **Crop Breeding and Applied Biotechnology** 20:1-9.

Mertens DR (1994) Regulation of forage intake. In.: Fahey Jr GC, Collins M, Mertens DR, Moser LE (Eds.). **Forage quality evaluation and utilization**. Madison: American Society of Agronomy, Crop Science of America, Soil Science of America, 988 p.

Minson DJ (1982) Effect of chemical and physical composition of herbage eaten upon intake. In.: Hacker JB (Ed.) Nutritional limits to animal production from pastures. Queensland:Farnham Royal, CAB, p.167-182.

Miranda JEC, Costa CP, Cruz CD (1988) Correlações genotípica, fenotípica e de ambiente entre caracteres de fruto e planta de pimentão (*Capsicum annuum* L.). **Revista Brasileira de Genética** 11:457-468.

Mitidieri, J (Ed.) (1988) Manual de gramíneas e leguminosas para pastos tropicais. São Paulo:Nobel, 198p.

Moita Neto JM, Moita GC (1998) Uma introdução à análise exploratória de dados multivariados. **Química Nova** 21:467-469.

Moraes A, Carvalho PCF, Brasil S, Lustosa C, Lang CR, Deiss L (2014) A pesquisa em Sistemas Integrados de Produção Agropecuária no Brasil. **Revista Ciência Agronômica** 45:1024-1031.

Mott GO, Moore, JE (1970) Forage evaluation techniques in perspective. In: NATIONAL CONFERENCE ON FORAGE QUALITY EVALUATION AND UTILIZATION, **Proceedings...**Lincoln:Nebraska Center for Continuing Education, p. 1-10.

Mulamba NN, Mock JJ (1978) Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. **Egyptian Journal of Genetics and Cytology** 7:40-51.

NRC – National Research Council. Nutrient requirements of dairy cattle (2001) Washington:Nacional Academic Press, 381p.

Omote H, Castro LM, et. al (2021) **Monitoramento tecnológico de cultivares de forrageiras no Brasil**. São Carlos: Embrapa Pecuária Sudeste, 34 p. (Embrapa Pecuária Sudeste. Documentos, 139).

Pandolfi ADF^o, Valle CB, Barrios SCL, Alves G F, Deminicis, BB (2016) Avaliação de genitoras sexuais de *Brachiaria spp*, na época de seca. **Archivos de zootecnia**, 65:213-219.

Paterniani E, Miranda Filho JB (1987) Melhoramento de populações. In.: Paterniani E, Viegas GP (Eds.) **Melhoramento e Produção de Milho no Brasil**. Campinas: Fundação Cargill, p.217-265.

Pearson K (1901) On lines and planes of closest fit to system of point in space. **Philosophical Magazine** 2:550-572.

Pires IE, Resende MDV, Silva RL, Resende Jr. MFR (Eds.) (2011) Genética florestal. Viçosa:Arka, 318p.

Ramalho MAP, Abreu AFB, Santos JB, Nunes JAR (Eds) (2012) Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas. Lavras: Editora UFLA, 522p.

Regazzi AJ (2000) Análise multivariada. Viçosa:UFV, 166p. Apostila de disciplina.

Reis RR, Ruggieri AC, Oliveira AA, Azenha MV, Casagrande DR (2012) Suplementação como estratégia de produção de carne de qualidade em pastagens tropicais. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal** 13:642-655.

Resende RMS (2001) **Avaliação genética de populações e progênes de ervamate (*Ilexparaguariensis* Saint Hilaire)**. 124 f. Tese (Doutorado em Genética) - Universidade Federal do Paraná, Curitiba.

Resende MDV (Ed.) (2002) **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília:Embrapa, 975p.

Resende MDV (2007) Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético. Colombo: Embrapa Florestas, 561 p.

Resende MDV, Resende RMS, Jank L, Valle CB (2008) Experimentação e análise estatística no melhoramento de forrageiras. In.: Resende RMS, Valle CB, Jank L (Eds). **Melhoramento de forrageiras tropicais**. Campo Grande:Embrapa Gado de Corte, p.195-293.

Ruggieri AC, Cardoso AS, Ongaratto F, Casagrande DR, Barbero RP, Brito LF, Azenha MV, Oliveira AA, Koscheck JFW, Reis RA (2020) Grazing Intensity impacts on herbage mass, sward structure, greenhouse gas emissions and animal performance: analysis of *brachiaria* Pastureland. **Agronomy** 10:1750-1768.

Santos FS, Do Amaral Júnior AT, Freitas Júnior SP, Rangel RM, Pereira MG (2007) Predição de ganhos genéticos por índice de seleção na população de milho-pipoca UNB2U sob seleção recorrente. **Bragantia** 66:389-396.

Savidan YH (1982) Nature et hérédité de l'apomixie chez *Panicum maximum* Jacq. (Nature and heredity of apomixis in *Panicum maximum* Jacq). ORSTOM, Paris, 159p. (ORSTOM Travaux et Documents 153).

Savidan YH, Jank L, Costa JCG, Valle CB (1989) Breeding *Panicum maximum* in Brazil: 1. Genetic resources, modes of reproduction and breeding procedures. **Euphytica** 41:107-112.

Savidan YH (2000) Apomixis: genetics and breeding. **Plant Breeding Reviews** 18:13-86.

Simeão R, Silva A, Valle CB do, Resende MD, Medeiros S (2016) Genetic evaluation and selection index in tetraploid *Brachiaria ruziziensis*. **Plant Breeding** 135:243-256.

Smith HF (1936) A discriminant function for plant selection. **Annals of Eugenetic** 7:240-250.

Sousa MS, Ezequiel JMB, Junior PR, Malheiros EB (2002) Efeitos de fontes nitrogenadas com distintas degradabilidades sobre o aproveitamento da fibra, do nitrogênio e do amido em rações para bovinos. **Revista Brasileira de Zootecnia** 31:2138-2148.

Valentin JL (Ed.) (2000) Ecologia numérica: uma introdução à análise multivariada de dados ecológicos. Rio de Janeiro: Interciência, 118p.

Valle CB, Simioni C, Resende RMS, Jank L (2008) Melhoramento genético de *Brachiaria*. In.: Resende RMS, Valle CB, Jank L (Eds.) **Melhoramento de forrageiras tropicais**. Campo Grande:Embrapa Gado de Corte, p.13-53.

Valle CB, Jank L, Resende RMS (2009) O melhoramento de forrageiras tropicais no Brasil. **Revista Ceres** 56:460-472.

Valle CB, Euclides VPB, Montagner DB, Valério JR, Fernandes CD, Macedo MCM, Verzignassi JR, Machado LAZ (2013) BRS Paiguás: A new *Brachiaria* (*Urochloa*) cultivar for tropical pastures in Brazil. **Tropical Grasslands – Forrajes Tropicales** 1:121-122.

Valle CB, Euclides VPB, Simeão RM, Barrios SCL, Jank L (2022) Gênero *Brachiaria*. In.: Fonseca DM, Martuscello J (Eds.) **Plantas forrageiras**, Viçosa:UFV, p. 23-76.

Van Soest PJ (1987) Interactions of feeding and forage composition. In: INTERNATIONAL CONFERENCE ON GOATS, Brasília:EMBRAPA, p. 971-988.

Van Soest PJ, Robertson JB, Lewis BA (1991) Methods for dietary fiber, neutral detergent fiber, and non starch polysacharides in relation to animal nutrition. **Journal Dairy Science** 74:3583-3597.

Van Soest PJ (1995) Nutritional ecology of the ruminant. Cornell University:New York 475p.

Vencovsky R (1969) Genética quantitativa. In.: Kerr, WE (Ed.) **Melhoramento e genética**. São Paulo: Melhoramento, p. 17-38.

Vencovsky R (1987) Herança quantitativa. In.: Paterniani E, Viégas GP (Eds.) **Melhoramento e produção do milho**. Campinas: Fundação Cargill, p. 137-209.

Vencovsky R, Barriga P (Eds.) (1992) Genética biométrica no fitomelhoramento. Ribeirão Preto:Sociedade Brasileira de Genética, 496p.

Warmke HE (1954) Apomixis in *Panicum maximum*. American Journal of Botany 41:5-11.

Wedekin I, Pinazza LA, Lemos FK, Vivo VM (2017) Economia da Pecuária de Corte – Fundamentos e o ciclo de preços. São Paulo:Wedekin Consultores, 2017. p. 33.

You FM, Song Q, Jia G, Cheng Y, Duguid S, Booker H, Cloutier S (2016) Estimation of genetic parameters and their sampling variances for quantitative traits in the type 2 modified augmented design. **The Crop Journal** 4:107-118.

Zuloaga FO (1987) Systematics of new world species of *Panicum* (Poaceae: Paniceae). In.: Soderstrom TR (Ed.). **Grass Systematics and Evolution**. Washington: Smithsonian Institution Press, p.287-306.

CAPÍTULO 2 - Estimativa de parâmetros genéticos e uso de índice visando seleção de híbridos de *Megathyrus maximus*

RESUMO - A seleção eficiente requer o conhecimento do controle genético dos caracteres e de estimativas de parâmetros genéticos. Além disso, o uso de índices possibilita seleção dos genótipos para vários caracteres simultaneamente. Assim, objetivou-se estimar parâmetros genéticos, selecionar híbridos de *Megathyrus maximus* usando índice aditivo e prever o ganho genético para caracteres agrônômicos e nutricionais durante os períodos das águas e seca. Foram avaliados 170 híbridos sob três cortes, sendo dois no período das águas e um corte no período da seca. Os caracteres avaliados foram: produção de matéria verde total (PMVT); produção de matéria seca total (PMST); produção de matéria seca foliar (PMSF); porcentagem de folhas (% F); proteína bruta (PB); digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica (DIVMO); fibra em detergente neutro (FDN) e lignina (LIG). Os parâmetros genéticos foram estimados utilizando a metodologia REML/BLUP e empregado o índice de seleção aditivo para ranqueamento dos híbridos e predição de ganho genético. Observaram-se diferenças significativas entre os híbridos para todos os caracteres avaliados, indicando a existência de variabilidade genética, o que associado a estimativas de herdabilidade de média a elevada magnitude, indicam a possibilidade de ganhos com a seleção nos períodos avaliados. Correlações genéticas entre os caracteres PMVT e PMST (0,93; 0,94); PMVT e PMSF (0,82; 0,75); PMST e PMSF (0,92; 0,68); PB e DIVMO (0,56; 0,38); FDN e LIG (0,56; 0,34); PB e FDN (-0,41; -0,48); PB e LIG (-0,50; -0,46); FDN e DIVMO (-0,52; -0,34); DIVMO e LIG (-0,83; -0,72) nos períodos das águas e seca, respectivamente, indicam a possibilidade de seleção indireta para esses caracteres. Os ganhos genéticos para caracteres agrônômicos foram superiores aos observados para os nutricionais. Com o uso do índice aditivo foi possível a seleção de híbridos superiores com ganhos genéticos significativos para todos os caracteres, permitindo a seleção dos híbridos 82, 98, 22, 115, 3, 160, 20, 44, 111, 142, 145, 127, 94, 78 e 140 que apresentaram desempenho agrônômico e nutricional superior para o período das águas e seca, sendo, portanto, considerados promissores para as próximas etapas do programa de melhoramento genético.

Palavras-chave: correlação genética, ganho genético, herdabilidade, produção de matéria seca, seleção simultânea, valor nutritivo

CHAPTER 2 - Estimation of genetic parameters and use of index to select hybrids of *Megathyrus maximus*

ABSTRACT – Efficient selection requires an understanding of genetic trait control and estimation of genetic parameters. In addition, utilizing indices enables the selection of genotypes for multiple traits simultaneously. The aim was to estimate genetic parameters, select hybrids of *Megathyrus maximus* using additive index and predict genetic gain for agronomic and nutritional traits during both the rainy and dry seasons. A total of 170 hybrids were evaluated through three harvests, two during the rainy season and one during the dry season. The evaluated traits were: total green matter yield (TGMY); total dry matter yield (TDMY); leaf dry matter yield (LDMY); percentage of leaves (% L); crude protein (CP); in vitro digestibility of organic matter (IVMOD); neutral detergent fiber (NDF) and lignin (LIG). Genetic parameters were estimated using the REML/BLUP methodology and the additive selection index was applied to rank hybrids and predict genetic gain. Significant differences were observed among hybrids for all considered traits, suggesting the presence of genetic variability, which associated with estimates of heritability from medium to high magnitude show the possibility of gains with selection in the considered periods. Genetic correlations between traits TGMY and TDMY (0,93; 0,94); TGMY and LDMY (0,82;0,75); TDMY and LDMY (0,92;0,68); CP and IVMOD (0,56; 0,38); NDF and LIG (0,56;0,34); CP and NDF (-0,41;-0,48); CP and LIG (-0,50;-0,46); NDF and IVMOD (-0,52; -0,34); IVMOD and LIG (-0,83; -0,72) in the rainy and dry periods indicate the possibility of indirect selection for these characters. Agronomic traits exhibited greater gains than nutritional traits. The use of the additive index enabled the selection of superior hybrids, resulting in significant genetic gains across all traits. Based on the ranking, the hybrids 82, 98, 22, 115, 3, 160, 20, 44, 111, 142, 145, 127, 94, 78 and 140 were chosen due to their superior agronomic and nutritional performance for the rainy and dry seasons. Therefore, they hold promise for the upcoming phases of the genetic improvement program.

Keywords: genetic correlation, genetic gain, heritability, dry matter yield, simultaneous selection, nutritive value

1. INTRODUÇÃO

As pastagens possuem uma grande importância no cenário de produção animal no Brasil, pois se constituem na fonte primária e mais econômica de nutrientes para ruminantes (Barbero et al., 2020). Estima-se que 89% do rebanho bovino brasileiro é criado exclusivamente a pasto, o que representa aproximadamente 179 milhões de cabeças (ABIEC, 2023). A extensa área territorial

e as condições climáticas favoráveis ao desenvolvimento das gramíneas tropicais propiciam esse cenário.

O desenvolvimento de novas tecnologias tem contribuído para a intensificação do sistema de produção animal à pasto e inserido o Brasil em lugar de destaque na pecuária mundial. Dentre essas tecnologias, podem-se citar, a pecuária de precisão, a utilização de técnicas eficientes de manejo das pastagens visando otimizar o uso da forrageira, suplementação da dieta dos animais em pastejo, aproveitamento do potencial genético dos animais e o uso de material genético vegetal mais produtivo e adaptado aos diferentes sistemas de produção animal do país.

A demanda do setor pecuário por cultivares de forrageiras superiores, que associem alta produtividade de biomassa com menor perda de produção no período da seca e alto valor nutricional é crescente, e tem-se tornado um dos grandes desafios para os melhoristas.

Para a geração de novas cultivares de forrageiras mais produtivas e com elevado valor nutricional, o conhecimento da variabilidade genética existente e de parâmetros genéticos relacionados aos caracteres de interesse são fundamentais para estabelecer estratégias eficientes de condução de um programa de melhoramento. O estudo dos parâmetros genéticos como as variâncias (genéticas, ambientais e fenotípicas), e as herdabilidades, entre outros, se mostra essencial para a escolha dos melhores métodos de seleção a serem adotados em um programa de melhoramento, além de permitir inferir sobre a variabilidade genética e os ganhos esperados com a seleção (Vencovsky e Barriga, 1992).

Durante as etapas dos programas, os melhoristas precisam selecionar um conjunto de caracteres, como produção de biomassa, produção de sementes, tolerância ao estresse abiótico e biótico, capacidade de rebrota da planta e valor nutritivo da forragem (Hayes et al., 2013; Jank et al., 2014) e, nesses casos, uma estratégia adotada visando aprimorar o processo de melhoramento é o uso da seleção simultânea de caracteres por meio de índices de seleção. A utilização de índice permite combinar informações possibilitando a seleção baseada em um conjunto de caracteres simultaneamente (Cruz e Regazzi, 1994).

Ganhos genéticos com a seleção de genótipos por meio de índices em forrageiras têm sido relatados por diversos autores (Matias et al., 2020; Pandolfi

Filho et al., 2016; Simeão et al., 2016; Figueiredo et al., 2012), sugerindo que a aplicação dos índices de seleção constitui-se em uma ferramenta interessante para identificar genótipos superiores e prever ganhos genéticos para um conjunto de caracteres nessas espécies.

Assim, objetivou-se estimar parâmetros genéticos em híbridos de *Megathyrus maximus*, selecionar híbridos superiores usando índice de seleção aditivo e prever o ganho genético para caracteres agronômicos e de valor nutricional durante os períodos das águas e seca.

2. MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido na Embrapa Gado de Corte em Campo Grande, Mato Grosso do Sul, Brasil (20° 27 ' S, 54° 37 ' W, 530 m de altitude). O clima é classificado como tropical chuvoso, subtipo Aw, segundo a classificação climática de Köppen, caracterizado pela distribuição anual irregular de chuvas, com ocorrência bem definida de um período seco, de maio a outubro, e um período chuvoso, de novembro a abril. A temperatura média anual é de 23 °C. O tipo de solo da área experimental é classificado predominantemente como o Latossolo vermelho (EMBRAPA, 1999). Os dados referentes às temperaturas e precipitação média, durante o período experimental, estão apresentados na Figura 1 (INMET, 2022).

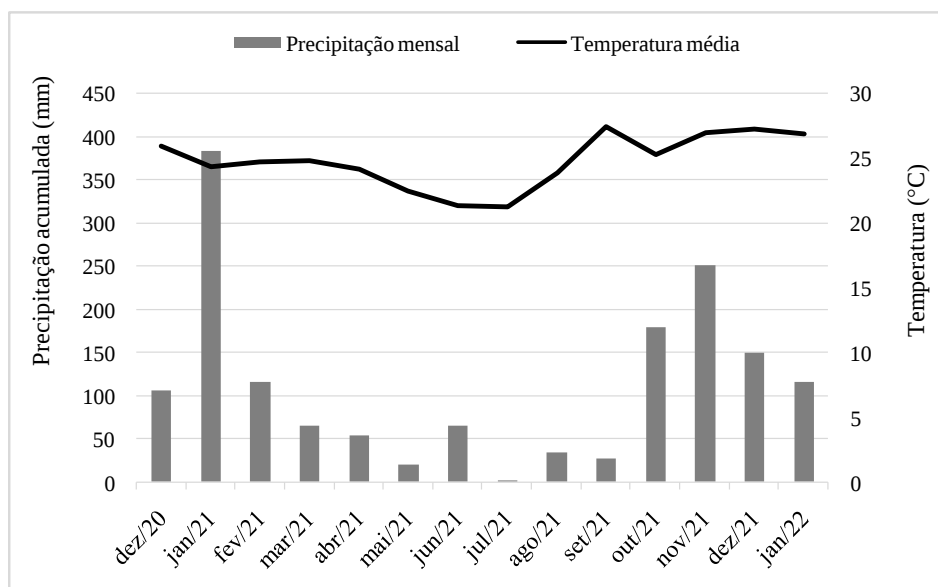


Figura 1. Precipitação mensal (mm) e temperatura média mensal (°C) durante o período experimental na Embrapa Gado de Corte em Campo Grande/MS.

Os híbridos avaliados neste experimento foram obtidos a partir do cruzamento dialélico entre dois grupos de genitores de *Megathyrus maximus* com diferentes modos reprodutivos, apomíticos e sexuais. O primeiro grupo era composto por 10 genótipos apomíticos autotetraploides, utilizados como genitores masculinos e o segundo grupo formado por 10 genótipos sexuais autotetraploides, utilizados como genitores femininos.

Dos dez genitores femininos, cinco genitores (FP1, FP5, FP6, FP7 e FP8) foram obtidos, a partir de hibridações entre a planta sexual S10 com as cultivares Mombaça e Tanzânia-1. As progênie obtidas foram avaliadas e selecionadas com base no desempenho *per se* e em cruzamentos (Braz et al., 2017). Os dez genitores masculinos e os outros cinco genitores femininos (FP2, FP3, FP4, FP9 e FP10), provenientes do Banco de Germoplasma de *P. maximum* da Embrapa Gado de Corte, foram selecionados, a partir de sucessivas avaliações agrônomicas e nutricionais e seleções, em vários cortes e anos (Jank et al., 1997; Jank et al., 2008).

A partir do cruzamento desses genitores apomíticos e sexuais foram obtidas 86 progênie de irmãos completos, com 30 híbridos de cada progênie. Esses híbridos foram avaliados em dois ambientes contrastantes, um ambiente com alta fertilidade e outro ambiente de baixa fertilidade do solo, durante dois anos em sete

cortes para caracteres agronômicos (matéria seca total, matéria seca de folhas, porcentagem de matéria seca de folha, densidade e velocidade de rebrota) e caracteres nutricionais (proteína bruta, digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica e fibra em detergente neutro) (Pereira, 2019).

A partir dessas avaliações, 170 híbridos foram selecionados e clonados para compor o material genético utilizado neste experimento. Atualmente, esses híbridos encontram-se na Fase 1 do Programa de Melhoramento, em que são avaliados de 100 a 200 genótipos sob cortes, em experimentos com repetição em um local (Jank et al., 2014).

Neste estudo, os genótipos foram avaliados em uma área experimental, no delineamento em blocos ao acaso, com duas repetições, sendo as cultivares comerciais Mombaça, BRS Zuri e BRS Quênia utilizadas como testemunhas, totalizando 346 parcelas. As parcelas experimentais possuíam uma área de 2,5 m², constituídas por duas linhas com 2 m de comprimento e espaçamento de 0,5 m entre linhas. Cada linha possuía cinco plantas com espaçamento de 0,50 m, totalizando 10 plantas individuais por parcela. Ao redor dos blocos, foram plantadas duas linhas de cultivares comerciais como bordadura.

As mudas dos genótipos selecionados para a pesquisa foram confeccionadas em janeiro/2020 e levadas para casa de vegetação onde permaneceram até o transplante no campo ocorrendo em dezembro/2020.

O solo amostrado na área experimental foi analisado quimicamente, apresentando os seguintes resultados:

Tabela 1. Análise de solo da área experimental na Embrapa Gado de Corte em Campo Grande/MS, na camada de 0-20 cm.

pH (CaCl ₂)	pH (H ₂ O)	P mg/dm ³	MO g/dm ³	K	Ca	Mg
				cmol/dm ³		
5,2	5,8	0,9	33,5	0,3	2,7	1,2
Ca+Mg	Al	H	H+Al	S	T	V
				cmol/dm ³		
3,9	0,0	4,2	4,2	4,2	8,4	49,7

Baseado nos resultados dessa análise foram realizados todos os tratamentos culturais necessários de acordo com as recomendações técnicas para a espécie (Martha Júnior et al., 2007).

Após o estabelecimento das plantas, cerca de 60 dias do transplante das mudas, realizou-se um corte de uniformização, aproximadamente a 25 cm do solo em todas as parcelas, utilizando uma roçadeira costal. Após o crescimento da forrageira, foram realizados três cortes, sendo dois no período das águas (09/03/2021 e 12/01/2022) e um corte no período da seca (15/09/2021), correspondendo aos três cortes de avaliação deste trabalho.

A cada corte, toda a forragem contida na parcela foi colhida e pesada a campo, utilizando um dinamômetro analógico, para determinação da produção de massa verde total (PMVT) (kg.parcela^{-1}), sendo posteriormente convertida para t.ha^{-1} . Logo em seguida, uma amostra homogênea de aproximadamente 300 g de cada parcela foi retirada e pesada no laboratório de processamento de amostras forrageiras (LPAF). Após a pesagem, as amostras foram armazenadas em câmara fria para posterior separação dos componentes morfológicos (lâmina foliar, colmo + pseudocolmo e forragem senescente) e secagem em estufa de ventilação forçada a 55°C por 72 horas para determinação da produção de matéria seca total (PMST), matéria seca foliar (PMSF), matéria seca do colmo (PMSC) (kg.parcela^{-1}), sendo posteriormente convertidos para t.ha^{-1} . Com base no peso dos componentes, determinou-se a porcentagem de folhas, sendo calculada como $\% F = \frac{PMSF}{PMSF+PMSC} \times 100$.

Após a separação morfológica e secagem, as amostras de lâminas foliares foram moídas em moinho tipo “Wiley” com peneira de 1,0 mm. Essas amostras foram quantificadas por meio de espectroscopia de reflexão de infravermelho próximo (NIRS), sendo determinados com base na matéria seca total os teores de proteína bruta (PB), fibra em detergente neutro (FDN), digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica (DIVMO) e teor de lignina (LIG) (Marten et al., 1985).

Os dados coletados foram analisados usando a abordagem de modelos mistos. Os componentes de variância foram estimados utilizando-se o método da máxima verossimilhança restrita (REML) e os valores genotípicos foram preditos pelo método da melhor predição linear não-viesada (BLUP).

As análises para o período da seca, que considerou apenas um corte, foram realizadas com base no seguinte modelo estatístico: $y = Xr + Zg + e$, em que, y : é o vetor de dados fenotípicos; r : é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos), somados à média geral, g : é o vetor de efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios) e e : é o vetor de resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas, X e Z representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

No período das águas, os caracteres agronômicos e de valor nutritivo foram avaliados em dois cortes na mesma unidade experimental (medidas repetidas ao longo do tempo), sendo as análises realizadas com base no modelo estatístico: $y = X_m + Zg + Wp + Ti + e$, em que y é o vetor de dados, m é o vetor dos efeitos das combinações corte-repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), p é vetor dos efeitos de ambiente permanente (aleatórios), i é o vetor dos efeitos da interação genótipos x cortes e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Para testar a significância dos componentes de variância dos efeitos de genótipos, da interação genótipo x cortes e de ambiente permanente e seus respectivos coeficientes de determinação procedeu-se à análise de deviance (ANADEV), conforme recomendado por Resende et al. (2008). Foram estimadas as correlações genéticas entre os caracteres avaliados.

Para a seleção dos genótipos, visando ganho simultâneo para caracteres agronômicos e nutricionais, foi adotado o índice de seleção aditivo proposto por Resende (2007):

$$I_j = \sum_{i=1}^n \hat{g}_{ij} \times \omega_i \times \frac{1}{\sigma_{gi}}$$

em que: I_j : índice associado ao genótipo j ; $\hat{g}_{ij}$: valor genotípico predito (BLUP) do genótipo j para o caráter i ; ω_i : peso econômico associado ao caráter i ; σ_{gi} : estimativa do desvio padrão genotípico para o caráter i .

Os caracteres utilizados para compor o índice de seleção foram àqueles associados à resposta do animal em ganho de peso, sendo a PMVT, PMST, PMSF,

% F, PB, FDN, DIVMO e LIG, apresentando os seguintes pesos econômicos: 10, 10, 20, 20, 10, 10, 10, 10%, respectivamente.

O ganho com a seleção para cada caráter individualmente foi obtido para o conjunto de híbridos selecionados com base no índice aditivo, aplicando-se as intensidades de seleção de 20%, 10% e 5%.

Todas as análises foram realizadas utilizando-se o software Selegen-REML/BLUP (Resende, 2016).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise de deviance apontou diferença significativa ($p < 0,05$) entre os genótipos (Tabelas 2 e 3) para todos os caracteres avaliados no período das águas e seca, sugerindo a existência de variabilidade e o potencial de ganho genético por meio da seleção para os caracteres agronômicos e nutricionais. Segundo Falconer (1987), a variabilidade genética na população é condição básica para a obtenção de ganhos com a seleção.

Tabela 2. Estimativas de variância genotípica (σ^2g); variância de ambiente permanente (σ^2perm); variância da interação genótipos x cortes (σ^2gc); variância residual (σ^2e); variância fenotípica (σ^2f); herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo (h^2g); coeficiente de determinação dos efeitos de ambiente permanente (c^2perm); coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x cortes (c^2gc); correlação genotípica entre cortes ($rgcortes$); herdabilidade da média de genótipos (h^2mg); acurácia na seleção de genótipos ($Acgen$) e média geral do experimento, avaliados para caracteres agronômicos e nutricionais em híbridos de *Megathyrus maximus* no período das águas

	PMVT	PMST	PMSF	% F	PB	FDN	DIVMO	LIG
σ^2g	31,83*	0,92*	0,51*	6,40*	0,67*	0,96*	3,54*	0,03*
σ^2perm	6,14 ^{ns}	0,39*	0,38*	1,31 ^{ns}	0,06 ^{ns}	1,27*	0,16 ^{ns}	0,01*
σ^2gc	8,99 ^{ns}	0,25 ^{ns}	0,15 ^{ns}	4,10 ^{ns}	0,03 ^{ns}	0,29 ^{ns}	0,21 ^{ns}	0,01 ^{ns}
σ^2e	60,65	1,96	1,18	47,12	1,28	4,45	9,95	0,07
σ^2f	107,63	3,54	2,24	58,96	2,05	6,99	13,88	0,12
h^2g	0,29	0,26	0,23	0,10	0,32	0,13	0,25	0,27
c^2perm	0,05	0,11	0,17	0,02	0,03	0,18	0,01	0,13
c^2gc	0,08	0,07	0,06	0,06	0,01	0,04	0,01	0,01
$rgcortes$	0,77	0,78	0,76	0,60	0,95	0,76	0,94	0,95
h^2mg	0,58	0,53	0,47	0,30	0,64	0,33	0,56	0,55
$Acgen$	0,76	0,72	0,68	0,54	0,80	0,57	0,74	0,74
Média geral	43,39	8,45	6,48	76,88	16,48	69,60	60,51	3,68

PMVT: produção de massa verde total ($t \cdot ha^{-1}$); PMST: produção de matéria seca total ($t \cdot ha^{-1}$); PMSF: produção de matéria seca foliar ($t \cdot ha^{-1}$); % F: porcentagem de folha; PB: proteína bruta (%); FDN: fibra em detergente neutro (%); DIVMO: digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica (%); LIG: lignina (%). (*): valores significativos a 5% ($p < 0,05$) pelo teste de razão de máxima verossimilhança (LRT) e (^{ns}): não significativo.

Não houve interação significativa de genótipos x cortes para o período das águas ($p > 0,05$), indicando que os híbridos apresentaram desempenho agronômico e de valor nutritivo semelhante nos dois cortes avaliados dentro da mesma época (Tabela 2). Esse comportamento semelhante dos híbridos pode ser devido ao número de cortes realizados (dois), sendo insuficiente para detectar essa interação.

O componente ambiental permanente foi significativo ($p < 0,05$) para os caracteres PMST, PMSF, FDN e LIG no período das águas. Para os demais caracteres não houve efeito significativo do ambiente permanente ($p > 0,05$) (Tabela 2). Segundo Braz et al. (2013), a existência de variância de ambiente permanente ($Vperm$) está provavelmente associada à presença de microclima ou condições de solo que favorecem o desenvolvimento das plantas, resultando em uma alteração desses componentes, uma vez que, mesmo com todo o preparo e cuidado para homogeneização, algumas condições não são totalmente controladas em experimentos de campo.

As correlações genotípicas entre cortes (rgcortes) variaram de 0,60 (% F) a 0,95 (PB e LIG) (Tabela 2). Segundo Resende (2014) essas estimativas indica a magnitude da variação do desempenho dos híbridos entre os diferentes cortes para cada variável. Para os caracteres PB (0,95), DIVMO (0,94) e LIG (0,95) os valores de rgcortes são considerados altos, existindo elevada correlação genotípica entre os cortes, permitindo a seleção dos mesmos indivíduos superiores entre os cortes. Para caracteres com baixos valores de rgcortes indica existir uma maior variação entre os melhores genótipos nos diferentes cortes, dificultando a seleção dos híbridos mais estáveis para esses caracteres.

Tabela 3. Estimativas da variância genotípica (σ^2g), variância residual (σ^2e), variância fenotípica (σ^2f), herdabilidade no sentido amplo (h^2g), herdabilidade da média de genótipo (h^2mc); acurácia de seleção ($Acgen$), coeficiente de variação genético individual ($CVgi$), coeficiente de variação ambiental (CVe), coeficiente de variação relativa (CVr) e média geral, avaliados para caracteres produtivos e nutricionais em híbridos de *Megathyrus maximus* no período da seca

	PMVT	PMST	PMSF	%F	PB	FDN	DIVMO	LIG
σ^2g	13,99*	1,54*	1,87*	143,72*	0,70*	1,66*	4,01*	0,04*
σ^2e	15,64	2,07	1,00	86,58	0,83	3,71	8,65	0,06
σ^2f	29,63	3,62	2,87	230,30	1,54	5,38	12,66	0,10
h^2g	0,47	0,42	0,65	0,62	0,45	0,31	0,31	0,38
h^2mc	0,64	0,59	0,78	0,76	0,62	0,47	0,48	0,55
$Acgen$ (%)	0,80	0,77	0,88	0,87	0,79	0,68	0,69	0,74
$CVgi$ %	18,47	15,57	36,13	15,87	6,85	1,83	4,09	5,45
CVe %	19,54	18,06	26,38	12,32	7,48	2,73	6,00	6,93
CVr	0,94	0,86	1,36	1,28	0,91	0,67	0,68	0,78
Média geral	20,24	7,97	3,79	75,49	12,23	70,50	48,97	3,69

PMVT: produção de massa verde total ($t \cdot ha^{-1}$); PMST: produção de matéria seca total ($t \cdot ha^{-1}$); PMSF: produção de matéria seca foliar ($t \cdot ha^{-1}$); % F: porcentagem de folha; PB: proteína bruta (%); FDN: fibra em detergente neutro (%); DIVMO: digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica (%); LIG: lignina (%). (*): valores significativos a 5% ($p < 0,05$) pelo teste de razão de máxima verossimilhança (LRT).

As estimativas de herdabilidade ao nível de médias para o período das águas variaram de 0,30 (% F) a 0,64 (PB) (Tabela 2), sendo consideradas de moderada a alta magnitude (Resende, 2002). Os caracteres % F (0,30) e FDN (0,34) apresentaram menores valores indicando que esses foram influenciados pelos efeitos não genéticos, ou seja, a maior fração da variação fenotípica foi causada pela variação ambiental, o que dificulta o processo de seleção, devido à grande

influência do ambiente, diminuindo o ganho genético por meio da seleção direta para esses caracteres nos genótipos. Para o período da seca as estimativas de herdabilidade variaram de 0,47 (FDN) a 0,68 (PMSF) (Tabela 3), sendo consideradas de moderada a alta magnitude (Resende, 2002). Para caracteres de alta magnitude indica situação favorável a seleção, com possibilidade de ganhos genéticos com a seleção dos indivíduos superiores para os caracteres produtivos e nutricionais.

Resultados semelhantes para herdabilidade no sentido amplo foram obtidos por Deo et al. (2020) avaliando progênes de irmãos completos de *Megathyrus maximus* para caracteres agronômicos e nutricionais: % de lâmina foliar (0,19), matéria seca total (0,57), matéria seca foliar (0,58), matéria verde (0,64), proteína bruta foliar (0,13), fibra em detergente neutro (0,14), digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica (0,18) e lignina (0,18).

Beber (2018) avaliando híbridos de *Panicum maximum* obteve maiores estimativas de herdabilidade da média de genótipos para os caracteres produção de matéria seca total (0,735), produção de matéria seca de folha (0,805), % Folha (0,862), proteína bruta da folha (0,468), fibra em detergente neutro da folha (0,844) e digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica (0,771).

Esses diferentes resultados indicam que a herdabilidade em diferentes estudos podem apresentar grande variação. De acordo com Borém e Miranda (2013), essa ampla variação pode ser devido a diversos fatores, como a natureza do caráter mensurado, o método de estimação, diversidade na população, nível de endogamia da população, número de cortes, número de ambientes e repetições considerados, entre outros.

A acurácia da seleção (Acgen) se refere à correlação entre os valores genéticos preditos e os valores genéticos verdadeiros dos indivíduos, estando relacionada à herdabilidade do caráter (Resende e Duarte, 2007). No período das águas, observaram-se valores de acurácia variando de 0,54 (% F) a 0,80 (PMVT) (Tabela 2), sendo considerados moderados a altos, conforme classificação de Resende e Duarte (2007). Os caracteres % F e FDN apresentaram as menores estimativas, 0,54 e 0,57, respectivamente, sugerindo que os valores genéticos preditos podem não ser representativos dos valores verdadeiros dos indivíduos e

que, provavelmente, são caracteres altamente afetados pelo ambiente. A baixa precisão experimental impede que pequenas diferenças entre os genótipos sejam identificadas (Cargnelutti Filho et al., 2012) e, dessa forma, a adoção de estratégias para elevar as acurácias dos caracteres no período das águas é necessária, visando promover uma seleção eficiente nos híbridos. Para os demais caracteres os valores de Acgen foram considerados altos. Segundo Pires et al. (2011), quanto maior a acurácia, maior é a confiabilidade na avaliação e no valor genético predito dos indivíduos. No período da seca, observaram valores de Acgen altos, variando entre 0,68 (DIVMO) a 0,89 (% F) (Tabela 3), indicando que os valores genéticos preditos estão próximos dos valores verdadeiros dos indivíduos, e portanto, segurança na seleção de genótipos superiores quanto às características avaliadas. Segundo Resende (2007), nas fases iniciais e intermediárias de um programa de melhoramento, busca-se valores de acurácia próximos ou superiores a 70%.

Tabela 4. Estimativas de correlação genética entre caracteres produtivos e de valor nutritivo em híbridos de *Megathyrus maximus* (Valores acima da diagonal referem-se às estimativas obtidas no período das águas e abaixo da diagonal no período da seca)

	PMVT	PMST	PMSF	% F	PB	FDN	DIVMO	LIG
PMVT		0,933	0,829	-0,197	-0,035	0,099	-0,038	0,214
PMST	0,944		0,920	-0,120	-0,041	0,150	0,013	0,167
PMSF	0,754	0,681		0,265	-0,142	0,125	0,011	0,196
% F	0,052	0,054	0,595		-2,669	-0,026	-0,008	0,070
PB	-0,186	-0,212	-0,270	-0,153		-0,410	0,562	-0,505
FDN	0,014	0,091	0,131	0,282	-0,487		-0,527	0,566
DIVMO	-0,264	-0,343	-0,151	0,093	0,383	-0,347		-0,836
LIG	0,109	0,214	0,068	0,010	-0,466	0,346	-0,724	

PMVT: produção de massa verde total (t.ha^{-1}); PMST: produção de matéria seca total (t.ha^{-1}); PMSF: produção de matéria seca foliar (t.ha^{-1}); % F: porcentagem de folha; PB: proteína bruta (%); FDN: fibra em detergente neutro (%); DIVMO: digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica (%); LIG: lignina (%).

Correlações positivas e de moderada a alta magnitude foram obtidas entre os caracteres PMVT e PMST (0,93; 0,94), PMVT e PMSF (0,83; 0,75), PMST e PMSF (0,92; 0,68), PB e DIVMO (0,56; 0,38), FDN e LIG (0,56; 0,34) nos períodos das águas e seca, respectivamente, e entre PMSF e % F (0,59) no período da seca (Tabela 4). De acordo com Basso et al. (2009), a existência de correlação entre

caracteres desejáveis indica que, selecionar um genótipo para qualquer um dos caracteres correlacionados, permite a obtenção de ganho com seleção para outra variável. Assim, é possível a obtenção de híbridos com elevada produção de matéria seca foliar a partir da seleção de forrageiras que apresentem alta produção de matéria verde e seca.

Simeão et al. (2016) avaliando progênies de *Brachiaria ruziziensis* observaram correlações genéticas de alta magnitude entre os caracteres produção de matéria verde e matéria seca total (1,00; 0,99), produção de matéria seca total e matéria seca foliar (0,84; 0,99) durante as estações das águas e seca, respectivamente. Observaram ainda correlações negativas entre produção de matéria verde, matéria seca total e matéria seca foliar com o componente nutritivo proteína bruta (-0,60; -0,60; -0,61), respectivamente.

Correlações negativas foram observadas entre PB e FDN (-0,41; -0,48), PB e LIG (-0,50; -0,46), FDN e DIVMO (-0,52; -0,34), DIVMO e LIG (-0,83; -0,72) nos dois períodos, águas e seca, respectivamente (Tabela 4). Os constituintes fibrosos FDN e LIG relacionaram-se negativamente com o valor nutritivo, indicando que a seleção de genótipos com menores teores de FDN e LIG resultará em ganhos em proteína e digestibilidade.

Segundo Van Soest (1995) os componentes nutricionais estão diretamente relacionados à estrutura morfológica da planta. Com o crescimento das plantas forrageiras ocorre um aumento de parede celular, havendo um detrimento das moléculas orgânicas, nutrientes ou não e a deposição de moléculas orgânicas não-nitrogenadas (celulose, hemicelulose, lignina, etc), ocasionando redução na concentração de compostos nitrogenados. Ainda segundo Reis et al (2005) à medida que a idade fisiológica da planta avança, aumentam as porcentagens de celulose, hemicelulose e lignina, reduzindo a proporção dos nutrientes potencialmente digestíveis (carboidratos solúveis, proteínas, minerais e vitaminas), resultando em uma queda acentuada da digestibilidade.

Esses resultados corroboram com os obtidos por Matias et al. (2016) que avaliando híbridos intraespecíficos de *Brachiaria decumbens* observaram correlações genéticas entre os caracteres proteína bruta e digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica (0,70), proteína bruta e fibra em detergente neutro (-0,70), lignina e

fibra em detergente neutro (0,79), lignina e digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica (-0,77) e fibra em detergente neutro com digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica (-0,66).

Observaram-se ganhos para todas as variáveis agronômicas no período das águas e seca (Tabela 5). No período das águas, o caráter PMSF apresentou maiores porcentagens de ganhos, variando de 4,48% a 8,33%, nas diferentes intensidades de seleção estudadas. Ganhos significativos também foram observados para o caráter PMST com ganhos de 2,35%, 4,17% e 6,11%, nas intensidades de seleção de 20, 10 e 5%, respectivamente. As estimativas de ganho de seleção para o período da seca foram maiores para os caracteres agronômicos PMSF (29,03%) e % F (10,05%), adotando-se a intensidade de seleção de 5% (Tabela 5), indicando que a seleção foi efetiva para obtenção de híbridos com maior potencial produtivo para esses componentes.

O aumento na produção de MS foliar é um dos principais requisitos de seleção dentro de um programa de melhoramento de *P. maximum* (Jank et al., 2011), pois as folhas são a principal fonte de nutrientes para os ruminantes em sistemas de pastejo (Rodrigues et al., 2008).

Beber (2018), avaliando híbridos intraespecíficos de *Panicum maximum* no bioma Amazônia, com intensidade de seleção de 40%, obteve ganhos genéticos em relação à cv. Mombaça, para produção de matéria seca de folha (0,9%) e produção de matéria de seca de folha na estação seca (3,3%), utilizando os índices baseado na soma de postos e o livre de pesos e parâmetros, sendo que esses índices foram concordantes na escolha dos sete melhores híbridos.

Tabela 5. Ganho com a seleção de híbridos de *Megathyrsus maximus* em relação à média das testemunhas, adotando-se as intensidades de seleção de 20%, 10% e 5% para caracteres agrônômicos e nutricionais

Período das águas								
Ganho Testemunha	PMVT	PMST	PMSF	% F	PB	FDN	DIVMO	LIG
% de ganho (20%)	1,15	2,35	4,48	1,35	0,09	-0,47	2,24	-2,56
% de ganho (10%)	2,92	4,17	6,57	1,45	0,21	-0,52	2,66	-2,93
% de ganho (5%)	5,86	6,11	8,33	1,42	-0,09	-0,51	2,67	-2,63
Média geral	43,39	8,45	6,48	76,88	16,48	69,6	60,51	3,68
Média testemunha	46,08	8,84	6,71	76,62	16,72	69,70	60,17	3,71
Período da seca								
Ganho Testemunha	PMVT	PMST	PMSF	% F	PB	FDN	DIVMO	LIG
% de ganho (20%)	2,24	3,86	15,97	10,64	1,26	-0,20	0,47	-1,30
% de ganho (10%)	5,52	5,86	21,81	8,93	2,62	-0,45	1,25	-3,10
% de ganho (5%)	7,41	6,91	29,03	10,05	3,19	-0,52	1,60	-3,79
Média geral	20,24	7,97	3,79	75,49	12,23	70,5	48,97	3,69
Média testemunha	21,75	8,17	4,39	75,92	12,28	70,26	49,33	3,67

PMVT: produção de massa verde total (t.ha^{-1}); PMST: produção de matéria seca total (t.ha^{-1}); PMSF: produção de matéria seca foliar (t.ha^{-1}); % F: porcentagem de folha; PB: proteína bruta (%); FDN: fibra em detergente neutro (%); DIVMO: digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica (%); LIG: lignina (%).

Os caracteres nutricionais apresentaram menores estimativas de ganhos com a seleção quando comparado aos produtivos, o que era esperado, devido a menor variabilidade genética expressa entre os híbridos para as variáveis nutritivas comparado àquelas relacionadas à produção de biomassa. As características produtivas apresentaram maior CVgi (Tabela 3), sendo que esse parâmetro expressa, em porcentagem da média geral, a quantidade de variação genética existente entre indivíduos. Dessa forma, quanto mais elevados os valores de CVgi, maiores serão as chances de ganhos com a seleção (Aguiar et al., 2010). Conforme Jank (1995), a baixa variabilidade para caracteres nutricionais está presente no banco de germoplasma de *P. maximum* da Embrapa Gado de Corte, indicando maior dificuldade para melhoria do valor nutricional dessa espécie.

Esses resultados estão de acordo com os obtidos por Matias et al. (2020), que observaram maiores ganhos com a seleção para os caracteres produtivos. Esses autores, trabalhando com híbridos de *Urochloa decumbens* sob diferentes intensidades de seleção (20 e 1%), obtiveram maiores ganhos para produção de matéria seca, com valores variando de 31,55% a 37,51% e menores ganhos para os

caracteres nutricionais de proteína bruta, variando de 4,62% a 5,43%, e digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica com ganhos entre 1,82% a 2,37%.

No período da seca observaram-se ganhos entre 1,26% até 3,18% para o caráter PB. No entanto, no período das águas, considerando 5% de intensidade de seleção, houve redução no conteúdo de PB para os híbridos selecionados, comparados à média das testemunhas (Tabela 5). Apesar dessa redução, não houve alteração significativa do teor de PB na média dos híbridos selecionados. A redução observada pode ser devido à associação genética negativa entre caracteres nutricionais e produtivos, em que o aumento na produção de biomassa nesse período resultou na redução do valor nutritivo dos híbridos selecionados (Tabela 4). Segundo Pereira et al. (2011), a maior produção de matéria seca resulta na redução de PB e na deposição das fibras no tecido vegetal pelo aumento da parede celular e do teor de lignina com o envelhecimento da planta forrageira.

Esses resultados corroboram com os observados por Matias et al. (2016), que relataram correlação fenotípica negativa entre as características agronômicas, produção de massa verde e matéria seca total com proteína bruta, ao avaliar híbridos de *Brachiaria decumbens*.

Houve ganhos com a seleção para DIVMO durante o período das águas, variando de 2,23% a 2,67%. No período da seca os ganhos variaram de 0,47% a 1,59%, comparado à média das testemunhas (Tabela 5). A digestibilidade, juntamente com o teor de PB, são indicadores muito importantes do valor nutritivo da forragem (Euclides et al., 2009) e estão diretamente relacionadas com o desempenho animal.

Uma cultivar ideal de forrageira deve associar alta produtividade com alta proteína e digestibilidade. Além disso, busca-se plantas com baixas concentrações de FDN e lignina, pois essas frações interferem no consumo e digestibilidade animal. Observa-se que os híbridos selecionados apresentaram reduções nessas frações (Tabela 5). No período das águas tem-se redução de 0,51% (FDN) e 2,63% (LIG), enquanto que no período da seca houve redução de 0,52% (FDN) e 3,79% (LIG), considerando a intensidade de seleção de 5%.

O teor de FDN está negativamente correlacionado com o consumo de MS, em que as forragens com menor fração fibrosa refletem na maior digestibilidade e

consumo. A lignina é um componente da parede celular que interfere na digestibilidade da forrageira, reduzindo a taxa de degradação e degradabilidade efetiva da parede celular dos alimentos volumosos (Van Soest, 1995). Assim, reduções nesses componentes, mesmos que baixas, refletirão em maior consumo e digestibilidade, favorecendo maior desempenho animal.

Observa-se que o ranqueamento dos híbridos não foi uniforme durante os períodos das águas e seca (Tabelas 6 e 7), indicando que os híbridos apresentaram um comportamento diferencial para esses períodos evidenciando a existência de interação complexa. Esse comportamento sugere ainda que a expressão genética é diferente nas duas estações e existem alelos adaptados para ambientes específicos.

No entanto, adotando-se 20% de IS observa-se que os híbridos: 82, 98, 22, 115, 3, 160, 20, 44, 111, 142, 145, 127, 94, 78 e 140 apresentaram um desempenho produtivo e nutricional satisfatório nas duas estações, sendo, portanto, os mais indicados para seleção nas próximas etapas do programa. A espécie utilizada nessa pesquisa é uma espécie perene, portanto, buscam-se genótipos que apresentam bom desempenho durante o período das águas e seca, simultaneamente.

Resultados semelhantes foram obtidos por Matias et al. (2016) avaliando híbridos intraespecíficos de *Brachiaria decumbens*, onde observaram diferentes desempenhos dos genótipos para caracteres agronômicos e nutricionais durante a estação seca e chuvosa. Porém, Simeão et al. (2016), avaliando *Urochloa ruziziensis* sob diferentes intensidades de seleção (1 e 5%) e diferentes períodos (seca e águas), estimaram ganhos positivos para caracteres agronômicos, e sugeriram que não há vantagem em separar os indivíduos avaliados nos dois períodos.

Tabela 6. Ranqueamento dos híbridos no período das águas baseado nos valores genotípicos para caracteres agronômicos e nutricionais e no índice de seleção aditivo, adotando-se a intensidade de seleção de 20%

Ranqueamento	Genótipos	PMVT	PMST	PMSF	% F	PB	FDN	DIVMO	LIG
1º	14	25,47	8,83	6,21	86,46	12,83	69,66	52,39	3,48
2º	140	20,98	8,13	5,33	87,53	13,48	69,64	50,69	3,40
3º	22	25,21	9,22	5,88	81,51	12,04	69,82	50,16	3,46
4º	20	23,55	8,74	5,20	80,90	12,83	70,36	51,29	3,44
5º	110	18,93	7,39	4,52	84,65	13,24	69,08	51,53	3,38
6º	125	22,52	8,77	5,77	86,52	12,41	70,03	49,95	3,63
7º	64	25,73	9,85	6,18	75,49	12,95	70,58	47,67	3,61
8º	93	22,78	8,36	5,70	84,94	12,07	69,58	49,74	3,65
9º	127	25,09	9,32	6,19	83,97	12,16	70,30	47,68	3,70
10º	91	19,06	7,32	4,57	84,87	13,46	69,94	51,00	3,48
11º	32	22,39	8,19	5,20	87,49	12,69	70,04	49,15	3,64
12º	111	20,21	8,00	4,74	85,54	12,70	68,77	49,90	3,63
13º	7	20,21	7,93	4,66	86,95	11,92	70,73	51,93	3,41
14º	160	22,90	8,97	4,77	76,63	12,50	69,83	49,61	3,48
15º	141	25,47	9,70	5,99	81,66	11,04	70,78	49,60	3,68
16º	38	24,32	8,60	4,30	72,25	13,14	68,82	48,85	3,53
17º	142	25,34	9,71	5,70	78,62	12,71	71,05	48,03	3,80
18º	123	19,95	7,73	4,87	82,62	12,89	69,63	49,18	3,57
19º	82	21,37	8,66	4,00	83,20	12,70	69,90	49,97	3,60
20º	8	21,62	8,32	5,45	92,04	11,58	70,34	49,06	3,77
21º	98	21,88	9,05	4,69	84,44	12,26	69,78	48,91	3,74
22º	115	21,75	9,01	3,87	86,88	12,52	69,83	49,97	3,76
23º	44	23,42	8,57	5,51	86,14	12,24	70,26	47,30	3,76
24º	107	23,80	8,66	5,06	75,45	12,13	69,41	48,67	3,65
25º	99	18,16	7,19	3,71	84,25	12,68	69,17	51,40	3,54
26º	47	20,47	7,78	4,69	84,56	12,03	69,64	50,70	3,72
27º	78	24,19	8,57	6,54	91,98	11,20	71,47	47,89	3,92
28º	28	20,08	7,62	4,73	87,42	12,64	70,83	49,75	3,62
29º	39	19,18	7,57	3,49	85,35	13,31	70,16	50,32	3,54
30º	94	21,49	8,40	5,37	86,65	11,64	70,83	49,24	3,70
31º	171	22,65	8,52	5,94	88,91	12,18	71,47	47,30	3,82
32º	62	20,72	7,94	4,58	85,50	12,87	70,26	47,52	3,59
33º	3	20,47	7,96	4,43	82,28	12,01	70,53	51,07	3,60
34º	145	24,70	9,92	5,26	82,51	11,62	71,49	47,83	3,74
Média Selecionados		22,24	8,49	5,09	84,00	12,43	70,12	49,57	3,62
Média Geral		20,24	7,97	3,79	75,49	12,23	70,5	48,97	3,69
Média testemunha		21,75	8,17	4,39	75,92	12,28	70,26	49,33	3,67

PMVT: produção de massa verde total ($t \cdot ha^{-1}$); PMST: produção de matéria seca total ($t \cdot ha^{-1}$); PMSF: produção de matéria seca foliar ($t \cdot ha^{-1}$); % F: porcentagem de folha; PB: proteína bruta (%); FDN: fibra em detergente neutro (%); DIVMO: digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica (%); LIG: lignina (%).

Tabela 7. Ranqueamento dos híbridos no período da seca baseado nos valores genotípicos para caracteres agrônômicos e nutricionais e no índice de seleção aditivo, adotando-se a intensidade de seleção de 20%

Ranqueamento	Genótipos	PMVT	PMST	PMSF	% F	PB	FDN	DIVMO	LIG
1º	14	25,47	8,83	6,21	86,46	12,83	69,66	52,39	3,48
2º	140	20,98	8,13	5,33	87,53	13,48	69,64	50,69	3,40
3º	22	25,21	9,22	5,88	81,51	12,04	69,82	50,16	3,46
4º	20	23,55	8,74	5,20	80,90	12,83	70,36	51,29	3,44
5º	110	18,93	7,39	4,52	84,65	13,24	69,08	51,53	3,38
6º	125	22,52	8,77	5,77	86,52	12,41	70,03	49,95	3,63
7º	64	25,73	9,85	6,18	75,49	12,95	70,58	47,67	3,61
8º	93	22,78	8,36	5,70	84,94	12,07	69,58	49,74	3,65
9º	127	25,09	9,32	6,19	83,97	12,16	70,30	47,68	3,70
10º	91	19,06	7,32	4,57	84,87	13,46	69,94	51,00	3,48
11º	32	22,39	8,19	5,20	87,49	12,69	70,04	49,15	3,64
12º	111	20,21	8,00	4,74	85,54	12,70	68,77	49,90	3,63
13º	7	20,21	7,93	4,66	86,95	11,92	70,73	51,93	3,41
14º	160	22,90	8,97	4,77	76,63	12,50	69,83	49,61	3,48
15º	141	25,47	9,70	5,99	81,66	11,04	70,78	49,60	3,68
16º	38	24,32	8,60	4,30	72,25	13,14	68,82	48,85	3,53
17º	142	25,34	9,71	5,70	78,62	12,71	71,05	48,03	3,80
18º	123	19,95	7,73	4,87	82,62	12,89	69,63	49,18	3,57
19º	82	21,37	8,66	4,00	83,20	12,70	69,90	49,97	3,60
20º	8	21,62	8,32	5,45	92,04	11,58	70,34	49,06	3,77
21º	98	21,88	9,05	4,69	84,44	12,26	69,78	48,91	3,74
22º	115	21,75	9,01	3,87	86,88	12,52	69,83	49,97	3,76
23º	44	23,42	8,57	5,51	86,14	12,24	70,26	47,30	3,76
24º	107	23,80	8,66	5,06	75,45	12,13	69,41	48,67	3,65
25º	99	18,16	7,19	3,71	84,25	12,68	69,17	51,40	3,54
26º	47	20,47	7,78	4,69	84,56	12,03	69,64	50,70	3,72
27º	78	24,19	8,57	6,54	91,98	11,20	71,47	47,89	3,92
28º	28	20,08	7,62	4,73	87,42	12,64	70,83	49,75	3,62
29º	39	19,18	7,57	3,49	85,35	13,31	70,16	50,32	3,54
30º	94	21,49	8,40	5,37	86,65	11,64	70,83	49,24	3,70
31º	171	22,65	8,52	5,94	88,91	12,18	71,47	47,30	3,82
32º	62	20,72	7,94	4,58	85,50	12,87	70,26	47,52	3,59
33º	3	20,47	7,96	4,43	82,28	12,01	70,53	51,07	3,60
34º	145	24,70	9,92	5,26	82,51	11,62	71,49	47,83	3,74
Média Selecionados		22,24	8,49	5,09	84,00	12,43	70,12	49,57	3,62
Média Geral		20,24	7,97	3,79	75,49	12,23	70,5	48,97	3,69
Média testemunha		21,75	8,17	4,39	75,92	12,28	70,26	49,33	3,67

PMVT: produção de massa verde total (t.ha⁻¹); PMST: produção de matéria seca total (t.ha⁻¹); PMSF: produção de matéria seca foliar (t.ha⁻¹); % F: porcentagem de folha; PB: proteína bruta (%); FDN: fibra em detergente neutro (%); DIVMO: digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica (%); LIG: lignina (%).

4. CONCLUSÃO

Existe variabilidade genética entre os híbridos, tanto para os caracteres agronômicos como nutricionais, o que associado às estimativas de herdabilidade de média a elevada magnitude indicam a possibilidade de ganhos com a seleção nos períodos avaliados.

Correlações genéticas entre os caracteres PMVT e PMST; PMVT e PMSF; PMST e PMSF; PB e DIVMO; FDN e LIG; PB e FDN; PB e LIG; FDN e DIVMO; DIVMO e LIG nos períodos das águas e seca indicam a possibilidade de seleção indireta para esses caracteres.

O uso do índice aditivo permitiu a seleção de híbridos superiores com ganhos genéticos significativos para caracteres agronômicos e de valor nutricional. Com base no ranqueamento é possível selecionar os híbridos 82, 98, 22, 115, 3, 160, 20, 44, 111, 142, 145, 127, 94, 78 e 140, pois esses apresentaram desempenho agrônomo e nutricional satisfatório para o período das águas e seca, sendo, portanto, considerados promissores para as próximas etapas do programa de melhoramento genético.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABIEC 2022: Associação Brasileira das Indústrias Exportadoras de Carne - Perfil da pecuária no Brasil (2023). Beef Report, São Paulo, 74p.

Aguiar AV, Souza VA, Shimizu JY (2010) Seleção genética de progênies de *Pinus greggii* para formação de pomares de sementes. **Pesquisa Florestal Brasileira** 32:107-117.

Barbero RP, Malheiros EB, Aguilar NM, Romanzini EP, Ferrari AC, Nave RG, Reis, RA (2020) Supplementation level increasing dry matter intake of beef cattle grazing low herbage height. **Journal of Applied Animal Research** 48:28-33.

Beber PM (2018) **Parâmetros genéticos, seleção e diversidade de híbridos de *Panicum maximum* avaliados no bioma Amazônia**. 126 f. Tese. (Doutorado em Agronomia) – Universidade Federal do Acre, Rio Branco.

Braz TGS, Martuscello JA, Jank L, Fonseca DM, Resende MDV, Evaristo AB (2017) Genotypic value in hybrid progenies of *Panicum maximum* Jacq. **Ciência Rural** 47:1-6.

Braz TGS, Fonseca DM, Jank L, Cruz CD, Martuscello JA (2015) Genotypic stabilization of agronomic traits in *Panicum maximum* (Jacq.) hybrids. **Revista Brasileira de Zootecnia** 11:377-383.

Braz TGS, Fonseca DM, Jank L, Resende MDV, Martuscello JA, Simeão RM (2013) Genetic parameters of agronomic characters in *Panicum maximum* hybrids. **Revista Brasileira de Zootecnia** 42:231- 237.

Cargnelutti Filho A, Braga Junior RLC, Lúcio AD (2012) Medidas de precisão experimental e número de repetições em ensaios de genótipos de cana-de açúcar. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** 47:1413-1421.

Cruz CD, Regazzi AJ (1994) Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa:UFV, 390p.

Deo TG, Ferreira RCU, Lara LAC, Moraes ACL, Pereira AA, Oliveira FA, Garcia AAF, Santos MF, Jank L, Souza AP (2020) High-resolution linkage map with allele dosage allows the identification of regions governing complex traits and apospory in guineagrass (*Megathyrsus maximus*). **Frontiers Plant Science** 11:15.

EMBRAPA 1999: Sistema brasileiro de classificação de solos. Brasília:EMBRAPA. 412 p.

Euclides VPB, Macedo MCM, Valle CB, Difante GS, Barbosa RA, Cacere ER (2009) Valor nutritivo da forragem e produção animal em pastagens de *Brachiaria brizantha*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** 44:98-106.

Falconer DS (Ed.) (1987) **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa:UFV, 279 p.

Falconer DS, Mackay TFC (Eds.) (1996) Introduction to quantitative genetics. England:Longman, 464p.

Figueiredo UJ, Nunes JAR, Valle CB (2012) Estimation of genetic parameters and selection of *Brachiaria humidicola* progenies using a selection index. **Crop Breeding and Applied Biotechnology** 12:237-244.

Hayes BJ, Cogan NOI, Pembleton LW, Goddard ME, Wang J, Spangenberg GC and Forster JW (2013) Prospects for genomic selection in forage plant species. **Plant Breeding** 132: 133-143.

INMET – Instituto Nacional de Meteorologia. Banco de Dados Meteorológicos para Ensino e Pesquisa do Instituto Nacional de Meteorologia. Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento. Disponível em: < <https://portal.inmet.gov.br>>. Acesso em: 10 out. 2022.

Jank L, Barrios SC, Valle CB, Simeão RM, Alves GF (2014) The value of improved pastures to Brazilian beef production. **Crop and Pasture Science** 65: 1132-1137.

Jank L, Valle CB, Resende RMS (2011) Breeding tropical forages. **Crop Breeding and Applied Biotechnology** 11: 27-34.

Jank L, Resende RMS, Valle CB, Resende MDV, Chiari L, Cançado LJ, Simioni C (2008) Melhoramento Genético de *Panicum maximum* Jacq. In.: Resende RMS, Valle CB, Jank L (Eds.) **Melhoramento de forrageiras tropicais**. Campo Grande: Embrapa Gado de Corte, p. 55-87.

Jank L, Calixto S, Costa JCG, Savidan YH, Cuvo JBE (1997) **Catalog of the characterization and evaluation of the *Panicum maximum* germplasm: morphological description and agronomical performance**. Campo Grande: EMBRAPA, 53 p. (Embrapa-CNPQC. Documentos, 68).

Jank L (1995) Melhoramento e seleção de variedades de *Panicum maximum*. In.: SIMPÓSIO SOBRE MANEJO DA PASTAGEM, **Anais...** Piracicaba: FEALQ, p. 21-58.

Marten GC, Shenk JS, Barton FE (Eds.) (1985) Near infrared reflectance spectroscopy (NIRS), analysis of forage quality. Washington: USDA, 114 p.

Martha Júnior GB, Vilela L, Sousa DMG (Eds.) (2007) Cerrado: Uso eficiente de corretivos e fertilizantes em pastagens. Planaltina:Embrapa, 224p.

Matias FI, Valle CB, Gouveia BT, Moro GV, Barrios SCL (2020) Using additive indices and principal components to select sexual genitors and hybrids of *Urochloa decumbens*. **Crop Breeding and Applied Biotechnology** 20:1-9.

Matias FI, Barrios SCL, Valle CB, Mateus RG, Martins LB, Moro GV (2016) Estimate of genetic parameters in *Brachiaria decumbens* hybrids. **Crop Breeding and Applied Biotechnology** 16:115-122.

Pandolfi ADF^o, Valle CB, Barrios SCL, Alves G F, Deminiciis, BB (2016) Avaliação de genitoras sexuais de *Brachiaria spp*, na época de seca. **Archivos de zootecnia** 65:213-219.

Pereira AV, Cruz CD, Ferreira RP, Botrel MA, Oliveira JS (2002) Influência da estabilização de genótipos de capim-elefante (*Pennisetum purpureum* Schum.) sobre a estimativa da repetibilidade de características forrageiras. **Ciência e Agrotecnologia** 26:762-767.

Pereira CH (2019) **Combining ability and hybrid selection for agronomic and nutritive value traits under two contrasting soil fertility levels in *Panicum Maximum* jacq.** 95 f. Tese. (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras.

Pereira EA, Dall'agnol M, Nabinger C, Huber KGC, Montardo DP, Genro TCM (2011) Produção agrônômica de uma coleção de acesso de *Paspalum nicorae* Parodi. **Revista Brasileira de Zootecnia** 40:498-508.

Pires IE, Resende MDV, Silva RL, Resende JR MFR (Eds.) (2011) Genética florestal. Viçosa:Arka, 318p.

Reis RA, Melo GMP, Bertipaglia LMA (2005) Otimização da utilização da forragem disponível através da suplementação estratégica. In.: Reis RA, Siqueira GR, Bertipaglia LMA (Eds.). **Volumosos na produção de ruminantes**. Jaboticabal:Funep p.187-238.

Resende MDV (Ed.) (2002) Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes. Brasília:Embrapa, 975p.

Resende MDV (2007) Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético. Colombo:Embrapa, 561p.

Resende MDV (2016) Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology** 16:330-339.

Resende MDV, Duarte JB (2007) Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical** 37:182-194.

Resende MDV, Resende RMS, Jank L, Valle CB (2008) Experimentação e análise estatística no melhoramento de forrageiras. In.: Resende RMS, Valle CB, Jank L (Eds.) **Melhoramento de forrageiras tropicais**. Campo Grande:Embrapa p.195-293.

Rodrigues RC, Mourão GB, Brennecke K, Luz PHC, Herling VR (2008) Produção de massa seca, relação folha/colmo e alguns índices de crescimento do *Brachiaria brizantha* cv. Xaraés cultivado com a combinação de doses de nitrogênio e potássio. **Revista Brasileira de Zootecnia** 37:394-400.

Simeão R, Silva A, Valle C, Resende MD, Medeiros S (2016) Genetic evaluation and selection index in tetraploid *Brachiaria ruziziensis*. **Plant Breeding** 135:243-256.

Steel RGD, Torrie JH, Dickey DA (Eds.) (1997) Principles and procedures of statistics: A biometrical approach. McGraw-Hill:New York, 666p.

Van Soest PJ (Ed.) (1995) Nutritional ecology of the ruminant. Cornell University:New York, 475p.

Vencovsky R, Barriga P (Eds.) (1992) Genética biométrica no fitomelhoramento. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 496p.

CAPÍTULO 3 - Utilização de componentes principais visando seleção de híbridos de *Megathyrsus maximus*

RESUMO - Na seleção de forrageiras avalia-se um grande número de caracteres, que podem estar correlacionados entre si. Nesses casos, o emprego das análises de componentes principais permite um estudo global dos caracteres, possibilitando a discriminação adequada de genótipos considerando o menor número de variáveis possível. Assim, objetivou-se selecionar híbridos de *Megathyrsus maximus* via análises de componentes principais com base em caracteres agrônômicos e nutricionais e identificar a importância relativa desses caracteres na discriminação dos híbridos. Foram realizados três cortes, sendo dois no período das águas e um corte no período seco, avaliando-se os seguintes caracteres: produção de matéria verde total (PMVT), produção de matéria seca total (PMST), produção de matéria seca foliar (PMSF), porcentagem de folhas (% F), proteína bruta (PB), digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica (DIVMO), fibra em detergente neutro (FDN) e lignina (LIG). Os dados foram analisados via componentes principais, utilizando o software Selegen REML/BLUP. A análise de componentes principais se mostrou efetiva para identificar as variáveis DIVMO, PMVT, PMST e LIG como sendo as de maior importância nesse estudo, e as variáveis PMSF, % F, PB e FDN apresentaram baixa variabilidade ou foram redundantes por estarem correlacionadas com as de maior importância, sendo passíveis de descarte durante as avaliações. A ACP permitiu ainda, a identificação visual e rápida de híbridos superiores para os caracteres agrônômicos e de valor nutricional simultaneamente. Os híbridos 38, 131, 160 e 22 apresentaram potencial produtivo e nutricional superior tanto no período das águas quanto no período da seca, sendo indicados para as próximas etapas do programa de melhoramento.

Palavras-chave: Análise multivariada, forragens tropicais, REML-BLUP

CHAPTER 3 - Use of principal components for the selection of *Megathyrsus maximus* hybrids

ABSTRACT – In the selection of forages, a large number of traits are evaluated, which can be correlated with each other. In these cases, the use of principal component analysis allows a global study of the traits, enabling the adequate discrimination of genotypes while considering the smallest possible number of traits. Thus, the objective was to select hybrids of *Megathyrsus maximus* via principal component analysis based on agronomic and nutritional traits and to identify the relative importance of these traits in the discrimination of hybrids. Three cuts were made, two in the rainy season and one in the dry season, evaluating the following traits: total green matter yield (TGMY), total dry matter yield (TDMY), leaf dry matter yield (LDMY), percentage of leaves (% L), crude protein (CP), *in vitro* digestibility of organic matter (IVOMD), neutral detergent fiber (NDF) and lignin (LIG). Data were analyzed via principal components, using the software Selegen REML/BLUP. Principal component analysis proved to be effective in identifying the traits IVOMD,

TGMY, TDMY and LIG as the most important in this study, while the traits LDMY, % L, CP and NDF showed low variability or were redundant due to their correlation with the more important traits, making them prone to be discarded during the evaluations. The ACP also allowed the visual and rapid identification of superior hybrids for both agronomic and nutritional value traits simultaneously. Hybrids 38, 131, 160 and 22 showed productive and nutritional potential in both the rainy and dry seasons, thereby being recommended for the next stages of the breeding program.

Keywords: Multivariate analysis, tropical forages, REML-BLUP

1. INTRODUÇÃO

A intensificação dos sistemas de produção animal demanda continuamente a utilização de forrageiras que associem elevada capacidade de produção com alto valor nutritivo e adaptadas aos diferentes ecossistemas do país, o que tem impulsionado os programas de melhoramento genético a buscarem constantemente novos genótipos que possuam simultaneamente essas características e que, segundo Jank et al. (2014), superem os padrões apresentados pelas cultivares existentes no mercado.

Assim, no melhoramento de forrageiras, avalia-se um grande número de caracteres relacionados à produtividade de biomassa, ao valor nutricional, a resistência a pragas e doenças, a persistência da forrageira, entre outros, sendo que muitas vezes esses são correlacionados entre si (Jank et al., 2014). Entretanto, devido ao alto custo, tempo e mão de obra envolvida, às vezes, não é possível avaliar todos os caracteres desejados, e nesses casos, uma ferramenta de grande utilidade para os melhoristas são as análises multivariadas, como as análises de componentes principais.

As análises de componentes principais (ACP) consistem em uma técnica de extrema importância, pois se baseia na redução do conjunto de dados a ser analisado, principalmente quando os dados são constituídos de um grande número de variáveis inter-relacionadas. Na ACP ocorre a transformação de um conjunto de variáveis original em um conjunto de variáveis não correlacionadas, de mesma dimensão e ordenadas de forma decrescente de variância (Oliveira, 2019),

proporcionando aos melhoristas uma melhor orientação na escolha das melhores variáveis a serem utilizadas nos programas de melhoramento (Cruz et al., 2014).

As ACP permitem a identificação de variáveis de maior importância e aquelas de menor contribuição para a seleção, possibilitando assim, discriminar os genótipos considerando o menor número de variáveis possível (Teixeira et al., 2013). A partir dessa avaliação é possível descartar caracteres que contribuem pouco para a discriminação dos genótipos avaliados, reduzindo, dessa forma, mão-de-obra, tempo e custos despendidos na experimentação agrícola (Cruz et al., 2020).

Além disso, a técnica dos componentes principais possibilita o estudo da diversidade genética de um grupo de genótipos, permitindo o agrupamento de indivíduos similares mediante visualizações, em dispersões gráficas no espaço bi ou tridimensional, de fácil interpretação geométrica (Regazzi, 2000).

Matias et al. (2020) demonstraram a importância das análises de componentes principais (ACP) na identificação e seleção de genitores e híbridos de *Urochloa decumbens*, para características de alta matéria seca total, capacidade de rebrota, proteína bruta e digestibilidade *in vitro* associado a baixas concentrações de fibra em detergente neutro e lignina, simultaneamente. Segundo os autores, as ACP são uma excelente ferramenta para seleção rápida e visual de genótipos.

Assim, objetivou-se selecionar híbridos de *Megathyrsus maximus* via análises de componentes principais com base em caracteres agronômicos e nutricionais e identificar a importância relativa das variáveis avaliadas na discriminação de híbridos.

2. MATERIAL E MÉTODOS

Os híbridos avaliados neste experimento foram obtidos a partir do cruzamento dialélico entre dois grupos de genitores, apomíticos e sexuais. O primeiro grupo era composto por 10 genótipos apomíticos autotetraploides, utilizados como genitores masculinos e o outro grupo formado por 10 genótipos sexuais autotetraplóides, utilizados como genitores femininos.

Cinco genitores femininos sexuais (FP1, FP5, FP6, FP7 e FP8) foram obtidos, a partir de hibridações realizadas no Brasil, entre a planta sexual S10 com as

cultivares Mombaça e Tanzânia-1. As progênes obtidas foram avaliadas e selecionadas com base no desempenho *per se* e em cruzamentos (Braz et al., 2017). Os genitores masculinos e cinco genitores sexuais (FP2, FP3, FP4, FP9 e FP10), provenientes do Banco de Germoplasma de *M. maximus* da Embrapa Gado de Corte, foram selecionados, a partir de sucessivas avaliações agronômicas e nutricionais, em vários cortes e anos (Jank et., 1997; Jank et al., 2008).

A partir do cruzamento desses genitores apomíticos e sexuais foram obtidas 86 progênes de irmãos completos, com 30 híbridos de cada progênie. Esses híbridos foram avaliados em dois ambientes contrastantes, um ambiente com alta fertilidade e outro ambiente de baixa fertilidade do solo, durante dois anos em sete cortes para caracteres agronômicos e nutricionais (Pereira, 2019).

A partir dessas avaliações, 170 híbridos foram selecionados e clonados para compor o material genético avaliado nesse experimento. Atualmente, esses híbridos encontram-se na Fase 1 do Programa de Melhoramento, em que são avaliados de 100 a 200 genótipos sob cortes, em experimentos com repetição em um local (Jank et al., 2014).

A pesquisa foi desenvolvida na Embrapa Gado de Corte em Campo Grande – MS, situada nas coordenadas 20°27'S e 54°37'W, 530 m de altitude. O clima é classificado como tropical chuvoso, subtipo Aw, segundo a classificação climática de Köppen, caracterizado pela distribuição anual irregular de chuvas, com duas estações bem definidas, período seco (maio a outubro) e um período chuvoso (novembro a abril). A temperatura média anual é de 23 °C (EMBRAPA, 1999). Os dados climáticos referentes às temperaturas e precipitação média durante o período experimental estão apresentados na Figura 1 (INMET, 2022).

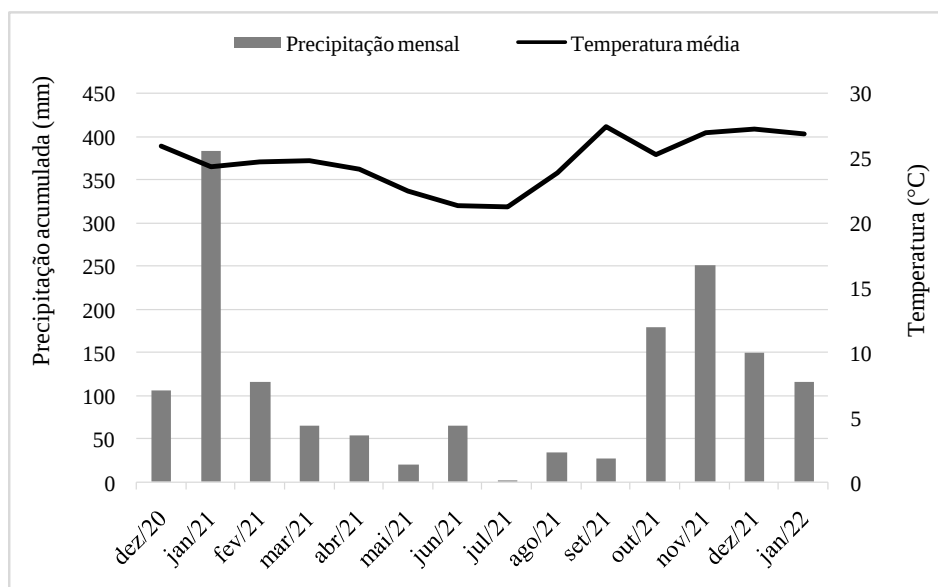


Figura 1. Precipitação mensal (mm) e temperatura média mensal (°C) durante o período experimental na Embrapa Gado de Corte em Campo Grande/MS.

Os genótipos foram avaliados em uma área experimental, no delineamento em blocos casualizados, com duas repetições, sendo 170 híbridos e 3 cultivares comerciais, Mombaça, BRS Zuri e BRS Quênia utilizadas como testemunhas, totalizando 346 parcelas. Cada parcela experimental possuía uma área total de 2,5 m², constituídas por duas linhas com 2 m de comprimento, 0,5 m entre linhas e 0,5 m entre plantas. Cada linha possuía cinco plantas, totalizando 10 plantas individuais por parcela. Ao redor dos blocos, foram plantadas duas linhas de cultivares comerciais como bordadura.

O solo amostrado na área experimental (camada superior de 0-20 cm) foi analisado quimicamente, com os seguintes resultados: pH (H₂O): 5,8; pH (CaCl₂): 5,2; P = 0,9 mg/dm³; MO = 33,5 g/dm³; K = 0,3cmol_c/dm³; Ca = 2,7cmol_c/dm³; Mg = 1,2cmol_c/dm³; Al = 0,0cmol_c/dm³; H + Al = 4,2cmol_c/dm³, saturação de base (%) = 49,7.

Os tratos culturais necessários ao desenvolvimento da cultura foram realizados de acordo com os resultados das análises de solo e recomendações técnicas para a espécie (Martha Júnior et al., 2007).

As mudas dos genótipos selecionados para a pesquisa foram confeccionadas em janeiro/2020 e o transplante no campo ocorreu em dezembro/2020. Após o

transplante e estabelecimento das plantas realizou-se um corte de uniformização em fevereiro de 2021. Posteriormente foram realizados dois cortes no período das águas (09/03/2021 e 12/01/2022) e um corte no período da seca (15/09/2021) a 25 cm do nível do solo, correspondendo aos cortes de avaliação.

A cada corte, a forragem foi colhida e pesada no campo para a determinação da produção de massa verde total (PMVT) (kg.parcela^{-1}), sendo posteriormente convertidos para t.ha^{-1} . Após a pesagem, uma amostra homogênea de aproximadamente 300 gramas foi coletada. Essas amostras foram levadas ao laboratório de processamento de amostras forrageiras (LPAF), pesadas e seus componentes morfológicos (lâminas foliares, colmos + bainhas e forragem senescente) separados com posterior secagem em estufa de ventilação forçada à 55°C por 72^o horas. Após a secagem foi determinado o peso seco de cada componente e sua participação relativa na composição morfológica. Foram avaliadas a produção de massa seca total (PMST) e a produção de massa seca foliar (PMSF), (kg.parcela^{-1}), posteriormente convertidos para t.ha^{-1} . A porcentagem de folhas (% F) foi determinada com base no peso seco dos componentes, sendo calculada como $\% F = [PMSF / (PMSF + PMSC)] \times 100$.

Os caracteres relacionados ao valor nutritivo da forragem foram avaliados nos três cortes (dois no período chuvoso e um no período seco). Para isso, após a separação morfológica, secagem e pesagem, as amostras de lâminas foliares foram moídas em moinho tipo “Wiley” com peneira de 1,0 mm. Essas amostras foram quantificadas por meio de espectroscopia de reflexão de infravermelho próximo (NIRS), sendo determinados com base na matéria seca total os teores de proteína bruta (PB), fibra em detergente neutro (FDN), digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica (DIVMO) e teor de lignina (LIG) (Marten et al, 1985).

Os dados coletados foram analisados usando a abordagem de modelos mistos. Os componentes de variância foram estimados utilizando-se o método da máxima verossimilhança restrita (REML) e os valores genotípicos foram preditos pelo método da melhor predição linear não-viesada (BLUP).

No período das águas, os caracteres produtivos e nutricionais foram avaliados em dois cortes na mesma unidade experimental (medidas repetidas ao longo do tempo), sendo as análises realizadas com base no seguinte modelo estatístico: $y =$

$Xm + Zg + Wp + Ti + e$, em que y é o vetor de dados, m é o vetor dos efeitos das combinações corte-repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), p é vetor dos efeitos de ambiente permanente (aleatórios), i é o vetor dos efeitos da interação genótipos x cortes e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

As análises para o período da seca, considerando apenas um corte, foram realizadas com base no modelo estatístico: $y = Xr + Zg + e$, em que, y : é o vetor de dados fenotípicos; r : é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos), somados à média geral, g : é o vetor de efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios) e e : é o vetor de resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas, X e Z representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Para testar a significância dos componentes de variância dos efeitos de genótipos, da interação genótipo x cortes e de ambiente permanente e seus respectivos coeficientes de determinação procedeu-se à análise de deviance (ANADEV), com a significância dos efeitos verificada pelo teste LRT, a 5% de probabilidade, conforme recomendado por Resende et al. (2008).

Os híbridos foram avaliados quanto aos seus caracteres agrônômicos e nutricionais durante o período das águas e seca por meio da técnica multivariada de componentes principais. Todas as análises foram realizadas utilizando o software Selegen REML/BLUP (Resende, 2016).

Os gráficos biplot foram gerados com o auxílio do software RStudio (R Core Team, 2020), utilizando-se o pacote factoextra (Kassambara e Mundt, 2020).

3. RESULTADOS E DISCUSSÕES

A variabilidade genética observada entre os híbridos no período das águas pode ser explicada pelos três primeiros componentes principais (84,48%) e no período da seca os três primeiros CP foram responsáveis por explicar 80,92% da variância total contida nas variáveis analisadas (Tabelas 1 e 2). Esses valores estão de acordo com os recomendados por Cruz et al. (2020), de no mínimo 80% da variância total sendo explicada nos primeiros componentes para melhor

compreensão dos resultados. Ainda segundo Cruz et al. (2014), variações totais acima de 80% obtidas com os dois ou três primeiros componentes principais possibilitam a análise de grupos de genótipos utilizando gráficos de dispersão.

Observa-se que no período das águas os três primeiros autovalores devem ser considerados, pois possuem valores superiores a 0,70. O autovalor para o primeiro fator foi 3,11 o que é um valor expressivo, pois a soma de todos os autovalores é 8,0. O autovalor do segundo fator foi 2,44 e o terceiro autovalor foi de 1,20 (Tabela 1). No período da seca os três primeiros autovalores também foram superiores a 0,70, sendo de 3,18; 1,91 e 1,37, respectivamente (Tabela 2). Jolliffe (1972) sugere que sejam considerados apenas os CP associados a autovalores acima de 0,70, sendo que autovalores menores que 0,70 podem ser descartados como variáveis redundantes. Ainda, de acordo com Yokomizo et al. (2017), a importância relativa $IR > 1$ contém padrões ou informações importantes, $IR = 1$ não contém padrões mas pode conter alguma informação independente e $IR < 1$ não contém qualquer padrão ou informação. Dessa forma, os três primeiros CPs dos dois períodos avaliados possuem padrões e muitas informações importantes sobre os genótipos.

No período das águas o componente principal 1 explicou 38,91% da variabilidade total dos dados, sendo as três variáveis, em ordem decrescente, DIVMO (0,7918), PMVT (-0,4227) e PMST(0,3853), as que apresentaram maior peso na sua constituição. O segundo componente principal explicou 30,53% da variabilidade total dos dados, sendo as variáveis LIG (-0,6804), PMVT (-0,4308) e DIVMO (-0,4111) apresentando maiores pesos. O terceiro CP explicou 15,04% da variabilidade total dos dados e as variáveis que mais contribuíram foram: LIG (0,6847), PMVT (-0,4322) e PMST (0,3553) (Tabelas 1 e 3).

No período da seca, os três primeiros CP explicaram 39,79%, 23,93% e 17,2% da variabilidade total dos dados, respectivamente (Tabela 2). As variáveis responsáveis pela variabilidade dos genótipos no primeiro CP foram: LIG (-0,7475), PMVT (-0,4372) e PMST (-0,3706); no segundo CP: DIVMO (0,5544), LIG (0,4836) e PMVT (-0,4552) e no terceiro CP: DIVMO (-0,6365), PMVT (-0,4318) e LIG (0,3915) (Tabela 4).

Assim, as variáveis PMVT, PMST, DIVMO e LIG foram as de maior importância na distinção dos híbridos no período das águas e seca, podendo concentrar maiores esforços na avaliação dessas variáveis, descartando outras de menor importância.

Tabela 1. Estimativas de autovalores, porcentagem da variância total e acumulada dos componentes principais, obtidos para caracteres agronômicos e nutricionais em híbridos de *Megathyrus maximus* no período das águas

Componente	Autovalores	Variância total (%)	Variância acumulada (%)
1	3,1129	38,91	38,91
2	2,4424	30,53	69,44
3	1,2033	15,04	84,48
4	0,5477	6,85	91,33
5	0,4867	6,08	97,41
6	0,1334	1,67	99,08
7	0,0696	0,87	99,95
8	0,0040	0,05	100

Tabela 2. Estimativas de autovalores, porcentagem da variância total e variância acumulada dos componentes principais, obtidos para caracteres agronômicos e nutricionais em híbridos de *Megathyrus maximus* no período da seca

Componente	Autovalores	Variância total (%)	Variância acumulada (%)
1	3,1836	39,79	39,79
2	1,9147	23,93	63,73
3	1,3757	17,20	80,92
4	0,6395	7,99	88,92
5	0,5098	6,37	95,29
6	0,2484	3,10	98,39
7	0,1003	1,25	99,65
8	0,0281	0,35	100,00

Com base nos dados dos autovetores é possível prever as variáveis que menos contribuirão para a variabilidade genética, sendo passíveis de descarte em estudos futuros. As variáveis que menos contribuirão foram aquelas que apresentaram os maiores valores de autovetores nos últimos componentes principais. Normalmente, consideram-se os últimos autovetores associados a

autovalores da matriz de correlação aquele(s) nulo(s) ou, de forma mais flexível, aqueles cuja magnitude seja inferior a 0,70 (Cruz et al., 2020; Jolliffe, 1972). Assim, para o período das águas, foram passíveis de descarte os caracteres FDN (0,7089; 0,7089), % F (0,8688), PB (0,8124) e PMSF (0,8719) (Tabela 3), e no período da seca os caracteres: FDN (-0,6372; -0,6884;), PB (0,6714; 0,6736) e PMSF (0,7216) (Tabela 4). Esses caracteres são considerados menos importantes, pois, estão correlacionados com outros caracteres considerados no estudo, sendo passíveis de serem descartados.

Tabela 3. Autovetores com os coeficientes de ponderação das variáveis nos componentes principais, para caracteres agrônômicos e nutricionais de híbridos de *Megathyrus maximus* avaliados no período das águas

Elementos dos autovetores								
Autovetores	PMVT	PMST	PMSF	% F	PB	FDN	DIVMO	LIG
1	-0,4227	0,3853	-0,1433	-0,1498	-0,0293	0,0416	0,7918	0,0205
2	-0,4308	0,4054	-0,0573	0,0285	-0,0548	-0,105	-0,4111	-0,6804
3	-0,4322	0,3553	0,2803	0,0564	0,0689	-0,0834	-0,353	0,6847
4	-0,0378	-0,1009	0,8719	0,1237	0,2971	-0,0685	0,2314	-0,2576
5	0,2917	0,3519	-0,2659	0,2099	0,8124	-0,1267	0,0127	0,0025
6	-0,3188	-0,3051	-0,1842	0,8688	-0,0471	-0,0461	0,1096	0,0166
7	0,3181	0,4534	0,1517	0,3339	-0,2365	0,7089	-0,0057	-0,017
8	-0,3996	-0,3582	-0,0988	-0,2189	0,43	0,7089	-0,117	-0,0293

PMVT: produção de massa verde total ($t \cdot ha^{-1}$); PMST: produção de matéria seca total ($t \cdot ha^{-1}$); PMSF: produção de matéria seca foliar ($t \cdot ha^{-1}$); % F: porcentagem de folha; PB: proteína bruta (%); FDN: fibra em detergente neutro (%); DIVMO: digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica (%); LIG: lignina (%).

Tabela 4. Autovetores com os coeficientes de ponderação das variáveis nos componentes principais, para caracteres agrônômicos e nutricionais de híbridos de *Megathyrus maximus* avaliados no período da seca

Elementos dos autovetores								
Autovetores	PMVT	PMST	PMSF	% F	PB	FDN	DIVMO	LIG
1	-0,4372	-0,3706	-0,2603	0,1535	0,0616	-0,0716	-0,1121	-0,7475
2	-0,4552	-0,293	-0,2762	0,1209	0,1495	-0,2291	0,5544	0,4836
3	-0,4318	-0,3664	0,2371	-0,1428	-0,1103	0,1792	-0,6365	0,3915
4	-0,1814	-0,1427	0,7216	-0,4319	-0,0273	-0,0118	0,4315	-0,229
5	0,3291	-0,3272	-0,1809	-0,5120	0,6736	-0,1351	-0,1324	0,0158
6	-0,2482	0,3705	0,3743	0,4211	0,6714	-0,1098	-0,1441	0,0051
7	0,3453	-0,391	0,2869	0,3522	-0,1769	-0,6884	-0,1235	0,0341
8	-0,3053	0,4744	-0,1543	-0,4374	-0,1586	-0,6372	-0,1875	-0,0167

PMVT: produção de massa verde total ($t \cdot ha^{-1}$); PMST: produção de matéria seca total ($t \cdot ha^{-1}$); PMSF: produção de matéria seca foliar ($t \cdot ha^{-1}$); % F: porcentagem de folha; PB: proteína bruta (%); FDN: fibra em detergente neutro (%); DIVMO: digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica (%); LIG: lignina (%).

A ACP permitiu ainda identificar as relações existentes entre os caracteres avaliados e o desempenho geral de genótipos para essas variáveis, sendo possível visualizar a posição de um genótipo em relação a outro.

Verifica-se, nas figuras 2 e 3, que há correlação positiva entre as variáveis PMST, PMVT e PMSF; PB e DIMVO; FDN e LIG, que apresentaram ângulos entre os vetores tendendo a 0°. No entanto, as variáveis PB e DIVMO apresentaram correlação negativa com as variáveis FDN e LIG, pois apresentaram vetores em sentidos opostos e tendendo a 180°. Isso demonstra que a seleção de plantas com menor teor de FDN e LIG proporcionaria ganhos em proteína e digestibilidade da forrageira.

Segundo Van Soest (1995), a PB influencia positivamente na digestibilidade, sendo que as dietas com baixos teores de proteína podem afetar a fermentação ruminal, reduzindo a atividade microbiana e, conseqüentemente, reduzindo o consumo voluntário e o coeficiente de digestibilidade.

A lignina é um componente da parede celular que interfere negativamente na digestibilidade da forrageira, contribuindo para a redução da taxa de degradação e degradabilidade efetiva da parede celular dos alimentos volumosos (Van Soest, 1995).

Figueiredo (2011), avaliando híbridos de *Brachiaria humidicola*, observaram correlações fenotípicas elevadas e negativas entre os caracteres FDN (-0,80) e lignina (-0,69) com a DIVMO, demonstrando que o aumento dos constituintes da parede celular provoca redução na DIVMO.

No período das chuvas os híbridos que apresentaram maior produção de biomassa (PMVT, PMST e PMSF), associada a maiores valores de PB e DIVMO e menores frações de FDN e LIG, estão localizados nos quadrantes I e IV. No período da seca os híbridos localizados nos quadrantes II e III, apresentaram simultaneamente melhor desempenho produtivo e maior valor nutricional.

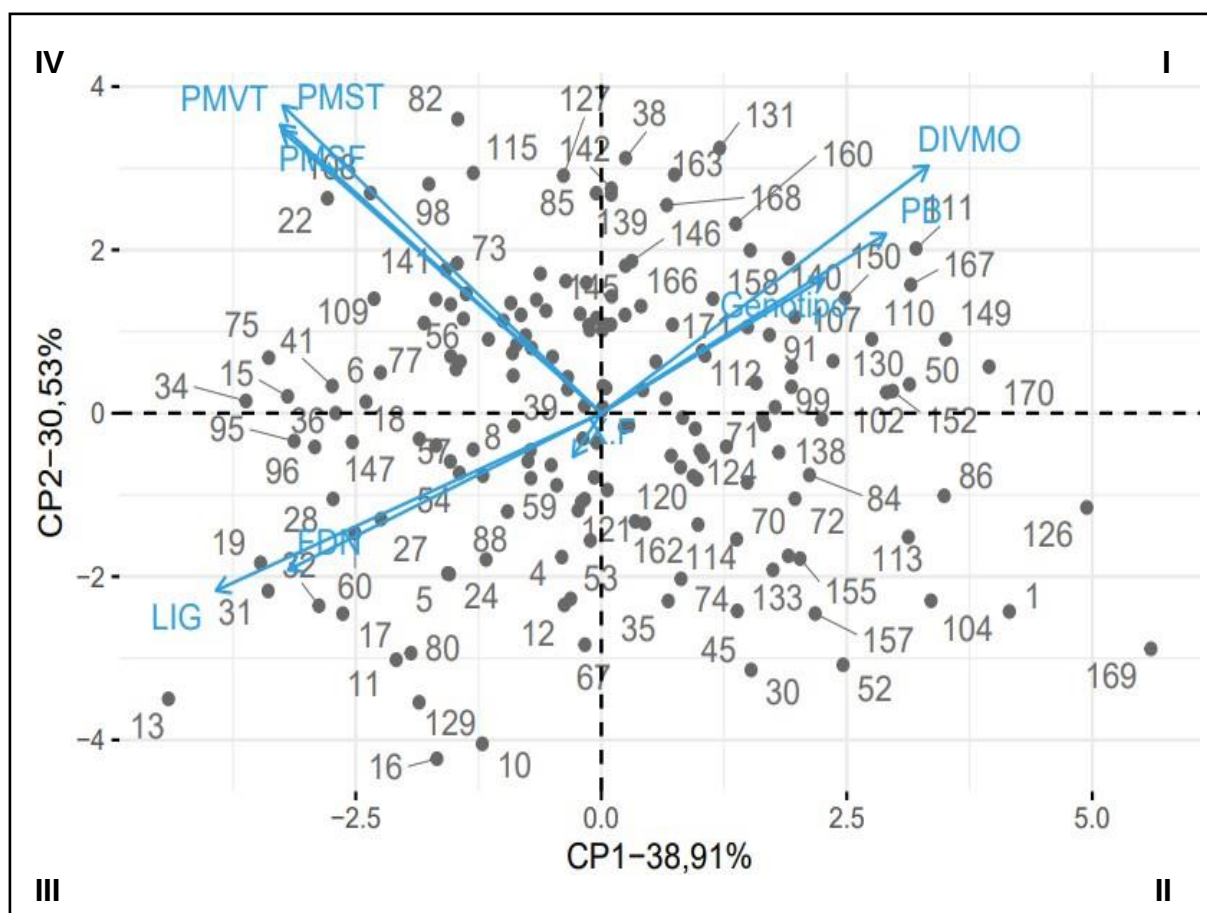


Figura 2. Gráfico bidimensional da análise de componentes principais CP 1 (38,91%) e CP 2 (30,53%) da variação observada entre híbridos de *Megathyrsus maximus* durante o período das águas. PMVT: produção de massa verde total (t.ha^{-1}); PMST: produção de matéria seca total (t.ha^{-1}); PMSF: produção de matéria seca foliar (t.ha^{-1}); % F: porcentagem de folha; PB: proteína bruta (%); FDN: fibra em detergente neutro (%); DIVMO: digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica (%); LIG: lignina (%).

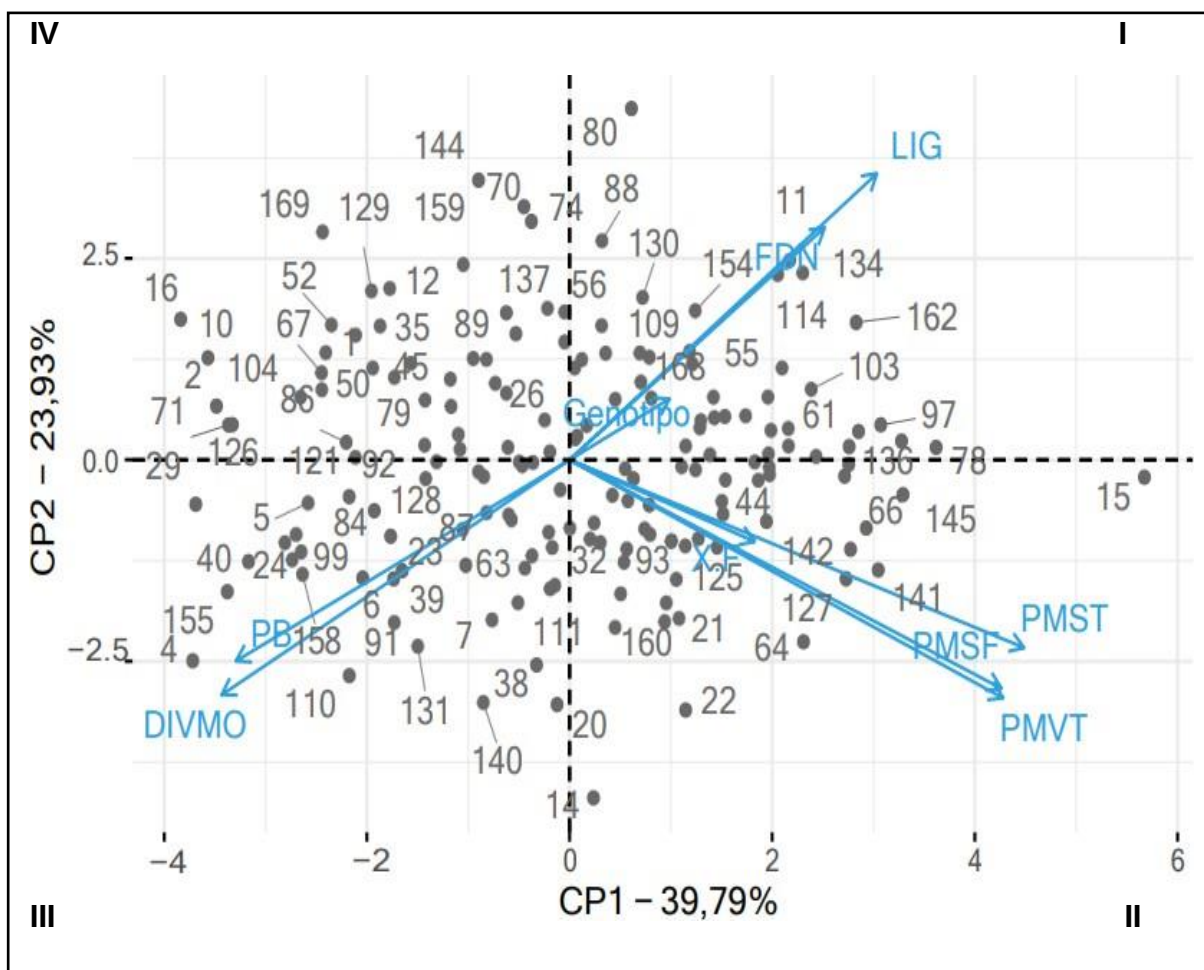


Figura 3. Gráfico bidimensional da análise de componentes principais CP 1 (39,79%) e CP 2 (23,93%) da variação observada entre híbridos de *Megathyrus maximus* durante o período da seca. PMVT: produção de massa verde total (t.ha^{-1}); PMST: produção de matéria seca total (t.ha^{-1}); PMSF: produção de matéria seca foliar (t.ha^{-1}); % F: porcentagem de folha; PB: proteína bruta (%); FDN: fibra em detergente neutro (%); DIVMO: digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica (%); LIG: lignina (%).

Observa-se, ainda, que os híbridos 38, 131, 160 e 22 apresentaram potencial produtivo superior, associado à maior valor nutricional tanto no período das águas quanto no período da seca, sendo indicados para as próximas etapas do programa de melhoramento.

4. CONCLUSÃO

A análise de componentes principais permitiu a identificação e seleção visual e rápida de híbridos superiores para caracteres agronômicos e de valor nutricional simultaneamente.

Os híbridos 38, 131, 160 e 22 apresentaram potencial produtivo superior e maior valor nutricional nos dois períodos avaliados, águas e seca, sendo indicados para as próximas etapas do programa de melhoramento.

Essa análise se mostrou efetiva para identificar as variáveis DIVMO, PMVT, PMST e LIG como as de maior importância nesse estudo. Assim, um menor número de variáveis é suficiente para explicar a variação total dos genótipos, preservando o máximo da variabilidade original dos dados.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Allen MS (2000) Effects of diet on short-term regulation of feed intake by lactating dairy cattle. **Journal of Dairy Science** 83:1598-1624.

Braz TGS, Martuscello JA, Jank L, Fonseca DM, Resende MDV, Evaristo AB (2017) Genotypic value in hybrid progenies of *Panicum maximum* Jacq. **Ciência Rural** 47:1-6.

Cruz CD, Ferreira FM, Pessoni LA (Eds.) (2020) Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética. Viçosa:UFV, 626p.

Cruz CD, Carneiro PCS, Regazzi AJ (Eds.) (2014) Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa:UFV, 668 p.

EMBRAPA 1999: Sistema brasileiro de classificação de solos. Brasília:EMBRAPA. 412 p.

Figueiredo UJ (2011) **Estimação de parâmetros genéticos e fenotípicos em progênies de *Brachiaria humidicola***. 76 f. Dissertação (Mestrado em genética e melhoramento de plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras.

Freitas FP, Fonseca DM, Braz TGS, Martuscello JA, Santos MER (2012) Forage yield and nutritive value of Tanzania grass under nitrogen supplies and plant densities. **Revista Brasileira de Zootecnia** 41:864-872.

INMET – Instituto Nacional de Meteorologia. Banco de Dados Meteorológicos para Ensino e Pesquisa do Instituto Nacional de Meteorologia. Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento. Disponível em: < <https://portal.inmet.gov.br>>. Acesso em: 10 out. 2022.

Jank L, Calixto S, Costa JCG, Savidan YH, Cuvo JBE (1997) **Catalog of the characterization and evaluation of the *Panicum maximum* germplasm: morphological description and agronomical performance**. Campo Grande: EMBRAPA, 53 p. (Embrapa-CNPQC. Documentos, 68).

Jank L, Resende RMS, Valle CB, Resende MDV, Chiari L, Cançado LJ, Simioni C (2008) Melhoramento Genético de *Panicum maximum* Jacq. In.: Resende RMS, Valle CB, Jank L (Eds.) **Melhoramento de forrageiras tropicais**. Campo Grande: Embrapa Gado de Corte, p. 55-87.

Jank L, Barrios SC, Valle CB, Simeão RM, Alves GF (2014) The value of improved pastures to Brazilian beef production. **Crop and Pasture Science** 65:1132-1137.

Jolliffe IT (1972) Discarding variables in a principal component analysis. I: Artificial data. **Journal of the Royal Statistical Society. Series C (Applied Statistics)** 21:160-173.

Kassambara A, Mundt F (2020) Factoextra: Extract and visualize the results of multivariate data analyses.

Marten GC, Shenk JS, Barton FE (Eds.)(1985) Near infrared reflectance spectroscopy (NIRS), analysis of forage quality. Washington:USDA, 110p.

Martha Júnior GB, Vilela L, Sousa DMG (Eds.) (2007) Cerrado: Uso eficiente de corretivos e fertilizantes em pastagens. Planaltina:Embrapa, 224p.

Matias FI, Valle CB, Gouveia BT, Moro GV, Barrios SCL (2020) Using additive indices and principal components to select sexual genitors and hybrids of *Urochloa decumbens*. **Crop Breeding and Applied Biotechnology** 20:1-9.

Oliveira TRA, Gravina GA, Cruz DP, Silva ND, Oliveira GHF, Sant'Anna CQSS, Magalhães MM, Berbert-Molina MA, Neto FA (2019) The performance of bean pod lineage inoculated with *Gluconacetobacter diazotrophicus* PAL5. **Scientia Horticulturae** 249:65-70.

Pereira CH (2019) **Combining ability and hybrid selection for agronomic and nutritive value traits under two contrasting soil fertility levels in *Panicum Maximum* jacq.** 95 f. Tese. (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras.

R Core Team (2020) A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna:Austria. Disponível em: <http://www.R-project.org>. Acesso em: 26 mar. 2023.

Regazzi AJ (2000) Análise multivariada. Viçosa:UFV, 166p. Apostila de disciplina.

Resende MDV, Resende RMS, Jank L, Valle CB (2008) Experimentação e análise estatística no melhoramento de forrageiras. In.: Resende RMS, Valle CB, Jank L (Eds). **Melhoramento de forrageiras tropicais**. Campo Grande:Embrapa, p.195-293.

Resende MDV (2016) Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology** 16:330-339.

Ruggieri AC, Cardoso AS, Ongaratto F, Casagrande DR, Barbero RP, Brito LF, Azenha MV, Oliveira AA, Koscheck JFW, Reis RA (2020) Grazing Intensity impacts on herbage mass, sward structure, greenhouse gas emissions and animal performance: analysis of *brachiaria* Pastureland. **Agronomy** 10:1750-1768.

Teixeira AL, Gonçalves FMA, Rezende JC, Rocha RB, Pereira AA (2013) Análise de componentes principais em caracteres morfológicos de café arábica em estágio juvenil. **Coffee Science** 8:205-210.

Van Soest PJ (Ed.)(1995) Nutritional ecology of the ruminant. Cornell University:New York, 475p.

Yokomizo GKI, Neto JTF, Hongyu K, Oliveira MSP (2017) Análise GGE biplot na avaliação de características de cachos em açaizeiros da região Amazônica. **Mundo Amazônico** 8:115-131.