

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS
CÂMPUS DE JABOTICABAL

**CAPACIDADE COMBINATÓRIA PARA CARACTERÍSTICAS
DE PRODUÇÃO DE SEMENTES EM GENITORES DE
Urochloa spp.**

Gabriela Faria dos Santos

Engenheira Agrônoma

2022

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA

FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS

CÂMPUS DE JABOTICABAL

**CAPACIDADE COMBINATÓRIA PARA CARACTERÍSTICAS DE
PRODUÇÃO DE SEMENTES EM GENITORES DE *Urochloa* spp.**

Discente: Gabriela Faria dos Santos

Orientador: Prof. Dr. Gustavo Vitti Môro

Coorientador: Dr. Ulisses José de Figueiredo

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

2022

S237c Santos, Gabriela Faria dos
Capacidade combinatória para características de produção de sementes em genitores de *Urochloa* spp. / Gabriela Faria dos Santos.
-- Jaboticabal, 2022
46 f. : il., tabs.

Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista (Unesp), Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal
Orientador: Gustavo Vitti Môro
Coorientador: Ulisses José de Figueiredo

1. Melhoramento genético. 2. Gramíneas forrageiras. 3. Sementes.
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 DISSERTAÇÃO: CAPACIDADE COMBINATÓRIA PARA CARACTERÍSTICAS DE PRODUÇÃO DE SEMENTES EM GENITORES DE *Urochloa* spp.

AUTORA: GABRIELA FARIA DOS SANTOS

ORIENTADOR: GUSTAVO VITTI MÔRO

COORIENTADOR: ULISSES JOSÉ DE FIGUEIREDO

Aprovada como parte das exigências para obtenção do Título de Mestra em AGRONOMIA (GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS), pela Comissão Examinadora:


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

P/ 
Posdoctoral JALES MENDES OLIVEIRA FONSECA (Participação Virtual)
Department of Soil & Crop Sciences / College Station/Texas/EUA

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

Jaboticabal, 04 de abril de 2022

DADOS CURRICULARES DA AUTORA

Gabriela Faria dos Santos - Filha de Elinei Faria dos Santos e Davi Pereira dos Santos, nascida no dia 01 de junho de 1997 na cidade de Guaíra, interior do estado de São Paulo, Brasil. Ingressou em março de 2015 na Universidade do Estado de Minas Gerais – Unidade Passos, por meio do SiSU, para cursar Engenharia Agrônômica, cuja conclusão foi em dezembro de 2019. Durante a graduação foi bolsista de Extensão em 2016, com projeto relacionado à avaliação da qualidade do leite cru. De 2017 a 2019 foi bolsista de Pesquisa com projetos relacionados ao melhoramento de milho por meio de seleção recorrente. Fez estágio no Laboratório de Análises Ambientais e Produtos Alimentícios (UEMG – Passos), na Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” – FCAV e na Barenbrug do Brasil Sementes Ltda. Em março de 2020 ingressou no Programa de Pós Graduação em Agronomia – Genética e Melhoramento do Plantas, nível mestrado, sendo concluído em abril de 2022.

AGRADECIMENTOS

Agradeço a Deus em primeiro lugar, sempre, por ter me proporcionado tudo o que vivi até aqui e pelo que Ele me prometeu que ainda vou viver. Pelas bênçãos, pela saúde e por ter se mostrado sempre presente.

Aos meus pais, Elinei e Davi, que sempre respeitaram as minhas escolhas e me deram todo o suporte necessário. Pelo amor, paciência e compreensão.

À minha irmã Elisa que sempre esteve lado a lado comigo cumprindo com excelência o seu papel de irmã. Agradeço pelas minhas sobrinhas Eloisa e Julia porque através delas eu pude sentir o amor de maneira palpável. Nunca pensei que pudesse amar tanto.

À Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias. Universidade que tenho muito orgulho e sempre tive o sonho de ser discente. Agradeço a todo o corpo docente e administrativo, que sempre foram prontamente dispostos para me ajudar em qualquer dúvida.

Ao professor Dr. Gustavo Vitti Môro por ter aceitado me orientar. Foi presente quando necessário e me permitiu independência para trabalhar, o que contribuiu muito para meu desenvolvimento profissional.

Agradeço ao Dr. Ulisses José de Figueiredo por ter confiado em mim para a realização desse projeto ainda no meu período de estágio e que além de meu coorientador se tornou um amigo. Agradeço pelos conselhos e pela orientação feita com excelência, sempre me fazendo refletir sobre os “porquês”.

Agradecimento à Barenbrug do Brasil por ter permitido essa parceria e minha estadia dentro da empresa. Também por confiar no meu trabalho e me oferecer todo o suporte necessário para a realização deste projeto. A todos os colaboradores da empresa que me proporcionaram o sentimento de ‘estar em casa’, sempre me tratando com muito respeito e educação me fazendo sentir parte da equipe.

À equipe do Laboratório de Controle de Qualidade da Barenbrug do Brasil com a qual convivi durante alguns meses para processamento de análises. Ao colega Edmar que se tornou um amigo, também ao José Mauro, Messias, Leonardo, Altieres e Carlos. Aprendi muito com essa convivência e agradeço pela transmissão dos seus conhecimentos.

Um agradecimento especial para a equipe de P&D da Barenbrug, que foi fundamental para a realização deste trabalho. Alan, Ariel, Raimundo, Natália, Cássio, Jairo, Adalberto, Vilson e Valter. Foi um privilégio trabalhar com vocês e agradeço pelo ambiente leve, descontraído e engraçado.

Agradeço aos colegas de profissão Jales Fonseca, Weverton Gonçalves, Gustavo Hugo, Beatriz Gouveia, Filipe Matias que mesmo sem me conhecer foram super acessíveis em esclarecer minhas dúvidas.

Aos profissionais Robson Costa, Priscila Fioresi, Marcelo Lancellotti e Marisa Ipólito por terem ajudado na restauração da minha saúde física e mental, o que foi fundamental para que eu realizasse esse trabalho da melhor maneira possível.

Ao meu amigo Ian Lucas que desde a graduação se faz presente e pelo compartilhamento do mesmo sonho de fazer mestrado na Unesp. Agradeço pela amizade e parceria. À minha amiga Jhessye que abriu as portas da sua casa para que eu pudesse fazer morada em Jaboticabal. Agradeço pela confiança, companheirismo e amizade sincera.

À minha amiga de mestrado Maisa Nascimento que mesmo a distância se fez presente, sempre compartilhando dúvidas, conhecimento e por ter sempre me ajudado quando precisei.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001 e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pelo fomento a esta pesquisa.

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001.

A todos que direta ou indiretamente contribuíram para a realização deste trabalho meu muito obrigada.

SUMÁRIO

RESUMO.....	ii
ABSTRACT.....	iii
1. INTRODUÇÃO.....	1
2. REVISÃO DE LITERATURA.....	3
2.1 Aspectos gerais de <i>Urochloa</i> spp.....	3
2.2 Melhoramento Genético de <i>Urochloa</i> spp.....	5
2.3 Capacidade de Combinação em <i>Urochloa</i> spp.....	8
3. MATERIAL E MÉTODOS.....	11
3.1 Localização do experimento.....	11
3.2 Genitores sexuais e apomíticos.....	12
3.3 Delineamento de cruzamento e condução de experimento.....	12
3.4 Características avaliadas.....	14
3.5 Análises estatístico-genéticas.....	16
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	18
5. CONCLUSÃO.....	26
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	27
APÊNDICE.....	32

CAPACIDADE COMBINATÓRIA PARA CARACTERÍSTICAS DE PRODUÇÃO DE SEMENTES EM GENITORES DE *Urochloa* spp.

RESUMO – O Brasil é o maior exportador e segundo maior produtor de carne bovina do mundo. A produção de sementes de forrageiras tropicais, intensificada a partir dos anos 70, contribui para que o Brasil detenha essa posição. As sementes forrageiras são indispensáveis para formação e manutenção de pastagens, porém estudos referentes aos efeitos genéticos quantitativos envolvidos na produção de sementes são escassos. O objetivo deste trabalho foi estimar as capacidades geral e específica de combinação em genitores de *Urochloa* spp. para caracteres relacionados à produção de sementes. Foram obtidas 23 progênies por meio do Delineamento II de Comstock e Robinson (1952). Foi realizado o cruzamento entre cinco genitores apomíticos e cinco genitores sexuais pertencentes a *Urochloa* spp. O delineamento experimental foi o de blocos casualizados com 23 tratamentos e 4 repetições. Cada parcela foi constituída por uma linha de 8 metros com 11 plantas, espaçamento de 0,8 m entre plantas e 1,4 m entre linhas. Características relacionadas à produção de sementes foram avaliadas nos anos 2019 e 2020. Foi realizada a análise dialélica para todas as características para a obtenção das estimativas de capacidade de combinação. Os componentes da variância genética foram calculados para os dois anos em conjunto e para todas as características. Todas as análises foram conduzidas no software R. Houve predominância de efeitos de dominância sobre a expressão do fenótipo para cinco das oito características avaliadas.

Palavras-chave: Melhoramento de plantas, análise dialélica, Brachiaria, gramíneas forrageiras, alimentação animal.

COMBINING ABILITY FOR SEED PRODUCTION TRAITS IN PARENTS OF *Urochloa* spp.

ABSTRACT - Brazil is the largest exporter and second largest producer of beef in the world. The production of tropical forage seeds, which has been intensified since the 1970s, has helped Brazil to hold this position. Forage seeds are essential for the formation and maintenance of pastures, but studies on the quantitative genetic effects involved in seed production are scarce. The objective of this work was to estimate the general and specific combining abilities in *Urochloa* spp. for characters related to seed production. Twenty-three progenies were obtained using Design II by Comstock and Robinson (1952). A cross between five apomictic parents and five sexual parents belonging to *Urochloa* spp. The experimental design was randomized blocks with 23 treatments and 4 replications. Each plot consisted of a row of 8 meters with 11 plants, spacing 0.8 m between plants and 1.4 m between lines. Characteristics related to seed production were evaluated in the years 2019 and 2020. Diallel analysis was performed for all characteristics to obtain the combining ability estimates. Genetic variance components were calculated for the two years together and for all traits. All analyzes were performed using the R software. There was a predominance of dominance effects on phenotype expression for five of the eight traits evaluated.

Keywords: Plant breeding, diallel analysis, Brachiaria, forage grasses, animal feed.

CAPACIDADE COMBINATÓRIA PARA CARACTERÍSTICAS DE PRODUÇÃO DE SEMENTES EM GENITORES DE *Urochloa* spp.

1. INTRODUÇÃO

O Brasil é o maior exportador e segundo maior produtor mundial de carne bovina. O rebanho brasileiro é composto de 187,55 milhões de cabeças sendo o maior do mundo. Esses animais dependem de 165,2 milhões de ha de pastagens e apenas 15,62% dos animais abatidos no Brasil são provenientes de confinamento. Esse destaque brasileiro na bovinocultura é favorecido pela produção de forrageiras tropicais (ABIEC, 2021).

As pastagens estão largamente difundidas em diversas regiões do Brasil e as espécies do gênero *Urochloa* spp. (syn. *Brachiaria* spp.) se encontram entre as forrageiras mais importantes para a alimentação do gado no país, graças a sua capacidade de se adaptar a diversos ambientes (Gama et al., 2020). São as gramíneas mais cultivadas no território brasileiro e cobrem quase 99 milhões de hectares de pastagens (Beloni et al., 2018; Machado et al., 2020).

Os estudos a respeito de forrageiras tropicais se intensificaram, porém importantes aspectos relacionados à cultura ainda são escassos. São plantas que continuam em processo de domesticação, por exemplo, as sementes são lançadas ao solo após maduras. Portanto, ainda são necessários ciclos contínuos de cultivo e seleção para atender às necessidades fundamentais do produtor. Ademais, há pouco conhecimento sobre o controle genético de características agronômicas a serem aprimoradas, bem como o desenvolvimento de métodos de melhoramento específicos e eficientes para o desenvolvimento de cultivares (Ferner et al., 2016).

Em regiões tropicais, gramíneas do gênero *Urochloa* spp. foram pioneiras nos sistemas de produção de pastagens, estendendo-se em milhões de hectares. Devido à reprodução por apomixia e à escassez de cultivares comerciais, as pastagens são monoculturas extensas. Portanto, existe a

necessidade de gerar novas fontes de variabilidade, o que pode ser feito por meio da introdução de genótipos exóticos ou hibridizando genitores quando possível (Matias et al., 2018).

Um desafio importante na obtenção de híbridos é selecionar genitores geneticamente superiores e combiná-los de modo a produzir híbridos de melhor desempenho. A estimativa da Capacidade Geral de Combinação (CGC) e da Capacidade Específica de Combinação (CEC) é utilizada para nortear na escolha dos genitores e é uma abordagem com eficiência testada e comprovada para diversas culturas híbridas (Adhikadri et al., 2019).

A capacidade geral de combinação é atribuída a efeitos genéticos aditivos e está relacionada à medida do comportamento relativo de um genitor em uma série de cruzamentos. A capacidade específica de combinação é atribuída aos efeitos não-aditivos e representa o desvio de um cruzamento para melhor ou pior, ou seja, caracteriza a diferença das combinações híbridas em relação à média dos pais (Sprague e Tatum, 1942).

Entre os recursos existentes para estudo da capacidade de combinação destacam-se os delineamentos I, II e III propostos por Comstock e Robinson (1952) e as análises dialélicas, que são aplicados para obtenção das capacidades combinatórias, geral (CGC) e específica (CEC), efeito recíproco (REC) e estudo de herança de características (Meirelles et al., 2016). Assim, visando ao aumento da frequência alélica de características de interesse, esses delineamentos genéticos têm sido utilizados para aumentar a possibilidade de seleção de genótipos para características de interesse, principalmente por meio das combinações híbridas (Cabral et al., 2015).

Este trabalho foi realizado com o objetivo de estimar a capacidade de combinação em genitores do gênero *Urochloa* spp. para caracteres relacionados à produção de sementes.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Aspectos gerais de *Urochloa* spp.

Muitas gramíneas apomíticas tropicais são cultivadas em todo o mundo, desempenhando um papel importante na economia dos sistemas de produção de gado de corte dos trópicos e subtropicais. No Brasil, por exemplo, que é um dos maiores países produtores e exportadores de carne bovina do mundo, a maior parte de sua produção é baseada em forrageiras apomíticas cultivadas. Dentre as gramíneas apomíticas tropicais, os gêneros com maior importância são *Urochloa*, *Paspalum* e *Panicum* (Marcón et al., 2020).

O gênero *Urochloa* é composto por aproximadamente 110 espécies que apresentam diferentes níveis de ploidia e reprodução por apomixia. As espécies mais utilizadas em pastagens são *Urochloa brizantha* (syn. *Brachiaria brizantha*), *U. decumbens* (syn. *B. decumbens*), *U. ruziziensis* (syn. *B. ruziziensis*) e *U. humidicola* (syn. *B. humidicola*). Devido ao amplo uso de cultivares dessas espécies nos trópicos, aliado ao *Panicum maximum*, o Brasil tornou-se o maior produtor e exportador mundial de sementes de forrageiras tropicais, abastecendo a maior parte dos mercados latino-americanos (Ragalzi et al., 2021).

As gramíneas do gênero *Urochloa* desempenham um papel importante na pecuária latino-americana, especialmente no Brasil, onde há extensas pastagens e demanda por forrageiras produtivas, bem adaptadas para nutrição dos animais e de alta qualidade. As espécies comerciais desse gênero são nativas da África Oriental e foram introduzidas na América latina tropical como acessos naturais de germoplasma em meados do século XX (Triviño et al., 2017).

As cultivares mais importantes de *Urochloa* foram desenvolvidas a partir da seleção direta de genótipos naturais coletados na África Oriental. O banco genético de forrageiras do Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT) mantém uma coleção de 601 acessos de *Urochloa*, a maioria deles coletados na África entre 1984 e 1985 em uma missão patrocinada pelo CIAT e pelo

International Livestock Research Institute (ILRI). A maioria desses acessos é mantida em duplicata em coleções de germoplasma do ILRI e da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA) (Triviño et al., 2017).

A apomixia é um tipo de reprodução através da propagação clonal por sementes, na qual são produzidas plantas idênticas à planta mãe. Cerca de 60% das espécies de gramíneas tropicais se reproduzem por apomixia, o que oferece uma oportunidade única para desenvolver e usar genótipos híbridos superiores. Uma pastagem plantada com uma espécie apomítica é sempre uniforme. Na apomixia, a partenogênese ocorre dentro do ovário, uma vez que todas as células da tétrade meiótica abortam e uma ou várias células não reduzidas do nucelo se desenvolvem em sacos embrionários. A pseudogamia ocorre então, onde o pólen fertiliza apenas os núcleos polares, mas não o óvulo (Raposo et al., 2019).

A partir da caracterização dos acessos de *Urochloa* foram identificados alguns acessos de reprodução sexuada obrigatória que podem ser utilizados em cruzamentos com cultivares apomíticas. Os híbridos intraespecíficos costumam ser mais férteis que os interespecíficos, aumentando a variabilidade genética e explorando novos genótipos conservados por apomixia. As diferenças de ploidia entre plantas sexuadas e apomíticas estabelecem limitação à produção de híbridos. Para resolver este problema é necessário equilibrar o número de cromossomos entre os genitores. Duas vias são possíveis: haploidização de apomíticos ou duplicação dos sexuais (Simioni e Do Valle, 2009).

Devido as suas origens estarem ligadas a somente a poucos acessos de três espécies de *Urochloa* (*U. brizantha*, *U. decumbens* e *U. humidicola*) e a predominância da apomixia, a base genética das cultivares comerciais de *Urochloa* é extremamente estreita. Todavia, a apomixia em alguns casos se mostra incompleta, permitindo alguma taxa de recombinação entre e dentro das espécies de acordo com as condições de ano e local (Ambiel et al., 2008).

As características morfológicas mais importantes consideradas para separar *Brachiaria* de outros gêneros foram a orientação adaxial da espiguetas e os ramos primários racemosos. No entanto, a fraqueza das características

usadas para separar *Brachiaria* de *Urochloa* foi discutida, e o gênero *Brachiaria* foi restrito a espécies com desarticulação na base do antécio superior e com antécio superior mútico liso e brilhante. Consequentemente, a maioria das espécies do gênero *Brachiaria* foi reclassificada como pertencente ao gênero *Urochloa* (Ferreira et al., 2021).

As gramíneas forrageiras *Urochloa* são plantas monocotiledôneas perenes que são propagadas vegetativamente e por sementes. Devido à plasticidade genética, essas plantas são capazes de se adaptar a várias condições edafoclimáticas e, assim, crescer em uma grande variedade de habitats, desde pântanos a sombras claras de florestas e semidesertos, mas principalmente em savanas. Essas espécies apresentam alta capacidade de rebrota e alta persistência em condições de pastejo intenso ou frequente (Ferreira et al., 2021).

As espécies de *Urochloa* tem alta produção de matéria seca, apresentam excelente resposta a fertilizantes e permanecem verdes mesmo durante os períodos de baixos índices pluviométricos. Os valores nutricionais indicam alta palatabilidade, o que proporciona aos animais altos níveis de ingestão (Ambiel et al., 2008).

Nos últimos anos, houve aumentos significativos nos preços das sementes de gramíneas forrageiras no Brasil. Isso ocorreu devido à alta demanda e baixa oferta de sementes no mercado causada pela queda na produtividade de sementes, principalmente devido às condições climáticas adversas e à falta de informações técnicas sobre o manejo e adubação de gramíneas forrageiras tropicais para produção de sementes (Catuchi et al., 2019).

2.2 Melhoramento Genético de *Urochloa* spp.

O principal objetivo dos programas de melhoramento de gramíneas forrageiras tropicais no Brasil é aumentar o desenvolvimento das estruturas vegetativas (perfilhos vegetativos e folhas) e a melhora de aspectos nutricionais. No entanto, para a produção de sementes, o desenvolvimento das estruturas

reprodutivas (perfilhos reprodutivos, flores e sementes) deve ser priorizado (Catuchi et al., 2019).

O melhoramento de espécies forrageiras costuma ser demorado e oneroso, porque envolve várias etapas que se diferenciam de outras espécies vegetais, como, por exemplo, avaliação com animais em pastejo. As forragens em si não são o produto final desejado, mas a matéria-prima para a síntese de proteína animal (Ferner et al., 2016).

O sucesso na utilização de espécies de *Urochloa* como forrageiras é evidenciado graças a sua notável adaptação a diferentes condições edafoclimáticas e sistemas de produção, o que despertou o interesse para seu melhoramento genético. O estabelecimento de coleções de germoplasma e a introdução de novos genótipos em programas de melhoramento necessitam de uma ampla caracterização das plantas, o que envolve descrições agronômicas, botânicas, moleculares e citogenéticas (Renvoize et al., 1996).

Embora o gênero *Urochloa* tenha grande relevância para a cadeia produtiva da pecuária a pasto, são poucas as cultivares comerciais disponíveis (RNC, 2022), particularmente quando comparado a de outras plantas de importância econômica. Para o café (*Coffea arabica*), por exemplo, que também é uma espécie poliplóide perene, 137 cultivares estão registradas no Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento, enquanto apenas 30 cultivares de espécies de pastagem de *Urochloa* estão disponíveis (Ferreira et al., 2021).

Os principais programas públicos de melhoramento de forrageira em andamento no Brasil estão nos Núcleos da Embrapa. Porém, alguns outros programas têm sido desenvolvidos nas universidades, especialmente no Estado do Rio Grande do Sul. Na Universidade Federal do Rio Grande do Sul o objetivo é a criação de forrageiras de estação fria (Jank et al., 2014).

O melhoramento de *Urochloa* começou há relativamente pouco tempo quando o CIAT e a EMBRAPA, no final da década de 1980, conseguiram compatibilidade de cruzamento entre espécies com diferentes níveis de ploidia. As espécies comerciais *U. brizantha*, *U. decumbens* e *U. ruziziensis* formam um

complexo agâmico, ou seja, algumas espécies são exclusivamente diplóides e de reprodução sexuada, enquanto outras espécies profundamente relacionadas existem como apomíticas poliplóides (Triviño et al., 2017).

O melhoramento genético de plantas forrageiras, principalmente de espécies tropicais, ainda não atingiu o mesmo estágio de desenvolvimento obtido pelos cereais. É esperado que o melhoramento promova um avanço considerável no aumento da produtividade pecuária, desempenhando o mesmo papel das culturas de grãos. O foco do melhoramento de plantas forrageiras não se limita em obter uma planta mais produtiva, mas em conseguir maior eficiência na transformação dela em produto animal (Araújo et al., 2008).

O desenvolvimento de novas cultivares agronomicamente superiores é complexo devido a recombinação genética via hibridização ser dificultada pela apomixia e pelas barreiras de ploidia. Quase todas as espécies e acessos são poliplóides e apomíticos. A apomixia na progênie é frequentemente acompanhada por irregularidade meiótica levando a uma redução na fertilidade do pólen. Em contrapartida, os acessos sexuais são limitados e são diplóides. Espécies diplóides sexuais são uma fonte materna valiosa para hibridização com pólenes de espécies tetraplóides apomíticas de *Urochloa* (Nitthaisong et al., 2019).

O melhoramento de forrageiras apomíticas por meio da hibridização teve início quando plantas sexuais com o mesmo nível de ploidia das plantas apomíticas foram descobertas ou criadas através duplicação dos cromossomos de genótipos diplóides sexuais de ocorrência natural. Ademais, a hibridização tornou possível estudos da herança da aposporia, sendo descoberto, então, que em gramíneas forrageiras, essa característica é controlada por um único fator mendeliano dominante (Marcón et al., 2020).

O programa de melhoramento de *Urochloa* consiste em diferentes fases ou estágios (Jank et al., 2011, 2014). A fase 0 (P0) é a avaliação de plantas individuais (híbridas) onde não há repetições, ou seja, é feita apenas uma observação de cada genótipo. Então, os híbridos selecionados são avaliados em P1 usando cinco plantas clonadas por parcela com repetição. As plantas são

fenotipadas quanto ao modo de reprodução e os genótipos sexuais podem ser usados como receptor de pólen de apomíticos em outros cruzamentos. Os híbridos desses cruzamentos segregam 1:1 em plantas apomíticas e sexuadas. Após P1, são necessários ensaios regionais sob corte (P2) e ensaios de pastejo (P3) antes que uma cultivar possa ser liberada. São necessários por volta de 10 a 15 anos para o lançamento de uma nova cultivar (Valle et al., 2009; Jank et al., 2011).

A liberação de forrageiras tropicais no Brasil é regulamentada pelo Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Uma avaliação de dois anos em corte e mais dois anos de avaliação em pastejo em comparação com uma cultivar padrão liberada são necessários para receber a autorização para liberação e comercialização no país. Um experimento de Distinguidade, Homogeneidade e Estabilidade (DHE) é necessário para solicitar a proteção do(s) cultivar(es) e receber os benefícios de royalties sobre a comercialização de sementes (Ferner et al., 2016).

2.3 Capacidade de Combinação em *Urochloa* spp.

Um programa de melhoramento de forrageiras tropicais contém várias particularidades, especialmente quando são envolvidas espécies poliploides e apomíticas facultativas. Espécies de *Urochloa* spp. são excelentes forrageiras perenes, e a identificação de genótipos superiores necessita da seleção de muitas características sob controle genético complexo. Portanto, o uso de ferramentas como análise multivariada e análises dialélicas podem contribuir para melhorar a eficiência dos programas de melhoramento (Matias et al., 2018).

A identificação de progênes e híbridos superiores é essencial para garantir novas cultivares e genitores em novos cruzamentos. Na forrageira, o melhoramento é mais complexo do que em outras culturas, pois o objetivo é melhorar as características da forragem para aumentar o ganho no desempenho animal, enquanto diminui as emissões de metano (Gouveia et al., 2021).

A heterose, ou vigor híbrido, é um fenômeno biológico comum que se refere ao desempenho superior de um híbrido (geralmente F1) em relação a seus parentais. Para que se tenha sucesso na utilização da heterose é preciso identificar pais com o potencial de produzir combinações híbridas com maior desempenho. Porém, genitores com características agronômicas superiores nem sempre as transmitem para suas progênes. Para resolver este problema, a capacidade de combinação tem sido empregada na seleção de pais e combinações específicas no melhoramento de plantas híbridas (Chen et al., 2019)

O conceito de capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC) foi definido pela primeira vez por Sprague e Tatum (1942) e complementado por Griffing (1956). A CGC indica o comportamento médio de um parental em combinações híbridas e reflete a ação gênica aditiva, enquanto a CEC é utilizada para caracterizar os casos em que certas combinações se saem relativamente melhor ou pior do que seria esperado com base nas CGCs dos parentais envolvidas e reflete a ação gênica não aditiva.

Para estimar a capacidade de combinação são utilizados delineamentos genéticos específicos. Um delineamento genético é qualquer sistema de cruzamento planejado, estabelecido de forma que se conheça a relação de parentesco entre indivíduos ou grupos de indivíduos, sendo exemplos os delineamentos I, II e III de Comstock e Robinson, os dialelos e os ensaios de famílias (Cruz et al., 2012).

O cruzamento dialélico provou ser de valor considerável para os melhoristas de plantas na tomada de decisões sobre o tipo de sistema de melhoramento a ser usado e na seleção de materiais de melhoramento que mostram a maior promessa de sucesso (Gardner e Eberhart, 1966). Widstrom et al. (1992) relataram que a avaliação dialélica dos efeitos específicos da capacidade de combinação fornece: 1) informações sobre populações pareadas a serem expostas a um programa de seleção recorrente recíproca; 2) a base para a escolha de populações pareadas para extração de novas linhagens endogâmicas de alto desempenho.

Entre as metodologias frequentemente utilizadas citam-se a proposta por Griffing (1956), em que são estimados os efeitos e as somas de quadrados dos efeitos da capacidade geral e específica de combinação; a metodologia proposta por Gardner e Eberhart (1966), onde são avaliados os efeitos de variedade e heterose varietal e a proposta por Hayman (1954), que gera informações sobre o mecanismo de herança do caráter em estudo, dos valores genéticos dos genitores e do limite de seleção (Cruz et al., 2012).

Os tipos de cruzamentos dialélicos variam, entre eles são utilizados os dialelos completos ou balanceados, os dialelos parciais, os dialelos circulantes, os dialelos incompletos e os dialelos desbalanceados. Um cruzamento dialélico completo equivale a todos os cruzamentos possíveis entre um conjunto de indivíduos de n genitores, ou seja, um conjunto de híbridos resultante do acasalamento dentro de um grupo de genitores em que n genitores são cruzados dois a dois (Ramalho et al., 2012).

As vantagens e desvantagens de diferentes métodos dialélicos têm sido discutidas entre os pesquisadores. Chaudhary et al. (1977) compararam a eficiência relativa de dialelos completos e parciais e concluíram que para a estimativa dos efeitos CGC e CEC, os dialelos parciais são tão eficientes quanto os completos.

Os delineamentos I, II e III propostos por Comstock e Robinson (1952) estão entre os delineamentos genéticos mais utilizados. O Delineamento II parte do cruzamento entre um grupo de fêmeas e machos em esquema fatorial, onde se tem as mesmas pressuposições do delineamento I. O delineamento III parte de progenitores em linhas puras, obtendo-se os F1 e F2 e retrocruzando-se os F2 com ambos os pais, para a obtenção das progênes, sendo os machos indivíduos F2 (efeito aleatórios) e os parentais apresentando efeito fixo. O Delineamento I é utilizado com o objetivo de se estimarem os componentes de variância genética de uma população. O esquema de famílias desse delineamento, permite adotar diferentes estratégias de seleção, como seleção entre machos, entre fêmeas, entre fêmeas dentro de machos e seleção

combinada, quando a avaliação é feita em nível de média ou total de parcelas, (Cruz e Carneiro, 2003).

O delineamento genético II, proposto por Comstock & Robinson (1952), baseia-se, de modo geral, na formação inicial de progênies de irmãos completos e meios-irmãos por intermédio da polinização controlada entre um grupo de genitores masculinos e um grupo de genitores femininos. Este delineamento é apropriado para a estimação dos componentes genéticos de variância nas populações de estudo e para as estimativas de parâmetros genéticos (Hallauer e Miranda Filho, 1988).

Mahgoub (2011) demonstrou que os efeitos da CGC podem ser divididos em efeitos do CGC feminina (F_CGC) e efeitos do CGC masculina (M_CGC) quando uma linha é usada como fêmea e macho, respectivamente. Ele descobriu que a CGC representava a média de F_CGC e M_CGC, enquanto a média da diferença entre F_CGC e M_CGC era exatamente igual ao efeito materno de uma linha.

Matias et al. (2018) estudaram híbridos interespecíficos de *Urochloa* (*U. ruziziensis* × *U. decumbens* × *U. brizantha*) e os autores não relataram uma clara predominância de efeitos aditivos ou de dominância para características agrônomicas e nutricionais. Em *U. humidicola*, Figueiredo et al. (2012) observaram CGC significativa apenas para genitores sexuais para características de rendimento de biomassa e qualidade de forragem. Em um estudo com híbridos de *Urochloa* realizado por Gouveia et al. (2021), todas as características apresentaram efeitos genéticos não aditivos maiores do que efeitos aditivos.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Localização do experimento

O experimento foi instalado na Unidade de Produção e Inovação da Barenbrug do Brasil Sementes Ltda., empresa dedicada à produção e ao

melhoramento genético de forrageiras tropicais, localizada Rodovia SP 345 - KM 131 - s/n -, no município de Guaíra – SP. O local apresenta como coordenadas geográficas 20°26'38.544" de Latitude Sul, e 48°17'18.204" de Longitude Oeste.

3.2 Genitores sexuais e apomíticos

Foram utilizados cinco genitores apomíticos e cinco genitores sexuais do programa de desenvolvimento de cultivares da Barenbrug do Brasil Sementes Ltda. Estes genitores pertencem à espécie de *Urochloa* spp., são híbridos provenientes do cruzamento entre *U. brizantha* x *U. ruziziensis* e fazem parte dos genitores elites do programa de melhoramento da Barenbrug do Brasil.

3.3 Delineamento de cruzamento e condução de experimento

O esquema de cruzamento adotado foi o Delineamento II (Comstock e Robinson, 1952). Cinco genitores apomíticos (APO) foram cruzados com cinco genitores sexuais (SEX), sendo que os APO foram utilizados como machos e os SEX como fêmeas. Das 25 progênes de irmãos completos possíveis entre esses genitores foram obtidas 23, com 44 indivíduos por cruzamento (Tabela 1), pois duas progênes (APO 4 x SEX 2 e APO 5 x SEX 5) não produziram sementes.

Tabela 1. Representação numérica das progênes obtidas a partir do cruzamento em esquema de dialelo parcial entre os 5 genitores apomíticos e 5 genitores sexuais de *Urochloa* spp.

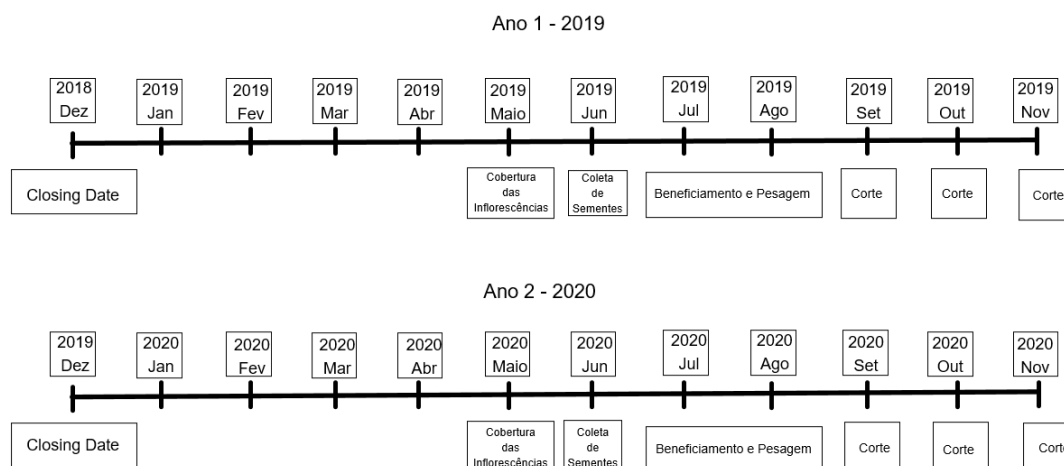
	APO 1	APO 2	APO 3	APO 4	APO 5
SEX 1	1	6	11	16	20
SEX 2	2	7	12	-	21
SEX 3	3	8	13	17	22
SEX 4	4	9	14	18	23
SEX 5	5	10	15	19	-

Em novembro de 2017, cada parental apomítico foi estabelecido em parcelas de 25 x 25 metros a partir de sementes. As plantas sexuais foram plantadas por meio de mudas no centro das parcelas. Foram utilizadas 3 plantas de cada genitor sexual por parental apomítico.

As hibridizações foram efetuadas de março a junho de 2018. Na época de florescimento, o pólen dos genitores apomíticos foi colocado em contato com os estigmas das espiguetas de cada ráculo dos genitores sexuais, as quais foram previamente emasculadas. Com a finalidade de evitar a perda de sementes por degrana natural, foram colocados saquinhos de papel manteiga em cada ráculo. Após 21 dias dos cruzamentos, as sementes foram colhidas e armazenadas para posterior germinação.

As sementes dos híbridos foram semeadas em bandejas para obtenção das plântulas. A seguir, as plântulas foram transplantadas para tubetes de plástico em setembro de 2018, em casa de vegetação, sendo realizado o plantio das mudas no campo no dia 23 de setembro de 2018. Cada parcela foi constituída por uma linha de 8 metros, com 11 plantas, no espaçamento de 0,8 m entre plantas e 1,4 m entre linhas e com uma planta de bordadura no início e uma no final de cada linha. O delineamento utilizado foi de blocos casualizados com quatro repetições.

Os genótipos foram avaliados em dois anos, sendo o Ano 1 em 2019 e o Ano 2 em 2020. No Ano 1, em dezembro de 2018 foi realizado o último corte antes do florescimento (Closing date), em meados de maio de 2019 as inflorescências foram cobertas com saco de voal, em junho as sementes foram coletadas e até agosto foram beneficiadas e pesadas. Após a coleta de sementes, em setembro, foi realizado o corte deixando resíduo de 20 cm de altura nas plantas das parcelas e quando, com a rebrota, as plantas atingiam entre 35-40 cm era feito o corte na altura de 25 cm até o último corte antes do florescimento, em dezembro de 2019. A condução do experimento no Ano 2 foi realizada seguindo os mesmos parâmetros do Ano 1 (Quadro 1).



Quadro 1. Representação cronológica da condução do experimento.

3.4 Características avaliadas

Dias para o florescimento (DPF): O período de florescimento em dias foi avaliado em campo e equivale ao número de dias desde o corte de uniformização das plantas até a emissão de 50% das panículas da unidade experimental.

Peso total de sementes (g) (PTS): Quando cada indivíduo estava no ponto de pleno florescimento foi colocado um saco de voal para cobrir as inflorescências para que não fosse perdida nenhuma semente, devido a cultura ter degrana natural. Depois que as sementes atingiram a maturidade fisiológica, as inflorescências foram cortadas, agitadas à mão e as sementes coletadas dentro do saco de voal. Ainda em campo as sementes foram transferidas do saco de voal para o saco de papel, sendo levadas para o laboratório para a realização das avaliações pós-colheita. Antes do beneficiamento, cada amostra foi pesada para que se obtivesse o peso total de sementes (sementes limpas + cariopses vazias e impurezas).

Peso de sementes limpas (g) (PSL): Todas as amostras foram beneficiadas com o auxílio de um Soprador de Sementes General. Nesse processo é feita a separação de material leve, como palhas e cariopses vazias, das sementes pesadas. Materiais pesados, como pedras e torrões, que não são separados com o auxílio do soprador, foram retirados manualmente com uma pinça. Depois do

beneficiamento as amostras foram pesadas para a obtenção do peso de semente limpa.

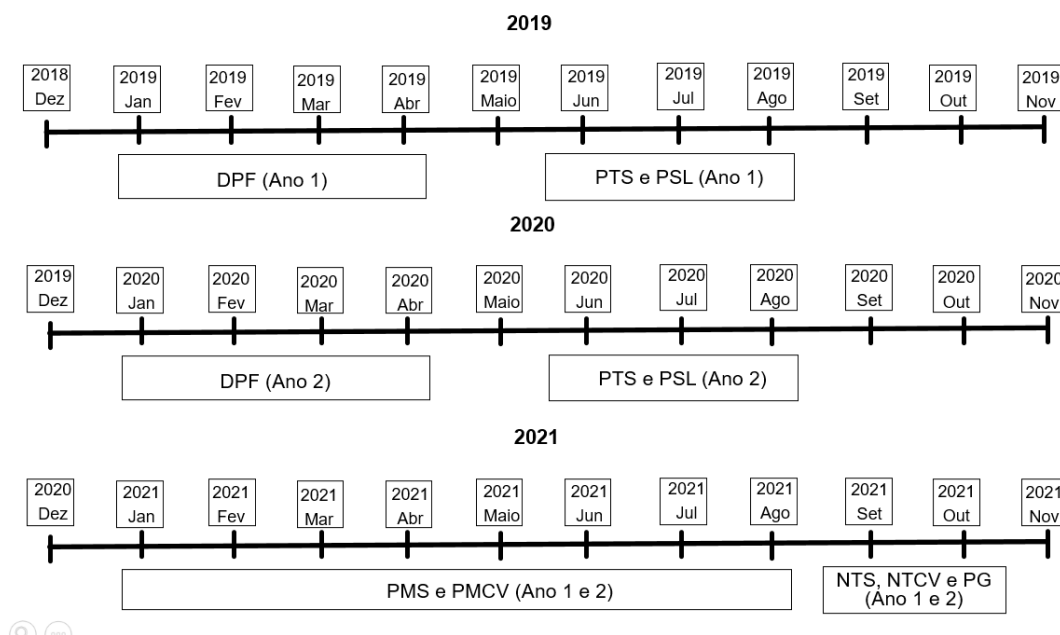
Peso de mil sementes (g) (PMS): A obtenção do PMS foi realizada com o auxílio de um contador eletrônico (ESC 2011 Comp), aonde foi realizada a leitura do número de sementes. A pesagem foi feita em uma balança analítica Shimadzu ATX224, com quatro casas decimais. Para cada amostra de sementes puras do indivíduo, foram contadas e pesadas até 8 repetições de 100 sementes. O número de repetições dependeu do tamanho da amostra disponível. Foi realizada a média das repetições para cada indivíduo e esse resultado multiplicado por 10, obtendo-se, assim, o peso de mil sementes (BRASIL, 2009).

Peso de mil cariopses vazias (g) (PMCV): No beneficiamento foi realizada a separação entre sementes limpas e cariopses vazias. Estas foram armazenadas para que fosse calculada a estimativa dessa característica. Os aparelhos utilizados foram os mesmos do cálculo do PMS. Para cada amostra de cariopses vazias do indivíduo, foram contadas e pesadas até 8 repetições de 100 cariopses vazias. O número de repetições dependeu do tamanho da amostra disponível. Foi realizada a média das repetições para cada indivíduo e esse resultado multiplicado por 10, obtendo, assim, o peso de mil cariopses vazias. Essa variável foi avaliada apenas no Ano 2.

Número total de sementes (NTS): Essa variável foi calculada através dos resultados de peso de semente limpa e peso de mil sementes, de acordo com a fórmula a seguir: $(PSL \div PMS) \times 1000$.

Número total de cariopses vazias (NTCV): Essa característica foi estimada por meio da seguinte fórmula: $((NTS - PSL) / PMCV) \times 1000$.

Porcentagem de granação (%) (PG): Essa estimativa foi realizada através da fórmula: $PG = (NTS / (NTS + NTCV)) \times 100$.



Quadro 2. Representação cronológica da avaliação das características.

3.5 Análises estatístico-genéticas

A análise dialélica foi realizada de acordo com o seguinte modelo para cada característica, a fim de estimar os componentes de variância da capacidade geral de combinação (CGC) dos genitores sexuais e apomíticos e da capacidade específica de combinação (CEC) dos cruzamentos:

$$Y = X1r + X2t + Z1s + Z2a + Z3c + Z4f + Z5g + Z6h + e$$

em que Y é o vetor de dados fenotípicos, X é a matriz de incidência para os efeitos fixos e Z são as matrizes de incidências referentes aos efeitos aleatórios; r é o vetor de efeito fixo de repetição; t é o vetor de efeito fixo de ano; s é o vetor de efeitos aleatórios da CGC dos parentais sexuais, em que $s \sim NMV(0, \sigma_{SEX}^2)$ e σ_{SEX}^2 é o componente de variância associado aos efeitos de CGC dos parentais sexuais; a é o vetor de efeitos aleatórios da CGC dos parentais apomíticos, em que $a \sim NMV(0, \sigma_{APO}^2)$ e σ_{APO}^2 é o componente de variância associado aos efeitos de CGC dos parentais apomíticos; c é o vetor de efeitos aleatórios da CEC dos cruzamentos entre os parentais sexuais e parentais apomíticos, em que $c \sim NMV(0, \sigma_{SEX \times APO}^2)$ e $\sigma_{SEX \times APO}^2$ é o componente de variância associado aos efeitos de

CEC associado ao cruzamento entre parentais apomíticos e parentais sexuais; f é o vetor de efeitos aleatórios da interação entre a CGC dos parentais sexuais e anos, em que $f \sim NMV(0, \sigma_{SEX \times t}^2)$ e $\sigma_{SEX \times t}^2$ é o componente de variância associado à interação entre a CGC dos parentais sexuais e anos; g é o vetor de efeitos aleatórios da interação entre a CGC parentais apomíticos e anos, em que $g \sim NMV(0, \sigma_{APO \times t}^2)$ e $\sigma_{APO \times t}^2$ é o componente de variância associado à interação entre a CGC dos parentais sexuais e anos; h é o vetor de efeitos aleatórios da interação entre CEC e anos, em que $h \sim NMV(0, \sigma_{SEX \times APO \times t}^2)$ e $\sigma_{SEX \times APO \times t}^2$ é a variância da interação entre CEC e anos; e é o vetor dos erros aleatórios, em que $e \sim NMV(0, \sigma_e^2)$ e σ_e^2 é o componente de variância residual.

As componentes da variância genética foram calculadas para os dois anos juntos e para todas as características. A variância aditiva aproximada foi estimada pela equação $\sigma_A^2 = 4\sigma_{APO}^2$ e a variância de dominância por $\sigma_D^2 = \frac{9}{2}(\sigma_{APO \times SEX}^2 - 2\sigma_{APO}^2)$, conforme modelo proposto por Matias et al. (2018). A herdabilidade foi calculada por $h^2 = \text{variância genética} / (\text{variância genética} + (\text{variância da interação genótipo} \times \text{ambiente/número de anos}) + (\text{variância ambiental} / (\text{número de repetições} \times \text{número de anos})))$. A variância genética utilizada no cálculo da herdabilidade foi obtida pela fórmula: (variância da estimativa de CGC dos parentais sexuais + variância da estimativa de CGC dos parentais apomíticos + variância da estimativa de CEC). Os resultados para acurácia foram obtidos pela fórmula: $\sqrt{h^2}$ (Resende e Duarte, 2007).

Os componentes de variância foram estimados pelo método da máxima verossimilhança residual (REML) (Patterson e Thompson, 1971), utilizando a função lmer do pacote lme4 (R) (Bates et al., 2015), e a significância verificada pelo teste da razão de verossimilhança (LRT) utilizando a função ranova do lmerTest (R) (Kuznetsova et al., 2017). Todas as análises foram conduzidas no software R (R Core Team, 2021).

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

A acurácia variou de alta (66%) a muito alta (93%) de acordo com a classificação de Resende e Duarte (2007), o que indica boa confiabilidade dos dados (Tabela 2).

Tabela 2. Estimativas de variância da CGC de parentais sexuais (σ_{SEX}^2) e apomíticos (σ_{APO}^2), variância dos efeitos da CEC ($\sigma_{SEX \times APO}^2$), variância dos efeitos de interação entre parentais sexuais e anos ($\sigma_{SEX \times t}^2$), variância dos efeitos de parentais apomíticos e anos ($\sigma_{APO \times t}^2$), variância dos efeitos da interação entre CEC e anos ($\sigma_{SEX \times APO \times t}^2$), variância dos efeitos aditivos (σ_A^2), variância dos efeitos de dominância (σ_D^2), variância dos erros aleatórios (σ_e^2), herdabilidade no sentido amplo na média dos genótipos (h^2), acurácia (r_{gg}) e média geral ($\bar{x}$) para características relacionadas à produção de sementes em experimento de avaliação de progênies de irmãos completos de *Urochloa* spp. em dois anos.

Componente	DPF	PTS	PSL	NTS	NTCV	PG	PMS	PMCV
σ_{SEX}^2	0,00	12,39	4,18	69.934	251.149	2,61	0,10	116,40 ^c
σ_{APO}^2	1,63 ^b	2,01 ^c	0,00	0,00	123.804	0,00	0,00	4,88 ^c
$\sigma_{SEX \times APO}^2$	0,00	18,56*	13,66**	164.109**	445.289	8,46***	0,25***	0,00033 ^c
$\sigma_{SEX \times t}^2$	3,06	11,59 ⁺	3,41	38.935	598.124 ⁺	1,27 ⁺	0,06*	78.040,00*** ^c
$\sigma_{APO \times t}^2$	4,29	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,01	5.512,00 ^c
$\sigma_{SEX \times APO \times t}^2$	0,00	0,37	2,46	18.107	0,00	0,55	0,04 ⁺	23.110,00** ^c
σ_e^2	174,70	73,44	21,31	282.907	6.184.845,00	7,61	0,19	59.280,00 ^c
σ_A^2	6,52	8,04	0,00	0,00	495.216,00	0,00	0,00	19,52
σ_D^2	0,00	65,43	61,47	738.490,50	889.564,50	38,07	1,13	0,00
h^2	0,64 ^c	0,67	0,76	0,79	0,43	0,86	0,82	0,002
r_{gg}	0,20 ^a	0,82	0,87	0,89	0,66	0,93	0,91	0,04
$\bar{x}$	115,38	35,76	13,95	1559,93	10160,38	11,74	8,70	2,29

DPF, Dias para o florescimento (dias); PTS, Peso total de sementes (g); PSL, Peso de sementes limpas (g), NTS, Número total de sementes (unidade); NTCV, Número total de cariopses vazias (unidade); PG, Porcentagem de granação (%); PMS, Peso de mil sementes (g); PMCV, Peso de mil cariopses vazias (g). Anos avaliados: 2019 e 2020.

⁺ Significativo pelo teste da razão de verossimilhança a 10%; * Significativo pelo teste da razão de verossimilhança a 5%; ** Significativo pelo teste da razão de verossimilhança a 1%; *** Significativo pelo teste da razão de verossimilhança a 0,1%;

^a Estimativa multiplicada por 1.000; ^b Estimativa multiplicada por 1.000.000.; ^c Estimativa multiplicada por 10.000.000.

Para a estimativa de CGC, os componentes de variância dos genitores sexuais e apomíticos foram não significativos ($P > 0,05$) pelo teste de razão de verossimilhança (LRT) para todas as características. Como foram adotados genitores elites, a falta de significância pode ter acontecido porque estes já foram selecionados direta ou indiretamente para produção de sementes (Tabela 2).

Em relação aos cruzamentos (CEC) houve diferença significativa para PTS ($P < 0,05$), PSL, NTS ($P < 0,01$), PG e PMS ($P < 0,001$), indicando que existem combinações de genitores sexuais e apomíticos que podem ser mais vantajosas no programa de melhoramento (Tabela 2). A significância para a estimativa da CEC indica que houve diferença na complementariedade dos cruzamentos para essas características.

Estudando caracteres de valor agrônômico e nutritivo em *Urochloa* spp., Figueiredo et al. (2019) e Gouveia et al. (2021), não encontraram efeitos significativos para a CGC dos parentais apomíticos para nenhuma característica. Matias et al. (2018) encontraram apenas para Velocidade de Rebrotas e Matéria Seca Total. Para características relacionadas à produção de sementes avaliadas neste trabalho também não foram encontradas estimativas de CGC dos parentais apomíticos para nenhuma característica.

Uma hipótese para esse resultado seria o fato de os genótipos apomíticos carregarem na constituição do gameta um bloco gênico sem alteração. Isso significa que na formação dos gametas apomíticos a recombinação pode não ocorrer. Isto é semelhante ao que é relatado em machos de *Drosophila melanogaster*, pois a presença de crossing over e a frequência de recombinação ocorrem frequentemente em fêmeas; em machos, a frequência é baixa (Hiraizumi, 1971).

Em relação a CGC dos parentais sexuais, no presente trabalho essa estimativa foi não significativa para todas as características. Para características agrônômicas e de valor nutritivo de *Urochloa* spp. resultados diferentes foram encontrados, como no trabalho de Figueiredo et al. (2019), em que para quase todas as características essa estimativa foi significativa. Gouveia et al. (2021) e Matias et al. (2018) reportaram significâncias para cinco características, sendo duas delas coincidentes (% Folha e Proteína Crua).

Considerando parentais híbridos interespecíficos de *Urochloa* spp., todas as características estudadas por Gouveia et al. (2021) apresentaram significância para a estimativa de CEC; Matias et al. (2018) também encontraram

CEC significativas. O contrário aconteceu para híbridos intraespecíficos de *U. humidicola* estudados por Figueiredo et al. (2019), em que a CEC foi não significativa para as características. Cinco caracteres abordados neste trabalho foram significativos para CEC, o que indica que houve diferença na complementariedade dos cruzamentos para essas características.

A CGC caracteriza o comportamento do parental em várias combinações híbridas, enquanto a CEC caracteriza o comportamento de combinações híbridas específicas em relação à média dos parentais. Assim, a CGC está associada principalmente a genes de efeitos aditivos, embora também dependa de genes com dominância e da epistasia aditiva x aditiva. Já a CEC depende basicamente de genes de efeitos dominantes e epistáticos do tipo dominante x dominante (Sprague e Tatum, 1942).

Com exceção de DPF e PMCV, todas as características avaliadas foram predominantemente determinadas por efeitos não aditivos. Para as características PSL, NTS, PG e PMS foi observado apenas o efeito de dominância, sendo o efeito aditivo nulo. Para NTCV o efeito de dominância foi praticamente 50% maior do que o aditivo (Tabela 2).

Devido a avaliação em dois anos (2019 e 2020), tanto o efeito da interação dos fatores genéticos como os anos foram testados. Não houve interação significativa entre a CGC dos parentais apomíticos com o efeito de ano. Em relação à CGC dos parentais sexuais, houve interação significativa com o efeito de ano para os caracteres PTS, NTCV e PG ($P < 0,1$), PMS ($P < 0,05$) e PMCV ($P < 0,001$). Houve interação significativa para PMS ($P < 0,1$) e PMCV ($P < 0,01$), em relação a CEC x anos. (Tabela 2). A existência de interação indica que esses efeitos (CGC e CEC) variam de forma diferenciada em função do ano.

O fato de a interação entre $GCG_{sex} \times ano$ apresentar resultados significativos para algumas características e a interação $CGC_{apo} \times ano$ não, pode indicar que os genitores femininos são mais adaptados a condições ambientais específicas ou que os genitores masculinos são mais estáveis em diferentes condições, ou uma combinação dessas duas hipóteses (Fonseca et al., 2021).

A Interação de Genótipos com Ambiente (ambiente nesse caso é o fator ano) pode ser definida como sendo o efeito diferencial dos ambientes sobre os genótipos. É válido lembrar que, para gramíneas, a existência de uma grande interação genótipo x ambiente complica o trabalho do melhorista porque o desempenho da forrageira é menos previsível e não pode ser interpretado com base apenas nas médias do genótipo e do meio ambiente (Ebdon e Gauch Jr, 2002).

A herdabilidade no sentido amplo na média dos genótipos foi calculada e, para as características DPF e PMCV, foram próximas a zero; consequentemente, as suas respectivas acurácias também. Para as demais características, a estimativa de herdabilidade variou de 43% (NTCV) até 86% (PG).

Estudando caracteres agronômicos e de valor nutritivo em espécies de *Urochloa* spp. e Figueiredo et al. (2012) encontraram maior estimativa de herdabilidade para Capacidade de Rebrotar, sendo de 75,56%. Matias et al. (2019), reportou uma maior estimativa para Peso de Massa Verde (81%). Gouveia et al. (2021), encontraram como maior coeficiente de herdabilidade o valor de 19%, para Matéria Seca de Folha.

Essa diferença de resultados também pode ser devido ao resultado da expressão do genótipo, da influência de fatores ambientais e das interações entre ambos, devido à herdabilidade investigar a relação entre os valores observados/fenotípicos com a variância fenotípica e seus respectivos valores genotípicos verdadeiros subjacentes com a variância genotípica (Lourenço et al., 2017). Portanto, o ideal é comparar esses resultados com outros para as mesmas características, porém, ainda não existe na literatura trabalhos relacionados à avaliação de características relacionadas com a produção de sementes para *Urochloa* spp.

Apesar de a estimativa de CGC para genitores sexuais não terem sido significativas existem algumas semelhanças nos resultados. Para PTS, PSL, NTS, NTCV e PG o parental SEX 5 foi o que apresentou maior estimativa. Para PMS e PMCV o destaque positivo foi para o parental SEX 1. Sobre os destaques

negativos, podemos considerar SEX 1 para PSL, NTS e PG e SEX 4 para PTS, NTCV e PMS, visto que foram os parentais que apresentaram os menores valores. Por meio desses resultados podemos constatar que os parentais sexuais se comportam de maneira diferente para a estimativa da CGC dependendo da característica estudada.

Em relação aos parentais apomíticos, APO 1 foi o responsável pela maior estimativa de CGC para DPF e PMCV e APO 2 para PTS e NTCV. Não houve semelhança nas menores estimativas encontradas, ou seja, para cada característica o responsável pelo menor valor foi um parental diferente. Portanto, assim como os sexuais, os parentais apomíticos também se comportam de maneira diferente dependendo da característica avaliada.

As estimativas de CGC de genitores sexuais e apomíticos, respectivamente, estão apresentados nas Figuras 1 e 2. A característica DPF apresentou valor zero para todos os genitores sexuais e PSL, NTS, PG e PMS apresentaram valor zero para todos os genitores apomíticos e por esse motivo não foram incluídas na representação gráfica.

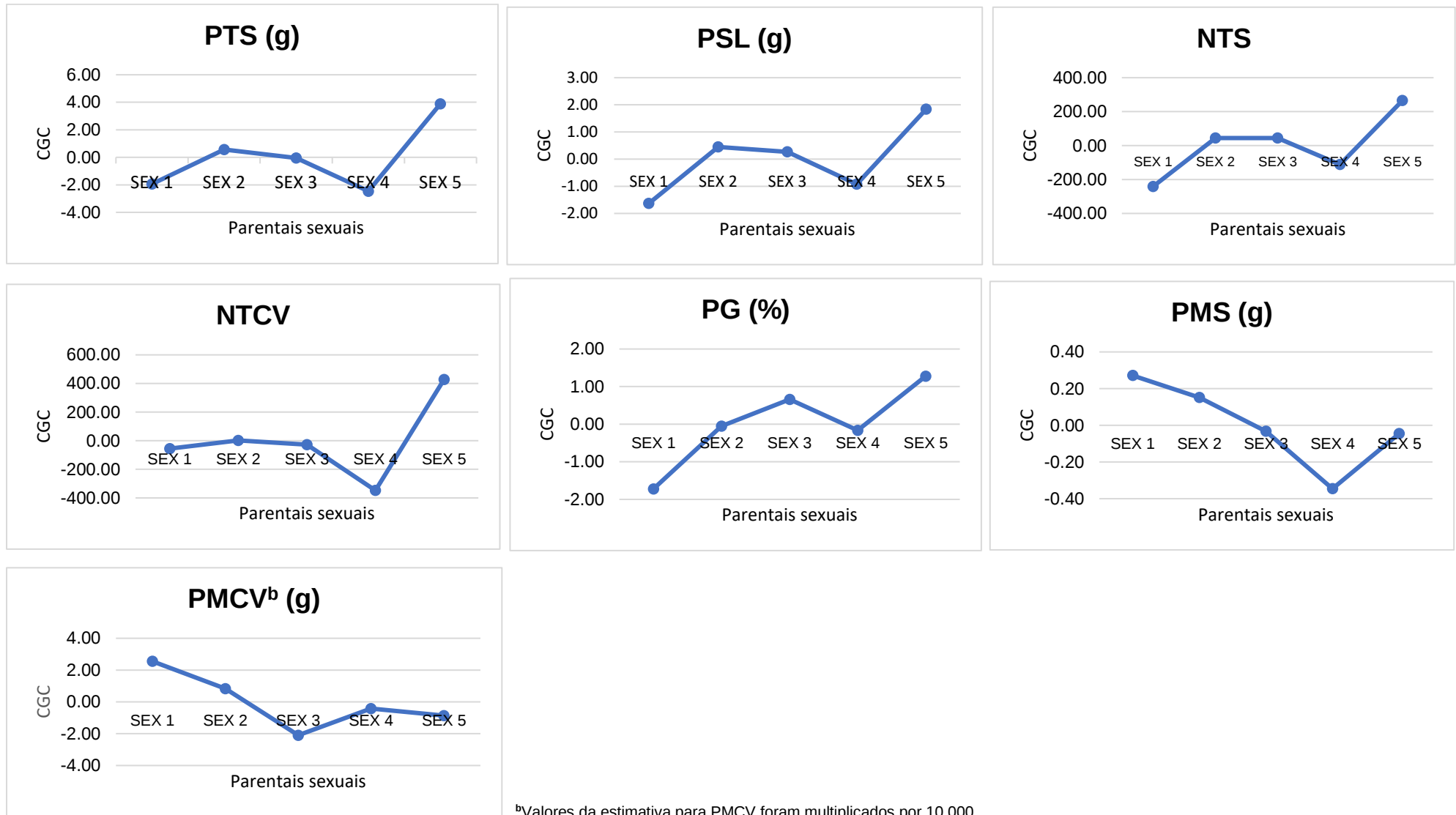
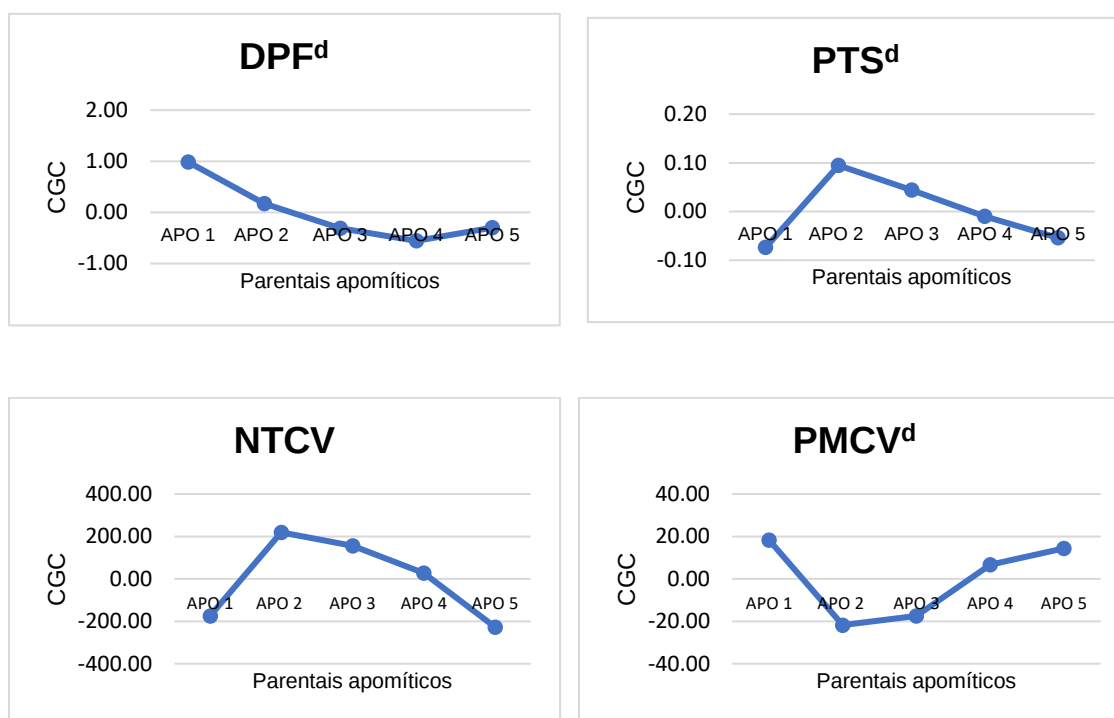


Figura 1. Representação gráfica dos valores das estimativas de CGC dos parentais sexuais.



^d Valores da estimativa para DPF, PTS e PMCV foram multiplicados por 1.000.000.

Figura 2. Representação gráfica dos valores das estimativas de CGC dos parentais apomíticos.

Para as características em que a estimativa de CEC foi significativa, foi realizado um raqueamento dos seus valores em ordem decrescente (Tabela 3). O número de cada cruzamento foi baseado na definição da Tabela 1. Pelos resultados podemos constatar que os cruzamentos 10 e 18 foram os melhores para duas características, e o 18 ficou entre os três melhores para todas. Portanto, se o objetivo for escolher um cruzamento que tenha uma boa resposta para todas as características o 18 seria a melhor opção.

Considerando as cinco primeiras posições, os cruzamentos 7, 10 e 15 também apresentaram resultados satisfatórios. As combinações 12, 16 e 19 estão entre as cinco últimas colocadas para a maioria das características. O cruzamento 4 aparece como destaque negativo para todas as características.

Para PSL, NTS e PG, apenas nove combinações híbridas contribuíram de forma positiva para a estimativa da CEC, entre as quais oito são coincidentes para essas três características, sendo: 2, 3, 7, 10, 13, 15, 18 e 22. Para PTS foram treze e

para PMS foram doze. Esses resultados podem ser melhor visualizados por meio da representação gráfica demonstrada na Figura 3.

É importante aumentar a produção de sementes de *Urochloa* spp. tanto para objetivo comercial quanto para o melhoramento, visto que as sementes passam pelo processo de degrana natural. Portanto, devemos optar por cruzamentos que apresentaram estimativa de CEC positiva.

Tabela 3. Ranqueamento dos cruzamentos com base nas estimativas de capacidade específica de combinação (CEC) para as características que apresentaram significância pelo teste da razão de verossimilhança.

Cruz.	PTS	Cruz.	PSL	Cruz.	NTS	Cruz.	PG	Cruz.	PMS
7	5,78	10	5,56	10	601,21	18	6,94	18	0,79
15	4,27	15	5,37	18	596,61	10	4,46	22	0,56
18	4,18	18	5,37	15	594,72	15	4,10	7	0,56
10	3,45	2	3,85	2	439,22	7	2,42	11	0,55
6	3,29	7	3,48	7	352,73	3	1,58	20	0,32
2	2,71	22	1,74	13	180,90	22	0,87	15	0,21
11	2,67	6	1,54	6	176,73	13	0,70	10	0,21
22	1,51	3	1,15	3	138,26	2	0,57	17	0,17
14	1,07	13	1,11	22	111,21	17	0,16	21	0,17
17	0,99	11	-0,28	11	-11,33	6	-0,23	6	0,10
3	0,29	17	-0,65	14	-39,80	20	-0,46	2	0,03
5	0,24	14	-0,66	17	-94,67	21	-0,69	14	0,00
13	0,06	23	-0,75	23	-103,12	5	-0,77	23	-0,01
9	-0,86	5	-0,98	5	-110,76	23	-0,77	1	-0,02
23	-0,92	20	-1,06	20	-151,34	14	-0,81	5	-0,02
20	-1,97	21	-2,28	8	-231,66	11	-1,01	3	-0,15
19	-2,13	8	-2,47	9	-256,49	8	-1,18	13	-0,23
8	-2,92	9	-2,57	21	-280,57	1	-1,55	16	-0,30
1	-2,93	1	-2,75	16	-288,82	16	-2,34	12	-0,40
21	-3,62	16	-2,79	1	-292,17	12	-2,48	8	-0,43
16	-3,98	12	-3,58	12	-408,29	9	-2,74	19	-0,50
12	-4,03	19	-3,94	4	-458,66	4	-3,15	9	-0,51
4	-7,16	4	-4,40	19	-463,92	19	-3,65	4	-1,09

Cruz.: Cruzamento. PTS, Peso total de sementes (g); PSL, Peso de sementes limpas (g); NTS, Número total de sementes; PG, Porcentagem de granação (%); PMS, Peso de mil sementes (g).

5. CONCLUSÃO

Houve predominância de efeitos não aditivos sobre a expressão do fenótipo de características relacionadas à produção de sementes em *Urochloa* spp.

As combinações híbridas 7, 10, 15 e 18 se destacaram positivamente, enquanto os cruzamentos 4, 19 e 12 se destacaram negativamente para as características avaliadas.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABIEC. (2021). Beef Report 2020. *BeefREPORT*, Retrieved from <http://www.abiec.com.br/controle/uploads/arquivos/sumario2020portugues.pdf>

Adhikari, A.; Ibrahim, A. M. H.; Rudd, J. C.; Baenziger, P. S.; Sarazin, J. B. Estimation of heterosis and combining abilities of U.S. winter wheat germplasm for hybrid development in Texas. **Crop Science**, [s. l.], n. December 2019, p. 1–16, 2019.

Ambiel, A. C.; Guaberto, L. M.; Vanderlei, T. M.; Neto, N. B. M. Agrupamento de acessos e cultivares de três espécies de brachiaria por RAPD. **Acta Scientiarum - Agronomy**, [s. l.], v. 30, n. 4, p. 457–464, 2008.

Araújo, S. A. C.; Deminici, B. B.; Campos, P. R. S. S. Melhoramento Genético De Plantas Forrageiras Tropicais No Brasil Plant Breeding of the Tropical Forage in Brazil. **Archivos de Zootecnia**, [s. l.], v. 57, p. 61–76, 2008.

Bates, D.; Mächler, M.; Bolker, B. M.; Walker, S. C. Fitting linear mixed-effects models using lme4. **Journal of Statistical Software**, [s. l.], v. 67, n. 1, 2015.

Beloni, T.; Menezes, P.; Gregori, S.; Rovadoscki, A.; Balachowski, J.; Volaire, F. Large variability in drought survival among *Urochloa* spp. cultivars. [s. l.], n. January, p. 1–11, 2018.

BRASIL. **Brasil. Regras para análise de sementes (RAS)**. [s.l: s.n.]. Disponível em: <https://www.gov.br/agricultura/pt-br/assuntos/insumos-agropecuarios/arquivos-publicacoes-insumos/2946_regras_analise__sementes.pdf>

Cabral, P. D. S.; Do Amaral Júnior, A. T.; Viana, A. P.; Vieira, H. D.; De Jesus Freitas, I. L.; Vittorazzi, C.; Vivas, M. Combining ability between tropical and temperate popcorn lines for seed quality and agronomic traits. **Australian Journal of Crop Science**, [s. l.], v. 9, n. 4, p. 256–263, 2015.

Catuchi, T. A.; Soratto, R. P.; Júnior, A. F.; Guidorizzi, F. V. C.; Tiritan, C. S. Nitrogen management of forage grasses for nutrition, seed production, and nutrients in residual straw. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, [s. l.], v. 54, 2019.

Chaudhary, B. D.; Kakar, S. N.; Singh, R. K. **Comparison of diallel and its modifications**, 1977. Disponível em: <[v:%5Csilvae-genet%5Csilvae-genet # 1977 %23 chaudhary 26-112.pdf](#)>

Chen, J.; Zhou, H.; Xie, W.; Xia, D.; Gao, G.; Zhang, Q.; Wang, G.; Lian, X.; Xiao, J.; He, Y. Genome-wide association analyses reveal the genetic basis of combining ability in rice. **Plant Biotechnology Journal**, [s. l.], v. 17, n. 11, p. 2211–2222, 2019.

Comstock, R. E.; Robinson, H. F. Estimation of the average dominance of genes, in Heterosis,. [s. l.], n. 1, p. 494–516, 1952.

Cruz, C. D.; Carneiro, P. C. S. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa, MG: UFV, 2003. 585 p. v. 2.

Cruz, C. D.; Regazzi, A. J.; Carneiro, P. C. S. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 5, editor. Viçosa: UFV, 2012.

De Figueiredo, U. J.; Lima Barrios, S. C.; Do Valle, C. B.; Nunes, J. A. R. Combining ability among apomictic and sexual parents of *Urochloa humidicola*. **Grass and Forage Science**, [s. l.], v. 74, n. 4, p. 678–686, 2019.

De Figueiredo, U. J.; Rodrigues Nunes, J. A.; Do Valle, C. B. Estimation of genetic parameters and selection of *Brachiaria humidicola* progenies using a selection index. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, [s. l.], v. 12, n. 4, p. 237–244, 2012

Ebdon, J. S.; Gauch Jr, H. G. Performance Trials: I . Interpretation of Genotype Environment Interaction. **Crop Sciences**, [s. l.], v. 496, n. 2, p. 489–496, 2002.

Ferner, J. et al. Impact and Adaptation. **Grass and Forage Science**, [s. l.], v. 1, n. 1, p. 12–15, 2016. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1016/j.eja.2012.05.011>><https://doi.org/10.1016/j.fcr.2019.04.018>><http://dx.doi.org/10.1016/B978-0-12-417104-6/00020-0>><http://hdl.handle.net/10568/56951>><http://dx.doi.org/10.1016/j.agsy.2016.02.008>><http://dx.doi.org/>>

Ferreira, R. C. U.; Costa Lima Moraes, A. Da; Chiari, L.; Simeão, R. M.; Vigna, B. B. Z.; De Souza, A. P. An Overview of the Genetics and Genomics of the *Urochloa* Species Most Commonly Used in Pastures. **Frontiers in Plant Science**, [s. l.], v. 12, n. December, 2021.

Fonseca, J. M., Perumal, R., Klein, P. E., Klein, R. R., & Rooney, W. L. (2021). Combining abilities and elite germplasm enhancement across US public sorghum breeding programs. **Crop Science**, 61(6), 4098-4111.

Gama, D. D. S.; Santos, Í. A. F. M.; De Abreu, L. M.; De Medeiros, F. H. V.; Duarte, W. F.; Cardoso, P. G. Endophytic fungi from *Brachiaria* grasses in Brazil and preliminary screening of *Sclerotinia sclerotiorum* antagonists. **Scientia Agricola**, [s. l.], v. 77, n. 3, 2020.

Gardner, C. O.; Eberhart, S. A. Analysis and interpretation of the variety cross diallel and related population. **Biometrics**, Washington, v. 22, n. 3, p. 439-452, Sept. 1966.

Gouveia, B. T.; Mateus, R. G.; Barrios, S. C. L.; Do Valle, C. B.; De Sousa Bueno Filho, J. S.; Fernando Rios, E.; Dias, A. M.; Rodrigues Nunes, J. A. Combining ability and selection for agronomic and nutritional traits in *Urochloa* spp. hybrids. **Grass and Forage Science**, [s. l.], n. October, p. 1–12, 2021.

Griffing, B. Concept of General and Specific Combining Ability in Relation to Diallel Crossing Systems. **Australian Journal of Biological Sciences**, [s. l.], v. 9, n. 4, p. 463, 1956.

Hallauer, A.R.; Miranda Filho, J.B. Quantitative genetics in maize breeding. **Ames: Iowa State University Press**, 1988. 468p

Hayman, B.I. (1954) The Theory and Analysis of Diallel Crosses. **Genetics**, 39, 789-809.

Hiraizumi, Y. Spontaneous Recombination in *Drosophila melanogaster* Males. [s. l.], v. 68, n. 2, p. 268–270, 1971.

Jank, L.; Barrios, S. C.; Do Valle, C. B.; Simeão, R. M.; Alves, G. F. The value of improved pastures to Brazilian beef production. **Crop and Pasture Science**, [s. l.], v. 65, n. 11, p. 1132–1137, 2014.

Jank, L. et al. Breeding tropical forages. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, v.11, n.1, p.27-34, 2011.

Kuznetsova, A.; Brockhoff, P. B.; Christensen, R. H. B. lmerTest Package: Tests in Linear Mixed Effects Models. **Journal of Statistical Software**, [s. l.], v. 82, n. 13, p. 1–26, 2017.

Lourenço, V. M.; Rodrigues, P. C.; Pires, A. M.; Piepho, H. P. A robust DF-REML framework for variance components estimation in genetic studies. **Bioinformatics**, [s. l.], v. 33, n. 22, p. 3584–3594, 2017.

Machado, V. D.; Dilermando, M.; Marina, F.; Janaina, A. L.; Domingos, A. M.; Fernanda, S. C. P. Grazing management strategies for *Urochloa decumbens* (Stapf) R . Webster in a silvopastoral system under rotational stocking. [s. l.], n. November 2019, p. 1–13, 2020.

Mahgoub, G. M. A. Partitioning of General and Specific Combining Ability Effects for Estimating Maternal and Reciprocal Effects. **Journal of Agricultural Science**, [s. l.], v. 3, n. 2, p. 213–222, 2011.

Marcón, F.; Martínez, E. J.; Zilli, A. L.; Rodríguez, G. R.; Brugnoli, E. A.; Acuña, C. A. Recurrent phenotypic selection and recurrent selection based on combining ability in tetraploid bahiagrass. **Crop Science**, [s. l.], v. 60, n. 3, p. 1386–1397, 2020.

Matias, F. I.; Barrios, S. C. L.; Bearari, L. M.; Meireles, K. G. X.; Mateus, R. G.; Do Amaral, P. N. C.; Alves, G. F.; Do Valle, C. B.; Fritsche-Neto, R. Contribution of additive and dominance effects on agronomical and nutritional traits, and multivariate selection on *Urochloa* spp. hybrids. **Crop Science**, [s. l.], v. 58, n. 6, p. 2444–2458, 2018.

Matias, F. I.; Vidotti, M. S.; Meireles, K. G. X.; Barrios, S. C. L.; Do Valle, C. B.; Carley, C. A. S.; Fritsche-Neto, R. Association mapping considering allele dosage: An example of forage traits in an interspecific segmental allotetraploid *urochloa* spp. panel. **Crop Science**, [s. l.], v. 59, n. 5, p. 2062–2076, 2019.

Meirelles, W. F.; Parentoni, S. N.; Guimarães, L. J. M.; De Oliveira Guimarães, P. E.; Pacheco, C. A. P.; De Oliveira, A. C.; Mendes, F. F.; Scapim, E. C. A. Análise dialélica de linhagens de milho quanto à responsividade ao fósforo e à sua eficiência de uso. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, [s. l.], v. 51, n. 3, p. 224–232, 2016.

Nitthaisong, P.; Ishigaki, G.; Suenaga, K.; Muguerza, M.; Tanaka, H.; Akashi, R. Pentaploid apomicts by interspecific hybridization between diploid *Urochloa ruziziensis* and tetraploid apomictic *U. decumbens*. **Crop Science**, [s. l.], v. 59, n. 4, p. 1648–1656, 2019.

Patterson, H. D.; Thompson, R. Recovery Of Inter-Block Information When Block Sizes are unequal. **Biometrika**, [s. l.], v. 58, n. 3, p. 545–554, 1971.

Ramalho, M. A. P.; Abreu, A. F. B.; Santos, J. D.; Nunes, J. A. R. Aplicações Da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas. Lavras: Universidade Federal de Lavras, 2012.

RNC - Registro Nacional de Cultivares (2022). Disponível em <https://sistemas.agricultura.gov.br/snpc/cultivarweb/cultivares_registradas.php>. Acesso em fevereiro de 2022, 2022.

R Core Team. (2021). R: A language and environment for statistical computing. <https://www.r-project.org/>

Ragalzi, C. D. M.; Beatriz, A.; Mendes, D.; Simeão, R. M.; Verzignassi, J. R.; Borges, C.; Fatima, M. De. Microsporogenesis associated with seed yield in *Urochloa* sexual polyploid hybrids. [s. l.], v. 21, n. 4, p. 1–9, 2021.

Raposo, A.; Valle, C. B. Do; Jank, L.; Ratier, S.; Barrios, S. C. L.; Santos, M. F. Determinação do modo de reprodução em *Brachiaria* spp. e *Panicum maximum* usando microscopia por contraste de interferência em ovários clarificados. **Documentos** 267, [s. l.], 2019.

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

Renvoize, S. A.; Clayton, W. D.; Kabuye, C. H. S. **Brachiaria: Biology, Agronomy, and Improvement**, 1996.

Simioni, C.; Do Valle, C. B. Chromosome duplication in *Brachiaria* (A. Rich.) stapf allows intraspecific crosses. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, [s. l.], v. 9, n. 4, p. 328–334, 2009.

Sprague, G. F.; Tatum, L. A. General vs. Specific Combining Ability in Single Crosses of Corn 1. **Agronomy Journal**, [s. l.], v. 34, n. 10, p. 923–932, 1942.

Triviño, N. J.; Perez, J. G.; Recio, M. E.; Ebina, M.; Yamanaka, N.; Tsuruta, S. I.; Ishitani, M.; Worthington, M. Genetic diversity and population structure of *Brachiaria* species and breeding populations. **Crop Science**, [s. l.], v. 57, n. 5, p. 2633–2644, 2017.

Widstrom, N. W.; Bondari, K.; Mcmillian, W. W. Hybrid Performance among Maize Populations Selected for Resistance to Insects. **Crop Science**, [s. l.], v. 32, n. 1, p. 85–89, 1992.

APÊNDICE

Para a fase de Qualificação foi realizada a análise de variância para todas as características avaliadas no presente trabalho e para cada ano separadamente (2019 e 2020). Foi empregado o teste F para examinar a significância estatística das fontes de variação ao nível de 1% e 5% de probabilidade

Para as variáveis que apresentaram significância ($F \leq 0,05$) entre os tratamentos, foram estimados os parâmetros estatístico-genéticos CVg, CVg/CVe, variâncias genética, fenotípica e ambiental, herdabilidade, ganho por seleção e média melhorada

As estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica e de correlação genética foram obtidas após a realização das análises de covariâncias, combinando os dados dos oito caracteres de cada um dos anos em todas as formas possíveis. Todos os resultados estão apresentados nas tabelas a seguir.

Tabela 1. Resumo da análise de variância das características avaliadas em progênes de irmãos completos de *Urochloa* spp. Guaira, São Paulo, 2019.

FV		Quadrados Médios						
		DPF 1	PTS 1	PSL 1	NTS 1	NTCV 1	PG 1	PMS 1
Blocos	3	9.176,48	111,34	28,47	388.608,66	8.952.560,40	13,08	3,16
Trat	22	284,00 ^{ns}	102,16 ^{ns}	36,44 ^{**}	506.701,74 ^{**}	10.084.575,31 ^{ns}	25,58 ^{**}	2,57 ^{**}
Res	66	349,95	70,75	13,44	203.330,37	7.537.304,22	5,42	0,22
Média		128,81	30,85	6,10	795,54	11.058,46	6,49	7,00
CV (%)		14,52	27,26	60,15	56,68	24,83	35,87	6,64

Dias para o florescimento (DPF), peso total de sementes (PTS), peso de sementes limpas (PSL), número total de sementes (NTS), número total de cariopses vazias (NTCV), porcentagem de granação (PG), peso de mil sementes (PMS), peso de mil cariopses vazias (PMCV). Sigla da característica seguida de número 1: Ano de 2019. Sigla da característica seguida de número 2: Ano de 2020.

^{**} Significativo a 1% pelo teste F.

^{ns} não-significativo pelo teste F.

Tabela 2. Resumo da análise de variância das características avaliadas em progênes de irmãos completos de *Urochloa* spp. Guaíra, 2020.

		Quadrados Médios							
FV		DPF 2	PTS 2	PSL 2	NTS 2	NTCV 2	PG 2	PMS 2	PMCV 2
Blocos	3	36,71	126,45	7,46	98.714,60	16.863.255,97	11,24	0,10	0,00
Trat	22	26,32 ^{ns}	351,20**	184,97**	2.229.954,87**	11.168.037,70**	87,70**	1,30**	0,09**
Res	66	28,74	76,12	29,18	362.482,56	5.241.623,59	9,80	0,16	0,01
Média		116,12	35,51	13,55	1.500,71	9.938,41	11,56	8,70	2,28
CV (%)		4,62	24,57	39,88	40,12	23,04	27,08	4,54	4,77

Dias para o florescimento (DPF), peso total de sementes (PTS), peso de sementes limpas (PSL), número total de sementes (NTS), número total de cariopses vazias (NTCV), porcentagem de granação (PG), peso de mil sementes (PMS), peso de mil cariopses vazias (PMCV). Sigla da característica seguida de número 1: Ano de 2019. Sigla da característica seguida de número 2: Ano de 2020

** Significativo a 1% pelo teste F.

^{ns} não-significativo pelo teste F.

Tabela 3. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos das características avaliadas em progênes de irmãos completos de *Urochloa* spp. Guaíra, 2019.

Parâmetros Genéticos	PSL 1	NTS 1	PG 1	PMS 1
Mínimo	0,95	171,47	1,51	3,95
Máximo	27,85	3.278,85	17,29	9,05
CVg(%)	39,33	34,62	34,58	10,94
CVg/CVe	0,65	0,61	0,96	1,65
S² genética	5,75	75.842,84	5,04	0,59
S² ambiental	13,44	203.330,37	5,42	0,22
S² fenotípica	19,19	279.173,21	10,46	0,80
Herdabilidade (%)	63,10	59,87	78,80	91,57
Ganho por Seleção (GS)	1,56	165,67	2,05	0,65
Média melhorada (MM)	7,66	961,21	8,54	7,65

Sigla da característica seguida de número 1: Ano de 2019.

Tabela 4. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos das características avaliadas em progênes de irmãos completos de *Urochloa* spp. Guaíra, 2020.

Parâmetros Genéticos	PTS 2	PSL 2	NTS 2	NTCV 2	PG 2	PMS 2	PMCV 2
Mínimo	1,46	0,27	36,32	854,14	2,09	7,26	1,87
Máximo	67,68	37,79	4.143,28	16.113,05	28,80	10,02	2,86
CVg(%)	23,35	46,07	45,53	12,25	38,18	6,16	6,10
CVg/CVe	0,95	1,16	1,13	0,53	1,41	1,36	1,28
S ² genética	68,77	38,95	466.868,08	1.481.603,53	19,48	0,29	0,02
S ² ambiental	76,12	29,18	362.482,56	5.241.623,59	9,79	0,16	0,01
S ² fenotípica	144,89	68,13	829.350,63	6.723.227,12	29,27	0,44	0,03
Herdabilidade (%)	78,33	84,22	83,74	53,07	88,83	88,04	86,73
Ganho por Seleção (GS)	6,57	6,07	657,56	409,41	5,19	0,53	0,13
Média melhorada (MM)	42,08	19,62	2157,56	10.347,82	16,75	9,23	2,41

Sigla da característica seguida de número 2: Ano de 2020.

Tabela 5 – Coeficientes de correlação fenotípica entre caracteres relacionados à produção de sementes de 23 progênies de *Urochloa* spp. avaliadas em 2019 e 2020

	PTS 1	PSL 1	NTS 1	NTCV 1	PG 1	PMS 1	PMCV 1	DPF 2	PTS 2	PSL 2	NTS 2	NTCV 2	PG 2	PMS 2	PMCV 2
DPF 1	0,30 ^{ns}	0,18 ^{ns}	0,12 ^{ns}	0,28 ^{ns}	-0,01 ^{ns}	0,27 ^{ns}	-0,02 ^{ns}	-0,03 ^{ns}	0,17 ^{ns}	0,24 ^{ns}	0,25 ^{ns}	-0,06 ^{ns}	0,15 ^{ns}	0,11 ^{ns}	0,27 ^{ns}
PTS 1		0,70 ^{**}	0,67 ^{**}	0,83 ^{**}	0,45 [*]	0,54 ^{**}	-0,32 ^{ns}	-0,19 ^{ns}	0,60 ^{**}	0,58 ^{**}	0,59 ^{**}	0,44 [*]	0,51 [*]	0,21 ^{ns}	-0,03 ^{ns}
PSL 1			0,99 ^{**}	0,20 ^{ns}	0,91 ^{**}	0,47 [*]	-0,56 ^{**}	-0,32 ^{ns}	0,75 ^{**}	0,83 ^{**}	0,83 ^{**}	0,31 ^{ns}	0,83 ^{**}	0,36 ^{ns}	-0,03 ^{ns}
NTS 1				0,17 ^{ns}	0,94 ^{**}	0,37 ^{ns}	-0,56 ^{**}	-0,29 ^{ns}	0,74 ^{**}	0,83 ^{**}	0,83 ^{**}	0,31 ^{ns}	0,85 ^{**}	0,26 ^{ns}	-0,14 ^{ns}
NTCV 1					-0,11 ^{ns}	0,39 ^{ns}	0,02 ^{ns}	0,02 ^{ns}	0,22 ^{ns}	0,13 ^{ns}	0,15 ^{ns}	0,34 ^{ns}	0,00 ^{ns}	0,03 ^{ns}	0,04 ^{ns}
PG 1						0,25 ^{ns}	-0,62 ^{**}	-0,29 ^{ns}	0,67 ^{**}	0,79 ^{**}	0,79 ^{**}	0,20 ^{ns}	0,90 ^{**}	0,24 ^{ns}	-0,18 ^{ns}
PMS 1							-0,18 ^{ns}	-0,26 ^{ns}	0,46 [*]	0,39 ^{ns}	0,35 ^{ns}	0,28 ^{ns}	0,30 ^{ns}	0,74 ^{**}	0,49 [*]
PMCV 1								-0,02 ^{ns}	-0,27 ^{ns}	-0,34 ^{ns}	-0,33 ^{ns}	0,01 ^{ns}	-0,55 ^{**}	-0,14 ^{ns}	0,01 ^{ns}
DPF 2									-0,42 [*]	-0,36 ^{ns}	-0,35 ^{ns}	-0,35 ^{ns}	-0,34 ^{ns}	-0,16 ^{ns}	0,07 ^{ns}
PTS 2										0,94 ^{**}	0,93 ^{**}	0,77 ^{**}	0,81 ^{**}	0,36 ^{ns}	-0,16 ^{ns}
PSL 2											0,99 ^{**}	0,54 ^{**}	0,91 ^{**}	0,28 ^{ns}	-0,20 ^{ns}
NTS 2												0,55 ^{**}	0,90 ^{**}	0,22 ^{ns}	-0,25 ^{ns}
NTCV 2													0,36 ^{ns}	0,13 ^{ns}	-0,35 ^{ns}
PG 2														0,25 ^{ns}	-0,23 ^{ns}
PMS 2															0,60 ^{**}

Dias para o florescimento (DPF), peso total de sementes (PTS), peso de sementes limpas (PSL), número total de sementes (NTS), número total de cariopses vazias (NTCV), porcentagem de granação (PG), peso de mil sementes (PMS), peso de mil cariopses vazias (PMCV). Sigla da característica seguida de número 1: Ano de 2019. Sigla da característica seguida de número 2: Ano de 2020.

*, **: Significativo a 5% e 1%, respectivamente.

^{ns} não significativo pelo teste t.

Tabela 6 – Coeficientes de correlação genética entre caracteres relacionados à produção de sementes de 23 progêies de *Urochloa* spp. avaliadas em 2019 e 2020

	PSL 1	NTS 1	NTCV 1	PG 1	PMS 1	PTS 2	PSL 2	NTS 2	NTCV 2	PG 2	PMS 2	PMCV 2
PTS 1	0,71	0,65	0,51	0,61	0,99 ⁺⁺	1,00 ⁺⁺	1,00 ⁺⁺	1,00 ⁺⁺	0,89	0,91 ⁺	0,40	0,02
PSL 1		0,99 ⁺	-0,23	0,97	0,58	0,97 ⁺	1,00 ⁺⁺	1,00 ⁺⁺	0,43	0,99 ⁺	0,50	0,02
NTS 1			-0,34	1,00 ⁺⁺	0,48	0,98 ⁺	1,00 ⁺⁺	1,00 ⁺⁺	0,45	1,00 ⁺⁺	0,39	-0,13
NTCV 1				-0,37	0,80 ⁺	0,40	0,25	0,27	0,68	0,03	0,03	0,11
PG 1					0,30	0,80	0,90	0,88	0,29	0,99 ⁺	0,31	-0,18
PMS 1						0,52	0,41	0,38	0,36	0,32	0,82	0,55
PTS 2							0,96	0,96	0,76	0,91	0,38	-0,19
PSL 2								0,99 ⁺	0,59	0,96	0,30	-0,22
NTS 2									0,61	0,95	0,24	-0,26
NTCV 2										0,53	0,16	-0,45
PG 2											0,28	-0,25
PMS 2												0,62

Dias para o florescimento (DPF), peso total de sementes (PTS), peso de sementes limpas (PSL), número total de sementes (NTS), número total de cariopses vazias (NTCV), porcentagem de granação (PG), peso de mil sementes (PMS), peso de mil cariopses vazias (PMCV). Sigla da característica seguida de número 1: Ano de 2019. Sigla da característica seguida de número 2: Ano de 2020.

⁺⁺, ⁺ : Significativo a 1e 5% - respectivamente - pelo método de bootstrap com 5000 simulações.