

ARTHUR MAYRINK ELIZEU

**APLICAÇÕES DOS MODELOS LINEARES MISTOS NO MELHORAMENTO DE
*Cynodon spp.***

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título *Doctor Scientiae*.

Orientador: Leonardo Lopes Bhering

Coorientador: Kaio Olímpio Graças Dias

**VIÇOSA - MINAS GERAIS
2022**

**Ficha catalográfica elaborada pela Biblioteca Central da Universidade
Federal de Viçosa - Campus Viçosa**

T

Elizeu, Arthur Mayrink, 1992-

E43a
2022 Aplicações dos modelos lineares mistos no melhoramento
de *Cynodon* spp. / Arthur Mayrink Elizeu. – Viçosa, MG, 2022.
1 tese eletrônica (58 f.): il. (algumas color.).

Orientador: Leonardo Lopes Bhering.

Tese (doutorado) - Universidade Federal de Viçosa,
Departamento de Biologia Geral, 2022.

Referências bibliográficas: f. 53-58.

DOI: <https://doi.org/10.47328/ufvbbt.2022.733>

Modo de acesso: World Wide Web.

1. Plantas forrageiras - Seleção - Melhoramento genético.
2. Interação genótipo-ambiente. 3. Análise de variância.
I. Bhering, Leonardo Lopes, 1980-. II. Universidade Federal de
Viçosa. Departamento de Biologia Geral. Programa de
Pós-Graduação em Genética e Melhoramento. III. Título.

CDD 22. ed. 633.202

Bibliotecário(a) responsável: Bruna Silva CRB-6/2552

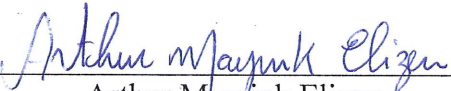
ARTHUR MAYRINK ELIZEU

APLICAÇÕES DOS MODELOS LINEARES MISTOS NO MELHORAMENTO DE
Cynodon spp.

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título *Doctor Scientiae*.

APROVADA: 01 de setembro de 2022.

Assentimento:


Arthur Mayrink Elizeu
Autor


Leonardo Lopes Bhering
Orientador

*Aos meus pais, Myrian e Fernando pelo apoio
incondicional.*

*À Danúbia, minha companheira e incentivadora,
que sempre me apoiou em todos os momentos.*

DEDICO.

AGRADECIMENTOS

Agradeço primeiramente a Deus, por guiar e iluminar meus passos.

À Danúbia, minha companheira na vida acadêmica e pessoal, por todo amor, incentivo e que sempre me mostrou o quanto eu sou capaz.

Aos meus pais, Myrian e Fernando, por todos os ensinamentos e por não medirem esforços para que eu alcançasse essa conquista.

Ao meu irmão, Igor, pela amizade e apoio.

À toda minha família, em especial minhas avós Graça e Dilene, por todo carinho.

A todos meus amigos, que sempre se mantiveram presentes, mesmo que de longe.

Ao meu orientador Dr. Leonardo Lopes Bhering, pelo exemplo de profissional, inspiração como professor e grande amigo, por todos conhecimentos transmitidos.

Ao meu coorientador Dr. Kaio Olímpio, que em pouco tempo contribuiu grandemente para minha formação profissional.

À Embrapa Gado e Leite e ao Pesquisador Flávio Rodrigo Gandolfi Benites pela disponibilização dos dados para a elaboração desta tese.

Aos membros da banca examinadora, por todas contribuições para a melhoria deste trabalho.

Aos amigos do laboratório de Biometria Emanuel Ferrari, Filipe Ferreira, Igor Coelho, Jeniffer Santana, Marco Antônio Peixoto, Renan Malikouski, Saulo Chaves, Suellen Sales e demais colegas que passaram por este laboratório durante essa jornada acadêmica, agradeço o companheirismo, amizade e conhecimentos compartilhados.

À Universidade Federal de Viçosa e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, pela excelência em ensino.

A todos os professores do Programa de Pós-Graduação em Genética e melhoramento que contribuíram para minha formação acadêmica.

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

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pela concessão da bolsa de estudos.

A todos que não foram mencionados, mas que de alguma forma contribuíram para minha formação pessoal e profissional, meus sinceros agradecimentos.

“A felicidade só é real quando compartilhada.”

Christopher McCandless – Alexander Supertramp

BIOGRAFIA

Arthur Mayrink Elizeu, filho de Fernando César Correa Elizeu e Myrian Imaculada Barroso Mayrink Elizeu, nasceu na cidade de Muriaé, Minas Gerais, Brasil, em 01 de março de 1992.

Em janeiro de 2016 obteve o título de Bacharel em Ciências Biológicas pela Universidade Federal de Viçosa, em Viçosa, Minas Gerais, Brasil.

Em agosto de 2016, ingressou no curso de Mestrado no Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, na Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, Minas Gerais, Brasil, vindo a defender o título de *Magister Scientiae*, em 2018.

No mesmo ano, ingressou no curso de Doutorado no Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, na Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, Minas Gerais, Brasil, submetendo-se a defesa do título de *Doctor Scientiae*, em 2022.

RESUMO

ELIZEU, Arthur Mayrink, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, setembro de 2022. **Aplicação dos modelos lineares mistos no melhoramento de *Cynodon* spp.** Orientador: Leonardo Lopes Bhering. Coorientador: Kaio Olímpio Graças Dias.

O gênero *Cynodon* pertence à família Poaceae sendo uma das espécies forrageiras mais cultivadas no mundo. É possível diferenciar essa gramínea em dois grupos: Gramas-Bermudas, que possui como representante *Cynodon dactylon*; e Gramas-Estrela, abrangendo *C. nlemfuensis*, *C. arthiopicus* e *C. plectostacyus*. A utilização de *Cynodon* spp. na alimentação do gado tem contribuído com ganhos consideráveis no peso dos animais e no aumento da produção de leite, além de ser uma forrageira que apresenta boa produtividade e qualidade nutricional. O programa de melhoramento genético de *Cynodon* da Embrapa explora a variabilidade genética da espécie utilizando a seleção recorrente fenotípica de famílias de meio-irmãos e autofecundação de clones, com foco na seleção de clones com elevada produtividade de biomassa vegetal (produção de forragem). Classicamente, dados dessa natureza eram avaliados sob Análise de Variância (ANOVA). Entretanto, tomar medidas em um mesmo genótipo ao longo do tempo pode gerar erros correlacionados, ferindo um dos pressupostos da ANOVA de independência dos resíduos. Neste sentido a utilização de modelos lineares mistos aplicando a modelagem de estruturas de covariância dos efeitos aleatórios torna-se uma abordagem promissora para obtenção dos valores genéticos mais acurados. A busca por estratégias que auxiliem o melhorista a selecionar indivíduos superiores baseados em várias características pode contribuir na otimização de um programa de melhoramento. Assim o objetivo do presente trabalho foi realizar a modelagem de estruturas de covariância em clones de *Cynodon* spp. e avaliar o ganho genético baseado na seleção a partir de um índice multicaracterístico. O experimento foi realizado em 2012 no campo experimental da Embrapa Gado de Leite. O delineamento adotado foi em blocos aumentados, com quatro blocos e cinco testemunhas comerciais avaliados em quatro cortes. As 197 progênies de autofecundação da cultivar Grama Estrela Roxa juntamente com as cinco testemunhas foram avaliadas para as características altura de plantas (PH), porcentagem de matéria seca de forragem (DM), peso verde de forragem (WG) e vigor da planta (VG). Dezenove modelos foram testados e a escolha do modelo de melhor ajuste foi determinada pelo AIC. O índice multicaracterístico utilizado foi o FAI-BLUP, que se baseia em análise fatorial para identificar um ideótipo e posteriormente realizar a seleção. O modelo mais ajustado segundo o AIC foi o m17, que adota a estrutura de

covariância CORH para os efeitos genéticos. A escolha dessa estrutura reflete a natureza de dados avaliados sob medidas repetidas, uma que possibilita variâncias heterogêneas para cada corte, mas sem ignorar a correlação que existe entre os mesmos. Escolher o modelo adequado refletiu em alterações no ranking dos melhores indivíduos. O índice FAI-BLUP possibilitou ganhos em todas características com destaque para WG e VG. Os 20% melhores genótipos foram selecionados e estes são T5, 11, 118, T3, 152, 134, 161, 7, 35, 126, 128, 149, 81, 103, 165, 168, T1, T2, 39 e 193. Este trabalho evidenciou que ajustar um modelo com a estrutura de covariância adequada, possibilita obter ganhos com a seleção e garante uma seleção mais acurada seja na seleção direta ou para seleção simultânea de múltiplas características.

Palavras-chave: Estruturas de covariância. Medidas Repetidas. FAI-BLUP. Melhoramento de forrageiras. REML/BLUP.

ABSTRACT

ELIZEU, Arthur Mayrink, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, September, 2022. **Applications of linear mixed models in *Cynodon* spp. breeding.** Adviser: Leonardo Lopes Bhering. Co-adviser: Kaio Olímpio Graças Dias.

The *Cynodon* genus belongs to the Poaceae family and is one of the most cultivated forage species in the world. It is possible to differentiate this forage into two groups: Bermudagrass, which has *Cynodon dactylon* as its representative; and Stargrass, covering *C. nlemfuensis*, *C. arthiopicus* and *C. plectostacyus*. The use of *Cynodon* spp. in cattle feeding, it has contributed to considerable gains in animal weight, contributing to increased milk production, in addition to being a forage that has good yield and nutritional quality. The Embrapa *Cynodon* breeding program explores the genetic variability of the species using phenotypic recurrent selection of half-sib families and self-pollinating of clone, focusing on the selection of clones with high plant biomass production (forage production). Classically, data of this nature were evaluated using Analysis of Variance (ANOVA). However, taking measurements in the same genotype over time can generate correlated errors, violating one of the ANOVA assumptions of independence of residuals. In this way, the use of mixed linear models applying the modeling of covariance structures of random effects becomes a promising approach to obtain more accurate genetic values. The search for strategies that help the breeder to select superior individuals based on several traits can contribute to the optimization of a breeding program. Thus, the aim of this work was to carry out the modeling of covariance structures in clones of *Cynodon* spp. and to evaluate the genetic gain based on selection from a multitrait index. The experiment was carried out in 2012 in the experimental field of Embrapa Gado de Leite. The design adopted was in augmented blocks, with four replications and five commercial checks evaluated in four trail cuts. 197 self-pollinating progenies of the cultivar Grama Estrela Roxa were evaluated together with the five checks for the traits plant height (PH), percentage of dry matter (DM), forage green weight (WG) and plant vigor (VG). Nineteen models were tested and the choice of the best-fit model was determined by AIC. The multi-trait index used was the FAI-BLUP, which is based on factor analysis to identify an ideotype and subsequently carry out the selection. The most adjusted model according to the AIC was the m17, which adopts the CORH covariance structure for the genetic effects. The choice of this structure reflects the nature of data evaluated under repeated measures, one that allows for heterogeneous variances for each trail cut, but without ignoring the

correlation that exists between them. Choosing the best-fit model reflected changes in the ranking of the best individuals. The FAI-BLUP index allowed gains in all characteristics, especially WG and VG. The top 20% genotypes were selected and these are T5, 11, 118, T3, 152, 134, 161, 7, 35, 126, 128, 149, 81, 103, 165, 168, T1, T2, 39 and 193. Therefore, this work showed that adjusting a model with the appropriate covariance structure makes it possible to obtain gains with the selection and guarantees a more accurate selection either in the direct selection or for the simultaneous selection of multiple characteristics.

Keywords: Covariance Structure. Repeated Measures. FAI-BLUP. Forage Breeding. REML/BLUP.

SUMÁRIO

Revisão bibliográfica	13
<i>A cultura do Cynodon spp.</i>	18
<i>Melhoramento de Cynodon spp.</i>	21
<i>Análises estatísticas e modelos mistos</i>	22
<i>Modelagem de estruturas de covariância</i>	25
Introdução	13
Material e métodos	27
<i>Dados experimentais</i>	27
<i>Análises estatísticas</i>	28
<i>Modelagem dos efeitos residuais</i>	29
<i>Modelagem do efeito permanente de parcela</i>	31
<i>Modelagem dos efeitos genéticos dentro de medida</i>	31
<i>Seleção de modelo</i>	33
<i>Teste de significância</i>	33
<i>Parâmetros genéticos e não genéticos</i>	34
<i>Kappa coeficiente</i>	34
<i>FAI-BLUP</i>	35
<i>Software</i>	35
Resultados e discussão	35
Considerações finais	51
Referências Bibliográficas	53

Introdução

Cynodon é um gênero de gramíneas tropicais, adaptadas a diferentes tipos de solo (CORRIHER; REDMON, 2011). As espécies deste gênero são divididas em Gramas-Bermudas (*C. dactylon*) e Gramas-Estrelas (*C. nlemfuensis*, *C. aethiopicus* e *C. plectostachyus*) (BENITES; SOUZA SOBRINHO, DE; VILELA, D., 2016; GROSSMAN et al., 2021), conforme a presença ou ausência de rizomas. No Brasil, *Cynodon* spp. têm sido utilizadas principalmente como pastagem para gado leiteiro, devido ao seu alto teor de proteínas, ocupando posição de destaque em sistemas de produção animal intensiva. As forrageiras são a base alimentar dos rebanhos, devido ao seu baixo custo de produção, facilidade de manejo, boa digestibilidade e palatabilidade, além da tolerância ao pastejo e resposta elevada à adubação (ARAÚJO et al., 2018; CORRIHER; REDMON, 2011; REDFEARN; RICE, 2014).

Nos programas de melhoramento de *Cynodon*, o intervalo de corte está intimamente relacionado à produção e qualidade da forragem, de modo que os cortes realizados com menor frequência proporcionam maior rendimento de matéria seca, mas resultam em decréscimos significativos em seu valor nutricional (QUEIROZ FILHO; SILVA, D. S.; NASCIMENTO, 2000). Portanto, para a seleção genotípica em *Cynodon* spp, é necessário encontrar o número ótimo de medidas que coincidam com o ponto de equilíbrio entre produção e qualidade da forragem, a fim de atender as exigências nutricionais dos animais (OLIVEIRA, M. et al., 2000).

A forma em que se avalia o desempenho de forrageiras é realizar medidas repetidas ao longo do ciclo da cultura, ou seja, realizar a fenotipagem de um mesmo genótipo repetidamente ao longo do tempo (FREITAS, A. R.; FERREIRA, R. P.; MOREIRA, 2011). O interesse em analisar dados dessa natureza geralmente está em prever os valores dos indivíduos para um determinado ponto no tempo e em identificar uma estrutura de variância parcimoniosa ao longo do tempo (RESENDE, M. D. V. De, 2007). A utilização dessa abordagem evidencia a existência

de correlações entre as medidas, não atendendo ao pressuposto da Análise de Variância (ANOVA) de independência entre erros e pode levar à heterogeneidade de variância e covariância entre medidas (KOZAK; PIEPHO, 2018).

Modelar medidas repetidas sob uma abordagem de metodologia de modelos mistos tem sido uma eficaz alternativa para estudar estruturas de covariância complexas em termos de efeitos aleatórios e estimativas de componentes imparciais de variância. Oferece uma estratégia unificada de análise de dados longitudinais que facilita o tratamento de informações experimentais correlacionadas, variâncias heterogêneas e bases de dados desbalanceadas (BALZARINI, 2015). Além disso, a metodologia de modelos mistos já é amplamente utilizada no melhoramento de plantas perenes (BRITO DA SILVA et al., 2020; FAVERI, DE et al., 2015; FERREIRA, F. M. et al., 2020, 2021; MALIKOUSKI et al., 2021; ROCHA, J. R. Do A. S. De C. et al., 2018; SHALIZI; ISIK, 2019; STIDA et al., 2018).

No caso de medidas repetidas em cada tratamento ao longo do tempo, existem várias alternativas para prever os efeitos e modelar a estrutura de correlação entre essas medidas (FAVERI, DE et al., 2015; RESENDE, M. D. V. De, 2007). O modelo de repetibilidade mais simples e parcimonioso é o de Simetria Composta, que permite que as observações da variável resposta de interesse sejam coletadas na mesma unidade experimental, duas ou mais vezes, em tempos e até mesmo sob condições experimentais diferentes. Desse modo as observações serão correlacionadas (correlação genética igual a 1 ao longo do tempo) e as variâncias, genéticas e residuais, são homogêneas (BAUTISTA; QUARESMA; SANTANA, 2014; MARIGUELE et al., 2011; RESENDE, M. D. V. De, 2007). A vantagem deste modelo é a necessidade de estimativas de poucos parâmetros genéticos, entretanto, a homogeneidade de variâncias previamente destacada, não reflete a natureza das observações.

Por outro lado, o modelo multivariado é o mais robusto e eficiente para analisar medidas repetidas, pois as várias safras ou cortes experimentais são correlacionadas entre si e pela possibilidade de heterogeneidade de variâncias e covariâncias entre essas safras (FAVERI, DE et al., 2015; MARIGUELE et al., 2011; SHALIZI; ISIK, 2019). Este modelo adota cada safra, colheita ou corte como uma variável diferente. No entanto, ao considerar um número relativamente grande de colheitas (acima de três) torna-se difícil o ajuste, enquanto acima de cinco medidas a abordagem multivariada torna-se proibitiva. Isso se deve ao grande número de parâmetros a serem estimados e as altas correlações entre medidas repetidas levam à obtenção de matrizes de (co)variância não positivas definidas, o que resulta em não convergência no processo de estimação de componentes de variância (RESENDE, M. D. V. De, 2007; RESENDE, M. D. V. De; SILVA, F. F. E; AZEVEDO, 2014).

Existem estruturas intermediárias que podem ser mais eficientes. Algumas dessas estruturas assumem homogeneidade de variâncias e covariâncias entre as medidas, como a simetria composta (CS). Essa abordagem pode ser vantajosa na avaliação de plantas perenes, uma vez que depende do menor número de parâmetros possível. No entanto, pode ser ineficiente quando há grande heterogeneidade de variância e covariância entre as medidas (RESENDE, M. D. V. De, 2007). Nesse caso, a aplicação do modelo de simetria composta com variâncias heterogêneas torna-se uma alternativa. Esse procedimento considera simultaneamente a heterogeneidade das variâncias genética e fenotípica entre safras/medidas, sendo penalizado pela alta variância fenotípica e capitalizado pela alta variância genética, que equivale à padronização pelo desvio padrão de cada medida e multiplicada pela média desses desvios padrão (MARIGUELE et al., 2011; RESENDE, M. D. V. De, 2007).

Outra alternativa é a estrutura autorregressiva com variância heterogênea (ARH). Esse modelo assume que existe uma correlação entre as medições e essa mesma diminui cada vez

que uma medida se distancia da outra. Essa abordagem é interessante em avaliações de plantas perenes (FAVERI, DE et al., 2015; LARA, DE et al., 2019; SHALIZI; ISIK, 2019).

Essas estruturas podem ser aplicadas aos diversos fatores aleatórios do modelo estatístico. Em termos de estatística experimental, estes modelos aplicam-se apenas a efeitos residuais, uma vez que normalmente os efeitos de tratamento são utilizados como fixos. Mas no caso do melhoramento, onde os tratamentos são considerados efeitos aleatórios, esses modelos podem ser aplicados tanto ao resíduo quanto ao efeito do tratamento (GILMOUR, A. et al., 2004; MARIGUELE et al., 2011).

A modelagem correta das estruturas de variâncias, covariâncias e correlações temporais entre medidas repetidas é essencial, pois permite obter predições mais acuradas de efeitos genéticos modelando até mesmo os efeitos não genéticos. Ao avaliar sessenta variedades de alfafa quanto ao rendimento ao longo de dez safras, De Faveri et al. (2015) mostraram que o uso da matriz de covariância de efeitos genéticos e residuais que melhor representa os dados tem impacto significativo nos valores de acurácia, o que pode melhorar a precisão no momento da seleção em plantas perenes.

No entanto, não há muitos trabalhos envolvendo a estimação de parâmetros genéticos e análise longitudinal de dados em forrageiras (FERREIRA, F. M. et al., 2020, 2021; LARA, DE et al., 2019; ROCHA, J. R. Do A. S. De C. et al., 2018). Rocha et al. (2018) avaliaram a produtividade ao longo de várias estações em clones de capim-elefante sob um modelo de regressão aleatória. Ferreira, et al. (2020) estudaram o número ótimo de medidas em espécies do gênero *Cynodon* em quatro medidas, estimando o coeficiente de repetibilidade. Os resultados revelaram que a realização de três medidas é suficiente para obter alta acurácia e boa eficiência na seleção de genótipos superiores.

A modelagem adequada de efeitos genéticos e não genéticos está associada em predições mais acuradas dos valores genéticos. Dessa forma a utilização de uma estrutura inapropriada e que não reflete a natureza dos dados avaliados pode resultar na seleção de materiais genéticos inferiores e, conseqüentemente, comprometer a eficiência de um programa de melhoramento (FAVERI, DE et al., 2015).

Estratégias que facilite as decisões a respeito da seleção dos melhores indivíduos tem sido buscada nos programas de melhoramento. Assim, o uso de índices que possibilite obter ganhos simultâneos para várias características vem de encontro com essa necessidade de otimizar a seleção (CERÓN-ROJAS; CROSSA, 2020; MICHEL et al., 2019). O FAI-BLUP é um índice baseado na avaliação multicaracterística, livre de multicolinearidade e que não requer atribuição de pesos foi proposto por (ROCHA, J. R. Do A. S. De C.; MACHADO; CARNEIRO, P. C. S., 2018). Os autores conseguiram identificar genótipos de capim elefante com maiores desempenhos para conversão em bioenergia pela combustão, além de predizer ganhos genéticos equilibrados e desejáveis para as demais características.

Não existem trabalhos na literatura que utilizem modelagem de estruturas de covariância aliado a seleção multicaracterística em *Cynodon* spp. Assim, este trabalho teve como objetivo compreender a modelagem de estruturas de (co)variâncias em clones de *Cynodon* spp., visando encontrar a estrutura que melhor representa os dados avaliados. Além disso, foi comparado as alterações no ranking dos genótipos selecionados ao utilizando um modelo mais simples com o modelo de melhor ajuste. Por fim, o presente estudo comparou ganhos genéticos baseado na seleção direta e utilizando um índice multicaracterístico.

Revisão bibliográfica

A cultura do Cynodon spp.

O gênero *Cynodon* pertence à família Poaceae e reúne algumas das espécies forrageiras mais cultivadas e utilizadas no mundo. Este grupo é composto segundo Harlan e Wet (1969) por oito espécies (*Cynodon dactylon*, *Cynodon nlemfuensis*, *Cynodon plectostachyus*, *Cynodon aethiopicus*, *Cynodon incompletus*, *Cynodon transvaalensis*, *Cynodon arcuatus* e *Cynodon barbieri*). Além disso, Harlan (1970) consideram mais uma espécie, o *Cynodon x magennisii*, que é um híbrido triploide natural entre *C. dactylon* e *C. transvaalensis*.

No entanto, a classificação deste gênero é controversa. Nos últimos cinquenta anos, vários autores descrevem novas espécies nativas no continente americano, sendo a maior parte encontrada na Argentina, Brasil, Chile, EUA, Uruguai e Paraguai (BAXTER et al., 2022; BENITES; SOUZA SOBRINHO, DE; VILELA, D., 2016; GROSSMAN et al., 2021; SOUZA, C. DE et al., [s.d.]).

Harlan e Wet(1969), Taliaferro et al. (2004) e We et al. (2006), por exemplo, descrevem diferentes raças de *C. dactylon* de acordo com a sua distribuição. A primeira delas é descrita como tropical com distribuição Pantropical, com potencial produtivo para áreas encharcadas e com deficiência hídrica.

O número básico de cromossomos desse gênero é nove ($x = 9$), entretanto, os níveis de ploidia na espécie podem variar desde $2n = 2x = 18$ até $2n = 6x = 54$ (GROSSMAN et al., 2021). Além disso, essas espécies também podem apresentar diferentes distribuições geográficas, podendo ocorrer nas regiões tropical e subtropical do Leste da África, África do Sul, sul da Ásia e em ilhas do Pacífico Sul (BENITES; SOUZA SOBRINHO, DE; VILELA, D., 2016).

A elaboração de uma chave de identificação das espécies do leste africano realizada por Clayton e Harlan (1970), permitiu diferenciar as espécies do leste africano e dois grupos: o primeiro denominado Gramas-Bermudas (*C. dactylon*), que apresentam rizomas e estolões e o segundo como Gramas-Estrelas (*C. nlemfuensis*, *C. aethiopicus* e *C. plectostachyus*), que possuem apenas estolões (GROSSMAN et al., 2021).

São descritas na literatura seis variedades de *C. dactylon* (GROSSMAN et al., 2021; HARLAN; WET, 1969; TALIAFERRO; ROUQUETTE; MISLEVY, 2004; WU et al., 2006). Nessa espécie, estão variedades descritas como tropical com distribuição Pantrropical, e que possuem potencial produtivo em áreas de encharcamento e em áreas com deficiência hídrica. A espécie também possui abrangência em clima temperado, tolerante a baixas temperaturas e em áreas de clima frio. Assim, enquanto várias espécies de plantas apresentam endemismos estreitos, é possível notar que as espécies deste gênero apresentam distribuição em todo mundo (GROSSMAN et al., 2021).

C. dactylon e *C. nlemfuensis* são as espécies de maior importância econômica em função do seu elevado potencial produtivo e capacidade adaptativas a diferentes condições climáticas, além de apresentarem híbridos intraespecíficos desenvolvidos e lançados comercialmente no mercado, como por exemplo, Coastercross I, Tifton 85 e Florakirk (BENITES; SOUZA SOBRINHO, DE; VILELA, D., 2016).

Tifton 85 tem características de interesse agrônomo para corte e pastejo. Por sua vez, Coastercross tem capacidade de suporte e qualidade de pastagem para vacas de leite. Quanto a cobertura de solos, vigor de rebrota e produção de matéria seca vale a pena destacar a cultivar Florakirk, no entanto sua persistência não é mantida ao longo dos anos, indicando que essa cultivar pode não tolerar longos períodos de pastejo, sendo mais indicada para corte. No que diz respeito a persistência e produção sobre condições de déficit hídrico e geadas, pode se

destacar Florona. A cultivar Grama Estrela Roxa está presente no Brasil desde a década de 1980 na pecuária do Acre. Essas gramíneas são plantadas em áreas próximas a currais por ser exigente em fertilidade apresentar boa tolerância a pisoteio. Esta é facilmente confundida com a Grama estrela Porto Rico, podendo ser inclusive o mesmo genótipo. Outra cultivar de grama estrela é a Tifton 68, um híbrido intraespecífico entre dois acessos de *C. nlemfuensis*, que é um híbrido vigoroso e de rápido estabelecimento, que possui alta produtividade e boa digestibilidade de matéria seca, porém é menos tolerante ao frio (BENITES; SOUZA SOBRINHO, DE; VILELA, D., 2016; SOARES DE ANDRADE et al., 2009).

Uma vantagem das gramíneas do gênero *Cynodon* está relacionado ao fato de apresentarem valores nutricionais superiores às principais espécies do gênero *Brachiaria*, o que reflete em qualidade de forragem superior quando comparada a esse gênero que é amplamente utilizado na pecuária brasileira. (SOARES DE ANDRADE et al., 2009). A qualidade de uma planta forrageira, é representada pela associação de sua composição bromatológica, digestibilidade e consumo voluntário pelos animais de pastejo, e o conhecimento sobre os teores de proteína bruta, parede celular e digestibilidade da matéria seca são importantes para determinar se uma planta é promissora (SOARES DE ANDRADE et al., 2009). O teor de proteína bruta em gramíneas varia em função da maturidade da planta e adubação nitrogenada.

Conhecer sobre a composição da parede celular é importante pois influencia na digestibilidade e no consumo de forragens pelos ruminantes. Essa característica é a medida da proporção do alimento consumido que é digerido e metabolizado pelo animal (SOARES DE ANDRADE et al., 2009). Baixa digestibilidade implica em maior tempo de retenção da forragem no rúmen, o que limita seu consumo. De maneira geral, a digestibilidade das espécies tropicais diminui com o avançar da idade da planta.

Dessa forma, identificar genótipos que apresentem valores nutricionais superiores permite melhorar as estimativas de ganhos na alimentação de gado leiteiro. *Cynodon* apresenta um ganho média de 600 gramas por animal/dia, e, dependendo da cultivar e das condições estes números podem alcançar 1000 gramas por animal/dia, além de produções de leite de até 12 kg por vaca/dia (GONÇALVES DE ABREU; PÁDUA; BARBIERI, 2022).

Melhoramento de Cynodon spp.

O uso agrônômico dessas gramíneas está relacionado à cobertura de campos e gramados, produção de forragem, pastejo, estabilização e remediação de solo contaminado (SEVER MUTLU et al., 2020). As cultivares disponíveis no Brasil tem sua origem baseada nos programas de melhoramento norte-americanos, ou seja, seu desenvolvimento não está associado as condições edafoclimáticas brasileiras. Ainda assim, algumas cultivares introduzidas, como Coastcross e Tifton 85, se destacam no mercado quanto à produtividade e ao valor nutritivo de forragem no cenário nacional (BENITES; SOUZA SOBRINHO, DE; VILELA, D., 2016; SOUZA, C. De et al., 2020).

O Tifton 85 é a cultivar mais plantada no Brasil, podendo ultrapassar $25.000 \text{ kg}^{-1} \text{ ha}^{-1}$ ano⁻¹ de matéria seca (GOMES et al., 2015). A cultivar Grama Estrela Roxa tem se destacado como alternativa forrageira no estado do Acre em substituição à cultivar de braquiária Marandu, susceptível a solos encharcados que causam a síndrome da morte do campim braquiário (SOARES DE ANDRADE et al., 2009).

A utilização do gênero *Cynodon* tem sido mais uma alternativa para a intensificação da atividade pecuária, sobretudo na atividade leiteira (GONÇALVES DE ABREU; PÁDUA; BARBIERI, 2022). Graças à sua boa produtividade, qualidade nutricional, capacidade de resposta a adubação, resistência a pisoteio e boa tolerância a solos úmidos e temperaturas baixas

este gênero apresenta potencial para proporcionar altas taxas de produção de leite em vacas submetidas a pastejo (GONÇALVES DE ABREU; PÁDUA; BARBIERI, 2022).

A utilização do gênero *Cynodon* em pastagens evidencia que as cultivares introduzidas no Brasil têm características efetivas para corte, qualidade de pastagem e capacidade de suporte para vacas de leite (BENITES; SOUZA SOBRINHO, DE; VILELA, D., 2016). Contudo, com a crescente necessidade de produtos de origem animal e o mundo enfrentando mudanças climáticas e pragas emergentes, se torna necessário investimento em pesquisas em melhoramento de forragens a fim de obter ganhos genéticos importantes para o lançamento de novas cultivares promissoras (BAXTER et al., 2022). Além disso, buscar genótipos adaptados às condições edafoclimáticas brasileiras podem possibilitar o lançamento de cultivares que superem aquelas que estão no mercado a tanto tempo.

O programa de melhoramento do gênero *Cynodon* da Embrapa Gado de Leite, busca explorar a variabilidade genética através da introdução de acessos exóticos provenientes do United States Department of Agricultural (USDA) e International Livestock Research Institute (ILRI) da Etiópia, bem como da seleção recorrente fenotípica de meio-irmãos e autofecundação de cultivares. (BENITES; SOUZA SOBRINHO, DE; VILELA, D., 2016).

Análises estatísticas e modelos mistos

O desempenho de forrageiras é avaliado realizando medidas repetidas ao longo do ciclo da cultura, ou seja, efetuar a fenotipagem de um mesmo genótipo repetidamente ao longo do tempo (FREITAS, A. R.; FERREIRA, R. P.; MOREIRA, 2011). Um procedimento estatístico que possibilita a tomada de medições no tempo e historicamente utilizado para análise de experimentos com foco na seleção é a Análise de Variância (ANOVA).

São evidentes todas as contribuições que a ANOVA proporcionou para o melhoramento genético, entretanto sua aplicação no uso de medidas repetidas e dados longitudinais torna-se limitada por uma série de fatores. Ao se tomar medida em um mesmo genótipo, plantado no mesmo local, ao longo do tempo, faz com que essas observações estejam correlacionadas e assim não atendendo ao pressuposto da ANOVA de independência entre erros, consequentemente resultando em heterogeneidade de variância e covariância entre as medidas (KOZAK; PIEPHO, 2018).

Dessa forma, a metodologia de modelos mistos se mostra uma boa alternativa para estudar dados dessa natureza, com estruturas de covariância complexas em termos de efeitos aleatórios e estimativas de componentes imparciais de variância. Além disso, essa abordagem oferece uma estratégia unificada de análise de dados longitudinais que facilita o tratamento de informações experimentais correlacionadas, permite utilizar variâncias heterogêneas e covariâncias associadas a fatores aleatórios. Por fim, a utilização de modelagem mista possibilita explicar dependências entre medidas, além de possibilitar avaliação de bases de dados desbalanceadas (BALZARINI, 2015; SHALIZI; ISIK, 2019).

O uso de modelos lineares mistos foi inicialmente proposto por Henderson (1984) em pesquisas desenvolvidas com melhoramento animal. Atualmente essa abordagem faz parte da rotina no melhoramento genético de plantas seja em ensaios de multiambientes (EVANGELISTA et al., 2020; MATHEW; LÉON; SILLANPÄÄ, 2018; MELO et al., 2020; SHALIZI; ISIK, 2019), seleção genômica (LARA, DE et al., 2019; MICHEL et al., 2019; PEIXOTO et al., 2021) ou em culturas florestais e perenes, como é o caso das forrageiras do gênero *Cynodon* (FAVERI, DE et al., 2015; FERREIRA, F. M. et al., 2020, 2021; MALIKOUSKI et al., 2021).

Um modelo é considerado misto quando ele possui efeitos fixos e aleatórios, com exceção da média geral (intercepto) que é sempre fixa e o erro experimental que é sempre aleatório (SEARLE; MCCULLOCH; NEUHAUS, 2011). Classicamente, o argumento que é utilizado sobre a natureza do efeito se fundamenta no fato que: i) se os níveis de um fator são amostras de uma população devem ser considerados como aleatórios; ii) ou se foram previamente definidos de acordo com o interesse do autor devem ser tomados como fixos (SEARLE, 1971). Entretanto essa escolha depende do objetivo da análise e das considerações a respeito das propriedades dos dois tipos de procedimentos de estimação. A predição linear não viesada, para efeitos aleatórios e a estimação linear não viesada para efeitos fixos (SMITH; CULLIS; THOMPSON, 2005).

As equações de modelos mistos (EMM) propostas por Henderson e descritas abaixo, permitem obter soluções conjuntas para os efeitos fixos dada por $\hat{\beta}$ e predições dos efeitos aleatórios descritos como \hat{g} , baseando-se em quadrados mínimos generalizados (GLS). O preditor de g é denominado como o Melhor Preditor Linear Não Viesado (BLUP), que pode ser definido como o resultado da regressão dos efeitos de um fator aleatório em função das observações corrigidas para os efeitos dos fatores fixos.

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z + G^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{g} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}Y \\ Z'R^{-1}Y \end{bmatrix}$$

As matrizes G e R descritas na equação acima, são de variâncias e covariâncias - ou (co)variâncias - e as estimativas das respectivas matrizes podem ser obtidas pela Máxima Verossimilhança Restrita (REML). Diferentemente dos métodos ANOVA, o REML não possui nenhuma exigência sobre o delineamento ou desbalanceamento dos dados. Assim, a utilização do BLUP para predição dos efeitos genéticos aliado ao REML que permite estimação componentes de variância livres de viés tem sido aplicado rotineiramente no melhoramento genético de plantas (EVANGELISTA et al., 2020; FAVERI et al., 2015; FERREIRA et al.,

2020, 2021; LARA et al., 2019; MALIKOUSKI et al., 2021; MATHEW; LÉON; SILLANPÄÄ, 2018; MELO et al., 2020; MICHEL et al., 2019; PEIXOTO et al., 2021; RESENDE, 2007; SHALIZI; ISIK, 2019). Para cada efeito aleatório incorporado no modelo, a EMM pode ser expandida possibilitando a estimação dos componentes de variância, bem como a solução para o efeito aleatório em questão.

Modelagem de estruturas de covariância

Diferentes estruturas de matrizes de (co)variâncias podem ser consideradas e a escolha da estrutura adequada deve corresponder aos padrões de resposta das observações. A matriz de identidade de variâncias (IDV) é assumida no modelo tradicional da ANOVA e a mesma pressupõe independência e homogeneidade de variâncias que, no contexto de melhoramento vegetal, não reflete a realidade dos experimentos com diferentes safras, medidas ou ambientes (locais). Uma vez que assume-se que não existe correlação entre eles (RESENDE; SILVA; AZEVEDO, 2014).

O modelo diagonal (DIAG) assume independência e heterogeneidade de variâncias entre as medidas. Ou seja, existe uma variância para cada medida e não existe covariâncias entre as mesmas, assim, as medidas não são correlacionadas. O modelo de Simetria composta (CS) assume que todas as medidas têm a mesma variância genética e todos os pares de medidas apresentam a mesma covariância. Essa estrutura não preconiza heterogeneidade de variâncias e assume a mesma covariância. Desse modo, o modelo de Simetria Composta Heterogênea (CSH) ajusta essa estrutura assumindo heterogeneidade de variâncias.

As matrizes autorregressivas homogêneas e heterogêneas, assumem pressuposição de que existe uma correlação genética entre os pares de medidas e essa correlação diminui com o distanciamento entre os pares de medições. Essa abordagem é interessante no caso de plantas

perenes em onde as mensurações (seja corte, safra ou colheitas) são feitas ao longo do tempo (FAVERI, DE et al., 2015; LARA, DE et al., 2019; SHALIZI; ISIK, 2019).

O modelo de fator analítico de primeira ordem (FA1) apresentado inicialmente por Smith; Cullis e Thompson (2001) se aproxima do modelo não estruturado com a vantagem de utilizar menos parâmetros para a estimação dos componentes de variância. Este modelo pode ser visto como uma extensão da análise de componentes principais e possui grande aplicabilidade em ensaios de multiambientes e para plantas perenes (FAVERI, DE et al., 2015; MATHEW; LÉON; SILLANPÄÄ, 2018; MELO et al., 2020; SHALIZI; ISIK, 2019).

O modelo mais completo é o multivariado, também denominado não estruturado (US). Este modelo preconiza que existe uma variância para cada medida e uma correlação única entre seus pares. No entanto essa abordagem frequentemente sofre com problemas de não convergência, uma vez que apresenta um grande número de parâmetros estimados para os dados em estudo e se torna até mesmo proibitivo se o número de medidas for elevado (FAVERI, DE et al., 2015; MARIGUELE et al., 2011; SHALIZI; ISIK, 2019).

A escolha de um modelo que adote estruturas de covariâncias adequadas para cada efeito modelado não é feita de maneira arbitrária. Existem métodos estatísticos fundamentados nos princípios de verossimilhança que possibilita selecionar um modelo adequado apoiado em um embasamento matemático. O critério de informação de Akaike (AIC) (AKAIKE, 1974) é comumente utilizado na seleção de modelos. Este baseia-se em uma penalização aplicada a função verossimilhança para cada parâmetro que é incorporado no modelo, de forma que o modelo mais ajustado é aquele que possui um menor valor de AIC. O cálculo deste critério não envolve a parte fixa do modelo, entretanto, para que os modelos sejam comparáveis é importante que eles possuam o mesmo número de efeitos fixos. Para contornar essa limitação Verbyla (2019) propôs uma modificação do método que particiona a probabilidade logarítmica

em duas partes, uma probabilidade marginal e uma condicional, permitindo assim que modelos que apresentem número diferente de efeitos fixos possam ser comparados.

Dessa forma, a abordagem de modelos mistos apresenta propriedades importantes que contribui fortemente para o melhoramento vegetal. Vale destacar a possibilidade de estimações e predições não viesadas; considera efeitos de seleção e endogamia, uma vez que se conheça o grau de parentesco genético dos indivíduos; permite utilizar dados desbalanceados, maximiza a correlação entre os valores genéticos verdadeiros e os preditos, permite a predição de genótipos mesmo sem a informação fenotípica e permite modelar separadamente cada efeito. Todas essas vantagens corroboram para que essa metodologia continue sendo empregada em larga escala no melhoramento genético, uma vez que possibilita uma representação mais adequada da natureza dos dados e, conseqüentemente, uma seleção mais acurada.

Material e métodos

Dados experimentais

O experimento foi implantado em 2012 no campo experimental da Embrapa Gado de Leite, localizado em Valença, Estado do Rio de Janeiro, Brasil (22° 14 '44 "S e 43° 42' 01" W 560m de altitude), em delineamento de blocos aumentados, com cinco testemunhas, e uma planta por parcela avaliados ao longo de quatro cortes. Este experimento avaliou 197 progênies de autofecundação da cultivar Gramma Estrela Roxa, e as testemunhas: Florona, Porto Rico, Roxa, Tifton 68 e Tifton 85, representadas respectivamente por T1, T2, T3, T4 e T5.

Cada parcelas foi implantada com adubação de 50 g de 8-28-16 de NPK e após cada um dos quatro cortes, foram realizadas adubações referentes a 50 kg de N/ha. O espaçamento entre as parcelas foi de 0,5 m. Foram realizadas capinas entre e dentro das parcelas para retiradas das

invasoras e os estolões dos clones foram cerceados frequentemente para que a parcela não ultrapassasse a medida de 2,0 x 2,0 m, e ocorresse a misturas dos clones avaliados.

As parcelas foram avaliadas para as características peso verde (kg parcela⁻¹) – obtido a partir de um corte a 10 cm da altura nas parcelas, com roçadeira a gasolina, e depois colhido manualmente. Após o corte, a biomassa foi imediatamente pesada para fornecer estimativas de biomassa verde de forragem. A altura da planta (cm) – obtida a partir da média aritmética de três medidas aleatórias em cada parcela, mensurada do nível do solo até a curva da última folha totalmente expandida; porcentagem de matéria seca (%) – obtida por amostragem de plantas de cada parcela, que foram secas em estufa de ventilação forçada a 65°C durante 72 horas. As amostras foram novamente pesadas (peso seco) e a porcentagem de matéria seca foi determinada pela razão entre o peso seco e o peso verde fresco; e vigor fenotípico da planta – foi obtido por meio de uma escala visual dada por três avaliadores, variando de 1 a 5, sendo 5 = alto vigor da planta; 1 = baixo vigor da planta).

Análises estatísticas

A metodologia de modelo misto (máxima verossimilhança restrita/melhor preditor linear imparcial – REML/BLUP) será utilizada para estimar os componentes de variância e prever valores genotípicos, de acordo com (PATTERSON; THOMPSON, 1971) e (HENDERSON; QUAAS, 1976), respectivamente. O modelo estatístico será representado por:

$$y = Xm + Zg + Ti + Qp + e,$$

onde $y^{(n \times 1)}$ é o vetor de dados fenotípicos; $m^{(j \times 1)}$ é o vetor dos efeitos das combinações medida-repetição (assumido como fixo), somado à média geral (intercepto); $g^{(ji \times 1)}$ é o vetor de efeitos genotípicos dentro de medida (assumido como aleatório), $g \sim \text{NID}(0, \sigma_g^2)$; $i^{(ij \times 1)}$ é o vetor da interação genótipos x medidas (assumido como aleatório), $i \sim \text{NID}(0, \sigma_{gm}^2)$; $p^{(k \times 1)}$ é o vetor

de efeito permanente de parcela (aleatório), $p \sim \text{NID}(0, \sigma_p^2)$; e $e^{(n \times 1)}$ é o vetor residual (aleatório), e $e \sim \text{NID}(0, \sigma_e^2)$. σ_g^2 é a variância genética, σ_{gm}^2 é a variância da interação genótipos x medidas, σ_p^2 é a variância do efeito permanente de parcela e σ_e^2 é a variância residual. As letras maiúsculas $X^{(n \times j)}$, $Z^{(n \times ji)}$, $T^{(n \times ij)}$ e $Q^{(n \times k)}$ representam a matriz de incidência para os efeitos m , g , i e p , respectivamente.

Modelagem dos efeitos residuais

Para modelar o efeito residual, oito estruturas de (co)variância foram testadas. A primeira foi a estrutura de simetria composta (CS), ou seja, variância homogênea, somada à variância da interação para efeitos residuais e a variância do efeito em estudo entre pares de safras.

$$\begin{bmatrix} \sigma_1^2 + \sigma_2^2 & \sigma_1^2 & \sigma_1^2 & \sigma_1^2 \\ \sigma_1^2 & \sigma_1^2 + \sigma_2^2 & \sigma_1^2 & \sigma_1^2 \\ \sigma_1^2 & \sigma_1^2 & \sigma_1^2 + \sigma_2^2 & \sigma_1^2 \\ \sigma_1^2 & \sigma_1^2 & \sigma_1^2 & \sigma_1^2 + \sigma_2^2 \end{bmatrix}$$

A segunda estrutura modelada foi a Variância Diagonal (DIAG). Essa estrutura assume que a variância residual (a variância do efeito em questão) não é constante e que não há covariância residual entre pares de medidas.

$$\begin{bmatrix} \sigma_1^2 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \sigma_2^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \sigma_3^2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \sigma_4^2 \end{bmatrix}$$

A modelagem das estruturas de (co)variância autorregressivas heterogêneas implica em estruturas que assumem heterogeneidade de variâncias não autocorrelação constante para o efeito em estudo, ou seja, existe uma correlação serial que diminui cada vez que os pares de medida se distanciam. A descrição da estrutura autorregressiva heterogênea de primeira ordem

(AR1H) pode ser visualizada a seguir. As estruturas autorregressivas heterogênea de segunda ordem (AR2H) e de terceira ordem (AR3H) também foram modeladas.

$$\begin{bmatrix} \sigma_1^2 & \sigma_1\sigma_2\rho & \sigma_1\sigma_3\rho^2 & \sigma_1\sigma_4\rho^3 \\ \sigma_2\sigma_1\rho & \sigma_2^2 & \sigma_2\sigma_3\rho & \sigma_2\sigma_4\rho^2 \\ \sigma_3\sigma_1\rho^2 & \sigma_3\sigma_2\rho & \sigma_3^2 & \sigma_3\sigma_4\rho \\ \sigma_4\sigma_1\rho^3 & \sigma_4\sigma_2\rho^2 & \sigma_4\sigma_3\rho & \sigma_4^2 \end{bmatrix}$$

Quando os intervalos de tempo não são espaçados uniformemente, uma estrutura de covariância equivalente às autorregressivas é a *power* (PWR). O conceito é o mesmo do AR1, mas em vez de aumentar a correlação para potências de 1, 2, 3, ..., o coeficiente de correlação é elevado para uma potência que é a diferença real nos tempos (por exemplo, para a correlação entre o tempo 1 e tempo 2). Essa estrutura requer valores quantitativos para a variável tempo nos dados para que ela possa ser especificada para o cálculo dos expoentes na estrutura (PWR). Se uma análise é executada em que as medidas repetidas são igualmente espaçadas no tempo, as estruturas AR1 e PWR produzem resultados idênticos.

$$\begin{bmatrix} \sigma^2 & \rho^{\frac{|t1-t2|}{|t1-t2|}} & \rho^{\frac{|t1-t3|}{|t1-t2|}} & \rho^{\frac{|t1-t4|}{|t1-t2|}} \\ \rho^{\frac{|t1-t2|}{|t1-t2|}} & \sigma^2 & \rho^{\frac{|t2-t3|}{|t1-t2|}} & \rho^{\frac{|t2-t4|}{|t1-t2|}} \\ \rho^{\frac{|t1-t3|}{|t1-t2|}} & \rho^{\frac{|t2-t3|}{|t1-t2|}} & \sigma^2 & \rho^{\frac{|t3-t4|}{|t1-t2|}} \\ \rho^{\frac{|t1-t3|}{|t1-t2|}} & \rho^{\frac{|t2-t4|}{|t1-t2|}} & \rho^{\frac{|t3-t4|}{|t1-t2|}} & \sigma^2 \end{bmatrix}$$

A estrutura *power* heterogênea apresenta a mesma estrutura descrita acima, porém preconiza variâncias heterogêneas.

$$\begin{bmatrix} \sigma_1^2 & \rho^{\frac{|t1-t2|}{|t1-t2|}} & \rho^{\frac{|t1-t3|}{|t1-t2|}} & \rho^{\frac{|t1-t4|}{|t1-t2|}} \\ \rho^{\frac{|t1-t2|}{|t1-t2|}} & \sigma_2^2 & \rho^{\frac{|t2-t3|}{|t1-t2|}} & \rho^{\frac{|t2-t4|}{|t1-t2|}} \\ \rho^{\frac{|t1-t3|}{|t1-t2|}} & \rho^{\frac{|t2-t3|}{|t1-t2|}} & \sigma_3^2 & \rho^{\frac{|t3-t4|}{|t1-t2|}} \\ \rho^{\frac{|t1-t3|}{|t1-t2|}} & \rho^{\frac{|t2-t4|}{|t1-t2|}} & \rho^{\frac{|t3-t4|}{|t1-t2|}} & \sigma_4^2 \end{bmatrix}$$

A estrutura de covariância não estruturada (UN) é a mais complexa porque estima correlações únicas para cada par de pontos de tempo.

$$\begin{bmatrix} \sigma_1^2 & \sigma_{12} & \sigma_{13} & \sigma_{14} \\ \sigma_{21} & \sigma_2^2 & \sigma_{23} & \sigma_{24} \\ \sigma_{31} & \sigma_{32} & \sigma_3^2 & \sigma_{34} \\ \sigma_{41} & \sigma_{42} & \sigma_{43} & \sigma_4^2 \end{bmatrix}$$

A equação das estruturas CS, DIAG, AR1H, AR2H, AR3H, PWR, PWRH e US aplicadas para modelar o efeito residual são apresentadas na Tabela 1:

Modelagem do efeito permanente de parcela

Após a modelagem dos efeitos residuais, a modelagem foi aplicada aos efeitos permanentes de parcela. Este efeito foi modelado pelas estruturas IDV, DIAG, AR1H, AR2H, US, já descritos acima (Tabela 1). Outra estrutura modelada foi a estrutura de Correlação Heterogênea (CORH), que assume heterogeneidade das variâncias dos gráficos, covariâncias desiguais multiplicadas pelo coeficiente de correlação (Tabela 1).

$$\begin{bmatrix} \sigma_1^2 & \sigma_{12}\rho & \sigma_{13}\rho & \sigma_{14}\rho \\ \sigma_{21}\rho & \sigma_2^2 & \sigma_{23}\rho & \sigma_{24}\rho \\ \sigma_{31}\rho & \sigma_{32}\rho & \sigma_3^2 & \sigma_{34}\rho \\ \sigma_{41}\rho & \sigma_{42}\rho & \sigma_{43}\rho & \sigma_4^2 \end{bmatrix}$$

Modelagem dos efeitos genéticos dentro de medida

O último efeito modelado foi o efeito genotípico dentro de medida. Para este efeito, as estruturas de (co)variância DIAG, CORH, FA1 e US foram aplicadas (Tabela 1). Os modelos FA1 podem ser aplicados no caso de dados multi-safras/medidas onde as medições feitas em diferentes colheitas ou cortes experimentais podem ser considerados separadamente e o efeito dos genótipos são diferentes em cada tempo, porém correlacionados (FAVERI, DE et al., 2015).

$$\begin{bmatrix} \lambda_1^2 + \psi_1 & \lambda_1\lambda_2 & \lambda_1\lambda_3 & \lambda_1\lambda_4 \\ \lambda_2\lambda_1 & \lambda_2^2 + \psi_2 & \lambda_2\lambda_3 & \lambda_2\lambda_4 \\ \lambda_3\lambda_1 & \lambda_3\lambda_2 & \lambda_3^2 + \psi_3 & \lambda_3\lambda_4 \\ \lambda_4\lambda_1 & \lambda_4\lambda_2 & \lambda_4\lambda_3 & \lambda_4^2 + \psi_4 \end{bmatrix}$$

As estruturas DIAG, CORH, FA1 e US aplicadas ao modelo para o efeito genético dentro de medida estão descritas na Tabela 1.

Tabela 1 - Modelos e estruturas de (co)variância usadas na modelagem de cada efeito.

<i>Número do modelo</i>	<i>Efeito aleatório</i>	<i>Matriz de estrutura de (co)variância</i>
m1*		CS
m2**		CS
m3		DIAGH
m4	Residual (Res)	AR1H
m5		AR2H
m6		AR3H
m7		PWR
m8		PWRH
m9		US
m10		IDV
m11		DIAGH
m12	Permanente de parcela (Parc)	CORH
m13		AR1H
m14		AR2H
m15		US
m16		
m17	Genótipo dentro de medida (Gen)	CORH
m18		FAI
m19		US

*: modelo de simetria composta com efeito de bloco assumido como aleatório; **: modelo de simetria composta com efeito de bloco assumido como fixo; R: efeito residual; Parc: efeito permanente de parcelas; Gen: efeito genético dentro de medida. CS: simetria composta; DIAGH: Diagonal heterogênea; AR1H: estrutura autorregressiva de primeira ordem; AR2H: estrutura autorregressiva de segunda ordem; AR3H: estrutura autorregressiva de terceira ordem; PWR: estrutura power; PWRH: estrutura power heterogênea; US: Não estruturada; IDV: identidade de variância; CORH: correlação heterogênea; FA1: fator analítico de primeira

ordem. \otimes corresponde a produto de Kronecker; I é uma matriz identidade; Σ é uma matriz linha e coluna de correlação.; D é uma matriz diagonal de desvios padrões; J é uma matriz de uns; r são as correlações; A é a matriz de cargas fatoriais.

Seleção de modelo

Para modelos com o mesmo número de efeitos fixos, as verossimilhanças residuais são comparáveis e, portanto, podem ser utilizadas baseado em critérios de informação baseados na verossimilhança residual (VERBYLA, 2019). A qualidade de ajuste dos modelos para os dados foi testada pelo critério de informação de Akaike (AIC) (AKAIKE, 1973) como segue:

$$AIC = -2\text{Log}l + 2p$$

onde p é o número de parâmetros estimados e $\text{Log}L$ é o valor do logaritmo da função de verossimilhança do modelo testado. O modelo com menor valor de AIC é o melhor modelo.

Para a modelagem do efeito de bloco, considerando a natureza deste efeito como fixo ou aleatório foi adotado uma modificação do AIC proposto por (VERBYLA, 2019), que torna comparáveis modelos tenham número diferente de efeitos fixos, particionando a probabilidade logarítmica total em duas porções, uma probabilidade marginal (residual) e uma condicional, dado pela seguinte equação:

$$AIC = AIC_{1.2} + AIC_2 = -2l(\hat{\beta}_k, \hat{y}_k, y) + 2(p_k + q_k)$$

em que $\hat{\beta}_k$ e \hat{y}_k são os vetores de parâmetros particionados em marginais e condicionais de um modelo M_k ; l é o valor do logaritmo da função de verossimilhança. p_k e q_k são as dimensões dos vetores $\hat{\beta}_k$ e \hat{y}_k , respectivamente.

Teste de significância

O Teste da Razão de Verossimilhança (LRT) testou a significância de cada efeito aleatório do modelo de melhor ajuste. Este teste avalia a contribuição dos efeitos aleatórios para

o modelo e fornece o log da convergência (L) e desvio para o modelo com e sem o efeito a ser testado. O teste permite obter a diferença entre os desvios e compara a significância desta diferença utilizando a estatística Qui-quadrado com um grau de liberdade e nível de probabilidade 0,01.

Parâmetros genéticos e não genéticos

A variância fenotípica ($\hat{\sigma}_f^2$) e a acurácia seletiva ($r_{\hat{g}g}$) foram calculados seguindo as equações de acordo com (RESENDE, M. D. V. De; SILVA, F. F. E; AZEVEDO, 2014).

$$\hat{\sigma}_f^2 = \hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_p^2 + \hat{\sigma}_{gp}^2 + \hat{\sigma}_e^2,$$

$$r_{\hat{g}g} = \sqrt{1 - \frac{PEV}{\hat{\sigma}_g^2}}$$

onde: $\hat{\sigma}_g^2$ é a variância genética; $\hat{\sigma}_p^2$ é a variância do efeito permanente de parcela, $\hat{\sigma}_{gp}^2$ é a variância da interação genótipos x medidas, $\hat{\sigma}_e^2$ é a variância residual. *PEV* é a variância do erro de predição extraída da diagonal da matriz inversa generalizada de coeficientes das equações de modelos mistos.

A herdabilidade em sentido amplo (\hat{H}_c^2) foi estimada de acordo com (CULLIS, B. R.; SMITH, A. B.; COOMBES, 2006), dada pela equação:

$$\hat{H}_c^2 = 1 - \frac{PEV}{2\hat{\sigma}_g^2},$$

Kappa coeficiente

A concordância entre os genótipos selecionados em cada par de medidas foi calculada utilizando o coeficiente Kappa (K) (COHEN, 1960), dado por:

$$K = \frac{A - C}{D - C}$$

onde: A é o número de coincidências entre os genótipos selecionados, C é o número de genótipos selecionados devido a chance ($C = bD$, b é a intensidade de seleção) e D é o número de genótipos selecionados (vinte).

FAI-BLUP

O índice multi característico baseado em análise de fator e *design* de ideótipo (índice FAI-BLUP) (ROCHA, J. R. Do A. S. De C.; MACHADO; CARNEIRO, P. C. S., 2018) é baseado em análise fatorial e distância entre o genótipo e ideótipo para classificar genótipos considerando a seleção simultânea. As etapas envolvidas no índice FAI-BLUP foram realizadas utilizando o pacote MASS software R (TEAM, 2020).

Software

As análises estatísticas foram realizadas utilizando o ASReml R 4.1 (BUTLER; CULLIS, BR; GILMOUR, AR, 2009) e R (TEAM, 2020).

Resultados e discussão

A tabela 2 mostra os resultados obtidos pelo Critério de Informação de Akaike (AIC) com adaptações de VERBYLA (2019), ao considerar o efeito de bloco como fixo ou aleatório para as características altura de planta (PH), porcentagem de matéria seca de forragem (DM), peso verde de forragem (WG) e vigor de planta (VG). O AIC (AKAIKE, 1973) é amplamente utilizado para a escolha do melhor ajuste de modelo estatístico (CAVANAUGH; NEATH, 2019; FAVERI, DE et al., 2015; MELO et al., 2020; PEREIRA, F. A. C. et al., 2018 RESENDE E ALVES 2020). Este critério permite comparar modelos com mesmo número de efeitos fixos, levando em consideração o valor máximo do logaritmo da função de verossimilhança e o número de parâmetros estimados pelo modelo. VERBYLA (2019) propuseram uma

modificação do AIC que permite a comparação entre modelos que possuam número de efeitos fixos diferentes.

Tabela 2 - Valores obtidos pelo Critério de Informação de Akaike (AIC) modificado por Verbyla 2019 para o efeito de bloco considerado como fixo ou como aleatório para todas características avaliadas.

<i>Mod</i>	<i>Efeito de bloco</i>	<i>Cov</i>	<i>Altura de planta (PH)</i>	<i>Matéria seca (DM)</i>	<i>Peso verde (WG)</i>	<i>Vigor de planta (VG)</i>
			<i>AIC</i>			
m1	aleatório	CS	4841,12	2739,84	12591,73	-90,05
m2	Fixo	CS	4779,98	2638,35	12349,57	-109,76

Números em negrito indicam o melhor modelado para cada efeito. CS: simetria composta.

VERBYLA (2019) propõe que ao particionar a probabilidade logarítmica total em duas porções, uma probabilidade marginal (residual) e uma condicional os modelos avaliados se tornam comparáveis mesmo que tenham número diferente de efeitos fixos. Dessa forma, essa modificação permitiu testar no presente trabalho se o modelo mais ajustado leva em consideração o efeito de bloco como fixo ou como aleatório. Para todas as características avaliadas, o melhor ajuste de modelo, de acordo com o AIC modificado por VERBYLA (2019) foi o que considera bloco como um efeito fixo. Essa análise foi importante pois possibilitou adotar um critério estatístico para a escolha da natureza do efeito, uma vez que não existe um consenso na literatura. Ainda assim, esta escolha corrobora RESENDE e DUARTE (2007) que propõem que se o número de blocos for menor ou igual a cinco, é preferível tratar este efeito como fixo. Por sua vez, os autores sugerem que se houver mais de dez blocos no delineamento, tratá-los como aleatório é mais adequado.

Modelar o efeito de bloco como fixo ou aleatório tem suas consequências, de acordo com a escolha. DIXON (2016) reuniu argumentos de diferentes autores trazendo visões distintas sobre o assunto. CASELLA e BERGER, (1990) e GIESBRECHT e GUMPERTZ (2004) afirmam que, por definição, blocos são sempre um fator aleatório, pois nem todos níveis

de interesse estão no experimento e os blocos avaliados são coleções de unidades experimentais. Por sua vez, outros autores argumentam que este efeito sempre deve ser tratado como fixo uma vez que os efeitos de bloco não são ortogonais aos efeitos de tratamento, de modo que as médias do bloco podem fornecer informações sobre diferenças nas médias dos tratamentos (ALISSON, 2009). DIXON (2016) lista diferentes argumentos que permitem tratar blocos como efeito fixo ou aleatório. A vantagem de tratar este efeito como aleatório é recuperar a informação inter e intra bloco, permitindo estimar os componentes de variância desse efeito. Por sua vez, essa escolha só é viável quando se tem mais que 12 graus de liberdade, o que está associado a um grande número de blocos, que usualmente não é utilizado em experimentos. De tal modo, o autor recomenda tratar blocos como fixo a menos que haja razões convincentes para fazer o contrário. No presente trabalho foi utilizado o AIC com modificações de VERBYLA (2019), que permitiu a adoção de um critério estatístico ao realizar a modelagem deste efeito como fixo ou aleatório, saindo de uma vez por todas da subjetividade.

Uma vez definido a natureza do efeito de bloco como fixo, outras estruturas de (co)variância foram testadas para os demais efeitos do modelo, para as quatro características avaliadas (Tabela 3). Para os efeitos residuais a estruturas de (co)variância que mais se ajustaram ao modelo foram AR2H (m5) para altura de plantas, DIAG (m3) para porcentagem de matéria seca, AR1H para peso verde e AR3H para vigor de plantas. Todas estruturas escolhidas preconizam heterogeneidade de variâncias, mostrando a influência das condições ambientais nos efeitos residuais dos cortes avaliados (FAVERI, DE et al., 2015). A heterogeneidade de variâncias e covariâncias é, na maioria das vezes, regra para culturas perenes, uma vez que os efeitos bióticos e abióticos causados pela variação ao longo dos anos afetam de forma diferencial o microambiente onde a planta está instalada na área experimental, dentre outros fatores como por exemplo, estado de maturação.

Tabela 3 - Valores obtidos pelo Critério de Informação de Akaïke (AIC) para todos os modelos testados com as diferentes estruturas de matrizes de (co)variâncias e valores de acurácia.

Mod	Efeito	COV	Altura de planta (PH)		Massa seca (DM)		Peso verde (WG)		Vigor de planta (VG)	
			AIC	r_{gg}	AIC	r_{gg}	AIC	r_{gg}	AIC	r_{gg}
m2		CS	4779,98	0,89	2638,35	0,72	12349,57	0,59	-109,76	0,77
m3		DIAG	4766,18	0,88	2607,73	0,70	12342,49	0,59	-155,11	0,80
m4	Res	AR1H	4742,53	0,80	2609,46	0,70	12296,27	0,58	-281,91	0,68
m5		AR2H	4736,32	0,88	2611,45	0,71	12301,88	0,48	*	-
m6		AR3H	*	-	2612,93	0,67	*	-	-285,14	0,69
m7		PWR	4766,16	0,87	2630,94	0,73	12339,60	0,59	-127,19	0,76
m10		IDV	4736,32	0,88	2607,73	0,70	12296,27	0,58	-285,14	0,69
m11	Parc	DIAG	4740,68	0,88	*	-	12236,83	0,52	*	-
m12		CORH	*	-	*	-	*	-	*	-
m13		AR1H	*	-	2613,22	0,68	*	-	*	-
m16		DIAG	4762,80	0,31	2616,94	0,60	12246,50	0,41	-261,62	0,45
m17	Gen	CORH	4734,85	0,86	2607,62	0,68	12220,71	0,63	-289,50	0,73
m18		FAI	4739,04	0,88	2612,15	0,73	*	-	*	-
m19		US	4741,74	0,83	2615,03	0,49	*	-	-286,13	0,76

Números em negrito indicam o melhor modelado para cada efeito. R: efeito residual; Parc: efeito permanente de parcelas; Gen: efeito de clone. CS: simetria composta; DIAGH: Diagonal heterogênea; AR1H: estrutura autorregressiva de primeira ordem; AR2H: estrutura autorregressiva de segunda ordem; AR3H: estrutura autorregressiva de terceira ordem; PWR: estrutura power; PWRH: estrutura power heterogênea; US: Não estruturada; IDV: identidade de variância; CORH: correlação heterogênea; FA1: fator analítico de primeira ordem. * indica o AIC dos modelos que não convergiram. - indica a acurácia dos modelos que não convergiram. Modelos: m8, m9, m14 e m15 não são mostrados na tabela pois não convergiram para nenhuma característica.

No entanto, nem sempre essas variações são contabilizadas no modelo estatístico em plantas perenes (ACHARYA et al., 2020; BRITO DA SILVA et al., 2020; RODRIGUES et al., 2020). O mesmo tem sido observado no gênero *Cynodon* e em outras gramíneas que adotaram a estrutura de simetria composta que preconiza a homogeneidade de variâncias (FERREIRA et al., 2020, 2021). Sendo assim, a escolha de uma estrutura de que preconize heterogeneidade de variâncias deve ser ao menos considerada na escolha do modelo de melhor ajuste a ser definido por um critério estatístico.

Das quatro características avaliadas, três delas apresentaram uma estrutura autorregressiva heterogênea (ARH) para a modelagem do resíduo (Tabela 3). Esta estrutura adota uma correlação serial como componente das covariâncias residuais entre as safras/medidas. Estruturas autorregressivas, principalmente a AR1H, tem sido empregada em análises espaciais, considerando que à medida que dois indivíduos se distanciam um do outro a correlação entre os mesmos diminui (ANDRADE et al., 2020; BERNARDELI et al., 2021). O mesmo conceito pode ser incorporado no caso de medidas repetidas ao longo do tempo (FAVERI, DE et al., 2015; VERBYLA et al., 2021) uma vez que, ao ponto que o intervalo entre duas medições aumenta, a correlação entre as mesmas tende a diminuir, devido aos fatores ambientais que influenciaram durante o período de cada medida/corte, bem como o próprio estágio de maturação da planta.

A utilização do Critério de Informação de Akaike foi fundamental na escolha do modelo que contemple a estrutura de (co)variância adequada para os efeitos residuais. A eficácia do AIC tem sido comprovada em vários estudos (CAVANAUGH; NEATH, 2019; FAVERI, DE et al., 2015; MELO et al., 2020; PEREIRA, F. A. C. et al., 2018 RESENDE E ALVES 2020), e o modelo estatístico mais ajustado para os efeitos residuais, identificado pelo menor valor de AIC, foi incorporado para a modelagem do próximo efeito, o efeito permanente de parcela.

Após a modelagem, apenas a característica WG ajustou para a estrutura DIAG, enquanto que, para as demais características, o melhor ajuste de modelo para este efeito foi determinado com a estrutura de (co)variância IDV (Tabela 3). De fato, para o WG, é provável que haja heterogeneidade na variação deste efeito ao longo das estações ou safras em *Cynodon* spp. e outras culturas perenes, devido às condições bióticas e abióticas que estão mudando e, conseqüentemente, isso influencia na manifestação diferencial desta característica. As demais características que ajustaram para uma estrutura com variância homogênea para o efeito

permanente de parcela, podem ser explicadas ao pensar que a intensidade deste efeito ao longo das medições, para essas características não variou.

A modelagem dos efeitos genotípicos também considerou o melhor ajuste para os demais efeitos previamente modelados. CORH foi a estrutura de (co)variância que melhor se ajustou ao modelo para todas características avaliadas (Tabela 3). Essa estrutura indica heterogeneidade de variâncias entre os cortes, porém assume que existe correção entre os mesmos. O modelo mais completo é o não estruturado, pois permite predições particularizadas para cada medição, uma vez que considera cada medida como variável distinta (PIEPHO, 1997), No entanto essa abordagem se torna proibitiva caso o número de medidas seja alto (cinco ou mais), levando a não convergência do modelo (MARIGUELE et al., 2011). Adotar essa estrutura para explicar o efeito de genotípico apresenta sentido biológico, pois uma vez que é tomado várias medidas em um mesmo genótipo ao longo do tempo, espera-se que essas informações apresentem alguma correlação, uma vez que são provenientes do mesmo indivíduo. No entanto, as relações existentes entre as medidas são uniformes, independentemente da distância entre as mesmas (SHALIZI; ISIK, 2019).

A escolha do melhor ajuste de modelo também refletiu em melhores estimativas de acurácia seletiva para WG quando comparado com o modelo mais simples, que preconiza variâncias homogêneas (Tabela 3). O modelo de simetria composta apresenta uma acurácia de 0,59 e quando ajustado, 0,63. Por outro lado, as demais características evidenciaram que a acurácia seletiva não aumenta quando optamos pelo modelo mais ajustado. PH possui acurácia de 0,89 para o modelo mais simples e 0,86 após o ajuste. DM, por sua vez apresenta valores de acurácia de 0,72 e 0,68 para o modelo de simetria composta e o modelo de correlação heterogênea, respectivamente. Por fim, a acurácia seletiva de VG é de 0,77 para m2 e 0,73 para o modelo de melhor ajuste (Tabela 3).

Segundo RESENDE e DUARTE (2007) e RESENDE e ALVES (2020), este parâmetro tem a propriedade de informar a correta disposição dos genótipos para fins de seleção, além de inferir sobre a confiabilidade dos valores genotípicos. Para PH, DM e VG a acurácia não aumenta quando o modelo mais ajustado foi escolhido (Tabela 2), mas o valor de acurácia já era classificado como alto para o modelo mais simples (m2), normalmente utilizados em análises de repetibilidade. Entretanto, é importante levar em consideração que os valores de acurácia encontrados para o modelo de simetria composta (m2) possam estar superestimados, uma vez que não foi utilizada a estrutura mais adequada para representar os dados estudados, o que influencia na estimação de parâmetros genéticos e não genéticos que, por sua vez, serão utilizados no cálculo da acurácia seletiva.

Para WG, que apresentou os menores valores dentre as características avaliadas, a acurácia seletiva passou de 0,59 (m2) para 0,63 (m17), resultando em um aumento considerável na magnitude desse parâmetro ao optar por um modelo mais ajustado (Tabela 3). Para maior confiabilidade na seleção de genótipos promissores, recomenda-se valores de acurácia superiores a 0,70 (RESENDE; ALVES, 2020), portanto, a modelagem dos efeitos genéticos e não genéticos para WG permitiu aproximar-se do valor recomendado e assim, aliado a outros parâmetros que reflitam confiabilidade, a seleção poderá ser realizada.

Usando o LRT, foi testado a hipótese de nulidade de que não existe diferença significativa entre o modelo completo e o modelo reduzido (Tabela 4). O modelo mais adequado para estimar parâmetros genéticos e prever valores genotípicos é aquele que apresente efeitos significativos. Todas as características avaliadas evidenciaram significância para o efeito de genótipo dentro de ambiente (Tabela 4). Por sua vez, o efeito permanente de parcela foi significativo apenas para peso verde (Tabela 4), algo que é totalmente corroborado pelo fato de apenas para essa característica o melhor ajuste de modelo para este efeito foi uma estrutura de (co)variância com heterogeneidade de variâncias (DIAG).

Tabela 4 - Deviance e Teste de razão de verossimilhança (LRT) do modelo ajustado para todas características avaliadas nos 202 genótipos de *Cynodon* spp.

Efeito	Altura de Planta		Matéria seca		Peso verde		Vigor de planta	
	Deviance	LRT	Deviance	LRT	Deviance	LRT	Deviance	LRT
Parc	4711,63	0,77 ^{ns}	2587,97	0,31 ^{ns}	12217,30	24,57 ^{**}	-315,50	0,00 ^{ns}
Gen	4750,47	39,62 ^{**}	2609,25	21,59 ^{**}	12227,30	34,61 ^{**}	-274,18	41,33 ^{**}
Completo	4710,86		2587,66		12192,70		-315,50	

^{**} e ^{ns}: significativo e não significativo ao nível de probabilidade de 0.01 pelo teste de Qui-quadrado, respectivamente.

Medidas repetidas devem levar em consideração que existe alguma semelhança entre as observações de um indivíduo devido a fatores ambientais ou circunstâncias que afetam o indivíduo permanentemente (MRODE; THOMPSON, 2013). Em outras palavras, existe uma covariância adicional entre as informações de um determinado indivíduo devido a efeitos ambientais permanentes não genéticos. Assim, a variação entre indivíduos é parcialmente genética e parcialmente ambiental, também conhecida como efeito de ambiente permanente (MRODE; THOMPSON, 2013) ou efeito permanente de parcela, como descrito neste trabalho. A intensidade deste efeito ao longo das medidas para a característica WG atua de forma diferente. Isso não significa que o efeito permanente de parcela não exista para as demais características, apenas que apresenta a mesma variância para todos os cortes.

A significância da variância genotípica é identificada tanto no modelo mais simples (m2) quanto no modelo mais adequado, o que torna válido a prática de seleção. Considerando a seleção do modelo escolhido pelo AIC, percebe-se que o modelo de melhor ajuste preconiza variâncias heterogêneas para quase todos os efeitos (Tabela 5). O efeito permanente de parcela foi o único que, após a modelagem, continua adotando variâncias homogêneas para as características PH, DM e VG. Por sua vez, WG por apresentou variância heterogêneas para o efeito em destaque, uma vez que a estrutura de melhor ajuste para tal efeito foi DIAG. O fato deste efeito não apresentar heterogeneidade de variâncias para a maioria das características, pode estar associado a própria natureza deste efeito. Pois uma vez que um genótipo sobre ação

permanente ao longo de várias medições, faz sentido pensar que essa variância seja constante no decorrer das medidas.

De forma geral, a variância genotípica aumentou na maioria dos cortes ao comparar o modelo ajustado com o modelo mais simples (Tabela 5). Além disso, é possível observar que as variâncias genotípicas se diferem ao longo das medidas, mostrando que um modelo que adota variâncias homogêneas, como m_2 , não representa a real natureza dos dados. Fatores relacionados com o nível de desenvolvimento da planta e expressão diferencial de genes – que também está ligado a fatores ambientais - podem estar associados a este comportamento (MELO et al., 2020). Além disso, realizar a modelagem dessas matrizes permitiu identificar a contribuição diferencial de cada efeito para a variância fenotípica nas diferentes safras, algo que não seria possível ao considerar apenas o modelo mais simples.

A modelagem do efeito genotípico também refletiu no cálculo da herdabilidade média que, em todos os casos, aumentou consideravelmente após o ajuste de modelo (Tabela 5). De acordo com a classificação de RESENDE e ALVES (2020), a herdabilidade pode ser considerada alta ($0,50 < h^2 < 0,80$) para PH e VG indicando que a seleção será bem sucedida. Ainda assim para as características DM e WG, mesmo que este parâmetro tenha se mantido na classificação moderada, modelar estes efeitos refletiu em um aumento considerável (Tabela 5). Outro parâmetro já discutido anteriormente e que dão suporte para a precisão experimental são as acurácias elevadas (Tabela 3 e Tabela 5), classificadas de acordo com RESENDE e ALVES (2020) como alta ($>0,70$) para a maioria das características, corroborando a confiabilidade da seleção juntamente com a herdabilidade.

A porcentagem de indivíduos selecionados adotada foi de 10% para selecionar os vinte melhores genótipos de acordo com a média dos valores genéticos (BLUPs) dos quatro cortes avaliados para cada característica.

Tabela 5 - Componentes de variância e coeficientes de determinação do modelo mais simples e o melhor modelo escolhido pelo AIC.

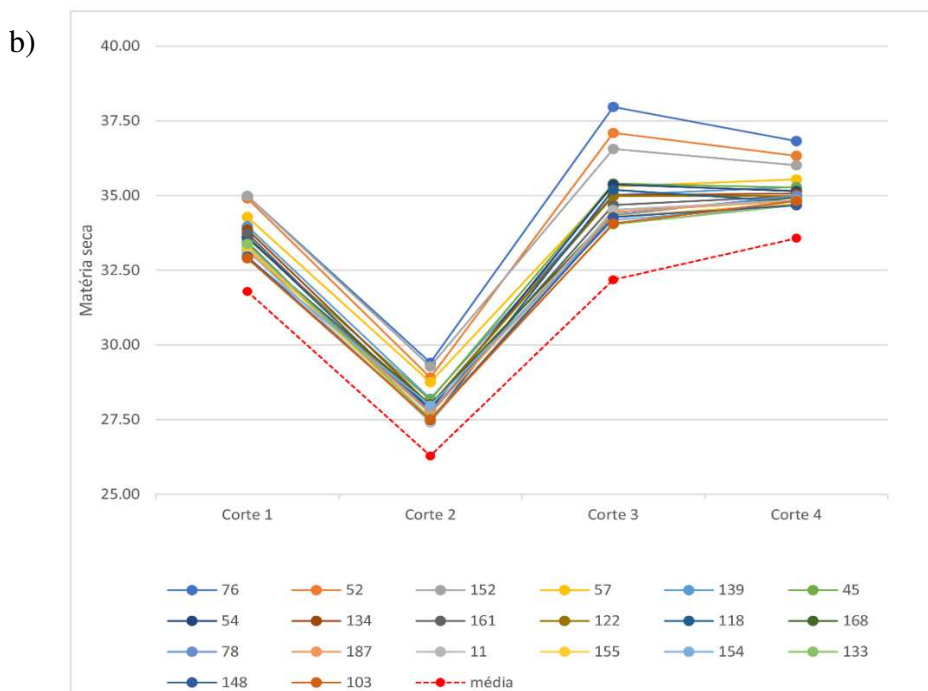
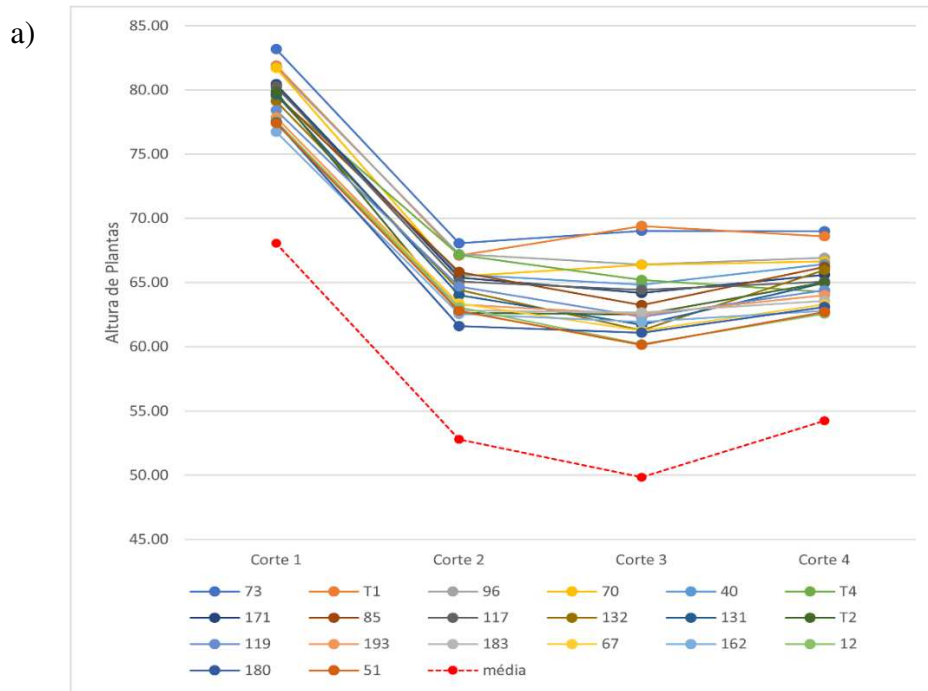
Característica	Modelo	Corte	Componentes de variância					Parâmetros genéticos		
			σ^2_g	σ^2_p	σ^2_{gp}	σ^2_e	σ^2_f	h^2_g	ρ	r_{gg}
Altura de planta (PH)	M2	todos	61,63	2,73	12,37	50,67	127,40	0,48	-	0,89
	M17	1	57,74		-	78,65	142,16	0,75	0,92	0,86
		2	66,69	5,77	-	63,57	130,25			
		3	86,30		-	28,09	114,39			
		4	52,10		-	49,73	101,84			
M2	todos	1,78	0,16	1,03	5,15	8,12	0,22	-	0,70	
Matéria seca (DM)	M17	1	2,31		-	6,50	9,05	0,47	0,67	0,68
		2	1,70	0,24	-	2,74	4,68			
		3	5,50		-	4,76	10,50			
		4	1,73		-	6,29	8,26			
	M2	todos	315178,4	461745,32	80290,1	308302,94	1165516,7	0,27	-	0,59
Peso verde (WG)	M17	1	552951,8	0,073 ^{ns}	-	965238,0	1518189,9	0,41	0,94	0,63
		2	496226,0	56754,71	-	885961,3	1438942,0			
		3	83988,87	269635,40	-	419604,0	773228,3			
		4	272850,3	55429,34	-	518646,8	846926,44			
	M2	todos	0,2921	0,1690	0,0434	0,1172	0,6217	0,47	-	0,77
Vigor de planta (VG)	M17	1	0,1389		-	0,5299	0,6688	0,54	0,91	0,73
		2	0,2760	0,000 ^{ns}	-	0,5483	0,8243			
		3	0,3047		-	0,2258	0,5305			
		4	0,2357		-	0,2247	0,4604			

^{ns}: componente de variância não significativo.

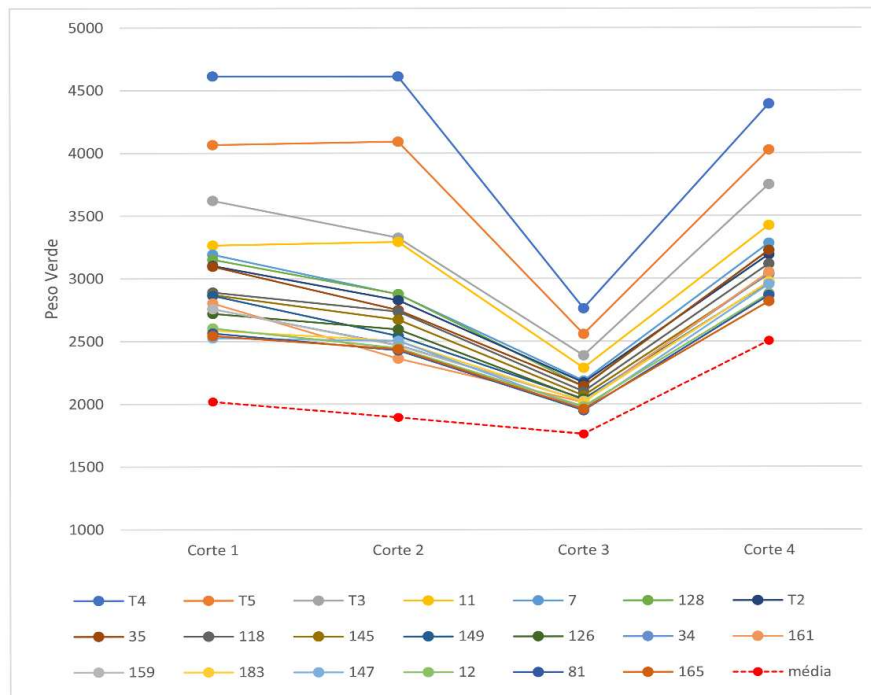
Os indivíduos selecionados pelo modelo de melhor ajuste (M17) estão descritos abaixo. Os genótipos 73, T1, 96, 70, 40, T4, 171, 85, 117, 132, 131, T2, 119, 193, 183, 67, 162, 12, 180 e 51 foram selecionados para altura de plantas. A porcentagem de matéria seca não apresentou testemunhas comerciais entre os genótipos selecionados, que foram 76, 52, 152, 57, 139, 45, 54, 134, 161, 122, 118, 168, 78, 187, 11, 155, 154, 133, 148 e 103. Para a característica peso verde, os melhores genótipos foram T4, T5, T3, 11, 7, 128, T2, 35, 118, 145, 149, 126, 34, 161, 159, 183, 147, 12, 81 e 165. Por sua vez, vigor de plantas foi a única característica em que todas as testemunhas comerciais pertenciam ao grupo dos selecionados. As plantas 10% mais vigorosas foram: T4, T3, T1, 11, T2, T5, 193, 118, 183, 41, 89, 123, 159, 35, 30, 7, 117, 126,

107 e 96. Todos os genótipos selecionados apresentaram valores genéticos superiores à média geral em todos os cortes para todas as características, como evidenciado na figura 1.

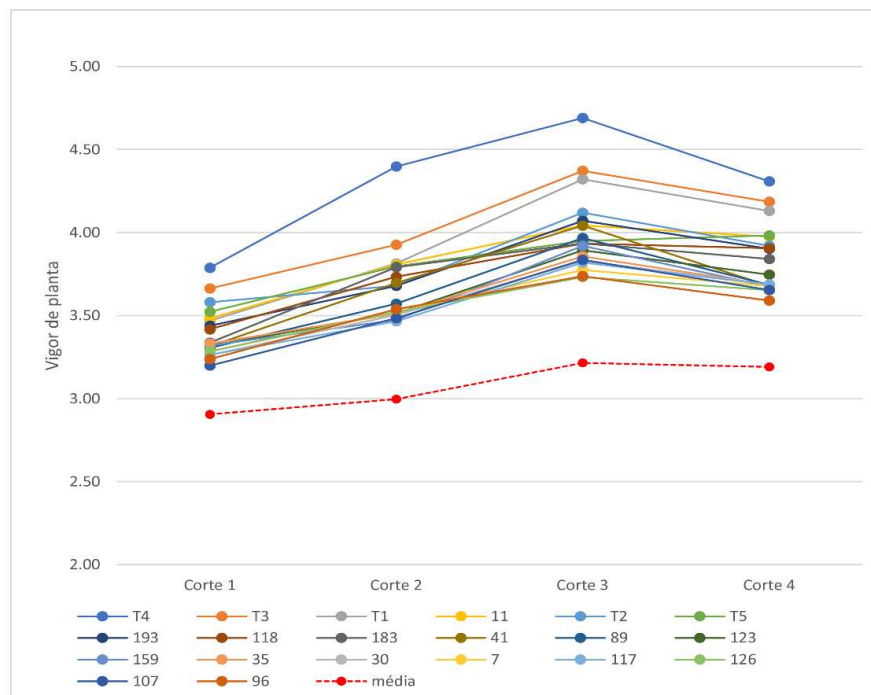
Figura 1 - Melhores genótipos para todas características avaliadas. a) altura de plantas; b) % de matéria seca de forragem; c) peso verde de forragem; d) vigor de planta.



c)



d)



A predição dos valores genéticos também é influenciada de acordo com o modelo adotado e suas respectivas estruturas de (co)variâncias (FAVERI, DE et al., 2015; LARA, DE et al., 2019; VERBYLA et al., 2021). Essa influência atua diretamente no ranking dos melhores indivíduos bem como nos indivíduos selecionados em cada modelo (Tabela 6). É possível

identificar que dos 20 indivíduos selecionados, dois deles se diferem para a característica PH de acordo com o modelo utilizado. Essa diferença aumenta ainda mais para as demais características avaliadas, sendo possível observar quatro genótipos diferentes entre os selecionados para DM e WG e cinco para VG (Tabela 6). As diferenças observadas no grupo de genótipos selecionados correspondem à 10%, 20%, 25% e 25%, para as características PH, DM, WG e VG, respectivamente.

Tabela 6 – Ordenamento dos genótipos selecionados de *Cynodon* spp. baseados nos valores genéticos obtidos pelos modelos mais simples (m2) e o de melhor ajuste (m17)

PH		DM		WG		VG	
M2	M17	M2	M17	M2	M17	M2	M17
96	73	76	76	T4	T4	T4	T4
73	T1	52	52	T5	T5	11	T3
T1	96	152	152	11	T3	T3	T1
171	70	57	57	T3	11	T5	11
85	40	139	139	T2	7	T2	T2
T4	T4	134	45	7	128*	118	T5
131	171	161	54	118	T2	126	193
70	85	54	134	183	35	35	118
117	117	45	161	126	118	96	183
132	132	78	122*	35	145	7	41
40	131	118	118	41*	149	183	89*
119	T2	11	168	145	126	193	123*
12	119	166*	78	159	34*	134*	159
T2	193	133	187	149	161*	41	35
51	183*	155	11	96*	159	6*	30*
67	67	17*	155	12	183	81*	7
193	162*	187	154*	165	147*	165*	117*
72*	12	168	133	9*	12	T1	126
170*	180	130*	148*	193*	81*	149*	107*
180	51	19*	103*	134*	165	159	96

*: indicam genótipos que diferem no grupo dos selecionados nos diferentes modelos

A seleção de materiais genéticos inferiores devido a utilização de um modelo inadequado, pode acarretar ganhos reduzidos. A obtenção de predições acuradas dos efeitos genéticos está associada à modelagem dos efeitos genéticos e não genéticos, tal como a variação espacial e temporal, como observado em avaliações com medidas repetidas (FAVERI, DE et

al., 2015). Isso representa uma estratégia eficiente na otimização de um programa de melhoramento, bem como auxiliando o melhorista na seleção das melhores progênies.

Diferenças nos valores genéticos preditos e alteração no ranking dos indivíduos selecionados é uma preocupação nos programas de melhoramento, pois pode levar a seleção equivocada de genótipos, comprometendo o sucesso do programa. A importância na modelagem das estruturas de (co)variâncias está diretamente relacionada com a obtenção de inferências mais fidedignas com a realidade dos dados além de uma seleção mais acurada, algo importante na otimização de um programa de melhoramento.

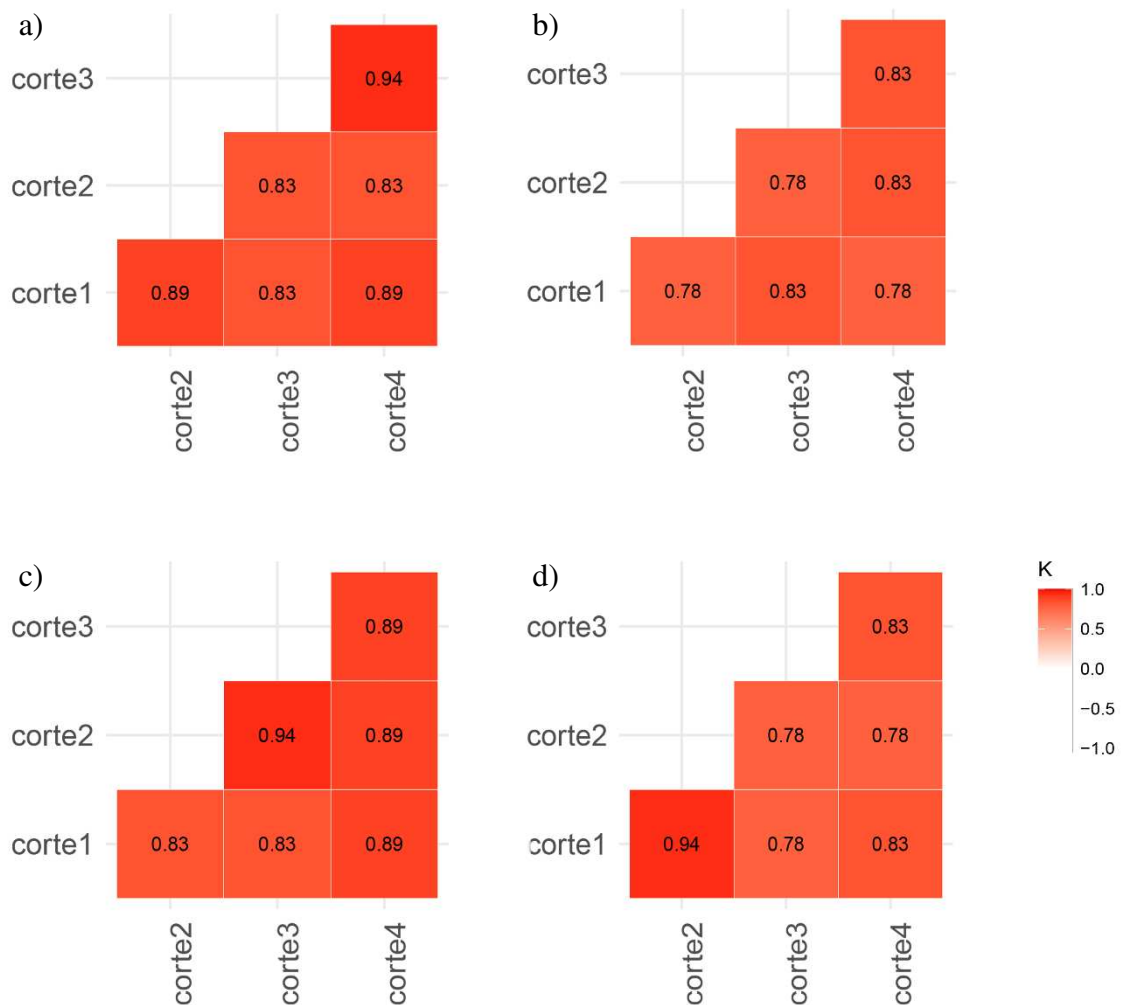
A modelagem tanto na avaliação de diferentes cortes, como realizada neste trabalho bem como na avaliação de diferentes safras evidenciado em outros se mostrou eficiente na seleção dos indivíduos superiores (FAVERI, DE et al., 2015; MELO et al., 2020). A utilização conjunta de modelos e métodos estatísticos adequados, aliados a uma fenotipagem de qualidade, permite a seleção de genótipos verdadeiramente superiores e, como resultado, a otimização de um programa de melhoramento (MELO et al., 2020; STRINGER; ATKIN; GEZAN, 2017).

De acordo com o coeficiente Kappa (COHEN, 1960), as concordâncias entre os genótipos selecionados entre pares de cortes para todas as características levando em consideração o modelo melhor ajustado variaram de 0,78 a 0,94 (Figura 2). Foi encontrada concordância perfeita (0,81 a 1,00) entre os cortes de altura de planta e peso verde. As características porcentagem de matéria seca e vigor da planta também apresentaram valores de concordância consideráveis. Observou-se concordância quase perfeita (0,71 a 0,90) e perfeita (0,81 a 1,00) entre os cortes dessas duas características.

É confiável inferir que a seleção pode ser realizada em qualquer corte, pois o desempenho dos melhores genótipos com base na média dos quatro cortes mantém um padrão ao longo dos mesmos (Figura 1), variando apenas os valores obtidos para as características

avaliadas em cada corte, pequenas mudanças na ordem de classificação e uma alta coincidência entre os genótipos selecionados para todos os pares de cortes, evidenciado pelo coeficiente Kappa (Figura 2).

Figura 2. Concordâncias entre os 10% melhores genótipos nos quatro cortes. a) altura de plantas; b) % de matéria seca de forragem; c) peso verde de forragem; d) vigor de planta.



Uma vez que existe alta concordância entre os genótipos selecionados em cada corte, a seleção baseada na média dos cortes para cada característica se torna viável. Aliado a isso, a não significância do efeito permanente de parcela, evidenciado pelo LRT, para maioria das características permite inferir que a efeito do ambiente para com os genótipos avaliados ao longo das medidas não exerce comportamento diferencial dos mesmos ao longo dos quatro cortes experimentais.

Dessa forma, a seleção baseada na média dos cortes permitiu obter ganhos consideráveis em todas características avaliadas (Tabela 7). O ganho direto para PH foi de 21,19% ao selecionar os 10% melhores. WG e VG apresentaram ganhos diretos de 37,19% e 20,92%, respectivamente. Por sua vez, DM foi o que apresentou menor porcentagem de ganho direto, com 6,52%.

Tabela 7 - Ganho com a seleção direto (%) e ganho baseado no índice FAI-BLUP.

	GS%	
	ganho direto	FAI-BLUP
PH	21,19	3,98
DM	6,52	2,67
WG	37,19	29,34
VG	20,92	15,37

Ao utilizar índices de seleção, o melhorista busca obter ganhos simultâneos para várias características, facilitando significativamente as decisões a respeito da seleção, uma vez que os ganhos são distribuídos entre o conjunto de características de interesse em um programa de melhoramento (CERÓN-ROJAS; CROSSA, 2020; MICHEL et al., 2019).

Recentemente, o índice FAI-BLUP tem sido aplicado na seleção de múltiplas características em plantas perenes, como capim elefante (ROCHA, J. R. Do A. S. De C.; MACHADO; CARNEIRO, P. C. S., 2018) além outras culturas, tais como soja (WOYANN et al., 2019), Feijão (ROCHA, J. R. Do A. S. De C. et al., 2019), Sorgo biomassa (SILVA, M. J. DA et al., 2018) e Trigo (CASAGRANDE et al., 2022). Inicialmente proposto para a seleção de múltiplas características em capim elefante para a produção de biocombustível, esse índice é baseado em análise de fatores permite ordenar genótipos com base na avaliação multicaracterística, livre de multicolinearidade e não requer atribuição de pesos, como acontece no índice clássico de Smith-Hazel (ROCHA, J. R. Do A. S. De C.; MACHADO; CARNEIRO, P. C. S., 2018). Os autores conseguiram identificar genótipos com maiores desempenhos para

conversão em bioenergia pela combustão, além de predizer ganhos genéticos equilibrados e desejáveis para as demais características.

A análise de fatores evidenciou que dois fatores explicaram a 80,96% da variabilidade total dos clones avaliados. O primeiro fator agrupou PH, WG e VG enquanto o segundo fator foi composto apenas pela característica DM. Características agrupadas em um mesmo fator apresentam maiores estimativas de correlações genética se tornando um auxílio para o melhorista durante a seleção com base em várias características (ROCHA, J. R. Do A. S. De C. et al., 2019). Os genótipos que mais se aproximaram ao ideótipo comum foram T5, 11, 118, T3, 152, 134, 161, 7, 35, 126, 128, 149, 81, 103, 165, 168, T1, T2, 39 e 193. Além disso, o ganho simultâneo proporcionado por este índice foi de 3,98%, 2,67%, 29,34% e 15,37% para as características PH, DM, WG e VG, respectivamente (Tabela 6). A seleção com base no ideótipo proporcionada pelo índice FAI-BLUP fornece auxílio aos melhoristas, permitindo a identificação de indivíduos superiores para múltiplas características e conseqüentemente acelerando o desenvolvimento de cultivares em um programa de melhoramento.

Considerações finais

Modelar as estruturas de covariância e identificar o modelo de melhor ajuste foi fundamental para a avaliação e seleção de indivíduos superiores em *Cynodon* spp. O modelo mais ajustado forneceu gerou resultados mais confiáveis na estimação dos componentes de variância e na predição dos valores genotípicos, a seleção de dos indivíduos superiores para as características avaliada.

O modelo 17 foi o que obteve melhor ajuste. Para a característica PH os efeitos residuais, efeito permanente de parcela e genotípicos foram modelados pelas estruturas autorregressiva heterogênea de segunda ordem (AR2H), identidade de variâncias (IDV) e correlação heterogênea (CORH), respectivamente.

Para a característica DM os efeitos residuais, efeito permanente de parcela e genotípicos foram modelados pelas estruturas diagonal heterogênea (DIAG), identidade de variâncias (IDV) e correlação heterogênea (CORH), respectivamente.

Para a característica WG os efeitos residuais, efeito permanente de parcela e genotípicos foram modelados pelas estruturas autorregressiva heterogênea de primeira ordem (AR1H), diagonal heterogênea (DIAG) e correlação heterogênea (CORH), respectivamente.

Por fim, para a característica VG os efeitos residuais, efeito permanente de parcela e genotípicos foram modelados pelas estruturas autorregressiva heterogênea de terceira ordem (AR3H), identidade de variâncias (IDV), correlação heterogênea (CORH), respectivamente.

É possível fazer a seleção com confiabilidade com base na média dos quatro cortes.

A seleção direta para cada característica permitiu selecionar os genótipos 73, T1, 96, 70, 40, T4, 171, 85, 117, 132, 131, T2, 119, 193, 183, 67, 162, 12, 180 e 51 para PH, 76, 52, 152, 57, 139, 45, 54, 134, 161, 122, 118, 168, 78, 187, 11, 155, 154, 133, 148 e 103 para DM, T4, T5, T3, 11, 7, 128, T2, 35, 118, 145, 149, 126, 34, 161, 159, 183, 147, 12, 81 e 165 para WG e T4, T3, T1, 11, T2, T5, 193, 118, 183, 41, 89, 123, 159, 35, 30, 7, 117, 126, 107 e 96 para VG.

Por sua vez, o índice FAI-BLUP permitiu a seleção simultânea para todas características avaliadas indicando que os melhores genótipos foram T5, 11, 118, T3, 152, 134, 161, 7, 35, 126, 128, 149, 81, 103, 165, 168, T1, T2, 39 e 193. O ganho genético proporcionado pelo índice foi de 3,98%, 2,67%, 29,34% e 15,37% para as características PH, DM, WG e VG, respectivamente.

A seleção direta para todas quatro características proporcionou maior ganho do que a seleção com base no índice FAI-BLUP.

Referências Bibliográficas

- ACHARYA, J. P. et al. Breeding alfalfa (*medicago sativa* l.) adapted to subtropical agroecosystems. **Agronomy**, 2020. v. 10, n. 5.
- AKAIKE, H. Information theory and an extension of the maximum likelihood principle. (B. N. Petrox & F. Caski, Org.). [S.l.]: [s.n.], 1973. p. 267–281.
- AKAIKE, H. A new look at the statistical model identification. **IEEE Transactions on Automatic Control**, dez. 1974. v. 19, n. 6, p. 716–723. Disponível em: <<http://ieeexplore.ieee.org/document/1100705/>>.
- ALISSON, P. D. **Fixed Effects Regression Models**. Los Angeles: Sage Publications, 2009.
- ANDRADE, M. H. M. L. et al. Accounting for spatial trends to increase the selection efficiency in potato breeding. **Crop Science**, 2020. v. 60, n. 5, p. 2354–2372.
- ARAÚJO, E. D. et al. Effects of gibberellic acid on Tifton 85 bermudagrass (*Cynodon* spp.) in constructed wetland systems. **PLoS ONE**, 2018. v. 13, n. 10, p. 1–26.
- BALZARINI, M. Applications of mixed models in plant breeding. **Quantitative genetics, genomics and plant breeding**. Cordoba: CABI publishing, 2015.
- BAUTISTA, E. A. López; QUARESMA, E. De S. A.; SANTANA, M. L. Modelos lineares mistos para análise de dados longitudinais provenientes de ensaios agrônômicos. **Revista da Estadística Universidade Federal de Ouro Preto**, 2014. v. 3, n. 3, p. 649–653.
- BAXTER, L. L. et al. Moving warm-season forage bermudagrass (*Cynodon* spp.) into temperate regions of North America. 2022. Disponível em: <<https://npgsweb.ars-grin.gov/gringlobal/search/>>.
- BENITES, F. R. G.; SOUZA SOBRINHO, F. DE; VILELA, D. A contribuição do gênero *Cynodon* para a pecuária de leite. In: VILELA, D.; FERREIRA, R. de P.; JUNTOLLI, F. V. (Org.). **Pecuária de Leite no Brasil: Cenários e avanços tecnológicos**. 1ª edição ed. Brasília: Embrapa, 2016, p. 435.
- BERNARDELI, A. et al. Modeling spatial trends and enhancing genetic selection: An approach to soybean seed composition breeding. **Crop Science**, 2021. v. 61, n. 2, p. 976–988.
- BRITO DA SILVA, V. et al. Assessment of energy production in full-sibling families of elephant grass by mixed models. **Renewable Energy**, 2020. v. 146, p. 744–749.
- BUTLER, D.; CULLIS, BR; GILMOUR, AR. **ASReml-R, Reference Mannual. Release 3**. Queensland Department of Primary Industries and Fisheries, Toowoomba: [s.n.], 2009.
- CASAGRANDE, C. R. et al. Selection indexes based on genotypic values applied to Brazilian tropical wheat breeding. **Agronomy Science and biotechnology**, 2022. v. 8, n. August, p. 1–16.
- CASELLA, G.; BERGER, R. L. **Statistical Inference**. Belmont: duxbury Press, 1990.

CAVANAUGH, J. E.; NEATH, A. A. The Akaike information criterion: Background, derivation, properties, application, interpretation, and refinements. **Wiley Interdisciplinary Reviews: Computational Statistics**, 2019. v. 11, n. 3, p. e1460.

CERÓN-ROJAS, J. J.; CROSSA, J. Expectation and variance of the estimator of the maximized selection response of linear selection indices with normal distribution. **Theoretical and Applied Genetics**, 2020. v. 133, n. 9, p. 2743–2758. Disponível em: <<https://doi.org/10.1007/s00122-020-03629-6>>.

CLAYTON, W. D.; HARLAN, J. R. The genus *Cynodon* L.C Rich. in tropical Africa. **Kew Bulletin (London)**, 1970. v. v. 24, p. 185–189.

COHEN, J. A coefficient of agreement for nominal scales. **Educational and Psychological Measurement**, 1960. v. 20, n. 1, p. 37- 46 ST- A coefficient of agreement for nominal. Disponível em: <<http://epm.sagepub.com>>.

CORRIHER, V.; REDMON, L. Bermudagrass Varieties, Hybrids and Blends for Texas. 2011. p. 1–10.

CULLIS, B. R.; SMITH, A. B.; COOMBES, N. E. On the design of early generation variety trials with correlated data. **Journal of Agricultural, Biological, and Environmental Statistics**, 2006. v. 11, n. 4, p. 381–393.

DIXON, P. Should Blocks Be Fixed or Random? **Conference on Applied Statistics in Agriculture**, 2016.

EVANGELISTA, J. S. P. C. et al. Soybean productivity, stability, and adaptability through mixed model methodology. **Ciencia Rural**, 2020. v. 51, n. 2, p. 1–7.

FAVERI, J. DE et al. Statistical methods for analysis of multi-harvest data from perennial pasture variety selection trials. **Crop and Pasture Science**, 2015. v. 66, n. 9, p. 947–962.

FERREIRA, F. M. et al. Estimates of repeatability coefficients and optimum number of measures for genetic selection of *Cynodon* spp. **Euphytica**, 2020. v. 216, n. 5.

FERREIRA, F. M. et al. Optimal harvest number and genotypic evaluation of total dry biomass, stability, and adaptability of elephant grass clones for bioenergy purposes. **Biomass and Bioenergy**, 2021. v. 149, p. 106104.

FREITAS, A. R.; FERREIRA, R. P.; MOREIRA, A. Análises de dados de medidas repetidas por meio do modelo linear geral e do modelo misto. **Revista de Ciências Agrárias**, 2011. v. 54, n. 3, p. 214–224.

GIESBRECHT, F. G.; GUMPERTZ, M. L. **Planning, construction, and statistical analysis of comparative experiments**. [S.l.]: John Wiley & Sons, 2004.

GILMOUR, A. et al. An efficient computing strategy for prediction in mixed linear models. **Computational Statistics and Data Analysis**, 2004. v. 44, n. 4, p. 571–586.

GOMES, E. P. et al. Produtividade de capim Tifton 85 sob irrigação e doses de nitrogênio. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, 2015. v. 19, n. 4, p. 317–323.

GONÇALVES DE ABREU, A.; PÁDUA, J. G.; BARBIERI, R. L. **Conservação e uso de recursos genéticos vegetais para a alimentação e a agricultura no Brasil**. 1ª edição ed. Brasília: Embrapa, 2022.

GROSSMAN, A. Y. et al. Ploidy level and genetic parameters for phenotypic traits in bermudagrass (*Cynodon* spp.) germplasm. **Agronomy**, 2021. v. 11, n. 5, p. 1–17.

HARLAN, J. *Cynodon* species and their value for grazing and hay. **Herbage Abstract**, 1970. v. 40, p. 233–238.

HARLAN, J. R.; WET, J. M. J. Sources of Variation in *Cynodon dactylon* (L). Pers. 1. **Crop Science**, 1969. v. 9, n. 6, p. 774–778.

HENDERSON, C. R. **Application of Linear Models in Animal Breeding**. [S.l.]: University of Guelph, 1984.

HENDERSON, C. R.; QUAAS, R. L. Multiple Trait Evaluation Using Relatives' Records. **Journal of Animal Science**, 1976. v. 43, n. 6, p. 1188–1197.

KOZAK, M.; PIEPHO, H. P. What's normal anyway? Residual plots are more telling than significance tests when checking ANOVA assumptions. **Journal of Agronomy and Crop Science**, 2018. v. 204, n. 1, p. 86–98.

LARA, L. A. C. DE et al. Genomic selection with allele dosage in *Panicum maximum* Jacq. **G3: Genes, Genomes, Genetics**, 2019. v. 9, n. 8, p. 2463–2475.

MALIKOUSKI, R. G. et al. Repeatability coefficient estimates and optimum number of harvests in graft/rootstock combinations for “tahiti” acid lime. **Acta Scientiarum - Agronomy**, 2021. v. 43, p. 1–10.

MARIGUELE, K. H. et al. Métodos de análise de dados longitudinais para o melhoramento genético da pinha. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 2011. v. 46, n. 12, p. 1657–1664.

MATHEW, B.; LÉON, J.; SILLANPÄÄ, M. J. Impact of residual covariance structures on genomic prediction ability in multi-environment trials. **PLoS ONE**, 2018. v. 13, n. 7, p. 1–11.

MELO, D. T. et al. Modeling (co) variance structures for genetic and non- genetic effects in the selection of common bean progenies. 2020. v. 9.

MICHEL, S. et al. Simultaneous selection for grain yield and protein content in genomics-assisted wheat breeding. **Theoretical and Applied Genetics**, 2019. v. 132, n. 6, p. 1745–1760. Disponível em: <<https://doi.org/10.1007/s00122-019-03312-5>>.

MRODE, R. A.; THOMPSON, R. **Linear Models for the Prediction of Animal Breeding Values**. 3. ed. [S.l.]: CABI publishing, 2013. V. 7.

OLIVEIRA, M. et al. Análise do crescimento do capim-Bermuda “Tifton 85” (*Cynodon* spp.). **Revista brasileira de zootecnia**, 2000. v. 29, n. 6, p. 1930–1938.

PATTERSON, H. D.; THOMPSON, R. Recovery of Inter-Block Information when block sizes are unequal. **Biometrika**, 1971. v. 58, n. 3, p. 545–554.

- PEIXOTO, M. A. et al. Multitrait and multiharvest analyses for genetic assessment and selection of Tahiti acid lime genotypes through Bayesian inference. **Scientia Horticulturae**, 2021. v. 290, n. April.
- PEREIRA, F. A. C. et al. Selection of coffee arabica L. Hybrids using mixed models with different structures of variance-covariance matrices. **Coffee Science**, 2018. v. 13, n. 3, p. 304–311.
- PIEPHO, H. P. Analyzing Genotype-Environment Data by Mixed Models with Multiplicative Terms. **Biometrics**, 1997. v. 53, n. 2, p. 761.
- QUEIROZ FILHO, J. L.; SILVA, D. S.; NASCIMENTO, I. S. Produção de Matéria Seca e Qualidade do Capim-Elefante (*Pennisetum purpureum* Schum.) Cultivar Roxo em Diferentes Idades de Corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, 2000. v. 29, n. 1, p. 69–74.
- REDFEARN, D.; RICE, C. Bermudagrass pasture management. [S.l.], 2014.
- RESENDE, M. D. V.; ALVES, R. S. Linear, generalized, hierarchical, bayesian and random regression mixed models in genetics/genomics in plant breeding. **Functional Plant Breeding Journal**, 2020. v. 2, n. 2, p. 1–31.
- RESENDE, M. D. V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. 1. ed. [S.l.]: Embrapa Florestas, 2007.
- RESENDE, M. D. V.; SILVA, F. F. E; AZEVEDO, C. F. **Estatística matemática, biométrica e computacional: modelos mistos, multivariados, categóricos e generalizados (REML/BLUP), inferência bayesiana, regressão, aleatória, seleção genômica, QTL, GWAS, estatística espacial e temporal, competição, sobrevivência**. Visconde do rio Branco: Suprema, 2014.
- RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão E Controle De Qualidade Em Experimentos De Avaliação De Cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical (Agricultural Research in the Tropics)**, 2007. v. 37, n. 3, p. 182–194.
- ROCHA, J. R. Do A. S. De C. et al. Genetic insights into elephantgrass persistence for bioenergy purpose. **PLoS ONE**, 2018. v. 13, n. 9, p. 1–16.
- ROCHA, J. R. Do A. S. De C et al. Selection of superior inbred progenies toward the common bean ideotype. **Agronomy Journal**, 2019. v. 111, n. 3, p. 1181–1189.
- ROCHA, J. R. Do A. S. De C; MACHADO, J. C.; CARNEIRO, P. C. S. Multitrait index based on factor analysis and ideotype-design: proposal and application on elephant grass breeding for bioenergy. **GCB Bioenergy**, 2018. v. 10, n. 1, p. 52–60.
- RODRIGUES, E. V. et al. Selection of jatropha genotypes for bioenergy purpose: An approach with multitrait, multiharvest and effective population size. **Bragantia**, 2020. v. 79, n. 3, p. 346–355.
- SEARLE, S. R. **Linear models**. New York: John Wiley & Sons, 1971.
- SEARLE, S. R.; MCCULLOCH, C. E.; NEUHAUS, J. M. **Generalized, Linear, and mixed models**. [S.l.]: John Wiley & Sons, 2011.

- SEVER MUTLU, S. et al. Development of vegetative triploid turf-type bermudagrass [Cynodon dactylon × C. transvaalensis (C. × mangennisii Hurcombe)]. **Genetic Resources and Crop Evolution**, 2020. v. 67, n. 1, p. 177–189.
- SHALIZI, M. N.; ISIK, F. Genetic parameter estimates and GxE interaction in a large cloned population of Pinus taeda L. **Tree Genetics and Genomes**, 2019. v. 15, n. 3.
- SILVA, M. J. DA et al. Evaluation of the potential of lines and hybrids of biomass sorghum. **Industrial Crops and Products**, 1 dez. 2018. v. 125, p. 379–385.
- SMITH, A. B.; CULLIS, B. R.; THOMPSON, R. The analysis of crop cultivar breeding and evaluation trials: An overview of current mixed model approaches. **Journal of Agricultural Science**, 2005. v. 143, n. 6, p. 449–462.
- SMITH, A.; CULLIS, B.; THOMPSON, R. Analyzing variety by environment data using multiplicative mixed models and adjustments for spatial field trend. **Biometrics**, 2001. v. 57, n. 4, p. 1138–1147.
- SOARES DE ANDRADE, C. M. et al. **Gramma-estrela-roxa: Gramínea Forrageira para Diversificação de Pastagens no Acre**. [S.l.]: [s.n.], 2009.
- SOUZA, C. De et al. Natural Genetic Diversity of Nutritive Value Traits in the Genus Cynodon. **Agronomy**, 2020. v. 10, p. 15.
- SOUZA, C. DE et al. Natural Genetic Diversity of Nutritive Value Traits in the Genus Cynodon. [s.d.]. Disponível em: <<https://fawn.ifas.ufl.edu>>.
- STIDA, W. F. et al. Estimation of genetic parameters and selection of elephant-grass (Pennisetum purpureum Schumach.) for forage production using mixed models. **Chilean Journal of Agricultural Research**, 2018. v. 78, n. 2, p. 198–204.
- STRINGER, J. K.; ATKIN, F. C.; GEZAN, S. A. Statistical Approaches in Plant Breeding: Maximising the use of Genetic Information. In: CAMPOS, H.; CALIGARI, P. D. S. (Org.). **Genetic Improvement of Tropical Crops**. [S.l.]: Springer International Publishing, 2017, p. 1–320.
- TALIAFERRO, C. M.; ROUQUETTE, F. M.; MISLEVY, P. Bermudagrass and stargrass. **Warm-Season (C4) Grasses**. [S.l.]: [s.n.], 2004, p. 417–475.
- TEAM, R. D. C. **R: A language and development for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing.
- VERBYLA, A. P. A note on model selection using information criteria for general linear models estimated using REML. **Australian and New Zealand Journal of Statistics**, 2019. v. 61, n. 1, p. 39–50.
- VERBYLA, A. P. et al. Modelling temporal genetic and spatio-temporal residual effects for high-throughput phenotyping data*. **Australian and New Zealand Journal of Statistics**, 2021. v. 63, n. 2, p. 284–308.
- WOYANN, L. G. et al. Multiple-trait selection of soybean for biodiesel production in Brazil. **Industrial Crops and Products**, 15 nov. 2019. v. 140, p. 111721.

WU, Y. Q. et al. Genetic analyses of Chinese *Cynodon* accessions by flow cytometry and AFLP markers. **Crop Science**, 2006. v. 46, n. 2, p. 917–926.