

THIAGO GOMES DOS SANTOS BRAZ

**PARÂMETROS GENÉTICOS, REPETIBILIDADE E  
DIVERSIDADE GENÉTICA EM HÍBRIDOS DE *Panicum maximum***

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

VIÇOSA  
MINAS GERAIS - BRASIL  
2012

**Ficha catalográfica preparada pela Seção de Catalogação e  
Classificação da Biblioteca Central da UFV**

T

B827p  
2012

Braz, Thiago Gomes dos Santos, 1985-  
Parâmetros genéticos, repetibilidade e diversidade genética  
em híbridos de *Panicum maximum* / Thiago Gomes dos  
Santos Braz – Viçosa, MG, 2012.  
xii, 103f. : il. (algumas col.) ; 29cm.

Orientador: Dilermando Miranda da Fonseca.  
Tese (doutorado) - Universidade Federal de Viçosa.  
Inclui bibliografia.

1. Plantas forrageiras - Melhoramento genético.  
2. Pastagens. 3. Gramínea. 4. Diversidade genética.  
I. Universidade Federal de Viçosa. II. Título.

CDD 22. ed. 633.2

THIAGO GOMES DOS SANTOS BRAZ

**PARÂMETROS GENÉTICOS, REPETIBILIDADE E  
DIVERSIDADE GENÉTICA EM HÍBRIDOS DE *Panicum maximum***

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

APROVADA: 15 de fevereiro de 2012.

---

Janaina Azevedo Martuscello

---

Domingos Sávio Queiroz

---

Liana Jank  
(Coorientadora)

---

Cosme Damião Cruz  
(Coorientador)

---

Dilermando Miranda da Fonseca  
(Orientador)

**Dedico,**

Ao meu avô Francisco pelo apoio e incentivo aos estudos.

Ao meu pai, Everaldo, pelo apoio e incentivo e por ter me ensinado muito com o silêncio.

À minha mãe, Marilda (*in memoriam*), minha grande inspiração e de quem sentirei saudades por  
toda a minha vida.

A todos eles pelo amor, pela dedicação, pelo incentivo aos estudos e pelos bons exemplos de vida,  
que contribuíram para formação dos meus valores e do meu caráter.

**Minha eterna gratidão**

**Ofereço,**

*A Deus pela constante presença em minha vida  
e pela segurança e conforto em todo momento que precisei.*

*Aos cidadãos brasileiros que, há longa data, vem permitindo que eu realize meu  
grande sonho de estudar. Espero um dia poder retribuir  
a todos com meu trabalho.*

## AGRADECIMENTOS

A Deus, pela vida.

Aos meus pais e ao meu avô, pelo apoio incondicional e por me ajudarem a dar mais um passo para realização de meus sonhos.

À Universidade Federal de Viçosa, pela oportunidade da realização do curso.

Ao Conselho de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela bolsa de estudos.

A Embrapa Gado de Corte por ceder toda estrutura necessária à condução do trabalho.

A minha namorada, Roberta, pelo grande apoio e amor num dos momentos mais difíceis da minha vida.

Ao meu orientador, Professor Dilermando Miranda da Fonseca, pelos grandes ensinamentos profissionais e pessoais, pela amizade, paciência, confiança e compreensão dedicadas e por me abrir exceção para realizar meu projeto com Melhoria de Forrageiras.

Aos meus coorientadores, Dra. Liana Jank, Prof. Cosme Damião Cruz e Dr. Marcos Deon Vilela de Resende, pelas valiosas contribuições para a condução e conclusão deste trabalho. Agradeço especialmente à Dra. Liana pelos grandes ensinamentos, pela amizade e por ter permitido que eu realizasse o trabalho de Tese na Embrapa.

Aos professores do Programa de Pós-graduação em Zootecnia, pela maestria como desempenham sua profissão e pelos valiosos ensinamentos.

Aos pesquisadores da Embrapa Gado de Corte, por todo o conhecimento que pude adquirir em sua companhia, especialmente à Dra. Rosângela Maria Simeão, pela ajuda no experimento, e Dra. Cacilda Borges do Valle, pelos conhecimentos trocados nas conversas matinais logo após a chegada no trabalho.

À professora e grande amiga Janaina Azevedo Martuscello e ao Dr. Domingos Sávio Queiroz, pela contribuição na melhoria deste trabalho.

Aos amigos e colegas de orientação Manoel Eduardo Rozalino Santos, Virgílio Mesquita Gomes, Luisa Melville, Márcia Vitória Santos e Márcia Teixeira Silveira, pela convivência harmoniosa e pelos conhecimentos. Agradeço especialmente ao Manoel e Virgílio pelos grandes ensinamentos e pelas oportunidades que me proporcionaram.

Aos funcionários da Embrapa Gado de Corte, pela amizade, pelo auxílio e pelos conhecimentos compartilhados. Agradeço especialmente aos amigos Silvano e a Isaura, que são grandes exemplos de dedicação e perseverança que levarei para sempre.

Aos amigos e grandes companheiros de república, Davi, Manoel do Toca, Gilson, Leandro, Silvânio e Valdevino.

Aos amigos Sebastião e Maura, pela convivência e pelo apoio.

Aos amigos da graduação Adenilson, João Paulo, Otávio e Vivian, pelo apoio, pela troca de conhecimentos e pela amizade que me dedicam.

Agradeço aos colegas e amigos da Embrapa Ulysses, Simony, Elizângela, Edson, Miriam, Débora, Andréia, Lucas, André, César, Larissa, Inara, Rebeca, Janieire, Giovani, Bruno, Débora e Danila pela convivência harmoniosa e apoio.

Aos colegas da pós-graduação, pelo incentivo e pela amizade.

## **BIOGRAFIA**

Thiago Gomes dos Santos Braz, filho de Everaldo Correia Braz e Marilda Gomes dos Santos Braz, nasceu em Duque de Caxias, Rio de Janeiro, em 5 de março de 1985. Em 2001, concluiu o 2º grau no Colégio Estadual Minas Gerais, em Duque de Caxias, Rio de Janeiro. Em 2002, ingressou no curso superior de Zootecnia da Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro em Seropédica, Rio de Janeiro. Participou, durante o período de 2004 a 2006, de atividades de pesquisa como bolsista de iniciação científica PIBIC/CNPq e PROIC/UFRRJ, vindo a colar grau em novembro de 2006. Ingressou no Curso de Mestrado do Programa de Pós-graduação em Zootecnia da Universidade Federal de Viçosa em março de 2007, na área de Forragicultura e Pastagens, defendendo dissertação em julho de 2008. Em agosto de 2008, ingressou no Curso de Doutorado, também no Programa de Pós-graduação em Zootecnia da Universidade Federal de Viçosa, onde participou de diversas atividades na área de pesquisa com plantas forrageiras e pastagens. Em janeiro de 2010, iniciou seu trabalho de tese na área de melhoramento de plantas forrageiras, desenvolvido na Embrapa Gado de Corte, Campo Grande, Mato Grosso do Sul. Em fevereiro de 2012 deu entrada ao processo de defesa de tese no Departamento de Zootecnia desta mesma Universidade.

## RESUMO

BRAZ, Thiago Gomes dos Santos, D. Sc. Universidade Federal de Viçosa, fevereiro de 2012. **Parâmetros genéticos, repetibilidade e diversidade genética em híbridos de *Panicum maximum***. Orientador: Dilermando Miranda da Fonseca. Coorientadores: Liana Jank, Cosme Damião Cruz e Marcos Deon Vilela de Resende.

Objetivou-se com este trabalho avaliar a repetibilidade, os parâmetros genéticos e a diversidade genética em híbridos de *Panicum maximum*. O experimento foi conduzido no campo experimental da Embrapa Gado de Corte durante o período de dezembro de 2009 a fevereiro de 2011. Foram avaliados híbridos de três progênies de irmãos completos, resultantes do cruzamento entre as genitoras S10 e o capim-tanzânia (progênie 1), S10 e capim-mombaça (progênie 2) e S12 e capim-tanzânia (progênie 3). Após o estabelecimento dos híbridos no campo, obtiveram-se 108 híbridos para a progênie 1, 167 híbridos para a progênie 2 e 45 híbridos para a progênie 3, totalizando 320 genótipos, que foram clonados e avaliados em teste clonal em delineamento em blocos incompletos com 320 tratamentos e duas repetições. Os blocos foram constituídos por três parcelas lineares de nove plantas (touceiras), totalizando 32 blocos, de modo que cada parcela correspondeu a uma das progênies. Na bordadura, utilizaram-se plantas de capim-mombaça. Tanto entre as plantas dentro da linha quanto entre as linhas, o espaçamento foi de um metro. Os híbridos foram manejados por meio de cortes na altura de 25 cm do nível do solo, realizados nos meses de janeiro, março, junho, outubro, novembro e dezembro de 2010 e fevereiro de 2011. O corte realizado em junho não foi avaliado. Para o estudo da repetibilidade, utilizaram-se os caracteres agrônômicos: produção de forragem (PF), massa seca total (MST), massa seca de folhas (MSF) e de colmos + bainhas (MSC) e porcentagem de folhas (%F). Também foram avaliados os caracteres altura de planta (ALT), rebrotação (REB) e incidência de *Bipolaris maydis* (IBM). Os coeficientes de repetibilidade foram estimados para plantas individuais e para parcelas, por meio dos métodos de: análise de variância (ANOVA), análise dos componentes principais (matriz de variâncias e covariâncias fenotípicas - CPCOV), análise dos componentes principais (matriz de correlações intraclasse - CPCOR) e o método da análise estrutural (matriz de correlações - AECOR). A massa

seca de folhas proporcionou maior repetibilidade, seguida pela MST e ALT. Para os caracteres morfoagronômicos, maior repetibilidade foi registrada para ALT. As progênies foram discrepantes quanto à repetibilidade dos caracteres rebrotação e incidência de *Bipolaris maydis*. Seis colheitas foram suficientes para proporcionar confiabilidade na seleção dos híbridos de *P. maximum* quanto à produção de massa seca total e de folhas e à IBM. A repetibilidade de cortes dos caracteres porcentagem de folhas e rebrotação é baixa. A avaliação das parcelas proporcionou resultados ligeiramente superiores aos obtidos com a avaliação de plantas individuais para todos os caracteres, excetuando-se a rebrotação. O aumento da eficiência no processo de seleção implicou aumento considerável no número de medições, sobretudo para os caracteres de baixa repetibilidade. Na avaliação da estabilização genotípica, utilizaram-se os caracteres MST, MSF, MSC e %F, tanto na avaliação de plantas individuais quanto na de parcelas. De maneira geral, observou-se maior repetibilidade para os caracteres massa seca total e de folhas, principalmente quando foram avaliados os cortes 4, 5 e 6. A massa seca de folhas foi o caráter que proporcionou melhor repetibilidade e determinação. A repetibilidade para MSC e %F foi de baixa a média magnitude, principalmente com a inclusão do corte do período da seca. Os cortes realizados no período das águas proporcionam maior repetibilidade e determinação para a seleção dos genótipos e a inclusão do corte da seca ou do primeiro corte é prejudicial para o processo de seleção de caracteres de baixa repetibilidade, como a %F. A avaliação da estabilização genotípica em parcelas proporcionou maior repetibilidade que a avaliação de plantas nos cortes realizados nas águas. Os parâmetros genéticos foram estimados para os caracteres agrônômicos: MST, MSF e MSC e para os caracteres morfoagronômicos: %F, ALT, rebrotação (REB) e IBM. Os componentes de variância genotípica, variância entre parcelas e variância permanente de meio ambiente foram significativos para todas variáveis avaliadas ( $P < 0,05$ ), com exceção da %F, cujo componente de variância permanente de meio não foi significativo ( $P > 0,05$ ). Todos os caracteres apresentaram herdabilidade individual por colheita e por médias de colheitas moderadas e grande diferença entre a herdabilidade e o coeficiente de repetibilidade individual, o que pode ser atribuído à ocorrência de grande variância de ambiente permanente, sobretudo para MST e MSF. Por outro lado, a %F também apresentou baixa repetibilidade e variância permanente de meio. Os coeficientes de variação genotípicos foram altos, com exceção da %F, mas também estiveram associados a altos coeficientes de variação residual. Tanto a herdabilidade individual por colheita no

sentido amplo quanto a herdabilidade de médias de colheitas dos caracteres agronômicos foram de magnitude baixa a moderada nos indivíduos híbridos de *P. maximum*. Por outro lado, concluiu-se que há variabilidade para seleção de caracteres importantes para o programa de melhoramento, tais como MST, MSF, e que a seleção para %F necessita de maior número de colheitas para ter sua eficiência melhorada. Os genótipos apresentaram grande variabilidade quanto à incidência de *B. maydis*. Os estudos de diversidade genética foram realizados nas diferentes progênes e no experimento e com base em distâncias estimadas de diferentes grupos de caracteres (morfológicos, agronômicos e de valor nutritivo). Com base nestes resultados, concluiu-se que os caracteres morfológicos altura da planta, densidade de pelos na bainha, comprimento dos pelos na folha, arroxamento da bainha, presença de serosidade e o tipo de folha; os caracteres agronômicos MSF, %F e IBM; e os caracteres de valor nutritivo teor de celulose, de sílica e de lignina em permanganato de potássio constituem-se nos melhores descritores para o estudo da diversidade genética em indivíduos híbridos de *P. maximum*. Por meio da análise de componentes principais, observou-se também que há maior diversidade genética entre os indivíduos dentro das progênes que entre as progênes. Na análise de agrupamento, observou-se maior formação de grupos quando se utilizaram caracteres agronômicos. Foi possível identificar, por meio da matriz de dissimilaridades, indivíduos divergentes e de bom desempenho para serem recombinados no programa de melhoramento de forrageiras de *P. maximum*.

## ABSTRACT

BRAZ, Thiago Gomes dos Santos, D.Sc. Universidade Federal de Viçosa, February, 2012. **Genetic Parameters, repeatability and genetic diversity in *Panicum maximum* hybrids**, Adviser: Dilermando Miranda da Fonseca. Co-advisers: Liana Jank, Cosme Damião Cruz and Marcos Deon Vilela de Resende.

This study was carried out with the aim to evaluate the repeatability, genetic parameters and genetic diversity of *Panicum maximum* hybrids. The experiment was conducted in the experimental area of Embrapa Gado de Corte during the period from December, 2009 to February, 2011. Were evaluated hybrids from three complete sib progenies resulted of the crosses among the genitors S10 and guinea grass cv. Tanzania, S10 and guinea grass cv. Mombaça and S12 with guinea grass cv. Tanzania. After the establishment of the hybrids in the field were obtained the final number of 108 hybrids to progeny 1, 167 hybrids to progeny 2 and 45 hybrids to progeny 3, totaling 320 genotypes, which were cloned and evaluated in an clonally test with two replicates. The blocks were constituted for three linear plots with nine plants (bunches). In the borderline were used guinea grass cv. Mombaça plants. The spacing between plants into the lines and among lines was of 1 m. The hybrids were cut at 25 cm from the soil level in the months January, March, June, October, November, December, 2010 and in February 2011. The harvest made in June was not evaluated. In the repeatability study were evaluated the characters: dry matter yield (DMY), leaf yield (LY), stems + sheath yield (SY) and percentage of leaves (%L). Were evaluated the characters plant height (PH), regrowth (REG) and *Bipolaris maydis* incidence (BMI). The repeatability coefficient were estimated by the methods of: variance analysis (ANOVA), principal components based on variance and covariance matrix (PCCOV), principal components analysis based on correlation matrix (PCCOR) and structural analysis based on the correlation matrix (SACOR). The LY had the highest repeatability followed by DMY and PH. In the morphoagronomic characters it was observed the highest repeatability for PH. The progenies were different in repeatability of REG and BMI. Six harvests were sufficient to provide reliability in the selection of *P. maximum* hybrids for DMY, LY and BMI. The repeatability of harvestes of %L is low. The evaluation of plots provides results slightly higher than the evaluation of individual plants for all characters, in exception to regrowth. The increasing in selection efficiency resulted in considerable increase in the number of measurements, especially for characters with low repeatability.

In the genotypic stabilization analysis were used the characters DMY, LY, SY and %L in both sites of evaluation, plants and plots. Generally, the highest repeatabilities were observed for DMY and LY, mainly when the harvests 4, 5 and 6 were considered. The LY had the highest repeatability and determination coefficients. The repeatability of SY and %L were considered low magnitude, mainly with the inclusion of the harvest realized during the dry season. The harvests realized during the rainy season resulted in higher repeatability and determination coefficient for the genotypic selection and the inclusion of dry season harvest was detrimental for the selection of low repeatability characters like %L. Evaluations of genotypic stabilization in plots result in higher repeatability than the plant evaluation during the rainy season. The genetic parameters were estimated for the agronomic characters: DMY, LY and SY and for the morphoagronomic characters: %L, PH, REB and BMI. The components of genotypic variance, among plots variance and permanent environment variance were statistically significant for all characters evaluated ( $P < 0.05$ ), in exception to %L where the permanent environment variance was not statistically significant ( $P > 0.05$ ). All characters had moderate heritability of harvests and heritability of médium and a high difference between the heritability and individual repeatability. It could be explained by the occurrence of permanent environment variance, particularly for DMY and LY. In the other hand, %L showed low individual repeatability and permanent environment variance. The genotypic coefficient of variation was high in all characters in exception to %L, but all of them were associated to high residual coefficient of variation. Both the heritability of harvests and the heritability of médium of the agronomic characters were considered of low to moderate magnitude in the *P. maximum* hybrids. On the other hand, we could conclude there is genetic variability for the selection of important breeding characters like LY and the selection of %L demand more harvests for improve efficiency. The hybrid genotypes showed high variability for *B. maydis* incidence. The genetic diversity study was realized in different progenies using different group of characters (morphologic, agronomic and nutritive value). With these results, we could conclude that the morphologic characters plant height, haid density in the sheath, length of hair in the leaf, purple color of the sheath, glaoucusness and kind of leaf; the agronomic characters LY, %L and BMY; and the nutritive value characters: cellulose, silica and lignin in potassium permanganate are usefull descriptors for the study of genetic diversity in *P. maximum* hybrids. With the principal component analisys it was possible to observe that there is more variability among the individuals within the

progenies than among the progenies. In the cluster analysis it was observed more groups when agronomic traits were used. It was possible to identify with the dissimilarity matrix, divergent individuals for more than group of variables and with good performance for the recombination in the *P. maximum* breeding program.

## CONTEÚDO

BIOGRAFIA.....	v
RESUMO.....	vi
ABSTRACT.....	ix
1) INTRODUÇÃO GERAL .....	1
1.1) Introdução.....	1
1.2) Referências .....	4
2) REPETIBILIDADE DE CARACTERES AGRONÔMICOS EM HÍBRIDOS DE <i>Panicum maximum</i> .....	5
2.1) Resumo .....	5
2.2) Abstract.....	6
2.3) Introdução.....	6
2.4) Material e Métodos.....	8
2.4) Resultados e Discussão.....	14
2.5) Conclusões.....	27
2.6) Referências .....	28
3) ESTABILIZAÇÃO GENOTÍPICA DE CARACTERES AGRONÔMICOS EM HÍBRIDOS DE <i>Panicum maximum</i> .....	30
3.1) Resumo .....	30
3.2) Abstract.....	31
3.3) Introdução.....	32
3.4) Material e Métodos.....	34
3.5) Resultados e Discussão.....	36
3.6) Conclusões.....	45
3.7) Referências .....	46
4) PARÂMETROS GENÉTICOS DE CARACTERES AGRONÔMICOS EM HÍBRIDOS DE <i>Panicum maximum</i> .....	47
4.1) Resumo .....	47
4.2) Abstract.....	48
4.3) Introdução.....	49
4.4) Material e Métodos.....	50
4.5) Resultados e discussão .....	53
4.6) Conclusões.....	61
4.7) Referências .....	62
5) DIVERSIDADE GENÉTICA NA SELEÇÃO A <i>PRIORI</i> DE GENITORES RECOMBINANTES EM <i>Panicum maximum</i> .....	64
5.1) Resumo .....	64
5.2) Abstract.....	65
5.3) Introdução.....	66
5.4) Material e Métodos.....	67
5.5) Resultados e Discussão.....	72
5.6) Conclusões.....	101
5.7) Referências .....	102

## 1) INTRODUÇÃO GERAL

### 1.1) Introdução

Estima-se que, no Brasil, aproximadamente 101 milhões de hectares sejam ocupados por pastagens cultivadas (IBGE, 2006), o que representa cerca de 12% do território nacional. De acordo com Valle et al. (2009), grande parte destas áreas encontra-se estabelecida com cultivares exóticas e de reprodução clonal, o que constitui sério risco para todos os sistemas de produção baseados no uso de pastagens. Este risco se deve, principalmente, ao monocultivo de espécies forrageiras, que exerce grande pressão de seleção para ocorrência de pragas, como a cigarrinha-das-pastagens no capim-braquiária, morte súbita do capim-marandu e ocorrência do fungo *Bipolaris maydis* no capim-tanzânia, entre outras.

A diversificação das pastagens é a principal forma de atenuar os problemas provenientes do monocultivo. Nesse sentido, o melhoramento genético de forrageiras e o lançamento de novas cultivares de *Panicum maximum* Jacq. surgem como alternativa para a diversificação das pastagens brasileiras (Jank et al., 2011). De acordo com Jank et al. (2008), esta é a espécie forrageira propagada por sementes mais produtiva do mercado brasileiro e tem capacidade de se adaptar a vários tipos de solo e clima. As cultivares de *P. maximum* Mombaça e Tanzânia, lançadas pela Embrapa Gado de Corte e parceiros, ocupam, respectivamente, a segunda e terceira posição entre as sementes de forrageiras mais comercializadas no Brasil (ABRASEM, 2004), o que confirma a importância do programa de melhoramento dessa espécie. Apesar da existência de duas cultivares amplamente difundidas, o número de cultivares competitivas disponíveis para os produtores rurais ainda é pequeno.

Com o advento da realização de cruzamento entre plantas apomíticas e sexuais poliploidizadas, foi possível obter híbridos com grande potencial para serem lançados como novas cultivares. Além disso, devido à segregação do caráter modo reprodutivo em forrageiras, esses cruzamentos também resultam em progenitoras sexuais potenciais. Sabe-se que plantas de reprodução assexuada, seja vegetativa seja por apomixia, apresentam alto nível de heterozigose e que forrageiras apomíticas são poliploides, fatores que contribuem para grande segregação em cruzamentos.

O lançamento de forrageiras provenientes de programas de cruzamentos ainda é pouco comum no Brasil, mas, como a contribuição por meio do lançamento direto ou introdução de plantas é um processo finito, torna-se imprescindível a obtenção de genótipos superiores que combinem características de diversos progenitores. O método mais apropriado para o melhoramento de gramíneas forrageiras e também o mais adequado aos objetivos do programa é o esquema de seleção recorrente recíproca, em que o melhoramento da população sexual autotetraploide é realizado em função da capacidade de combinação com a população apomítica (Resende et al., 2004). Desse processo resultam genótipos que podem continuar sendo recombinados para elevação da média do caráter de interesse ou ainda, sendo de desempenho superior, podem ser selecionados e direcionados ao programa de avaliação de plantas forrageiras para futuro lançamento.

Neste programa, os genótipos são avaliados em três etapas. Na etapa inicial, há necessidade de obtenção da variabilidade genética, ou seja, de uma população base de genótipos introduzidos ou mesmo obtidos por meio de cruzamentos, para que seja feita seleção. A avaliação da capacidade adaptativa destes genótipos é realizada na etapa intermediária e na última etapa, são determinadas as interações com o ambiente, o valor de cultivo e uso (VCU) e as recomendações para o lançamento da nova planta

fornageira. Ao longo de todas essas etapas, também são realizados ensaios paralelos para determinação da resistência a doenças, exigência em fertilidade, produção de sementes e estudos de citogenética, informações que também serão importantes para a determinação do VCU (Resende et al., 2008).

As avaliações realizadas neste trabalho correspondem àquelas da primeira fase do programa de melhoramento, onde grande número de genótipos é avaliado sob cortes para que os indivíduos superiores entrem nas etapas subsequentes de avaliação.

De acordo com Jank et al. (1997), o objetivo com o melhoramento genético de *P. maximum* é selecionar, a partir da variabilidade introduzida ou gerada via cruzamentos, acessos apomíticos para lançamento e assim contribuir para diversificação das forrageiras nas pastagens no País. As características preconizadas no programa são elevada produção de forragem e de folhas, estacionalidade menos marcante, alta produção de sementes, bom valor nutritivo e resistência a pragas e doenças. Ainda de acordo com esses autores, outros objetivos podem ser listados, como selecionar acessos ou híbridos apomíticos que permitam a ampliação da adaptação da espécie às condições brasileiras; criar, a partir do melhoramento genético, híbridos que reúnam características como boa produção forrageira e crescimento estolonífero, presente em alguns acessos do banco de germoplasma; identificar acessos tolerantes ao sombreamento para utilização em sistemas silvipastoris; e caracterizar o germoplasma para utilização em programas de seleção e melhoramento genético.

Pode-se concluir, então, que o direcionamento de esforços ao desenvolvimento do melhoramento genético de forrageiras é fundamental para melhoria do setor pecuário brasileiro, o qual apresenta enorme potencial para expansão e que a espécie

*P. maximum* é alternativa viável para obtenção de novas cultivares mais adaptadas e competitivas.

## 1.2) Referências

ABRASEM. Associação Brasileira e sementes e mudas. Disponível em: <[www.abrasem.br](http://www.abrasem.br)>. Acesso em: março de 2008.

BORÉM, A.; MIRANDA, G.V. **Melhoramento de plantas**. 5.ed. Viçosa: Editora UFV, 2009, p.529.

IBGE. **Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística**. Disponível em: <[http://www.ibge.gov.br/home/presidencia/noticias/noticia\\_visualiza.php?id\\_noticia=1064&id\\_pagina=1](http://www.ibge.gov.br/home/presidencia/noticias/noticia_visualiza.php?id_noticia=1064&id_pagina=1)> Acesso em: 30 mar. 2008.

JANK, L. Melhoramento e seleção de variedades de *Panicum maximum*. In: SIMPÓSIO SOBRE MANEJO DA PASTAGEM, 12, Piracicaba, 1995, **Anais...** Piracicaba: FEALQ, 1995. p.21-58.

JANK, L.; CALIXTO, S.; COSTA, J.C.G. et al. **Catálogo de caracterização e avaliação de germoplasma de *Panicum maximum*: descrição morfológica e comportamento agrônômico**. Embrapa, Documentos, n.68, 53p. 1997.

JANK, L.; RESENDE, R.M.S.; VALLE, C.B.; et al. Melhoramento genético de *Panicum maximum*. In: RESENDE, R.M.S.; VALLE, C.B.; JANK, L. (Eds.) **Melhoramento de Forrageiras Tropicais**. 1.ed. Campo Grande: Embrapa, 2008. p.55-87.

JANK, L.; VALLE, C.B.; RESENDE, R.M.S. Breeding tropical forages. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**. Special edition 1, p.27-34, 2011.

RESENDE, R.M.S.; JANK, L.; VALLE, C.B. et al. Biometrical analysis and selection of tetraploid progenies of *Panicum maximum* using mixed model method. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.39, p.335-341, 2004.

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

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

## 2) REPETIBILIDADE DE CARACTERES AGRONÔMICOS EM HÍBRIDOS DE *Panicum maximum*

### 2.1) Resumo

Objetivou-se com este trabalho avaliar a repetibilidade de caracteres agronômicos em plantas e parcelas de híbridos de *Panicum maximum*. Foram avaliadas três progênies híbridas resultantes do cruzamento entre duas progenitoras sexuais e as cultivares Mombaça e Tanzânia. O experimento foi realizado em delineamento de blocos ao acaso com três parcelas por bloco e nove plantas por parcela. Avaliaram-se caracteres de produção: massa seca total, massa seca de folhas e de colmos e os caracteres morfoagronômicos: porcentagem de folhas, altura de planta, rebrotação e incidência de *Bipolaris maydis*. A massa seca de folhas proporcionou maior repetibilidade. As progênies foram semelhantes quanto às unidades de avaliação. Para os caracteres morfoagronômicos, a maior repetibilidade foi registrada para altura de planta. As progênies foram discrepantes quanto à repetibilidade dos caracteres rebrotação e à incidência de *B. maydis*. Seis colheitas são suficientes para proporcionar confiabilidade na seleção dos híbridos de *P. maximum* quanto à produção de massa seca total e de folhas e à incidência de *B. maydis*. A repetibilidade de cortes dos caracteres porcentagem de folhas e rebrotação é baixa. As progênies são discrepantes quanto à repetibilidade dos caracteres rebrotação e incidência de *B. maydis*. A avaliação de parcelas proporciona resultados ligeiramente superiores aos obtidos com a avaliação de plantas para todos os caracteres, excetuando-se a rebrota. O aumento da eficiência no processo de seleção implica aumento considerável no número de medições, sobretudo para os caracteres de baixa repetibilidade.

Termos para indexação: *Bipolaris maydis*, eficiência de seleção, medidas repetidas, produção de massa seca, rebrota

## Repeatability of agronomic traits in *Panicum maximum* hybrids

### 2.2) Abstract

This study was carried out with the aim to evaluate the repeatability of agronomic characters in plants and plots of *Panicum maximum* hybrids. Three hybrid progenies from the crosses between two sexual plants and the commercial cultivars Mombaça and Tanzania were evaluated in a completely randomized block design with three plots per block and nine plants per plot. The yield characters: dry matter yield, leaf yield and stem yield (stems+sheath) and the agro-morphological characters: leaf percentage, plant height, regrowth and *Bipolaris maydis* incidence were evaluated. The leaf yield and dry matter yield had the highest repeatability followed by the other yield characters. The repeatability of evaluation unities were similar. In the agro-morphological characters, plant height had the highest repeatability. The progenies had different repeatabilities for regrowth and *B. maydis* incidence. Six harvests are enough to select *P. maximum* hybrid individuals or plots for dry matter yield, leaf yield and *B. maydis* incidence. The repeatabilities of harvests for leaf percentage and regrowth is low. The progenies are divergent for regrowth and *B. maydis* incidence repeatability. The evaluation of plots and plants provides similar gains for all characters in exception to regrowth. A higher number of repeated measures are needed to increase the selection efficiency in *P. maximum* especially in the characters which have low repeatability.

Index terms: *Bipolaris maydis*, repeated measures, selection efficiency, dry matter yield, regrowth

### 2.3) Introdução

Nos últimos 40 anos, a área de pastagens cultivadas no Brasil aumentou de 29,7 para 101,4 milhões de hectares (SIDRA-IBGE). Este aumento se deu principalmente pelo avanço da fronteira agrícola e pela substituição de pastagens

nativas por forrageiras exóticas. Contudo, grande parte destas áreas encontra-se estabelecida com poucas cultivares de reprodução apomítica, representando extensos monocultivos clonais pouco variáveis e extremamente vulneráveis geneticamente (Valle et al., 2009).

A diversificação por meio do lançamento de forrageiras mais adaptadas e competitivas torna-se fundamental para atenuar os problemas causados pelo monocultivo. Nesse sentido a espécie *Panicum maximum* Jacq. constitui excelente opção para a diversificação e intensificação das pastagens brasileiras, uma vez que encontra-se bastante difundida entre os pecuaristas e é considerada uma das mais produtivas e competitivas no contexto da pecuária nacional (Jank et al., 2008).

O melhoramento genético de forrageiras via introdução de acessos vem sendo utilizado como principal forma de lançamento de novas cultivares (Jank et al., 2011). Entretanto, apesar de mais simples e rápido, este método tem ganhos finitos, visto que se baseia apenas na avaliação da capacidade adaptativa de acessos coletados na natureza. O melhoramento de forrageiras via recombinação genética passa, portanto, a se constituir na melhor opção na geração de novas cultivares mais competitivas (Valle et al., 2009).

No processo de avaliação de plantas, em especial as perenes, é comum a realização de medidas repetidas em determinado caráter no mesmo indivíduo. Este tipo de avaliação tem por objetivo inferir sobre a capacidade do genótipo em repetir seu desempenho ao longo de sucessivas avaliações. O grau de correlação entre as medidas repetidas no mesmo indivíduo no tempo ou espaço define estatisticamente o coeficiente de repetibilidade (Cruz et al., 2004).

Em plantas perenes propagadas por apomixia (reprodução clonal), a estimativa do coeficiente de repetibilidade indica o nível de influência dos efeitos permanentes

sobre a variação fenotípica observada e permite a predição do desempenho dos indivíduos (Falconer & Mackay, 1996; Di Renzo et al., 2000). Além disso, a repetibilidade expressa o valor máximo que a herdabilidade no sentido amplo pode atingir, pois expressa a proporção da variância fenotípica que é atribuída às diferenças genéticas confundidas com os efeitos permanentes que atuam na cultivar ou progênie. Nesse contexto, o coeficiente de repetibilidade vai se aproximar do coeficiente de herdabilidade quando a variância proporcionada pelos efeitos permanentes de meio for reduzida. Portanto, a repetibilidade constitui referência indispensável para orientar os trabalhos de melhoramento (Cruz et al., 2004; Shimoya et al., 2002).

Assim, objetivou-se com este trabalho avaliar a repetibilidade de caracteres agronômicos em plantas e parcelas de híbridos de *Panicum maximum*.

#### **2.4) Material e Métodos**

O experimento foi realizado na Embrapa Gado de Corte no município de Campo Grande, Mato Grosso do Sul, a 20°27' de latitude e 54°57' de longitude. O clima, segundo a classificação de Köppen, é do tipo tropical chuvoso de savana, subtipo Aw, caracterizado por distribuição anual irregular das chuvas e pela ocorrência bem definida do período seco durante os meses frios e do período chuvoso durante o verão. Durante o período experimental, dados climáticos foram registrados (Figura 1).

Foram avaliados indivíduos híbridos de três progênies de irmãos completos de *P. maximum*. Esses híbridos foram obtidos por meio do cruzamento entre quatro progenitores potenciais, as plantas-mãe sexuais S10 e S12 e as cultivares apomíticas Mombaça e Tanzânia, que foram doadoras de pólen. A progênie 1 foi resultante do

cruzamento entre a planta sexual S10 e o capim-tanzânia, a progênie 2, foi resultante do cruzamento entre a mesma planta sexual e o capim-mombaça e a progênie 3, resultante do cruzamento entre a progenitora sexual S12 e o capim-tanzânia.

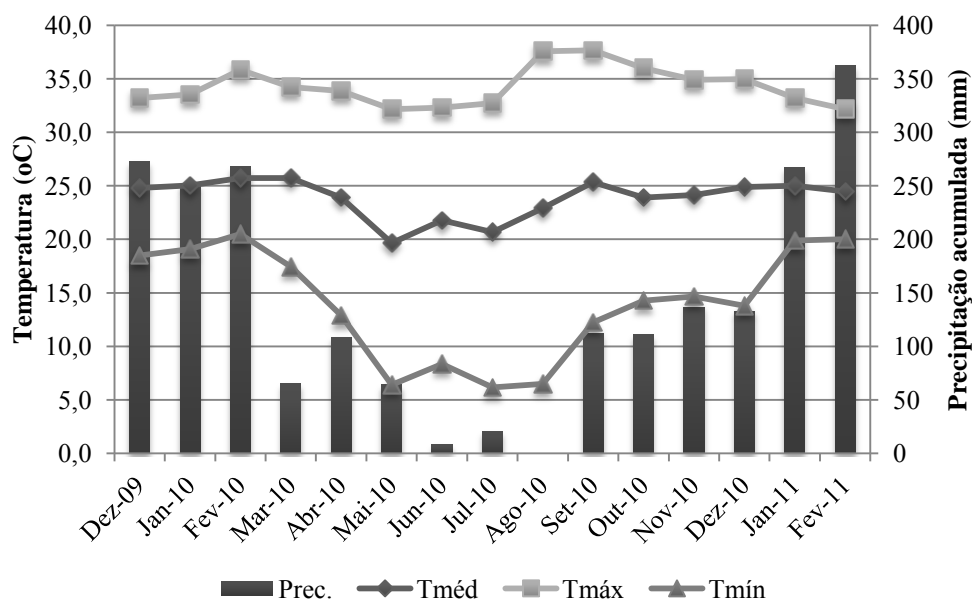


Figura 1 – Precipitação acumulada (Prec.), temperaturas médias (Tméd), máximas (Tmáx) e mínimas (Tmín) registradas durante o período experimental.

Fonte: estação meteorológica da Embrapa Gado de Corte

As sementes foram obtidas por meio de blocos de policruzamento em maio e junho de 2007, quando as plantas-mães poliploidizadas foram colocadas em meio a parcelas de 25 m<sup>2</sup> estabelecidas com os progenitores para aumentar a densidade de pólen e reduzir a autofecundação. As sementes foram germinadas em dezembro de 2007 e transplantadas para sacos plásticos em casa-de-vegetação em fevereiro de 2008, onde permaneceram até apresentar crescimento suficiente para que fossem transplantadas para o campo, em novembro de 2008.

Efetuuou-se a análise química do solo amostrado na área experimental na camada de 0 a 20 cm, que apresentou os seguintes características químicas: pH em água (relação 1:2,5) = 5,10; P-Mehlich<sup>-1</sup> = 2,61 mg/dm<sup>3</sup>; K<sup>+</sup> = 17,70 mg/dm<sup>3</sup>; Ca<sup>2+</sup> =

6,56 cmol<sub>c</sub>/dm<sup>3</sup>; Mg<sup>2+</sup> = 1,62 cmol<sub>c</sub>/dm<sup>3</sup>; Al<sup>3+</sup> = 0,11 cmol<sub>c</sub>/dm<sup>3</sup>; H + Al = 3,01 cmol<sub>c</sub>/dm<sup>3</sup>, V% = 57,17; m% = 2,70; e MO = 3,24 dag/kg. De acordo com os resultados desta análise, efetuou-se durante o estabelecimento das parcelas no campo, a aplicação do equivalente a 120 kg/ha de P<sub>2</sub>O<sub>5</sub> na forma de superfosfato simples. A área onde o experimento foi implantado foi preparada pelo método convencional, com aração, aplicação de calcário e gradagem ao final da estação das águas anteriores à transplantação das mudas para o campo. Durante o período experimental, as plantas receberam anualmente a aplicação de 100 kg/ha de N, 100 kg/ha de K<sub>2</sub>O e 100 kg/ha de P<sub>2</sub>O<sub>5</sub>. Estas adubações foram realizadas no período das águas.

Após o estabelecimento, obteve-se número final de 108 híbridos para a progênie 1, 167 híbridos para a progênie 2 e 45 híbridos para a progênie 3, totalizando 320 genótipos, que foram posteriormente clonados e avaliados em teste clonal no delineamento de blocos incompletos com 320 tratamentos e duas repetições. Os blocos foram constituídos por três parcelas lineares de nove plantas (touceiras), num total de 32 blocos. Cada parcela corresponde a uma das progênies listadas acima. Na bordadura, utilizaram-se plantas de capim-mombaça. Tanto entre as plantas dentro da linha quanto entre as linhas, o espaçamento foi de um metro.

Os indivíduos híbridos foram manejados por meio de cortes na altura de 25 cm do nível do solo realizados nos dias 26/01/10, 08/03/10, 05/06/10, 05/10/10, 18/11/10, 29/12/10 e 03/02/11. O corte realizado em 05/06/2010 não foi avaliado, pois ocorreu logo após o pleno florescimento dos híbridos, época em que também foi realizada a colheita das sementes para estudos futuros. A cada corte, a forragem foi colhida, pesada e posteriormente amostrada. Nas amostras realizou-se a separação dos componentes morfológicos lâminas foliares, colmos + bainhas e forragem morta, que, depois, foram desidratados para determinação do peso seco e de sua participação

relativa na composição morfológica das amostras. Foram avaliadas as seguintes características agronômicas: produção de massa seca total (MST – g/planta), massa seca de folhas (MSF – g/planta) e de colmos + bainhas (MSC – g/planta) e a porcentagem de folhas (%F). A %F foi estimada por meio do quociente entre a massa seca de lâminas foliares e a soma da massa seca de lâminas e de colmos+bainhas provenientes da separação morfológica, ou seja, é o quociente entre a massa seca de lâminas e a massa seca verde. Além destas, também foram avaliadas a altura das plantas (ALT – cm), rebrotação (REB) e a incidência do fungo *Bipolaris maydis* (IBM).

A altura foi mensurada no dia anterior ao corte das plantas e determinada por meio de régua milimetrada.

As avaliações da rebrotação foram realizadas sete dias após os cortes. Esse valor integra duas outras características: densidade e velocidade. A densidade de rebrotação foi avaliada por meio da atribuição de notas de 1 a 5, sendo 1 correspondente à rebrotação de 0 a 20% dos perfilhos e 5 correspondente à rebrotação de 80 a 100% dos perfilhos. Já a velocidade de rebrotação foi determinada atribuindo-se os valores -1 (lenta), 0 (média) e 1 (alta). Pela soma das duas, obteve-se o valor da rebrotação da planta, que variou de 0 a 6.

Para avaliação da incidência do fungo *B. maydis* (IBM), também utilizou-se avaliação subjetiva, com atribuição de notas de 1 a 5, sendo 1 correspondente a 0 a 20% de incidência e 5 correspondente a 80 a 100% de incidência. Esta avaliação também foi realizada no dia anterior ao corte das plantas.

Os caracteres foram divididos em caracteres de produção (MST, MSF e MSC) e caracteres morfoagronômicos (%F, ALT, REB e IBM) com o objetivo de facilitar a discussão dos resultados.

A estimativa do coeficiente de repetibilidade foi obtida utilizando-se os métodos da análise de variância (ANOVA), análise dos componentes principais com base na matriz de variâncias e covariâncias fenotípicas (CPCOV), análise dos componentes principais com base na matriz de correlações intraclassa (CPCOR) e o método da análise de fatores baseada na matriz de correlações (AFCOR), conforme descrito em Cruz et al. (2004).

Para estimação do coeficiente de repetibilidade pelo método da ANOVA, utilizou-se o modelo estatístico com duas fontes de variação:

$$Y_{ij} = \mu + g_i + a_j + e_{ij}$$

em que  $\mu$  = média geral;  $g_i$  = efeito aleatório do  $i$ -ésimo indivíduo híbrido sob a influência do ambiente permanente;  $a_j$  = efeito fixo do ambiente na  $j$ -ésima medição;  $e_{ij}$  = efeito do ambiente temporário associado à  $j$ -ésima medição no  $i$ -ésimo genótipo. Para este modelo, o coeficiente de repetibilidade foi determinado por:

$$r = \frac{\text{cov}(Y_{ij}, Y_{ij'})}{\sqrt{V(Y_{ij}, Y_{ij'})}} = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}^2 + \hat{\sigma}_g^2}$$

em que  $\hat{\sigma}_g^2$  é a covariância entre as medidas repetidas em cada genótipo e  $\hat{\sigma}^2$  é a variância residual.

Pelo método da análise de componentes principais, estimou-se o coeficiente de repetibilidade com base na matriz de variâncias e covariâncias fenotípicas e na matriz de correlações fenotípicas. O método da matriz de correlações foi proposto por Abeywardena (1972) e baseia-se na obtenção da matriz de correlações entre as

medidas repetidas e posterior estimação dos autovalores e autovetores normalizados. Entre os autovetores estimados, identifica-se aquele que possui elementos com mesmo sinal e magnitudes próximas, pois é aquele que melhor expressa a tendência dos genótipos em manter suas posições relativas nos vários períodos de tempo. O coeficiente foi estimado por:

$$r = \frac{\hat{\lambda}_1 - 1}{\eta - 1}$$

em que  $\hat{\lambda}_1$  é o autovalor da matriz de correlações associado ao autovetor cujos elementos tem mesmo sinal e magnitude semelhante; e  $\eta$  é o número de medições.

Pelo método baseado na matriz de variâncias e covariâncias fenotípicas, o coeficiente de repetibilidade foi obtido por:

$$r = \hat{\rho} = \frac{\hat{\lambda}_1 - \hat{\sigma}_Y^2}{\hat{\sigma}_Y^2(\eta - 1)}$$

em que  $\hat{\lambda}_1$  é o autovalor da matriz de variâncias e covariâncias fenotípicas associado ao autovetor cujos elementos tem o mesmo sinal e magnitude semelhante,  $\sigma_Y^2 = \sigma_g^2 + \sigma^2$  a variância fenotípica do caráter Y.

O método da análise estrutural baseou-se apenas na matriz de correlações e foi estimado por:

$$r = \frac{2}{\eta(\eta - 1)} \sum_j \sum_{<j'} r_{jj'}$$

Neste caso, o estimador do coeficiente de repetibilidade corresponde à média aritmética das correlações fenotípicas entre genótipos, considerando cada par de medições.

Para cada característica, o número mínimo de medições necessárias para se obter eficiência no processo de seleção, baseando-se em coeficientes de determinação predeterminados (85, 90, 95 e 99%), foi estimado por:

$$\eta_o = \frac{R^2(1 - r)}{(1 - R^2)r}$$

em que,  $\eta_o$  é o número de medidas necessárias para obtenção do coeficiente de determinação desejado ( $R^2$ ); e  $r$  é o coeficiente de repetibilidade estimado.

Os coeficientes de repetibilidade e o número de colheitas para obtenção de níveis predefinidos de determinação foram estimados em nível de planta e de parcela (média dos indivíduos da linha) para a realização de comparações entre as formas de avaliação dos genótipos.

Todas as análises foram realizadas por meio do programa computacional GENES na seção Biometria (Aplicativo Computacional em Genética e Estatística) (Cruz, 2006).

#### **2.4) Resultados e Discussão**

Para os caracteres de produção, os coeficientes de repetibilidade oscilaram entre 0,265, para a massa seca de colmo (MSC) avaliada em plantas da progênie 2 segundo método da ANOVA e 0,906 para a massa seca de folhas (MSF) avaliada em parcelas da progênie 3 pelo método da análise de componentes principais baseado na matriz de variâncias e covariâncias (CPCOV) (Tabela 1).

Tabela 1. Estimativa dos coeficientes de repetibilidade e determinação (entre parênteses) das características produção de massa seca total (MST), massa seca de folhas (MSF) e massa seca de colmos (MSC) avaliados de acordo com os métodos de análise de variância (1), componentes principais - covariância (2), componentes principais - correlação (3) e análise estrutural (4) em híbridos de *Panicum maximum*

Variáveis	Progênie 1		Progênie 2		Progênie 3		Experimento		
	Planta	Parcela	Planta	Parcela	Planta	Parcela	Planta	Parcela	
MST (g/planta)	1	0,520(86,68)	0,507(86,07)	0,536(87,41)	0,441(82,55)	0,607(90,24)	0,686(92,92)	0,581(89,28)	0,624(90,86)
	2	0,637(91,34)	0,633(91,19)	0,608(90,30)	0,553(88,14)	0,758(94,94)	0,883(97,83)	0,681(92,76)	0,774(95,35)
	3	0,626(90,94)	0,574(88,99)	0,607(90,25)	0,512(86,31)	0,701(93,36)	0,842(96,97)	0,668(92,35)	0,740(94,44)
	4	0,624(90,87)	0,566(88,69)	0,598(89,94)	0,492(85,31)	0,698(93,26)	0,841(96,95)	0,665(92,27)	0,737(94,39)
MSF (g/planta)	1	0,540(87,58)	0,523(86,81)	0,565(88,65)	0,478(84,62)	0,637(91,33)	0,728(94,15)	0,614(90,51)	0,675(92,58)
	2	0,651(91,81)	0,642(91,49)	0,642(91,50)	0,596(89,83)	0,769(95,22)	0,906(98,29)	0,705(93,48)	0,801(96,02)
	3	0,653(91,86)	0,631(91,13)	0,636(91,31)	0,536(87,39)	0,746(94,62)	0,875(97,67)	0,703(93,42)	0,790(95,75)
	4	0,650(91,77)	0,622(90,79)	0,629(91,06)	0,521(86,71)	0,743(94,56)	0,874(97,65)	0,701(93,36)	0,789(95,73)
MSC (g/planta)	1	0,274(69,38)	0,331(74,81)	0,265(68,44)	0,280(69,96)	0,327(74,50)	0,371(77,99)	0,281(70,19)	0,305(72,47)
	2	0,555(88,22)	0,609(90,35)	0,486(85,02)	0,535(87,35)	0,632(91,17)	0,670(92,41)	0,533(87,26)	0,614(90,53)
	3	0,404(80,24)	0,419(81,23)	0,358(76,98)	0,423(81,49)	0,446(82,88)	0,545(87,81)	0,380(78,59)	0,421(81,38)
	4	0,396(79,71)	0,383(78,86)	0,348(76,23)	0,312(73,13)	0,419(81,22)	0,460(83,64)	0,371(77,97)	0,375(78,23)

Para a massa seca total (MST), observaram-se coeficientes variando entre 0,441, para as parcelas da progênie 2 avaliadas pelo método da ANOVA, a 0,883 para as parcelas da progênie 3 avaliadas pelo método da análise de componentes principais baseado na matriz de correlações (CPCOR). Quando consideradas todas as plantas no experimento, foram observados para esta característica coeficientes variando entre 0,581 e 0,681 para as plantas e entre 0,624 e 0,774 para parcelas, ambos estimados pelos métodos da ANOVA e CPCOV, respectivamente. Maior eficiência para esta característica foi observada na seleção de parcelas da progênie 3 onde 6 cortes proporcionaram coeficiente de determinação de até 97,83% (Tabela 1). Entretanto, independentemente do método utilizado, da progênie e da unidade de avaliação (plantas ou parcelas), o coeficiente de determinação foi maior que 82,55% e, em quase sua totalidade, foi superior a 90%, o que indica que a eficiência na seleção de híbridos de *P. maximum* é alta e que seis cortes são suficientes para proporcionar confiabilidade na predição do padrão de resposta dos diferentes genótipos quanto à produção total de massa seca. Esta característica é importante para o melhoramento e tem sido utilizada como forma de aumentar diretamente os índices produtivos das pastagens brasileiras (Valle et al., 2009).

Altos coeficientes de repetibilidade também foram observados para a variável MSF, os quais oscilaram de 0,478, para as parcelas da progênie 2 segundo o método da ANOVA, a 0,906, para as parcelas da progênie 3 segundo o método CPCOV (Tabela 1). Quando se consideraram todas as plantas do experimento, a repetibilidade da MSF oscilou entre 0,614 para plantas no método da ANOVA a 0,801 para parcelas no método CPCOV.

De maneira geral, a repetibilidade de plantas e de parcelas para MSF foi semelhante à da MST. Provavelmente, isso se deve à grande proporção de folhas na forragem amostrada. Os resultados observados neste estudo corroboram aqueles

relatados por Martuscello et al. (2007), em que os coeficientes de repetibilidade da MSF variaram de 0,704 a 0,861 em famílias de meios-irmãos de *P. maximum* avaliadas em cinco cortes, e por Basso et al. (2009), que obtiveram, com seis colheitas, coeficientes de repetibilidade entre 0,73 e 0,84 para genótipos de *Brachiaria brizantha* avaliados em diferentes campos. A MSF também é importante no melhoramento de forrageiras, uma vez que as folhas concentram maior parte dos nutrientes exigidos pelos herbívoros, que também se encontram mais biodisponíveis. Nesse sentido, a seleção para MSF tem a vantagem de melhorar o valor nutritivo da forragem, além de aumentar diretamente a produtividade da pastagem. A realização de seis medidas repetidas foi suficiente para manter o coeficiente de determinação acima de 90% para a maioria das situações (Tabela 1).

Em geral, a repetibilidade da MSC foi considerada de baixa a média magnitude e variou de 0,265, para as plantas da progênie 2 segundo o método da ANOVA, a 0,670, para as parcelas da progênie 3 segundo método da CPCOV (Tabela 1). Provavelmente, as diferenças nas condições climáticas ao longo dos cortes realizados tiveram grande influência sobre a produção de colmos, que tendeu a proporcionar menor confiabilidade na sua seleção, que é negativa. Este resultado é confirmado pelo fato de que, em parcelas colhidas sob períodos fixos de rebrotação, ocorrem condições contrastantes de clima, como as altas temperaturas e precipitação do verão e redução das mesmas no período de transição águas-seca e da seca. Assim, as plantas que rebrotaram sob maior temperatura e precipitação atingiram precocemente o índice de área foliar crítico e tiveram desenvolvimento excessivo de colmos, enquanto as que rebrotaram sob condições menos favoráveis ainda direcionavam a partição dos fotoassimilados para a produção de folhas.

A participação dos colmos na composição morfológica da forragem não tem sido utilizada diretamente no melhoramento, entretanto a seleção para %F permite obter ganhos indiretos nesta variável.

Entre os métodos de avaliação, o método da ANOVA proporcionou menor repetibilidade em comparação aos demais, cujos valores foram bastante semelhantes para a maioria das variáveis, exceto para a MSC. Padrão de resposta semelhante também foi observado por Cargnelutti Filho et al. (2004), Martuscello et al. (2007) e Lédo et al. (2008) para genótipos de *P. maximum*. De acordo com Martuscello et al. (2007), diferenças entre as estimativas do coeficiente de repetibilidade pelos métodos utilizados indicam a necessidade de utilização de vários métodos disponíveis para se obter um intervalo preciso dentro do qual, com maior probabilidade, seja encontrado o valor real do parâmetro. Por outro lado, a identificação de métodos mais apropriados para avaliação de caracteres forrageiros também pode ser utilizada como estratégia para melhorar a estimativa do parâmetro.

Em geral, quando se compararam as unidades de avaliação para o caráter MST, a repetibilidade de plantas e parcelas foi semelhante na progênie 1, ligeiramente menor para as plantas da progênie 2 e ligeiramente maior para as parcelas da progênie 3, padrão de resposta que persistiu na avaliação de todas as plantas do experimento. Este padrão também foi observado para os caracteres MSF e MSC. Entretanto, para MSC a diferença entre as unidades de avaliação foram ainda menores.

A observação de pequenas diferenças entre a repetibilidade de plantas e de parcelas indica que, em *P. maximum*, ambas as estratégias de avaliação proporcionam ganhos semelhantes em caracteres de produção. Isso tem implicações diretas no melhoramento desta espécie, uma vez que, tanto a seleção de famílias, muitas vezes

avaliada por meio da média da parcela, quanto a seleção dos próprios indivíduos podem ser realizadas com semelhante confiabilidade.

As diferenças entre progênies foram mais marcantes, de modo que as parcelas da progênie 3 proporcionaram repetibilidade substancialmente maior que as demais avaliadas nas mesmas condições (Tabela 1). Possivelmente, houve maior variabilidade genética entre as parcelas desta progênie e, também, estabilidade de resposta ao longo das medidas repetidas.

Entre os caracteres morfoagronômicos, os coeficientes de repetibilidade oscilaram entre 0,059 para incidência de *B. maydis* IBM nas plantas da progênie 2 avaliado segundo o método da ANOVA e 0,873 para IBM nas parcelas avaliadas considerando-se todas plantas do experimento, segundo metodologia de CPCOV (Tabela 2).

Para a %F, a repetibilidade oscilou entre 0,118, nas plantas da progênie 1 pelo método da ANOVA, e 0,645 nas parcelas da progênie 3 pelo método CPCOV. Amplitude de 0,154 a 0,340 foi observada na avaliação de plantas e parcelas no experimento. Estes resultados não corroboram aqueles descritos por Martuscello et al. (2007), que obtiveram repetibilidade individual bem mais alta, variando entre 0,6386 e 0,7067 para %F em híbridos meios-irmãos de *P. maximum*. Já Lédo et al. (2008) observaram coeficientes mais próximos ao deste estudo na avaliação de 23 genótipos de *P. maximum* em 15 cortes. De acordo com esses autores, a repetibilidade da %F varia entre 0,167 a 0,392 para os mesmos métodos de estimação da repetibilidade utilizados neste estudo.

Tabela 2. Estimativa dos coeficientes de repetibilidade e determinação (entre parênteses) dos caracteres: porcentagem de folhas (%F), altura de planta (ALT), rebrotação (REB) e incidência de *B. maydis* (IBM) avaliados de acordo com os métodos de análise de variância (1), componentes principais - covariância (2), componentes principais - correlação (3) e análise estrutural (4)

Variáveis		Progênie 1		Progênie 2		Progênie 3		Experimento	
		Planta	Parcela	Planta	Parcela	Planta	Parcela	Planta	Parcela
%F	1	0,118(44,50)	0,141(49,52)	0,221(62,98)	0,270(68,98)	0,289(70,93)	0,270(68,91)	0,154(52,13)	0,192(58,81)
	2	0,287(70,68)	0,395(79,66)	0,346(76,02)	0,436(82,29)	0,455(83,36)	0,645(91,59)	0,236(64,93)	0,366(77,61)
	3	0,226(63,68)	0,387(79,14)	0,241(65,59)	0,377(78,42)	0,321(73,94)	0,463(83,82)	0,252(66,86)	0,340(75,58)
	4	0,173(55,58)	0,174(55,75)	0,213(61,92)	0,240(65,47)	0,274(69,31)	0,177(56,25)	0,191(58,69)	0,201(60,10)
ALT (cm)	1	0,607(86,06)	0,301(63,26)	0,534(82,07)	0,567(83,99)	0,534(82,07)	0,626(86,99)	0,651(88,20)	0,775(93,23)
	2	0,654(88,32)	0,500(79,98)	0,558(83,49)	0,631(87,24)	0,571(84,19)	0,681(89,51)	0,684(89,63)	0,818(94,73)
	3	0,638(87,56)	0,332(66,54)	0,570(84,13)	0,625(86,93)	0,600(85,72)	0,714(90,90)	0,684(89,64)	0,814(94,61)
	4	0,636(87,46)	0,320(65,30)	0,567(83,97)	0,623(86,85)	0,594(85,39)	0,709(90,68)	0,682(89,55)	0,814(94,58)
REB	1	0,389(65,66)	0,090(22,87)	0,296(55,77)	0,298(55,96)	0,374(64,20)	0,660(85,36)	0,385(65,22)	0,501(75,06)
	2	0,390(65,70)	0,155(35,57)	0,446(70,75)	0,580(80,56)	0,460(71,84)	0,679(86,37)	0,430(69,33)	0,502(75,12)
	3	0,399(66,60)	0,216(45,25)	0,302(56,49)	0,321(58,65)	0,385(65,21)	0,680(86,46)	0,387(65,45)	0,502(75,16)
	4	0,394(66,11)	0,103(25,69)	0,280(53,86)	0,254(50,55)	0,368(63,61)	0,679(86,40)	0,377(64,52)	0,501(75,09)
IBM	1	0,549(85,89)	0,531(84,96)	0,059(23,98)	0,101(36,06)	0,751(93,78)	0,810(95,53)	0,705(92,29)	0,842(96,38)
	2	0,580(87,35)	0,575(87,12)	0,381(75,47)	0,603(88,37)	0,773(94,45)	0,838(96,28)	0,733(93,20)	0,873(97,17)
	3	0,559(86,38)	0,566(86,68)	0,115(39,39)	0,195(54,76)	0,763(94,16)	0,820(95,80)	0,717(92,67)	0,861(96,87)
	4	0,555(86,17)	0,553(86,06)	0,062(24,84)	0,043(18,47)	0,763(94,14)	0,818(95,74)	0,715(92,60)	0,860(96,86)

A repetibilidade do caráter %F foi considerada de baixa a média magnitude (Tabela 2). Este resultado também pode ser explicado pela oscilação nas condições climáticas ao longo das medidas repetidas. Nesse sentido, para melhorar a confiabilidade na seleção deste caractere, podem ser sugeridas duas estratégias: o aumento direto do número de medições e o uso das medições realizadas nas águas e na seca como duas variáveis distintas. Esse enfoque tem sido dado em alguns trabalhos sobre melhoramento de forrageiras no Brasil (Ferreira et al., 1999; Botrel et al., 2000; Martuscello et al., 2009; Ferreira et al., 2010).

O coeficiente de determinação da %F também foi baixo, o que indica que as seis medidas não foram suficientes para proporcionar confiabilidade na seleção tanto dos indivíduos quanto das parcelas (Tabela 1). Os baixos coeficientes de repetibilidade observados indicam que esta variável também possui baixa herdabilidade, uma vez que a repetibilidade expressa o valor máximo que a herdabilidade pode assumir (Falconer & Mackay, 1996). Apesar disso, a %F é essencial no melhoramento de forrageiras e, sendo um caráter de baixa repetibilidade em híbridos irmãos-completos de *P. maximum*, pode ser melhorada por meio de estratégias como a resposta correlacionada, uma vez que esta variável correlaciona-se com a MSF, caráter de maior confiabilidade na predição do desempenho nesse e em diversos outros estudos (Cargnelutti Filho et al., 2004; Martuscello et al., 2007; Léo et al., 2008).

Os coeficientes de repetibilidade do caráter altura de planta foram de moderados a altos, com amplitude de 0,301 para as parcelas da progênie 1 avaliadas pelo método da ANOVA a 0,818 para as parcelas avaliadas considerando todos genótipos do experimento segundo metodologia de CPCOV. Apesar disso, para todos os métodos, unidades de avaliação e progênes, a repetibilidade foi superior a 0,50, com exceção das parcelas da

progênie 1, onde a repetibilidade oscilou em torno de 0,30. O baixo coeficiente de repetibilidade para as parcelas da progênie 1 pode ser indicativo de que existe maior variabilidade para este caráter entre os indivíduos dentro desta progênie que entre as parcelas, uma vez que a repetibilidade é estimada por meio do quociente entre a covariância entre as medidas repetidas em mesmo genótipo e a variância fenotípica, ou seja, é a fração da variância fenotípica que é explicada pela variação entre os genótipos confundida com o efeito permanente de meio ambiente.

Quando consideradas todas as plantas do experimento, observou-se repetibilidade em torno de 0,68 para as plantas e de 0,80 para as parcelas. Esses resultados indicam que a seleção para altura realizada nas plantas ou parcelas do experimento proporciona alta eficiência, com coeficientes de determinação de 0,89 e 0,94, respectivamente. Léo et al. (2008) observaram coeficientes de repetibilidade entre 0,603 e 0,748 para altura de parcelas estabelecidas com acessos de *P. maximum* avaliados por diferentes metodologias de estimação em 15 colheitas.

Os coeficientes de repetibilidade do caráter rebrotação tiveram amplitude de 0,090, para as parcelas da progênie 1 avaliadas sob metodologia da ANOVA, a 0,680, para as parcelas da progênie 3 avaliadas pela metodologia CPCOR (Tabela 2). Para essa variável, maiores diferenças entre as progênies e as unidades de avaliação foram observadas. Nesse sentido, a repetibilidade de plantas foi substancialmente maior que a de parcelas na progênie 1. Essa observação pode ser justificada pela ocorrência de maior variabilidade dentro da progênie que entre parcelas. Por outro lado, não foram observadas diferenças entre as unidades de avaliação da progênie 2. Já a progênie 3 foi aquela que proporcionou maiores repetibilidades e substancial diferença entre parcelas e plantas. Nesta progênie, a

repetibilidade de parcelas foi maior, com valores em torno de 0,68 contra valores em torno de 0,40 para as plantas (Tabela 2).

Quando o coeficiente de repetibilidade foi estimado para todas plantas e parcelas do experimento, houve menor diferença entre as unidades de avaliação, de modo que plantas e parcelas tiveram repetibilidade em torno de 0,4 e 0,5 respectivamente (Tabela 2). Esses resultados levaram a coeficientes de determinação de, aproximadamente, 66 e 75% para plantas e parcelas e indicam que a seleção para rebrotação necessita de mais medições para que seja feita de forma eficiente. A repetibilidade do caráter rebrotação também foi avaliada por Basso et al. (2009) em acessos de *B. brizantha* em quatro campos estabelecidos em regiões distintas. Esses autores observaram coeficientes de repetibilidade oscilando entre 0,70 e 0,85 para seis medições nos diferentes campos.

Os coeficientes de repetibilidade para IBM foram em geral altos, excetuando-se a progênie 2, e oscilaram entre 0,531 para as parcelas da progênie 1 avaliadas pelo método da ANOVA a 0,873 para as parcelas da progênie 3 pelo método de CPCOV.

Na progênie 2, os coeficientes oscilaram entre 0,059 e 0,381 para as plantas, pelos métodos de ANOVA e CPCOV, respectivamente e entre 0,043 e 0,603 para as parcelas, pelos métodos da análise estrutural baseada na matriz de correlações (AECOR) e CPCOV, respectivamente (Tabela 2). Os baixos valores estimados pelo método da ANOVA podem ser explicados pela pequena variabilidade para IBM dentro desta progênie, que se mostrou resistente a este patógeno com baixa ou nenhuma incidência entre seus híbridos. Isso pode ter levado a baixos valores para a covariância entre as medidas repetidas nos genótipos e parcelas. Este resultado indica que o capim-mombaça pode funcionar como fonte de resistência ao patógeno em programas de melhoramento.

As progênies 1 e 3, resultantes do cruzamento entre o capim-tanzânia e as progenitoras sexuais, segregaram para IBM devido à suscetibilidade do progenitor. Em geral observaram-se valores em torno de 0,55 para os diferentes métodos e unidades de avaliação da progênie 1 (Tabela 2). Nesta progênie, seis medidas foram suficientes para proporcionar 85% de eficiência na seleção. Já a progênie 3 teve repetibilidade de parcelas ligeiramente maior que de plantas e valores maiores que as progênies 1 e 2, o que permitiu coeficiente de determinação em torno de 95% para seis medições. Ao considerar todas as plantas no experimento, observou-se padrão de resposta semelhante ao da progênie 3 e alta eficiência na seleção das plantas e parcelas, com determinação em torno de 92 e 96%, respectivamente.

Resultados semelhantes também foram observados por Cargnelutti Filho et al. (2004) para relação folha:colmo em genótipos de *P. maximum*, um caráter também de baixa repetibilidade. Esses autores registraram coeficientes de repetibilidade e de determinação entre 0,17 e 0,667 e 62,14 e 94,12%, respectivamente, sendo os mais baixos estimados pelo método da ANOVA e os mais altos pelo método CPCOV.

Houve grande amplitude de variação entre os valores estimados da repetibilidade para as plantas e parcelas da progênie 2 (Tabela 2); os menores valores foram estimados pelo método da ANOVA e os maiores, pelo método CPCOV. Esses resultados podem ser explicados pelo fato do método da análise de componentes principais apresentar viés substancial quando o valor real do coeficiente de repetibilidade é baixo, como demonstrado por Mansour et al. (1981). Nessas condições, os métodos baseados na análise de componentes principais superestimam a repetibilidade. Entretanto, de maneira semelhante, o método da ANOVA proporcionou menores valores entre todos os métodos utilizados.

Segundo Cruz et al. (2004), o método da ANOVA pode conduzir, em alguns casos, a subestimativas da repetibilidade.

O aumento da eficiência no processo de seleção implicou aumento considerável no número de medições (Tabela 3) e isso indica que a tentativa de aumento da precisão além de 95% exigiria aumento substancial no número de medições em relação ao ganho em precisão, não justificando seu uso.

Para os caracteres MST e MSF, foram necessárias entre duas e nove avaliações para se obter eficiência de 90% na predição do valor genético dos indivíduos. Esse valor variou entre as unidades de seleção e entre as progênes avaliadas, entretanto, quando se considerou a avaliação conjunta de todos indivíduos do experimento, foram necessárias entre 3 e 5 colheitas para 90% de eficiência e entre 6 e 10 para 95% (Tabela 3). Essa diferença pode ser considerada moderada e sua aplicação depende dos objetivos do programa e também da disponibilidade de recursos. Daher et al. (2004) necessitaram de 17 colheitas para obter 90% de eficiência na seleção de genótipos de capim-elefante (*Pennisetum purpureum*) pelo método da análise de componentes principais baseado na matriz de correlações. Já para a variável MSC, os baixos coeficientes de repetibilidade (Tabela 1) levaram a maior número de medidas para melhorar a eficiência na discriminação dos genótipos (Tabela 3). Assim, para obtenção de 90% de eficiência na seleção desta variável, são necessárias entre 13 e 15 colheitas no experimento.

Tabela 3 - Número de medições das características produção de massa seca total (MST), massa seca de folhas (MSF), massa seca de colmos (MSC), porcentagem de folhas (%F), altura de planta (ALT), rebrotação (REB) e incidência de *B. maydis* (IBM) avaliadas de acordo com o método da análise de componentes principais baseada na matriz de correlações intraclasse em híbridos de *Panicum maximum*

Variáveis	R <sup>2</sup>	Progênie 1		Progênie 2		Progênie 3		Experimento	
		Planta	Parcela	Planta	Parcela	Planta	Parcela	Planta	Parcela
MST (g/planta)	0,85	3,4	4,2	3,7	5,4	2,4	1,1	2,8	2,0
	0,90	5,4	6,7	5,8	8,6	3,8	1,7	4,5	3,2
	0,95	11,4	14,1	12,3	18,1	8,1	3,6	9,4	6,7
	0,99	59,2	73,5	64,2	94,2	42,3	18,6	49,2	35,0
MSF (g/planta)	0,85	3,0	3,3	3,2	4,9	1,9	0,8	2,4	1,5
	0,90	4,8	5,3	5,1	7,8	3,1	1,3	3,8	2,4
	0,95	10,1	11,1	10,9	16,5	6,5	2,7	8,0	5,1
	0,99	52,7	57,8	56,5	85,7	33,8	14,2	41,8	26,4
MSC (g/planta)	0,85	8,4	7,9	10,2	7,7	7,0	4,7	9,3	7,8
	0,90	13,3	12,5	16,1	12,3	11,2	7,5	14,7	12,4
	0,95	28,1	26,3	34,1	25,9	23,6	15,8	31,1	26,1
	0,99	146,3	137,2	177,6	134,9	122,7	82,5	161,8	135,9
%F	0,85	19,4	9,0	17,8	9,4	12,0	6,6	16,9	11,0
	0,90	30,8	14,2	28,3	14,9	19,0	10,4	26,8	17,4
	0,95	65,0	30,0	59,8	31,4	40,2	22,0	56,5	36,8
	0,99	338,7	156,5	311,6	163,5	209,4	114,7	294,5	191,9
ALT (cm)	0,85	3,2	11,4	4,3	3,4	3,8	2,3	2,6	1,3
	0,90	5,1	18,1	6,8	5,4	6,0	3,6	4,2	2,1
	0,95	10,8	38,2	14,3	11,4	12,7	7,6	8,8	4,3
	0,99	56,3	199,2	74,7	59,5	66,0	39,6	45,8	22,6
REB	0,85	8,4	20,6	13,1	12,0	9,1	2,7	9,0	5,6
	0,90	13,4	32,7	20,8	19,0	14,4	4,2	14,3	8,9
	0,95	28,3	69,0	43,9	40,2	30,4	8,9	30,1	18,8
	0,99	147,5	359,4	228,7	209,4	158,4	46,5	156,8	98,2
IBM	0,85	4,5	4,4	43,6	23,4	1,8	1,2	2,2	0,9
	0,90	7,1	6,9	69,3	37,2	2,8	2,0	3,6	1,5
	0,95	15,0	14,6	146,2	78,5	5,9	4,2	7,5	3,1
	0,99	78,0	76,1	761,8	409,0	30,7	21,7	39,2	16,0

Para porcentagem de folhas, as seis medições realizadas não foram suficientes para atingir 85% de eficiência na seleção dos indivíduos híbridos ou parcelas. Nesse sentido, para se atingir este coeficiente de determinação, são necessárias entre 12 e 20 colheitas na seleção em plantas e entre sete e 11 colheitas na seleção em parcelas (Tabela 3).

Por outro lado, com os dados de ALT, sete colheitas proporcionam 90% de eficiência na seleção de plantas e parcelas, com exceção da progênie 1 (Tabela 3). Já para o caráter rebrotação, um grande número medidas deve ser tomado para se melhorar a eficiência em sua seleção, com exceção das parcelas da progênie 2. A IBM pode ser selecionada de forma eficiente nas progênies 1, 3 ou no experimento, de modo que duas a sete medidas são suficientes para promover 90% de confiabilidade na seleção das plantas ou parcelas, excetuando-se a progênie 2.

## **2.5) Conclusões**

Seis colheitas são suficientes para proporcionar confiabilidade na seleção dos híbridos de *P. maximum* quanto a produção de massa seca total, de folhas, incidência de *B. maydis* e altura de planta.

A repetibilidade de cortes dos caracteres porcentagem de folhas e rebrotação é baixa, o que torna necessário maior número de medidas repetidas para melhorar a eficiência na seleção dos indivíduos ou parcelas.

As progênies são discrepantes quanto à repetibilidade dos caracteres rebrotação e à incidência de *B. maydis*.

A avaliação de parcelas proporciona resultados ligeiramente melhores que a de plantas para todos os caracteres, excetuando-se a rebrotação, mas, tanto a seleção de indivíduos quanto a seleção de parcelas, proporciona semelhante eficiência em *P. maximum*.

## 2.6) Referências

ABEYWARDENA, V. An application of principal component analysis in genetics. **Journal of Genetics**, v.61, n.1, p.27-51, 1972.

BASSO, K.C.; RESENDE, R.M.S.; VALLE, C.B.; GONÇALVES, M.C.; LEMPP, B. Avaliação de acessos de *Brachiaria brizantha* Stapf. e estimativas de parâmetros genéticos para caracteres agronômicos. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v.31, n.1, p.17-22, 2009.

BOTREL, M.A.; FERREIRA, R.P.; CRUZ, C.D.; PEREIRA, A.V.; VIANA, M.C.M.; ROCHA, R.; MIRANDA, M. Estimativas de coeficiente de repetibilidade para produção de matéria seca em cultivares de alfafa, sob diferentes ambientes. **Revista Ceres**. v.47, n.274, p.651-663, 2000.

CARGNELUTTI FILHO, A.; CASTILHOS, Z.M.S; STORCK, L.; SAVIAN, J.F. Análise de repetibilidade de caracteres forrageiros de genótipos de *Panicum maximum*, avaliados com e sem restrição solar. **Ciência Rural**, v.34, n.3, p.723-729, 2004.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**: v.1. 3. ed. Viçosa:UFV. 2004. 480p.

CRUZ, C.D. **Programa Genes, Biometria**. 1.ed. Viçosa: Editora UFV, 2006. 382p.

DAHER, R.F.; MALDONADO, H.; PEREIRA, A.V.; AMARAL JUNIOR, A.T.; PEREIRA, M.G.; FERREIRA, C.F.; RAMOS, S.R.R.; TARDIN, F.D.; SILVA, M.P. Estimativas de parâmetros genéticos e de coeficientes de repetibilidade de caracteres forrageiros em clones de capim-elefante (*Pennisetum purpureum* Schum.). **Acta Scientiarum.Agronomy**, v.26, n.4, p.483-490, 2004.

DI RENZO, M.A.; IBAÑEZ, M.A.; BONAMICO, N.C.; POVERENE, M.M. Estimation of repeatability and phenotypic correlations in *Eragrostis curvula*. **Journal of Agricultural Science**, v.134, p.207-212, 2000.

FALCONER, D.S.; MAKCAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics**. 4.ed. Essex: Longman, 1996. 464p.

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

FERREIRA, R.P.; VASCONCELLOS, E.S.; CRUZ, C.D.; BARIONI JR, W.; RASSINI, J.B.; FREITAS, A.R.; VILELA, D.; MOREIRA, A. Determinação do coeficiente de repetibilidade e estabilização genotípica das características agronômicas avaliadas em genótipos de alfafa no ano de estabelecimento. **Revista Ceres**. v.57, n.5, p.642-647, 2010.

JANK, L.; RESENDE, R.M.S.; VALLE, C.B. Melhoramento genético de *Panicum maximum*. In: RESENDE, R.M.S.; VALLE, C.B.; JANK, L. (Eds.) **Melhoramento de Forrageiras Tropicais**. 1.ed. Campo Grande: Embrapa, 2008. p.55-87.

JANK, L.; VALLE, C.B.; RESENDE, R.M.S. Breeding tropical forages. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**. Special edition 1, p.27-34, 2011.

LÉDO, F.J.S.; PEREIRA, A.V.; SOBRINHO, F.S.; AUAD, A.M.; JANK, L.; OLIVEIRA, J.S. Estimativas de repetibilidade para caracteres forrageiros em *Panicum maximum*. **Ciência e Agrotecnologia**, v.32, n.4, p.1299-1303, 2008.

MANSOUR, H.; NORDHEIM, E.V.; RUTLEDGE, J.J. Estimators of repeatability. **Theoretical and applied genetics**, v.60, n.3, p.151-156, 1981.

MARTUSCELLO, J.A.; JANK, L.; FONSECA, D.M.; CRUZ, C.D.; CUNHA, D.N.F.V. Repetibilidade de caracteres agrônômicos em *Panicum maximum* Jacq.. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.36, n.6, p.1975-1981, 2007 (supl.).

MARTUSCELLO, J.A.; JANK, L.; FONSECA, D.M.; CRUZ, C.D.; CUNHA, D.N.F.V. Among and within family selection and combined half-sib family selection in *Panicum maximum* Jacq. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.38, n.10, p.1870-1877, 2009.

SHIMOYA, A.; PEREIRA, A.V.; FERREIRA, R.P.; CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. Repetibilidade de características forrageiras do capim-elefante. **Scientia Agricola**, v.59, n.2, p.227-234, 2002.

SISTEMA IBGE DE RECUPERAÇÃO AUTOMÁTICA. Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. Disponível em: <http://www.sidra.ibge.gov.br/bda/tabela/listabl.asp?z=t&o=1&i=P&e=1&c=264>. Acesso em: 15 de abril de 2011.

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

### 3) ESTABILIZAÇÃO GENOTÍPICA DE CARACTERES AGRONÔMICOS EM HÍBRIDOS DE *Panicum maximum*

#### 3.1) Resumo

Objetivou-se com este trabalho avaliar a estabilização genotípica de caracteres agronômicos em plantas e parcelas de híbridos de *Panicum maximum*. Foram avaliadas três progênies híbridas resultantes do cruzamento entre duas progenitoras sexuais e as cultivares Mombaça e Tanzânia. O delineamento foi em blocos ao acaso com três parcelas por bloco e nove plantas por parcela. Foram avaliados os caracteres: massa seca total, massa seca de folhas, massa seca de colmos e porcentagem de folhas. De maneira geral, observou-se maior repetibilidade para os caracteres massa seca total e de folhas, principalmente quando foram avaliados os cortes 4, 5 e 6. A massa seca de folhas foi o caráter que proporcionou melhor repetibilidade e determinação. A repetibilidade para massa seca de colmos e porcentagem de folhas foi de baixa a média magnitude, principalmente com a inclusão do corte do período da seca. Os cortes realizados no período das águas proporcionam maior repetibilidade e determinação para a seleção dos genótipos e a inclusão do corte da seca é prejudicial para o processo de seleção de caracteres de baixa repetibilidade como a %F. Nesse sentido, sugere-se a avaliação dos caracteres no período das águas e da seca como variáveis distintas. A avaliação da estabilização genotípica em parcelas proporciona maior repetibilidade que a avaliação de plantas nos cortes realizados nas águas.

Palavras-chave: coeficiente de determinação, eficiência de seleção, medidas repetidas, forrageira

## Genotypic stabilization of agronomic traits in *Panicum maximum* hybrids

### 3.2) Abstract

This study was carried out with the aim to evaluate the genotypic stabilization in *Panicum maximum* hybrids. Three hybrid progenies from the crosses between two sexual plants and the commercial cultivars Mombaça and Tanzania were evaluated in a completely randomized block design with three plots per block and nine plants per plot. The characters: total, leaf and stem (stems + sheath) dry matter yields and percentage of leaf were evaluated. In general, total and leaf dry matter yields had higher repeatability, mainly in the harvests four to six. Leaf dry matter yield presented the highest repeatability and determination coefficient. The percentage of leaf and stem dry matter yield presented low or medium repeatabilities, especially when the dry season harvest was included in the analysis. The harvests during the rainy season provided better repeatabilities and determination coefficient for selection and the use of the dry season harvest can reduce the reliability in the genotype's selection especially in the low repeatability characters like percentage of leaves. Thus, we can suggest the evaluation of the characters in the dry and rainy seasons as distinct variables. The evaluation of genotypic stabilization in plots provides higher repeatability coefficients than the evaluation of plants in the rainy season harvests.

Index terms: determination coefficient, repeated measures, selection efficiency, forage

### 3.3) Introdução

Nos últimos anos o Brasil se tornou o maior exportador de carne bovina e o detentor do maior rebanho comercial do mundo. Este grande avanço se deve à atuação de várias frentes de pesquisa, entre elas, o melhoramento genético de plantas forrageiras, que tem recebido maior atenção pela reconhecida importância da diversificação das pastagens para o sistema de produção. Apesar disso, ainda são poucas as cultivares de forrageiras tropicais disponíveis e, dessas, pequeno número é resultado de programas de cruzamentos no Brasil (Valle et al., 2009; Jank et al., 2011).

A diversificação por meio do lançamento de forrageiras mais adaptadas e competitivas torna-se fundamental para atenuar os problemas causados pelo monocultivo. Nesse sentido, a espécie *Panicum maximum* Jacq. constitui excelente opção para a diversificação e intensificação das pastagens brasileiras, uma vez que esta forrageira encontra-se bastante difundida entre os pecuaristas e é considerada uma das mais produtivas e competitivas no contexto da pecuária nacional (Jank et al., 2008).

Para obtenção da estimativa da superioridade de plantas perenes, muitas vezes são utilizadas medições sucessivas em intervalos de tempo preestabelecidos; assim, os genótipos são avaliados em intervalos regulares, objetivando o mesmo estágio vegetativo, e cada corte pode ser considerado uma repetição no tempo. O coeficiente de repetibilidade, definido estatisticamente como a correlação entre as medidas em um mesmo indivíduo, cujas avaliações foram repetidas no tempo ou espaço, expressa as frações da variância total que são explicadas por causas genéticas confundidas com o efeito permanente de meio e aquelas atribuídas a variações temporárias (Cruz et al., 2004). Como os experimentos em melhoramento de forrageiras (plantas perenes) são extremamente onerosos por envolverem

avaliação com animais, em sucessivas colheitas, grandes áreas e em vários locais, a confiabilidade na identificação de indivíduos superiores por meio de medidas repetidas torna-se fundamental.

De acordo com Pereira et al. (2002), durante a fase jovem, apenas parte dos genes responsáveis pelos caracteres de interesse está se expressando, enquanto na idade adulta todo o potencial da planta se manifesta, resultando em mudanças acentuadas no fenótipo. Nessa situação, a avaliação de genótipos em diferentes fases de crescimento pode resultar em respostas não correlacionadas. Assim, quando o estudo de repetibilidade é feito com genótipos ainda não estabilizados, pode-se encontrar baixa repetibilidade, sem que, necessariamente, a solução do problema esteja no aumento do número de repetições. Nesse sentido, a expressão dos genes pode ser afetada, não só pelo estágio de desenvolvimento das plantas, mas também pela modificação de condições ambientais, como o manejo experimental para avaliação das plantas forrageiras. Essa adaptação a mudanças nas condições de meio ocorre principalmente por meio da modificação dos padrões de crescimento e pode ser definida como plasticidade fenotípica (Huber et al., 1999; Nelson, 2000). O tempo necessário para que as plantas se adaptem à nova condição e expressem os genes necessários para essa adaptação provavelmente influencia o tempo necessário para a estabilização genotípica dos indivíduos.

Diante do exposto, objetivou-se com este trabalho avaliar a estabilização genotípica de caracteres agronômicos de indivíduos híbridos de *P. maximum* avaliados em plantas individuais e como parcelas.

### 3.4) Material e Métodos

As condições sob as quais o experimento foi conduzido são as mesmas descritas no Material e Métodos do capítulo anterior.

Neste estudo foram consideradas as seguintes variáveis: produção de massa seca (MST – g/planta); massa seca de folhas (MSF – g/planta) e de colmos + bainhas (MSC – g/planta); e porcentagem de folhas (%F). A %F foi estimada por meio do quociente entre a massa seca de lâminas foliares e a soma da massa seca de lâminas e de colmos+bainhas provenientes da separação morfológica, ou seja, é o quociente entre a massa seca verde de lâminas foliares e a massa seca verde total da amostra.

Para estimação do coeficiente de repetibilidade, utilizaram-se os métodos da análise de variância (ANOVA) e na análise dos componentes principais com base na matriz correlações (ACP) conforme descrito em Cruz et al. (2004).

O coeficiente de repetibilidade pelo método da análise de variância (ANOVA) foi estimado utilizando-se o modelo estatístico com dois fatores de variação:

$$Y_{ij} = \mu + g_i + a_j + e_{ij}$$

em que  $\mu$  = média geral;  $g_i$  = efeito aleatório do  $i$ -ésimo genótipo sob a influência do ambiente permanente;  $a_j$  = efeito fixo do ambiente temporário na  $j$ -ésima medição;  $e_{ij}$  = efeito do ambiente temporário associado à  $j$ -ésima medição no  $i$ -ésimo genótipo.

Para este modelo, o coeficiente de repetibilidade foi determinado por:

$$r = \frac{\text{cov}(Y_{ij}, Y_{ij'})}{\sqrt{V(Y_{ij}, Y_{ij'})}} = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}^2 + \hat{\sigma}_g^2}$$

em que  $\hat{\sigma}_g^2$  é a covariância entre as medidas repetidas em cada genótipo; e  $\hat{\sigma}^2$  é a variância residual.

Pelo método da análise de componentes principais, estimou-se o coeficiente de repetibilidade com base na matriz de correlações intraclasse. O método da matriz de correlações foi proposto por Abeywardena (1972) e baseia-se na obtenção da matriz de correlações entre as medidas repetidas e posterior estimação dos autovalores e autovetores normalizados. Entre os autovetores estimados, identifica-se aquele que possui elementos com mesmo sinal e magnitudes próximas, pois é aquele que melhor expressa a tendência dos genótipos em manter suas posições relativas nos vários períodos de tempo. O coeficiente foi estimado por:

$$r = \frac{\hat{\lambda}_1 - 1}{\eta - 1}$$

em que  $\hat{\lambda}_1$  é o autovalor da matriz de correlações associado ao autovetor cujos elementos tem o mesmo sinal e magnitude semelhante; e  $\eta$  é o número de medições.

A estabilização fenotípica dos caracteres foi avaliada utilizando-se os métodos dos componentes principais obtidos a partir da matriz de correlações intraclasse para as sucessivas medições, considerando-se 2, 3, ... até todas as n avaliações efetuadas. Portanto,

foram realizadas n-1 análises de duas medições sucessivas; n-2 análises de três avaliações sucessivas até que fossem obtidas seis medições (Cruz et al., 2006).

Para cada característica, a determinação proporcionada pelo uso de combinações entre colheitas foi obtida por:

$$\eta_o = \frac{R^2(1 - r)}{(1 - R^2)r}$$

em que:  $\eta_o$  é o número de medidas necessárias para obtenção do coeficiente de determinação desejado ( $R^2$ ); e  $r$  é o coeficiente de repetibilidade estimado.

Os coeficientes de repetibilidade foram estimados em nível de planta e de parcela (média dos indivíduos da linha) para a realização de comparações entre as formas de avaliação dos genótipos.

Todas análises foram realizadas por meio do programa computacional GENES na seção Biometria (Aplicativo Computacional em Genética e Estatística) (Cruz, 2006).

### **3.5) Resultados e Discussão**

Melhores coeficientes de repetibilidade para a variável massa seca total (MST) avaliada em nível de plantas foram obtidos quando considerados os cortes 4 a 6. O maior (0,8179) foi obtido considerando-se os cortes 4 e 5 (Tabela 1). Provavelmente, nas primeiras avaliações as plantas ainda não estavam estabilizadas, pois, apesar de estarem estabelecidas desde novembro de 2008, começaram a ser colhidas aos 42 dias de rebrotação somente a partir do início das avaliações em dezembro de 2009. Esses resultados permitem

concluir que os cortes de 4 a 6 proporcionam melhor eficiência na seleção de indivíduos para MST segundo o método da ANOVA. Diante desse resultado, nota-se a importância da estabilização genotípica na avaliação de plantas recém-estabelecidas no campo, pois, nas primeiras colheitas, há tendência das plantas em apresentar resposta diferenciada em relação à fase adulta, quando realmente são capazes de representar as condições em que serão utilizadas (Pereira et al., 2002). No caso de genótipos já estabelecidos, esse tipo de análise também fornece informações a respeito do efeito de determinado grupo de colheitas sobre a estimativa do coeficiente de repetibilidade.

As combinações entre os cortes 4 e 5, 5 e 6 e 4, 5 e 6 também proporcionaram maiores coeficientes de determinação. Por outro lado, quando a MST foi avaliada pelo método da análise de componentes principais (ACP), melhor determinação foi obtida com a inclusão de mais cortes (Tabela 1). Apesar disso, coeficientes de determinação semelhantes já foram obtidos quando se incluíram dados de três colheitas, independentemente da inclusão do corte da seca ou do primeiro corte. Nesse sentido, maior repetibilidade e determinação satisfatória foram obtidas quando considerados os cortes de 4 a 6.

Tabela 1 - Estimativa do coeficiente de repetibilidade e do coeficiente de determinação (entre parênteses) da produção de massa seca total em plantas e parcelas, considerando-se diferentes combinações entre as avaliações realizadas nos híbridos de *Panicum maximum* segundo as metodologias da ANOVA e análise de componentes principais (ACP)

Avaliações	$\eta$	Planta		Parcela	
		ANOVA	ACP	ANOVA	ACP
1-2	2	0,6894(81,61)	0,7165(83,48)	0,7355(84,76)	0,7803(87,66)
2-3	2	0,4018(57,33)	0,6285(77,19)	0,4040(57,55)	0,7169(83,51)
3-4	2	0,5913(74,32)	0,7291(84,33)	0,5204(68,45)	0,6745(80,56)
4-5	2	0,8179(89,98)	0,8374(91,15)	0,8822(93,74)	0,8949(94,46)
5-6	2	0,7697(86,98)	0,7844(87,92)	0,8671(92,88)	0,8850(93,90)
1-3	3	0,4959(74,69)	0,6265(83,42)	0,5228(76,67)	0,7240(88,73)
2-4	3	0,5678(79,76)	0,6946(87,22)	0,5657(79,62)	0,7210(88,58)
3-5	3	0,6504(84,81)	0,7394(89,49)	0,6615(85,43)	0,7404(89,54)
4-6	3	0,7557(90,27)	0,7912(91,92)	0,8460(94,28)	0,8767(95,52)
1-4	4	0,5433(82,63)	0,6679(88,95)	0,5632(83,76)	0,7327(91,64)
2-5	4	0,6132(86,38)	0,7022(90,41)	0,6275(87,08)	0,7320(91,61)
3-6	4	0,6381(87,58)	0,7220(91,22)	0,6938(90,06)	0,7678(92,97)
1-5	5	0,5678(86,79)	0,6723(91,12)	0,5929(87,92)	0,7333(93,22)
2-6	5	0,6167(88,94)	0,6928(91,85)	0,6592(90,63)	0,7435(93,54)
1-6	6	0,5814(89,28)	0,6679(92,35)	0,6236(90,86)	0,7389(94,44)

A MST das parcelas seguiu tendência semelhante à das plantas individuais no método da ANOVA, onde as maiores repetibilidades foram obtidas com a inclusão das colheitas 4, 5 e 6, realizados após a seca, sendo a mesma tendência observada na ACP (Tabela 1). Apesar disso, avaliações incluindo o primeiro ou o terceiro corte (da seca) implicaram em maior redução dos coeficientes de repetibilidade e de determinação pelo método da

ANOVA que pelo método da ACP (Tabela 1). Independentemente do método avaliado, houve tendência de aumento no coeficiente de repetibilidade estimado em parcelas e, independentemente da unidade de avaliação e da combinação entre os cortes, o método de CP proporcionou maiores repetibilidades e determinação.

Em geral, os grupos de cortes que proporcionaram maior repetibilidade pelo método da ANOVA tiveram valores semelhantes estimados pelo método de componentes principais, ao passo que os cortes de baixa repetibilidade e determinação pela ANOVA apresentaram maiores valores pelo método da ACP (Tabelas 1 a 4). De acordo com Mansour et al. (1981), quando o valor real da repetibilidade é baixo, o método baseado na análise de componentes principais tende a superestimar o coeficiente.

A estabilização genotípica da massa seca de folhas (MSF) das plantas de *P. maximum* foi semelhante à observada para a variável MST. Nesse sentido, as combinações envolvendo os cortes 4, 5 e 6 proporcionaram maior repetibilidade e determinação, independentemente da unidade e do método avaliado (Tabela 2). Apesar disso, a avaliação da MSF em plantas também proporcionou resultados satisfatórios quando foram considerados os cortes 3 e 4 ( $r = 0,8204$ ). Em geral, a repetibilidade da MSF foi maior que a da MST e as diferenças entre os métodos de estimação foram menores (Tabela 2). Este resultado indica que houve maior tendência de manutenção das posições dos genótipos em relação à MSF mesmo no período da seca.

Os maiores coeficientes de determinação no método da ANOVA em plantas foram obtidos com a inclusão dos cortes de 4 a 6 e, também, quando foram estimados utilizando-se todos os cortes. Por outro lado, maiores valores de coeficiente de determinação pelo método da ACP foram obtidos com a inclusão dos cortes de 1 a 6, 2 a 6 e 4 a 6 (Tabela 2).

Nas parcelas, padrão de resposta semelhante foi registrado, porém a magnitude do coeficiente foi ligeiramente maior.

Tabela 2 - Estimativa do coeficiente de repetibilidade e do coeficiente de determinação (entre parênteses) da massa seca de folhas em plantas e parcelas, considerando-se diferentes combinações entre as avaliações realizadas nos híbridos de *Panicum maximum* segundo as metodologias da ANOVA e da análise de componentes principais (ACP)

Avaliações	$\eta$	Planta		Parcela	
		ANOVA	ACP	ANOVA	ACP
Massa seca de folhas (g)					
1-2	2	0,7176(83,56)	0,7318(84,51)	0,7858(88,00)	0,8108(89,55)
2-3	2	0,3529(52,16)	0,6618(79,65)	0,3635(53,31)	0,7431(85,26)
3-4	2	0,5097(67,53)	0,8204(90,13)	0,5089(67,46)	0,8240(90,35)
4-5	2	0,8181(90,00)	0,8243(90,37)	0,8889(94,12)	0,8929(94,34)
5-6	2	0,8006(88,93)	0,8061(89,27)	0,8640(92,71)	0,8746(93,31)
1-3	3	0,4987(74,90)	0,6533(84,97)	0,5473(78,39)	0,7694(90,92)
2-4	3	0,5570(79,04)	0,7357(89,31)	0,5733(80,12)	0,7798(91,40)
3-5	3	0,6261(83,40)	0,7898(91,85)	0,6683(85,80)	0,8266(93,47)
4-6	3	0,7916(91,93)	0,8038(92,47)	0,8638(95,01)	0,8790(95,61)
1-4	4	0,5670(83,97)	0,6984(90,26)	0,6127(86,35)	0,7863(93,64)
2-5	4	0,6120(86,32)	0,7353(91,74)	0,6414(87,74)	0,7820(93,48)
3-6	4	0,6579(88,50)	0,7762(93,28)	0,7150(90,94)	0,8392(95,43)
1-5	5	0,5939(87,97)	0,7008(92,13)	0,6433(90,02)	0,7816(94,71)
2-6	5	0,6354(89,71)	0,7328(93,20)	0,6806(91,42)	0,7939(95,06)
1-6	6	0,6137(90,51)	0,7029(93,42)	0,6754(92,58)	0,7897(95,75)

Para MSF a mesma tendência da MST em relação ao método de estimação e à unidade de avaliação foi observada, ou seja, o método da ACP proporcionou maiores

estimativas, assim como os dados coletados em parcelas proporcionaram maior repetibilidade que em plantas.

A massa seca de colmos (MSC) das plantas individuais e parcelas também apresentou melhor repetibilidade quando foram considerados os cortes 1 e 2; 5 e 6; e 4, 5 e 6 (Tabela 3). Para essa variável, o coeficiente de repetibilidade estimado com os dados da primeira e segunda colheitas foi maior que o das demais combinações. É possível que condições peculiares de meio tenham proporcionado esse resultado. Os meses em que foram realizados o primeiro e segundo cortes foram caracterizados por precipitação e temperatura maiores que a média de todo período experimental (Figura 1). Este fato explica em parte a resposta peculiar da MSC durante este período, que tende a ser maior sob condições favoráveis de crescimento e com cortes realizados em períodos fixos de avaliação. Em geral, obteve-se maior coeficiente de determinação quando consideradas todas as colheitas do experimento para as plantas e quando incluídas as combinações entre 5 e 6 e 4, 5 e 6 para as parcelas. Assim como a MST e MSF, a repetibilidade da MSC foi ligeiramente maior em parcelas (Tabela 3).

Tabela 3 - Estimativa do coeficiente de repetibilidade e do coeficiente de determinação (entre parênteses) da massa seca de colmos em plantas e parcelas, considerando-se diferentes combinações entre as avaliações realizadas nos híbridos de *Panicum maximum* segundo as metodologias da ANOVA e análise de componentes principais (ACP)

Avaliações	$\eta$	Planta		Parcela	
		ANOVA	Componentes	ANOVA	Componentes
1-2	2	0,4792(64,79)	0,5095(67,51)	0,5332(69,55)	0,5965(74,72)
2-3	2	0,0369(7,12)	0,2466(39,56)	0,0152(2,99)	0,1558(26,96)
3-4	2	0,0905(16,59)	0,1306(23,11)	-0,0395(0,00)	0,0984(17,92)
4-5	2	0,1978(33,02)	0,4221(59,37)	0,3461(51,43)	0,5521(71,14)
5-6	2	0,4760(64,50)	0,5197(68,40)	0,7021(82,50)	0,7754(87,35)
1-3	3	0,2575(50,99)	0,3733(64,12)	0,2756(53,31)	0,3768(64,46)
2-4	3	0,1072(26,49)	0,3030(56,60)	0,1035(25,73)	0,2231(46,28)
3-5	3	0,1259(30,16)	0,2821(54,10)	0,1719(38,38)	0,2782(53,63)
4-6	3	0,3090(57,29)	0,4477(70,86)	0,4926(74,44)	0,6602(85,35)
1-4	4	0,2071(51,09)	0,3468(67,98)	0,2182(52,75)	0,3181(65,11)
2-5	4	0,2216(53,24)	0,3493(68,22)	0,2546(57,74)	0,3486(68,16)
3-6	4	0,2190(52,87)	0,3459(67,90)	0,3287(66,20)	0,4401(75,87)
1-5	5	0,2462(62,02)	0,3645(74,14)	0,2589(63,60)	0,3690(74,52)
2-6	5	0,2736(65,32)	0,3763(75,11)	0,3492(72,85)	0,4412(79,79)
1-6	6	0,2819(70,19)	0,3796(78,59)	0,3049(72,47)	0,4215(81,38)

A avaliação de grupos de colheitas não foi capaz de promover grandes aumentos no coeficiente de repetibilidade da porcentagem de folhas (%F) (Tabela 4). Provavelmente, isso se deve à maior participação de lâminas foliares durante a rebrotação após o florescimento, o que ocorreu a partir do terceiro corte, o da seca. Para esta variável, a

repetibilidade foi maior nas parcelas e teve maiores coeficientes estimados pela metodologia de componentes principais.

Tabela 4 - Estimativa do coeficiente de repetibilidade e do coeficiente de determinação (entre parênteses) da porcentagem de folhas em plantas e parcelas, considerando-se diferentes combinações entre as avaliações realizadas nos híbridos de *Panicum maximum* segundo as metodologias da ANOVA e da análise de componentes principais (ACP)

Avaliações	$\eta$	Planta		Parcela	
		ANOVA	ACP	ANOVA	ACP
1-2	2	0,3123(47,59)	0,3127(47,64)	0,2887(44,80)	0,2887(44,81)
2-3	2	-0,0302(0,00)	0,0319(6,19)	-0,1518(0,00)	0,1518(26,36)
3-4	2	-0,0174(0,00)	0,0337(6,53)	-0,1692(0,00)	0,2034(33,80)
4-5	2	0,2009(33,46)	0,2868(44,57)	0,3568(52,59)	0,4273(59,88)
5-6	2	0,4638(63,37)	0,4766(64,55)	0,7127(83,22)	0,7157(83,43)
1-3	3	0,0558(15,07)	0,1602(36,41)	-0,0569(0,00)	0,2541(50,55)
2-4	3	0,0105(3,09)	0,1273(30,44)	-0,0400(0,00)	0,2269(46,82)
3-5	3	0,0109(3,20)	0,1481(34,28)	-0,0221(0,00)	0,2766(53,42)
4-6	3	0,2954(55,71)	0,3254(59,13)	0,5064(75,47)	0,5274(77,00)
1-4	4	0,0573(19,56)	0,1604(43,32)	-0,0076(0,00)	0,2354(55,19)
2-5	4	0,0831(26,59)	0,2201(53,03)	0,1152(34,25)	0,3320(66,53)
3-6	4	0,0959(29,79)	0,2182(52,75)	0,1916(48,66)	0,3628(69,49)
1-5	5	0,1118(38,64)	0,2240(59,07)	0,1028(36,42)	0,2983(68,01)
2-6	5	0,1464(46,16)	0,2627(64,04)	0,2505(62,56)	0,3972(76,71)
1-6	6	0,1536(52,13)	0,2516(66,86)	0,1922(58,81)	0,3403(75,58)

A repetibilidade da %F foi considerada de nula a moderada, dependendo da unidade de avaliação, do método de estimação e da combinação entre colheitas. Assim, maiores coeficientes foram registrados para as combinações entre as colheitas 4, 5 e 6 e para a

combinação entre os cortes 1 e 2, tanto no método da ANOVA, quanto na análise da ACP (Tabela 4). Observou-se também que a repetibilidade de parcelas foi substancialmente maior quando se avaliaram conjuntamente os cortes 5 e 6, o que refletiu em maior coeficiente de determinação (Tabela 4).

Todas as combinações envolvendo a colheita realizada na seca proporcionaram baixo coeficiente de repetibilidade para %F, que foi considerado nulo nas combinações de 1 a 3, 2 a 4 e 3 a 5. Também foram observados coeficientes de repetibilidade fora do espaço paramétrico para essa variável (Tabela 4). Nesse sentido, a inclusão do corte da seca foi bastante prejudicial para a repetibilidade da %F. De acordo com Mansour et al. (1981), o método da ANOVA pode assumir valores negativos, desde que a variância genotípica seja negativa. Martuscello et al. (2007) observaram repetibilidades substancialmente maiores para porcentagem de lâminas foliares avaliada em famílias de meios-irmãos de *P. maximum*, segundo metodologia da análise de componentes principais baseada na matriz de correlações. De acordo com esses autores, o principal fator de redução da repetibilidade foi a proximidade do florescimento, que implica em acúmulo excessivo de colmos pelas forrageiras.

Em geral, os coeficientes de repetibilidade estimados para o período das águas foram maiores e isso indica que a avaliação de forrageiras neste período realmente proporciona maior confiabilidade. Nesse sentido, Ferreira et al. (2010) avaliaram a estabilização genotípica da alfafa durante o período da seca e das águas separadamente e obtiveram altos coeficientes de repetibilidade e determinação para a produção de massa seca nas duas estações.

A inclusão de avaliações realizadas no estágio precoce da fase vegetativa, no qual não há plena manifestação do potencial genético da forrageira estudada ou de avaliações

em idades avançadas, quando os materiais já se encontram em senescência, pode resultar em redução da estimativa da repetibilidade. Contudo, segundo Pereira et al. (2002), a exclusão das avaliações em dois estádios nos quais não há estabilização genotípica pode ser mais adequada que o aumento no número de colheitas. Nesse sentido, a exclusão do corte da seca irá implicar em aumento substancial da repetibilidade e maior confiabilidade na seleção dos genótipos.

### **3.6) Conclusões**

Os cortes realizados no período das águas proporcionam maiores coeficientes de repetibilidade e determinação para a seleção dos genótipos.

A inclusão da colheita realizada na seca no cálculo da repetibilidade é prejudicial para o processo de seleção de caracteres de baixa repetibilidade, como a porcentagem de folhas.

A exclusão da avaliação inicial melhora o coeficiente de repetibilidade dos caracteres agronômicos e a eficiência na seleção em *P. maximum*.

A avaliação da estabilização genotípica em parcelas proporciona maior repetibilidade que a avaliação de plantas individuais nas colheitas realizadas durante o período das águas.

### 3.7) Referências

ABEYWARDENA, V. An application of principal component analysis in genetics. **Journal of Genetics**, v.61, n.1, p.27-51, 1972.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**: v.1. 3. ed. Viçosa:UFV. 2004. 480p.

CRUZ, C.D. **Programa Genes, Biometria**. 1.ed. Viçosa: Editora UFV, 2006. 382p.

FERREIRA, R.P.; VASCONCELOS, E.S.; CRUZ, C.D.; BARIONI JÚNIOR, W.; RASSINI, J.B.; FREITAS, A.R.; VILELA, D.; MOREIRA, A. Determinação do coeficiente de repetibilidade e estabilização genotípica das características agronômicas avaliadas em genótipos de alfafa no ano de estabelecimento. **Revista Ceres**, v.57, n.5, p.642-647, 2010.

HUBER, H.; LUKÁS, S.; WATSON, M.A. Spatial structure of stoloniferous herbs: an interplay between structural blue-print, ontogeny and phenotypic plasticity. **Plant ecology**. v.141, n.1, p.107-115, 1999.

JANK, L.; RESENDE, R.M.S.; VALLE, C.B. Melhoramento genético de *Panicum maximum*. In: RESENDE, R.M.S.; VALLE, C.B.; JANK, L. (Eds.) **Melhoramento de Forrageiras Tropicais**. 1.ed. Campo Grande: Embrapa, 2008. p.55-87.

JANK, L.; VALLE, C.B.; RESENDE, R.M.S. Breeding tropical forages. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**. Special edition 1, p.27-34, 2011.

PEREIRA, A.V.; CRUZ, C.D.; FERREIRA, R.P.; BOTREL, M.A.; OLIVEIRA, J.S. Influência da estabilização de genótipos de capim elefante (*Pennisetum purpureum* schum.) sobre a estimativa da repetibilidade de características forrageiras. **Ciência e Agrotecnologia**, v.26, n.4, p.762-767, 2002.

MANSOUR, H.; NORDHEIM, E.V.; RUTLEDGE, J.J. Estimators of repeatability. **Theoretical and applied genetics**, v.60, n.3, p.151-156, 1981.

MARTUSCELLO, J.A.; JANK, L.; FONSECA, D.M.; CRUZ, C.D.; CUNHA, D.N.F.V. Repetibilidade de caracteres agronômicos em *Panicum maximum* Jacq.. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.36, n.6, p.1975-1981, 2007 (supl.).

NELSON, C.J. Shoot morphological plasticity of grasses: leaf growth vs. tillering In: LEMAIRE et al. (ed.) GRASSLAND ECOPHYSIOLOGY AND GRAZING ECOLOGY. CAB-International, Wallingford, UK, 2000, p.101-126, 2000.

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

#### 4) PARÂMETROS GENÉTICOS DE CARACTERES AGRONÔMICOS EM HÍBRIDOS DE *Panicum maximum*

##### 4.1) Resumo

Objetivou-se com este trabalho estimar parâmetros genéticos de caracteres agronômicos em indivíduos híbridos de *Panicum maximum*. Foram avaliados genótipos provenientes do cruzamento entre as progenitoras S10 e S12 e as cultivares Tanzânia e Mombaça em experimento em blocos incompletos com duas repetições (clones) e 33 blocos. Cada bloco foi constituído por três parcelas com nove plantas cortadas individualmente em seis colheitas. Os componentes de variância genotípica, entre parcelas e permanente de meio ambiente foram significativos para todas variáveis, exceto a porcentagem de folhas, para a qual a variância permanente de meio não foi significativa. Todos os caracteres apresentaram herdabilidade individual por colheita e de médias de colheitas moderadas e grande diferença entre a herdabilidade e a repetibilidade individual, fato atribuído à ocorrência de variância de ambiente permanente, sobretudo para a massa verde, seca e de folhas. Por outro lado, a porcentagem de folhas também apresentou baixa repetibilidade e variância permanente de meio. Os coeficientes de variação genotípicos foram altos, exceto para a porcentagem de folhas, mas também estiveram associados a altos coeficientes de variação residual. Tanto a herdabilidade individual por colheita no sentido amplo quanto a herdabilidade de médias de colheitas dos caracteres agronômicos são de magnitude baixa a moderada em indivíduos híbridos de *P. maximum*. Conclui-se que há variabilidade para seleção de caracteres importantes para o programa de melhoramento, como massa seca total e de folhas, e que a seleção para porcentagem de folhas necessita de mais colheitas para melhor eficiência. Os genótipos são variáveis quanto à incidência de *Bipolaris maydis*.

Palavras-chave: *Bipolaris maydis*, herdabilidade, modelos mistos, porcentagem de folhas, produção de folhas, rebrotação

## Genetic parameters of agronomic traits in *Panicum maximum* hybrids individuals

### 4.2) Abstract

This study was carried out with the objectives of estimating the genetic parameters of agronomic traits in *Panicum maximum* hybrid individuals. Genotypes obtained from the crosses between the sexual plants S10 and S12 and the cultivars Tanzania and Mombaça were evaluated. The design was an incomplete blocks with two replications (clones) and 33 blocks. Each block was constituted by three lines or plots with nine plants each, which were cut in six harvests. The components of genotypic, among plots and permanent environmental variances were statistically different from zero for all traits ( $P < 0.05$ ), except for leaf percentage, where the permanent environmental variance was not significant ( $P > 0.05$ ). All the characters presented moderate broad sense heritabilities for both the individual harvest and for the mean of harvests and a large difference between the heritability and the individual repeatability coefficient, which may be due to the high permanent environmental variance, mainly for fresh matter, dry matter and leaf dry matter. On the other hand, the percentage of leaves also presented low repeatability and permanent environmental variance. The genotypic coefficients of variation were high, except for leaf percentage, but they were also associated to high residual coefficients of variation. Both the broad sense heritabilities per harvest and for the mean of harvests were of moderate magnitude for the agronomic traits evaluated in hybrid individuals of *P. maximum*. On the other hand, it was possible to conclude that there is variability for the selection of important characters like total and leaf dry matter yield and that selection for leaf percentage needs a greater number of harvests to improve the selection efficiency. The genotypes presented great variability for *Bipolaris maydis* incidence and this character can be included in the *P. maximum* breeding program.

Key words: *Bipolaris maydis*, morpho-agronomic characters, mixed models, leaf percentage, leaf yield, regrowth

### 4.3) Introdução

O Brasil possui aproximadamente 161 milhões de hectares de pastagens e, desse total, 101 milhões encontram-se estabelecidos com pastagens cultivadas (SIDRA-IBGE, 2011). De acordo com a Pesquisa Pecuária Municipal realizada pelo IBGE em 2010, estima-se que o número de bovinos criados no País seja de 209 milhões de cabeças. A extensão das pastagens brasileiras, associada a este contingente bovino, determinam a grande aptidão do país para a exploração pecuária em pastagens. De acordo com Euclides et al. (2010), 90% dos nutrientes exigidos por estes animais são provenientes do pasto.

Diante do grande potencial para o desenvolvimento da pecuária no Brasil, várias frentes de pesquisa (nutrição, manejo reprodutivo, manejo de pastagens, entre outras) têm sido desenvolvidas com vistas a corrigir os problemas da cadeia produtiva e melhorar a eficiência da exploração pecuária. Entre elas, está o melhoramento de plantas forrageiras, que tem recebido cada vez mais importância, devido à possibilidade de aumento da produtividade e diversificação das pastagens que se encontram estabelecidas com poucos acessos exóticos e de reprodução apomítica.

A diversificação por meio do lançamento de forrageiras mais adaptadas e competitivas é fundamental para atenuar problemas causados pelo monocultivo (Jank et al., 2011). Nesse sentido, a espécie *Panicum maximum* Jacq. constitui excelente opção para a diversificação e intensificação do uso das pastagens brasileiras, pois é bastante difundida entre os pecuaristas e é considerada a forrageira propagada por sementes mais produtiva do mercado brasileiro (Jank et al., 2008).

O melhoramento genético de plantas forrageiras via introdução de acessos vem sendo utilizado como principal forma de lançamento de cultivares. Entretanto, apesar de mais

simples e rápido, este método tem ganhos finitos, visto que se baseia apenas na avaliação da capacidade adaptativa de acessos coletados na natureza. Portanto, o melhoramento de forrageiras via recombinação genética passa a ser a melhor opção para geração de novas cultivares mais competitivas (Valle et al., 2009). Nesse contexto, a avaliação genotípica de indivíduos torna-se essencial ao melhoramento.

Segundo Resende (2002), para determinação de estratégias de melhoramento mais eficientes, é necessário conhecer o controle genético dos caracteres a serem melhorados. Ainda de acordo com este autor, o controle genético de caracteres quantitativos pode ser representado por todos os mecanismos responsáveis pela sua herança, tais como número de genes que o governam, ações e efeitos gênicos, herdabilidade, repetibilidade e associações genéticas com outros caracteres.

Diante do exposto, objetivou-se com este trabalho estimar parâmetros genéticos para caracteres agronômicos em híbridos de *P. maximum*.

#### **4.4) Material e Métodos**

As condições em que o experimento foi conduzido são as mesmas descritas no Material e Métodos do primeiro artigo.

Foram avaliadas as seguintes características agronômicas: massa verde total (MVT – g/planta), massa seca total (MST – g/planta), porcentagem de folhas (%F), massa seca de folhas (MSF – g/planta) e de colmos + bainhas (MSC – g/planta). Além destas, também foram avaliadas a altura das plantas (ALT – cm), rebrotação (REB) e a incidência do fungo *Bipolaris maydis* (IBM).

Para facilitar a discussão dos resultados, os caracteres foram agrupados em caracteres de produção (massa verde total, massa seca total, massa seca de folhas e massa seca de colmos) e caracteres morfoagronômicos (porcentagem de folhas, altura de planta, rebrotação e incidência do fungo *B. maydis*).

Os componentes de variância e parâmetros genéticos para cada caráter avaliado nos indivíduos híbridos foram estimados por meio do modelo linear misto:

$$y = Xm + Zg + Wp + Tb + Qs + e$$

em que:  $y$  é o vetor de dados;  $m$  é o vetor dos efeitos das combinações medição-repetição (assumidos como fixos) somados à média geral;  $g$  é o vetor dos efeitos genotípicos de indivíduo (assumidos como aleatórios);  $p$  é o vetor dos efeitos de parcelas (assumidos como aleatórios);  $b$  é o vetor dos efeitos de blocos (assumidos como aleatórios);  $s$  é o vetor dos efeitos de ambiente permanente (aleatório);  $e$  é o vetor de erros ou resíduos (aleatório). As letras maiúsculas representam matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Para estimar a herdabilidade de médias das várias colheitas de cada indivíduo, utilizou-se a seguinte fórmula:

$$h_m^2 = \frac{mh^2}{1 + (m - 1)r}$$

em que:  $h_m^2$  é a herdabilidade de médias no sentido amplo;  $m$  é o número de medições;  $h^2$  é a herdabilidade individual por colheita no sentido amplo; e  $r$  é o coeficiente de repetibilidade individual.

A significância dos parâmetros genéticos foi testada por meio do teste da razão de verossimilhança por meio da estatística qui-quadrado a 5 e 1% de probabilidade.

O coeficiente de variação genotípico foi estimado da seguinte maneira:

$$CVg(\%) = \frac{100 \times \sqrt{Vg}}{\mu}$$

em que: CVg (%) é o coeficiente de variação genotípico; Vg é a variância genotípica entre os indivíduos híbridos; e  $\mu$  é a média geral do caráter.

Já o coeficiente de variação residual foi estimado por:

$$CVe(\%) = \frac{100 \times \sqrt{Ve}}{\mu}$$

em que: CVe (%) é o coeficiente de variação residual ou ambiental; Ve é o componente de variância residual; e  $\mu$  é a média geral do caráter.

Com o quociente entre o CVg (%) e o CVe (%), obteve-se o parâmetro razão CVg/CVe.

Todas análises foram realizadas por meio do Sistema Estatístico e Seleção Genética Computadorizada via Modelos Lineares Mistos, Selegen – REML/BLUP (Resende, 2007).

#### 4.5) Resultados e discussão

Os componentes de variância genotípica entre parcelas e permanente de meio ambiente de todos os caracteres avaliados foram significativos pelo teste qui-quadrado ( $P < 0,05$ ), com exceção da %F, cujo componente de variância entre parcelas e permanente de meio não foi significativo ( $P > 0,05$ ). Já o componente de variância entre blocos não foi significativo ( $P > 0,05$ ) para nenhuma das variáveis avaliadas (Tabela 1). A ocorrência de variância de ambiente permanente provavelmente está associada à existência de condições microclimáticas locais que favoreceram o desenvolvimento de determinadas plantas. Neste experimento, a variância de ambiente permanente provavelmente se deve à mortalidade de plantas após o estabelecimento da área experimental. Assim, as plantas que se situaram próximas a estes locais tiveram desempenho diferenciado e contribuíram para a inflação da variância permanente de meio.

A produção média de forragem dos indivíduos ao longo dos cortes foi de 916,1 g/planta/corte (Tabela 2), o que representa produção total de aproximadamente 55 t/ha de forragem verde e corresponde à produção de 13,4 t/ha de massa seca de forragem e 10,6 t/ha de massa seca de folhas. Estes resultados corroboram os relatos de Resende et al. (2004), que observaram produção de 55,04 t/ha.ano de forragem verde, 9,84 t/ha.ano de massa seca total e 8,06 t/ha.ano de massa seca de folhas em progênies de irmãos completos de *P. maximum*. De maneira semelhante, Martuscello et al. (2009) obtiveram produção média de 980,1 g de forragem durante o período das águas em híbridos de famílias de meios-irmãos de *P. maximum*.

Tabela 1 - Componentes de variância estimados para os caracteres de produção massa verde total (MVT), massa seca total (MST), massa seca de folhas (MSF), massa seca de colmos (MSC) e para os caracteres morfoagronômicos porcentagem de folhas (%F), altura de planta (ALT), rebrotação (REB) e incidência de *B. maydis* (IBM) em indivíduos híbridos de *Panicum maximum*

Caractere	Componentes de variância					
	Vg	Vparc	Vbloc	Vperm	Ve	Vf
MVT(kg)	55370,8419**	46443,7284**	849,9452 <sup>ns</sup>	61390,8056**	150131,8784	314187,1995
MST (g)	3409,8464**	2689,0540**	50,2876 <sup>ns</sup>	4209,6445**	7106,1349	17464,9675
MSF (g)	2184,6652**	1662,4970**	25,4210 <sup>ns</sup>	2607,5245**	4316,6631	10796,7708
MSC (g)	132,7296**	72,1320**	3,7200 <sup>ns</sup>	32,0381*	637,9395	878,5591
%F	5,8285**	3,3299 <sup>ns</sup>	0,0807 <sup>ns</sup>	0,2155 <sup>ns</sup>	30,0710	39,5255
ALT (g)	63,0235**	90,1194**	0,7010 <sup>ns</sup>	32,2435**	89,1097	275,1972
REB	0,3101**	0,1690**	0,0510 <sup>ns</sup>	0,1512*	0,9028	1,5841
IBM	0,4598**	0,4783**	0,0026 <sup>ns</sup>	0,0309**	0,5035	1,4751

Vg - variância genotípica; Vparc - variância entre parcelas; Vbloc - variância entre blocos; Vperm - variância permanente de meio ambiente; Ve - variância residual; Vf - variância fenotípica.

\*\*, \* significativo a 1 e 5% de probabilidade pelo teste qui-quadrado, respectivamente; <sup>ns</sup> não significativo.

Em geral, observaram-se baixos coeficientes de herdabilidade individual no sentido amplo para cada colheita para os caracteres de produção avaliados nos indivíduos híbridos de *P. maximum* (Tabela 2). De acordo com Resende et al. (2004), a magnitude da herdabilidade é de extrema importância para o programa de melhoramento, pois determina o nível de dificuldade no melhoramento do caráter em questão e indica o método mais eficiente a ser utilizado.

Tabela 2 - Parâmetros estimados para os caracteres produtivos: massa verde total (MVT), massa seca total (MST), massa seca de folhas (MSF) e massa seca de colmos (MSC) em híbridos de *Panicum maximum*

Parâmetros	Caracteres de produção			
	MVT (g)	MST (g)	MSF (g)	MSC (g)
Média geral	916,1	224,1	176,0	29,3
h <sup>2</sup> g	0,1762	0,1952	0,2023	0,1511
r	0,5222	0,5931	0,6002	0,2739
h <sup>2</sup> m	0,2928	0,2953	0,3034	0,3826
c2parc	0,1478	0,1540	0,1540	0,0821
c2bloc	0,0027	0,0029	0,0024	0,0042
c2perm	0,1954	0,2410	0,2415	0,0365
CVg (%)	25,69	26,06	26,55	39,28
CVe (%)	42,29	37,61	37,32	86,11
CVg/CVe	0,6073	0,6927	0,7114	0,4561

h<sup>2</sup>g - herdabilidade individual para cada colheita no sentido amplo; r - coeficiente de repetibilidade individual; h<sup>2</sup>m - herdabilidade de médias de colheitas; c2parc - coeficiente de determinação de parcelas; c2bloc - coeficiente de determinação de blocos; c2perm - coeficiente de determinação de ambiente permanente; CVg (%) - coeficiente de variação genotípico; CVe (%) - coeficiente de variação residual; CVg/CVe - razão entre o coeficiente de variação genotípico e residual.

Os coeficientes de herdabilidade individual no sentido amplo por colheita dos caracteres de produção foram considerados de magnitude moderada (entre 0,15 e 0,50). Os caracteres MVT, MST e MSF apresentaram os maiores coeficientes, de 0,1762, 0,1952 e 0,2023, respectivamente (Tabela 2). A herdabilidade individual de todos os caracteres avaliados situou-se dentro da faixa esperada para caracteres quantitativos, que é de 0,10 a 0,50, resultados que estão em consonância com os de Resende et al. (2004), que obtiveram coeficientes de 0,20; 0,14; e 0,16 para os caracteres MVT, MST e MSF, respectivamente, em progênies de irmãos germanos avaliadas em cortes individuais, como neste estudo.

O caráter MSC teve a menor herdabilidade estimada entre os caracteres de produção

(Tabela 2), provavelmente devido ao grande coeficiente de variação residual observado para esta variável (Tabela 2). Resultados semelhantes foram observados por Jank et al. (2009) para genótipos avaliados em rede nacional em vários locais. A grande variância residual se deve à grande oscilação deste caráter com as mudanças nas condições ambientais.

Os coeficientes de herdabilidade de médias de cortes dos caracteres de produção foram maiores que os coeficientes de herdabilidade individual por colheita, mas também foram classificados dentro da magnitude moderada (Tabela 2).

Os caracteres MVT, MST e MSF tiveram herdabilidade semelhante, oscilando entre 0,29 e 0,30. Já o caráter MSC apresentou herdabilidade de médias de 0,3826 e isso indica que maiores ganhos com a sua seleção podem ser obtidos por meio da utilização da herdabilidade de médias. A grande diferença observada entre a herdabilidade individual por colheita e a de médias de colheitas pode ser atribuída ao aumento da variância residual das medidas repetidas (cortes), que provavelmente foi atenuada pela utilização do valor médio dos cortes. As herdabilidades de média observadas por Resende et al. (2004) foram superiores às obtidas neste estudo, uma vez que estes autores obtiveram coeficientes de 0,44 e 0,47 para MST e MSF, respectivamente em um ano de avaliação e de 0,68 e 0,72 para três anos de avaliação. Nos demais trabalhos reportados por Jank et al. (2008), envolvendo avaliação de acessos e híbridos de *P. maximum*, as herdabilidades no sentido amplo também foram de alta magnitude e consideraram a média anual de todos os cortes avaliados, com valores de 0,40 a 0,68 para MST e de 0,31 a 0,76 para MSF. Herdabilidades de alta magnitude foram também determinadas para genótipos de *Brachiaria brizantha* avaliados em diferentes locais e diferentes colheitas por Basso et al. (2009). De acordo com esses autores, os coeficientes de herdabilidade para MSF e %F variaram de 0,64 a 0,73 e de

0,80 a 0,92, respectivamente, em seis colheitas, em diferentes campos de avaliação durante o período das águas.

Entre os caracteres morfoagronômicos, maiores coeficientes de herdabilidade individual por colheita foram estimados para IBM, ALT e REB, os quais foram 0,3117, 0,2290 e 0,1958, respectivamente (Tabela 3). Estes coeficientes também foram classificados como de magnitude moderada.

Tabela 3 - Parâmetros estimados para os caracteres morfoagronômicos porcentagem de lâminas (%F), altura de planta (ALT), rebrotação (REB) e incidência de *Bipolaris maydis* (IBM) em híbridos de *Panicum maximum*

Parâmetros	Caracteres morfoagronômicos			
	%F	ALT	REB	IBM
Média geral	88,89	74,69	3,1705	0,8060
$h^2g^{(1)}$	0,1475	0,2290	0,1958	0,3117
$r^{(2)}$	0,2392	0,6762	0,4301	0,6587
$h^2m^{(3)}$	0,4030	0,3024	0,3158	0,4288
$c2parc^{(4)}$	0,0842	0,3275	0,1067	0,3243
$c2bloc^{(5)}$	0,0020	0,0025	0,0322	0,0018
$c2perm^{(6)}$	0,0055	0,1172	0,0955	0,0210
CVg (%) <sup>(7)</sup>	2,72	10,63	17,56	84,13
CVe (%) <sup>(8)</sup>	6,17	12,64	29,97	88,04
CVg/CVe <sup>(9)</sup>	0,4403	0,8410	0,5861	0,9556

$h^2g$  - herdabilidade individual para cada colheita no sentido amplo;  $r$  - coeficiente de repetibilidade individual;  $h^2m$  - herdabilidade de médias de colheitas;  $c2parc$  - coeficiente de determinação de parcelas;  $c2bloc$  - coeficiente de determinação de blocos;  $c2perm$  - coeficiente de determinação de ambiente permanente; CVg (%) - coeficiente de variação genotípico; CVe (%) - coeficiente de variação residual; CVg/CVe - razão entre o coeficiente de variação genotípico e residual.

A herdabilidade individual por colheita do caráter IBM foi a maior entre os caracteres avaliados no experimento. Este caráter vem recebendo maior atenção no melhoramento de

*P. maximum*, pois recentemente tem sido registrada a ocorrência do helmintospório *B. maydis* em pastos de capim-tanzânia. De acordo com Martinez et al. (2010), este fungo é capaz de prejudicar a produção e o perfilhamento da forrageira, características fundamentais para a sustentabilidade da pastagem. Nesse sentido, a seleção de plantas mais resistentes a esta praga ou que reúnam maior quantidade de características favoráveis à menor incidência é fundamental para a diversificação das pastagens com *P. maximum*.

Os coeficientes de herdabilidade de médias dos caracteres morfoagronômicos também foram de magnitude moderada (Tabela 3). Entre estes caracteres, a IBM e a %F proporcionaram maior herdabilidade de médias. Atenção especial deve ser dada ao caráter %F, cujo coeficiente de herdabilidade foi substancialmente aumentado pela avaliação das médias de cortes (Tabela 2). Provavelmente, este procedimento atenuou a variação das medidas repetidas e mostrou-se capaz melhorar a eficiência de seleção deste caractere, que se destaca entre os de maior importância para o melhoramento do *P. maximum*.

Os coeficientes de repetibilidade dos caracteres de produção foram de média a alta magnitude (Tabela 2) e foram maiores para MVT (0,5222), MST (0,5931) e MSF (0,6002) (Tabela 2). Martuscello et al. (2007), avaliando a repetibilidade em progênies de meios-irmãos de *P. maximum* por meio de métodos multivariados e pela análise de variância, observaram coeficientes superiores aos deste estudo. De acordo com esses autores, os coeficientes de repetibilidade oscilaram entre 0,5114 e 0,7491; 0,5165 e 0,6182; 0,7038 e 0,8611; e 0,6386 e 0,7067, para os caracteres MVT, MST, MSF e %F, respectivamente. Por outro lado, o caráter MSC teve o menor coeficiente de repetibilidade estimado entre os caracteres de produção (Tabela 2). A inserção deste caráter no programa de melhoramento de *P. maximum* pode contribuir para a redução da participação deste componente na composição morfológica da forragem e, assim, melhorar o valor nutritivo e o consumo

pelos animais em pastejo. Entretanto, isto deve ser avaliado frente à necessidade de maior número de colheitas e de períodos de avaliação mais longos para maior eficiência seletiva.

Entre os caracteres morfoagronômicos, maiores repetibilidades foram estimadas para os caracteres altura de planta (0,6762) e IBM (0,6587) (Tabela 3), resultados que indicam que a eficiência na seleção de indivíduos resistentes ao *B. maydis* pode ser feita com menor número de observações. Léo et al. (2008) observaram coeficientes de repetibilidade variando entre 0,603 e 0,748 para altura de planta em 23 genótipos de *P. maximum* avaliados em 15 colheitas.

A repetibilidade expressa o valor máximo que a herdabilidade no sentido amplo pode atingir, pois expressa a proporção da variância fenotípica, que é atribuída às diferenças genéticas confundidas com os efeitos permanentes que atuam na cultivar ou progênie. Nesse contexto, o coeficiente de repetibilidade vai se aproximar do coeficiente de herdabilidade quando a variância proporcionada pelos efeitos permanentes de meio ambiente for reduzida.

A diferença entre os coeficientes de herdabilidade e repetibilidade observada para os caracteres MVT, MST, MSF indica grande participação do efeito de ambiente permanente. De fato, esses caracteres também apresentaram os maiores coeficientes de determinação de ambiente permanente, que foram de 0,1954; 0,2410; e 0,2415, respectivamente. A variância de ambiente permanente corresponde à toda variação residual que não pode ser atribuída a oscilações entre as medidas repetidas (Falconer & Mackay, 1996).

Por outro lado, para os caracteres MSC e %F, houve proximidade entre os coeficientes de herdabilidade e repetibilidade e baixo coeficiente de determinação de ambiente permanente (Tabelas 1 e 2). O caráter %F é de grande importância para o melhoramento de forrageiras e, devido à sua baixa herdabilidade e repetibilidade, deverá

exigir aumento no número de medidas repetidas para melhoria da eficiência seletiva. Entretanto, estratégias como a seleção simultânea por meio de caracteres correlacionados de maior herdabilidade também podem ser alternativas para sua melhoria.

A diferença entre os coeficientes de herdabilidade e repetibilidade dos caracteres morfoagronômicos altura de planta, rebrotação e IBM também foi alta (Tabela 3). Entretanto, para os caracteres ALT e IBM, houve maior participação do componente de variância entre parcelas, enquanto para a rebrotação os componentes de variância entre blocos e permanente de meio ambiente contribuíram igualmente para ampliar a diferença entre a herdabilidade e repetibilidade individuais (Tabela 3).

Os coeficientes de variação genotípicos (%CVg) das variáveis produtivas indicaram a ocorrência de variabilidade genotípica entre os indivíduos híbridos (Tabela 2) e oscilaram entre 25,69%, para MVT, e 39,28%, para MSC. A variabilidade genética é condição imprescindível para que seja realizada seleção (Falconer & Mackay, 1996). A MSF tem sido utilizada como característica central no melhoramento de forrageiras, principalmente para plantas cespitosas, e apresentou CVg de 26,55%. Coeficientes de variação genotípicos de menor magnitude foram observados para os caracteres morfoagronômicos %F, ALT e REB, os quais foram de 2,72; 10,63; e 17,56% (Tabela 3). O baixo CVg atribuído a estas características pode ser explicado pela proximidade genética entre os indivíduos avaliados. Daher et al. (2004) observaram coeficiente de variação genotípico de 6,66 e 6,86 para produção de massa seca e altura de planta, respectivamente, em clones de capim-elefante.

Por outro lado, alto CVg foi observado para o caráter IBM, o qual foi de 84,13%. Provavelmente, a grande variabilidade observada foi liberada mediante o cruzamento de planta suscetível, o capim-tanzânia, e as progenitoras S10 e S12. De acordo com esses resultados, a IBM possui grande potencial para ser utilizada no programa de melhoramento

de *P. maximum*.

Altos coeficientes de variação residuais ou ambientais (C<sub>Ve</sub>) foram observados entre os caracteres de produção, sobretudo para o caráter MSC (86,11%), e isso levou a valores abaixo da unidade para a razão CV<sub>g</sub>/C<sub>Ve</sub> (Tabela 2). A ocorrência de razão CV<sub>g</sub>/C<sub>Ve</sub> abaixo da unidade é prejudicial ao processo de seleção, uma vez que pode diminuir a chance de observação de diferenças significativas entre os genótipos avaliados. Baixa razão CV<sub>g</sub>/C<sub>Ve</sub> também foi observada por Daher et al. (2004) para a produção de massa seca de clones de capim-elefante, para a qual a razão CV<sub>g</sub>/C<sub>Ve</sub> foi de 0,142.

O C<sub>Ve</sub> dos caracteres morfoagronômicos foi em geral baixo, sobretudo para os caracteres %F e ALT (Tabela 3). Nesse sentido, razões CV<sub>g</sub>/C<sub>Ve</sub> mais próximas da unidade foram observadas para estes caracteres. Assim, estratégias de melhoramento que proporcionem maior variabilidade nos cruzamentos podem ser opções para obtenção de variabilidade genotípica para o caráter %F e, conseqüentemente, para tornar a razão CV<sub>g</sub>/C<sub>Ve</sub> favorável.

#### **4.6) Conclusões**

Tanto a herdabilidade individual por colheita no sentido amplo quanto a herdabilidade de médias de colheitas dos caracteres agrônômicos são de magnitude baixa a moderada em indivíduos híbridos de *Panicum maximum*.

O uso da herdabilidade de médias de colheitas aumenta o coeficiente de herdabilidade, sobretudo para o caráter porcentagem de folhas.

Existe variabilidade para seleção de caracteres de grande importância para o programa de melhoramento tais como a massa seca total e massa seca de folhas.

A seleção do caráter porcentagem de folhas necessita de maior número de colheitas para ter sua eficiência melhorada.

Os genótipos possuem grande variabilidade quanto ao caráter incidência de *Bipolaris maydis*.

#### 4.7) Referências

BASSO, K.C.; RESENDE, R.M.S.; VALLE, C.B.; et al. Avaliação de acessos de *Brachiaria brizantha* Stapf e estimativas de parâmetros genéticos para caracteres agronômicos. **Acta Scientiarum. Animal Sciences**, v.31, n.1, p.17-22, 2009.

DAHER, R.F.; MALDONADO, H.; PEREIRA, A.V. et al. Estimativas de parâmetros genéticos e de coeficientes de repetibilidade de caracteres forrageiros em clones de capim-elefante (*Pennisetum purpureum* Schum.). **Acta Scientiarum Agronomy**, v.26, n.4, p.483-490, 2004.

EUCLIDES, V.P.B.; VALLE, C.B.; MACEDO, M.C.M. et al. Brazilian scientific progress in pasture research during the first decade of XXI century. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.39, p.\*\*\*-\*\*\*, 2010 (supl. especial).

FALCONER, D.S.; MAKCAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics**. 4.ed. Essex: Longman, 1996. 464p.

JANK, L.; RESENDE, R.M.S.; VALLE, C.B. et al. Melhoramento genético de *Panicum maximum*. In: RESENDE, R.M.S.; VALLE, C.B.; JANK, L. (Eds.) **Melhoramento de Forrageiras Tropicais**. 1.ed. Campo Grande: Embrapa, 2008. p.55-87.

JANK, L.; RESENDE, R.M.S.; VALENTIM, J.F.; et al. Análise genética de *Panicum maximum* Jacq. em rede nacional. In: Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas, 2009, Guarapari. **Anais...** Vitória : Incaper, 2009.

JANK, L.; VALLE, C.B.; RESENDE, R.M.S. Breeding tropical forages. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Special edition 1, p.27-34, 2011.

LÉDO, F.J.S.; PEREIRA, A.V.; SOBRINHO, F.S.; AUAD, A.M.; JANK, L.; OLIVEIRA, J.S. Estimativas de repetibilidade para caracteres forrageiros em *Panicum maximum*. **Ciência e Agrotecnologia**, v.32, n.4, p.1299-1303, 2008.

MARTINEZ, A.S.; FRANZENER, G.; STANGARLIN, J.R. Dano causado por *Bipolaris maydis* em *Panicum maximum* cv. Tanzânia. **Semina: Ciências Agrárias**, v.31, n.4, p.863-870, 2010.

MARTUSCELLO, J.A.; JANK, L.; FONSECA, D.M. et al. Repetibilidade de caracteres agronômicos em *Panicum maximum* Jacq.. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.36, n.6, p.1975-1981, 2007 (supl.).

MARTUSCELLO, J.A.; JANK, L.; FONSECA, D.M. et al. Among and withn family selection and combined half-sib falimy selection in *Panicum maximum* Jacq.. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.38, n.10, p.1870-1877, 2009.

RESENDE, M.D.V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002.

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

RESENDE, R.M.S.; JANK, L.; VALLE, C.B.; et al. Biometrical analysis and selection of tetraploid progenies of *Panicum maximum* using mixed models methods. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. v.39, n.4, p.335-341, 2004.

SISTEMA IBGE DE RECUPERAÇÃO AUTOMÁTICA. Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. Disponível em: <http://www.sidra.ibge.gov.br/bda/tabela/listabl.asp?z=t&o=1&i=P&e=l&c=264>. Acesso em: 15 de abril de 2011.

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

## 5) DIVERSIDADE GENÉTICA NA SELEÇÃO *A PRIORI* DE GENITORES RECOMBINANTES EM *Panicum maximum*

### 5.1) Resumo

Objetivou-se com este trabalho avaliar a importância dos caracteres e a divergência genética de indivíduos híbridos de *Panicum maximum* com base em caracteres morfológicos, agronômicos e de valor nutritivo para a seleção de progenitores recombinantes. Foram avaliados genótipos provenientes do cruzamento entre as progenitoras S10 e S12 e as cultivares Tanzânia e Mombaça. O experimento foi em blocos incompletos com duas repetições (clones) e 33 blocos. Cada bloco foi constituído por três parcelas com nove plantas, que foram cortadas individualmente em seis colheitas. O uso de caracteres morfológicos permitiu resumir a variação de 11 caracteres em seis componentes principais. A variação do valor genotípico dos caracteres agronômicos foi resumida em três componentes principais, assim como a variação dos dados de valor nutritivo. Por meio da análise de agrupamento, observou-se que as progênies 1 e 2 permitiram a formação de maior número de grupos para os caracteres morfológicos e agronômicos e a progênie 3 permitiu a formação de mais grupos com base no valor nutritivo. Em geral, observaram-se baixas correlações entre as medidas de dissimilaridade. Constituem-se em melhores descritores para o estudo da diversidade genética em indivíduos híbridos de *P. maximum* os caracteres morfológicos altura da planta, densidade de pelos na bainha, comprimento dos pelos na folha, arroxamento da bainha, presença de cerosidade e o tipo de folha; os caracteres agronômicos massa seca de folhas, porcentagem de folhas e incidência de *B. maydis*; e os caracteres de valor nutritivo teor de celulose, teor de sílica e de lignina em permanganato de potássio. Há maior diversidade genética entre os indivíduos dentro das progênies que entre as progênies. Os caracteres agronômicos proporcionaram maior diversidade entre os genótipos avaliados. É possível identificar, por meio da matriz de dissimilaridades, indivíduos divergentes e de bom desempenho para serem recombinados no programa de melhoramento de forrageiras de *P. maximum*.

Palavras-chave: caracteres agronômicos, valor nutritivo, descritores morfológicos, importância dos caracteres, agrupamento de Tocher, correlação entre matrizes de dissimilaridade

## Genetic diversity in *a priori* choice of recombinant genitors in *Panicum maximum*

### 5.2) Abstract

This study was carried out with the aim to evaluate character importance and the genetic diversity among individuals of *Panicum maximum* using morphological, agronomic and nutritive value traits to the *a priori* choice of recombinant progenitors. Genotypes from the crosses between the sexual progenitors S10 and S12 and the guinea grass cultivars Mombaça and Tanzania were evaluated. The experiment was designed as incomplete block with 33 blocks and two replicates. Each block had three plots of nine plants which were harvested individually six times. The use of morphological traits allowed to summarize the variation of 11 variables in six principal components while the variation of six agronomic traits and nine nutritive value traits could be summarized in three principal components. With the cluster analysis it was possible to see that the progenies 1 and 2 formed more groups for morphological and agronomic traits while the progeny three formed more groups for nutritive value characters. In general, low correlations were observed between the dissimilarity measurements. The most useful descriptors for genetic diversity in *P. maximum* are the morphological traits plant height, hair density on the sheath, hair length on the leaf blade, purple color of the blade, cerosity and leaf type; the agronomic traits leaf yield, percentage of leaf and *B. maydis* incidence; and the nutritive value traits cellulose, silica and potassium permanganate lignin. There is greater diversity within than between the progenies. The agronomic traits provide higher diversity among the evaluated genotypes. It is possible to identify with the dissimilarity matrix divergent individuals of superior performance to be recombined in the in *P. maximum* breeding program.

Key words: agronomic traits, nutritive value, morphologic descriptors, Tocher cluster analysis, character importance, correlation between dissimilarity matrices

### 5.3) Introdução

Durante o período de 1970 a 2006, a área de pastagens cultivadas no Brasil passou de 29,7 para 101,4 milhões de hectares (SIDRA-IBGE, 2011), como resultado do avanço da fronteira agrícola e da substituição das pastagens nativas, que, durante o mesmo período, tiveram sua área reduzida de 124,4 para 57,3 milhões de hectares. Assim, considerando a expansão das pastagens cultivadas e a baixa variabilidade destas áreas, que são estabelecidas com poucas cultivares exóticas de reprodução apomítica, há grande demanda pela diversificação (Jank et al., 2011).

A espécie *Panicum maximum* Jacq. ocupa cerca de 20% das áreas de pastagens e detem 30% das vendas de sementes. Das forrageiras propagadas por sementes, essa é a mais produtiva do mercado, e isso a destaca como excelente opção para a diversificação e intensificação do uso das pastagens brasileiras (Jank et al., 2008).

A poliploidização de acessos sexuais de *P. maximum* permitiu a realização de cruzamentos com plantas apomíticas e, conseqüentemente, a liberação de variabilidade genética para o melhoramento, que vinha sendo realizado principalmente por meio da introdução de acessos exóticos (Valle et al., 2009). Sabe-se que plantas de reprodução assexuada, seja vegetativa ou por apomixia, apresentam alto nível de heterozigose, o que sugere que cruzamentos entre estas plantas podem resultar em progênies de grande variabilidade genética.

O estudo da diversidade genética tem como objetivo a seleção de progenitores divergentes que proporcionem maior heterose nos cruzamentos. Nesse sentido, parte-se da premissa de que a recombinação de indivíduos divergentes, de bom desempenho, pode

resultar em maior complementaridade genética e vigor híbrido na F1 e, nas gerações segregantes, maior recuperação de indivíduos transgressivos (Cruz et al., 2011).

A diversidade genética pode ser estudada por meio de caracteres agronômicos, morfológicos e moleculares. A utilização de caracteres morfológicos é importante, pois permite a identificação de indivíduos contrastantes, além de ser útil no manejo dos recursos genéticos por meio da caracterização de plantas no banco de germoplasma. Já os caracteres agronômicos (produção e valor nutritivo) também são bastante úteis, pois são o objetivo principal do melhoramento.

Portanto, objetivou-se com este trabalho avaliar a diversidade genética de indivíduos híbridos de *P. maximum* com base em caracteres morfológicos, produtivos e valor nutritivo e a importância relativa destes caracteres para o estudo da diversidade genética.

#### **5.4) Material e Métodos**

As condições em que o experimento foi conduzido são as mesmas descritas no Material e Métodos do primeiro artigo.

Foram avaliadas as seguintes características agronômicas: massa seca de lâminas foliares (MSF – g/planta) e de colmos + bainhas (MSC – g/planta) e porcentagem de folhas (%F).

Para determinação do valor nutritivo, os teores de proteína bruta (PB), fibra em detergente neutro (FDN), fibra em detergente ácido (FDA), celulose (CEL), lignina em permanganato (LIGP) e em ácido sulfúrico (LIGS), digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica (DIVMO) e sílica biogênica (SIL) foram estimados nas amostras de lâminas foliares, por meio da técnica de espectroscopia de reflectância do infravermelho próximo

(NIRS), de acordo com procedimentos descritos por Merten et al. (1985). Os dados de refletância das amostras na faixa de comprimento de onda de 1.100 a 2.500 nm foram armazenados por um espectrofotômetro (Modelo NR5000: NIRSystems, Inc., USA) acoplado a um microcomputador. Os valores de PB, FDN, FDA, CEL, LIGP, LIGS, DIVMO e SIL foram obtidos por equações de calibração desenvolvidas por métodos convencionais (Euclides & Medeiros, 2003).

Além dessas características, também foram avaliadas a altura das plantas (ALT – cm), rebrotação (REB) e a incidência do fungo *Bipolaris maydis* (IBM).

Para a caracterização morfológica dos híbridos, foram utilizados os descritores morfológicos propostos por Jank et al. (1997) no Catálogo de Caracterização e Avaliação de Germoplasma de *P. maximum*. Assim, os híbridos foram descritos quanto às suas características morfológicas vegetativas e de pilosidade:

Características vegetativas:

- **Altura:** altura da planta (m), medida do solo até o ponto mais alto, desconsiderando inflorescências;
- **Largura da folha:** média de cinco medidas realizadas na região mediana de cinco folhas completamente expandidas;
- **Comprimento da folha:** comprimento médio de cinco folhas completamente expandidas;
- **Diâmetro da touceira:** diâmetro medido na base da touceira;
- **Tipo de folha:** 0 (decumbentes – bastante encurvadas); 1 (quebradiça – crescimento ereto até certo ponto e quebrando em sua extremidade bruscamente); 2 (ereta – folhas com crescimento orientado verticalmente);
- **Cerosidade da folha:** presença de cerosidade nas bainhas e lâminas. 0 (ausente); 1 (presente);

Características de pilosidade:

- **Densidade ou quantidade comparativa de pelos na lâmina foliar:** avaliação visual das classes - 0 (ausente); 1 (baixa); 2 (média); 3 (alta);
- **Comprimento dos pelos da lâmina foliar:** avaliação visual das classes - 0 (ausente ou glabras); 1 (curtos); 2 (longos);
- **Densidade ou quantidade comparativa de pelos na bainha:** 0 (ausente); 1 (baixa); 2 (média); 3 (alta);
- **Comprimento dos pelos da bainha:** 0 (ausente ou glabras); 1 (curtos); 2 (longos);

O valor genotípico dos indivíduos híbridos para os caracteres agronômicos e de valor nutritivo foi estimado por meio do modelo linear misto implementado no *software* SELEGEN-REML/BLUP (Resende, 2007):

$$y = X_m + Z_g + W_p + T_b + Q_s + e$$

em que:  $y$  é o vetor de dados;  $m$  é o vetor dos efeitos das combinações medição-repetição (assumidos como fixos) somados à média geral;  $g$  é o vetor dos efeitos genotípicos de indivíduo (assumidos como aleatórios);  $p$  é o vetor dos efeitos de parcelas (assumidos como aleatórios);  $b$  é o vetor dos efeitos de blocos (assumidos como aleatórios);  $s$  é o vetor dos efeitos de ambiente permanente (aleatório);  $e$  é o vetor de erros ou resíduos (aleatório). As letras maiúsculas representam matrizes de incidência para os referidos efeitos.

De posse destes valores, realizou-se a análise de componentes principais para estudo da importância relativa dos caracteres para a diversidade genética. Esta análise foi realizada separadamente em cada grupo de caracteres (morfológicos, agronômicos e valor nutritivo).

Nesse caso, a eliminação das variáveis foi realizada por meio da identificação daquelas de maior peso nos autovetores associados aos componentes principais de raiz característica inferior a 0,7 e também por meio da correlação fenotípica, para os caracteres morfológicos, e da correlação genotípica, para os caracteres agronômicos e valor nutritivo. Foram estimados os escores relativos aos componentes principais e, por meio destes, procedeu-se à análise da dispersão gráfica dos indivíduos híbridos.

Para o estudo da diversidade genética, também foram geradas matrizes de dissimilaridade para realização do agrupamento dos genótipos por grupo de variáveis e por grupo genético. A matriz de dissimilaridade dos caracteres morfológicos foi estimada por meio de duas medidas de dissimilaridade. Para as variáveis multicategóricas, utilizou-se o complemento do índice de coincidência simples, que é dado por:

$$d_{ii'} = \frac{D}{C+D}$$

Em que:  $d_{ii'}$  é o complemento do coeficiente de coincidência simples; C é número de concordâncias de categoria; e D é número de discordâncias de categoria.

Para os caracteres morfológicos de distribuição contínua, utilizou-se como medida de dissimilaridade o quadrado da distância euclidiana média, que é dado por:

$$d_{ii'}^2 = \frac{1}{v} \sum_j (Y_{ij} - Y_{i'j})^2$$

Em que:  $d_{ii}^2$  é o quadrado da distância euclidiana média entre os genótipos  $i$  e  $i'$ ;  $v$  é o número de variáveis;  $Y_{ij}$  é o valor da  $j$ -ésima variável para o genótipo  $i$ ; e  $Y_{i'j}$  é o valor da  $j$ -ésima variável para o genótipo  $i'$ ;

Todas as variáveis foram padronizadas anteriormente à realização da análise de componentes principais e da geração das matrizes de dissimilaridade. A padronização das variáveis foi realizada por meio de:

$$y_j = \frac{Y_j}{\hat{\sigma}_j}$$

Em que:  $y_j$  é o valor da variável padronizada;  $Y_j$  é o valor observado da variável a ser padronizada; e  $\sigma_j$  é o desvio-padrão associado à  $j$ -ésima característica.

As matrizes de dissimilaridade para os caracteres morfológicos multicategóricos e quantitativos foram padronizadas e somadas. De posse das matrizes de dissimilaridade, realizou-se o agrupamento dos indivíduos por meio do método de otimização de Tocher e também pelo método hierárquico de Ward, conforme descrito por Cruz et al. (2011). De posse das matrizes de dissimilaridade, realizou-se ainda análise de correlação entre estas medidas para os diferentes grupos de variáveis.

A análise de componentes principais, geração das matrizes de dissimilaridade, soma de matrizes e a análise de agrupamento e de correlações foram realizadas por meio do Programa Genes – Aplicativo Computacional em Genética e Estatística, versão 1.0.0 (Cruz, 2008).

## 5.5) Resultados e Discussão

Por meio da análise de componentes principais (ACP), avaliou-se a importância relativa dos caracteres para o estudo da diversidade genética e a dispersão gráfica dos indivíduos com base nos escores relativos aos componentes principais. A identificação deste tipo de caráter é importante, pois reduz a quantidade de avaliações de campo em experimentos futuros.

Na ACP com base nos 11 caracteres morfológicos, houve acúmulo de 84,36% da variação total nos seis primeiros componentes principais (Tabela 1). Esses resultados indicam que estes componentes são capazes de resumir a variação contida nas 11 características. Segundo Cruz & Carneiro (2006), para que a análise dos componentes principais seja bem sucedida, os dois primeiros componentes devem acumular no mínimo 80% de toda variação observada, pois isso permitirá substancial redução do conjunto de dados e a visualização da dispersão gráfica em dois eixos. Assis et al. (2002), trabalhando com 24 caracteres morfológicos avaliados em *Brachiaria* sp., observaram acúmulo de 85,37% da variação nos três primeiros componentes principais. Já Strapasson et al. (2000) obtiveram acúmulo de 81,61% da variação nos cinco primeiros componentes principais avaliados em 20 caracteres botânico-agronômicos utilizados na descrição de acessos das espécies forrageiras de *Paspalum plicatum* e *Paspalum guenoarum*. De acordo com esses autores, a técnica de componentes principais foi útil na identificação de variáveis que pouco contribuem com o estudo da diversidade genética e que 86% dos descritores foram descartados, evidenciando a necessidade de se trabalhar com menor número de descritores.

Por meio da ACP, também foram estimados os autovetores associados a cada componente principal (Tabela 1). De acordo com Cruz & Carneiro (2006), a importância

relativa dos caracteres para o estudo da diversidade genética pode ser avaliada por meio dos elementos de maior peso nos autovetores associados aos componentes principais cuja raiz característica é inferior a 0,7. Portanto, características de maior peso nos últimos autovetores devem ser eliminadas, uma vez que pouco contribuem com a variação total e com a discriminação dos genótipos. Assim, as características de maior peso nos últimos autovetores foram comprimento da folha, comprimento de pelos na bainha, densidade de pelos na lâmina, largura da folha e diâmetro da touceira (Tabela 1). Nota-se que estas características também estiveram altamente correlacionadas com outros descritores avaliados no estudo. Segundo van de Wouw et al. (2008), coeficientes de correlação superiores a 0,7 podem ser considerados altos e são indicativos de variáveis passíveis de eliminação em estudos de diversidade genética. Nesse sentido, esses autores realizaram análise prévia da correlação entre os caracteres morfoagronômicos e, posteriormente, análise de agrupamento pelo método do vizinho mais próximo em um conjunto reduzido de variáveis.

Os caracteres morfológicos altura de planta e comprimento da folha, comprimento e densidade de pelos na folha, comprimento e densidade de pelos na bainha apresentaram coeficientes de correlação próximos ou superiores a 0,8, o que justifica a eliminação daqueles de maior peso nos últimos autovetores. Apesar disso, os demais descritores morfológicos apresentaram baixa correlação entre si, o que os torna descritores de interesse para o estudo da diversidade genética (Tabela 2). Assis et al. (2002), em acessos de *Brachiaria* sp., e van de Wouw et al. (2008), em acessos de *Panicum* sp., também se basearam no coeficiente de correlação para proceder à eliminação de caracteres de pilosidade altamente correlacionados.

Tabela 1 - Componentes principais (CP), autovalores ( $\lambda_j$ ), porcentagem acumulada (% Acum.) e elementos dos autovetores associados aos caracteres morfológicos em híbridos de *P. maximum*

CP	$\lambda_j$	% Acum.	Conjunto de autovetores associados										
			Comp <sup>1</sup>	Larg <sup>2</sup>	Alt <sup>3</sup>	Diam <sup>4</sup>	Ldens <sup>5</sup>	Lcomp <sup>6</sup>	Bdens <sup>7</sup>	Bcomp <sup>8</sup>	Arrox <sup>9</sup>	Ceros <sup>10</sup>	Tipof <sup>11</sup>
1	2,8223	25,66	0,520	0,407	0,523	0,391	-0,005	-0,057	0,101	0,132	-0,233	-0,087	-0,213
2	2,1061	44,80	-0,039	-0,056	-0,073	-0,067	0,500	0,499	0,498	0,474	-0,079	-0,088	-0,002
3	1,4886	58,34	0,050	-0,033	0,115	0,156	0,496	0,484	-0,482	-0,495	-0,041	-0,017	0,003
4	1,2223	69,45	0,130	0,323	0,037	0,114	0,052	0,088	0,070	0,047	0,502	0,605	0,478
5	0,8707	77,36	0,116	0,150	-0,039	-0,009	-0,003	-0,054	-0,004	-0,035	-0,007	-0,657	0,726
6	0,7700	84,36	0,047	0,055	0,123	-0,098	0,051	0,011	0,020	-0,013	0,811	-0,410	-0,377
7	0,6713	90,47	-0,177	-0,507	0,022	<u>0,803</u>	-0,033	-0,068	0,018	0,147	0,161	-0,055	0,098
8	0,4722	94,76	-0,435	<u>0,649</u>	-0,440	0,363	-0,068	0,100	0,000	-0,039	-0,049	-0,115	-0,184
9	0,2040	96,61	-0,004	-0,082	0,149	0,000	<u>-0,663</u>	0,646	0,243	-0,229	0,002	-0,036	0,029
10	0,1940	98,38	-0,314	0,088	0,336	-0,120	-0,162	0,192	-0,584	<u>0,598</u>	-0,002	-0,023	0,068
11	0,1785	100,00	<u>-0,612</u>	0,089	0,601	-0,064	0,164	-0,185	0,323	-0,277	-0,039	0,012	0,097

<sup>1</sup>comprimento da folha; <sup>2</sup>largura da folha; <sup>3</sup>altura da planta; <sup>4</sup>diâmetro da touceira; <sup>5</sup>densidade de pelos na lâmina foliar; <sup>6</sup>comprimento de pelos na lâmina foliar; <sup>7</sup>densidade de pelos na bainha da folha; <sup>8</sup>comprimento de pelos na bainha da lâmina; <sup>9</sup>arroxamento na bainha; <sup>10</sup>cerosidade; <sup>11</sup>tipo de folha.

Tabela 2 - Correlações fenotípicas entre os caracteres morfológicos em híbridos de *P. maximum*

Caracteres	Comp <sup>1</sup>	Larg <sup>2</sup>	Alt <sup>3</sup>	Diam <sup>4</sup>	Ldens <sup>5</sup>	Lcomp <sup>6</sup>	Bdens <sup>7</sup>	Bcomp <sup>8</sup>	Arrox <sup>8</sup>	Ceros <sup>10</sup>	Tipof <sup>11</sup>
Comp	1	0,579**	<u>0,790**</u>	0,449**	0,008	-0,084	0,080	0,106	-0,234**	-0,077	-0,165**
Larg		1	0,488**	0,324**	-0,066	-0,077	0,093	0,082	-0,094	0,031	-0,064
Alt			1	0,533**	0,008	-0,081	-0,002	0,052	-0,230**	-0,086	-0,297**
Diam				1	0,014	-0,031	-0,044	0,034	-0,167**	-0,017	-0,126*
Ldens					1	<u>0,789**</u>	0,167**	0,137*	-0,049	-0,069	0,017
Lcomp						1	0,167**	0,120*	-0,021	-0,006	0,039
Bdens							1	<u>0,801**</u>	-0,064	-0,056	-0,031
Bcomp								1	-0,096	-0,054	-0,059
Arrox									1	0,189**	0,208**
Ceros										1	0,116*
Tipof											1

<sup>1</sup>comprimento da folha; <sup>2</sup>largura da folha; <sup>3</sup>altura da planta; <sup>4</sup>diâmetro da touceira; <sup>5</sup>densidade de pelos na lâmina foliar; <sup>6</sup>comprimento de pelos na lâmina foliar; <sup>7</sup>densidade de pelos na bainha da folha; <sup>8</sup>comprimento de pelos na bainha da lâmina; <sup>9</sup>arroxamento na bainha; <sup>10</sup>cerosidade; <sup>11</sup>tipo de folha; \*, \*\*: significativo pelo teste t a 5 e 1% de probabilidade, respectivamente;

Quanto à importância relativa dos caracteres agronômicos, a ACP possibilitou reunir 87,44% da variação total observada nos dados nos três primeiros componentes principais (Tabela 3).

Tabela 3 - Componentes principais (CP), autovalores ( $\lambda_j$ ), porcentagem acumulada (% Acum.) e elementos dos autovetores associados aos caracteres agronômicos em indivíduos híbridos de *P. maximum*

CP	$\lambda_j$	% Acum.	Conjunto de autovetores associados					
			MSF <sup>1</sup>	MSC <sup>2</sup>	%F <sup>3</sup>	ALT <sup>4</sup>	IBM <sup>5</sup>	REB <sup>6</sup>
1	3,4228	57,05	0,480	0,488	-0,316	0,466	-0,265	0,380
2	1,0737	74,94	0,161	-0,327	0,703	0,066	-0,459	0,398
3	0,7497	87,44	0,279	0,008	0,276	0,070	0,841	0,365
4	0,4380	94,74	-0,264	-0,016	-0,338	-0,555	-0,063	<u>0,710</u>
5	0,2434	98,79	-0,546	-0,374	-0,190	<u>0,680</u>	0,087	0,238
6	0,0725	100,00	-0,546	<u>0,718</u>	0,425	0,054	0,005	0,058

<sup>1</sup>massa seca de folha; <sup>2</sup>massa seca de colmo; <sup>3</sup>porcentagem de folha; <sup>4</sup>altura de planta; <sup>5</sup>incidência de *Bipolaris maydis*; <sup>6</sup>rebrotção.

Entre os caracteres agronômicos, foram identificados como de menor importância para a avaliação da diversidade genética a MSC, ALT e REB (Tabela 3), que foram altamente correlacionados a outros caracteres avaliados no estudo (Tabela 4). A MSC apresentou alta correlação genotípica (0,770) com a MSF e com a %F (-0,730) e a ALT, correlação alta e positiva com a MSF (0,764). Do mesmo modo, a rebrotção correlacionou-se com a MSF, mas em menor magnitude (Tabela 4). Strapasson et al. (2000) também se basearam na ACP e no coeficiente de correlação de Pearson para identificar caracteres de menor importância para discriminação de acessos de *Paspalum sp.* e puderam eliminar 43% de 21 descritores agronômicos.

Tabela 4 - Matriz de correlações genótípicas entre os caracteres agronômicos avaliados em híbridos de *P. maximum*

Caracteres	MSF <sup>1</sup>	MSC <sup>2</sup>	%F <sup>3</sup>	ALT <sup>4</sup>	IBM <sup>5</sup>	REB <sup>6</sup>
MSF	1	<u>0,770</u> **	-0,292**	0,764**	-0,343**	0,654**
MSC		1	<u>-0,730</u> **	<u>0,700</u> **	-0,283**	0,474**
%F			1	-0,387**	0,120*	-0,149**
ALT				1	-0,381**	0,521**
IBM					1	-0,325**
REB						1

<sup>1</sup>massa seca de folha; <sup>2</sup>massa seca de colmo; <sup>3</sup>porcentagem de folha; <sup>4</sup>altura de planta; <sup>5</sup>incidência de *Bipolaris maydis*; <sup>6</sup>rebrotas; \*,\*\*: significativo pelo teste t a 5 e 1% de probabilidade, respectivamente.

A realização da ACP nos caracteres de valor nutritivo permitiu reduzir a variação observada em nove caracteres em apenas três componentes principais, os quais acumularam 80,62% da variação total (Tabela 5).

Os caracteres de valor nutritivo de menor importância para o estudo da diversidade genética são, em ordem decrescente, FDA, MO, PB, DIVMO, FDN e LIGS. Apesar da menor contribuição para o estudo da diversidade genética entre os genótipos, esses caracteres são de grande importância para caracterização do valor nutritivo de plantas forrageiras, pois os teores de FDN, FDA e LIGS são medidas do teor de parede celular vegetal e de seus componentes e estão negativamente relacionados à digestibilidade da forragem, que pode ser caracterizada diretamente pela DIVMO e é influenciada diretamente pelo teor de PB. Provavelmente esses resultados se devem à associação genética com outros caracteres em estudo. Assim, houve alta correlação genética entre os caracteres FDA e CEL (0,859) e entre os caracteres MO e SIL (-0,823). Coeficientes de média magnitude

foram observados entre os caracteres FDA e PB (-0,687), FDA e DIVMO (-0,730) e entre LIGP e DIVMO (-0,641) (Tabela 6). Strapasson et al. (2000) utilizaram a metodologia dos componentes principais para a seleção de descritores botânico-agronômicos para a caracterização de germoplasma de *Paspalum* e, dentro dos descritores agronômicos, descartaram as variáveis de valor nutritivo PB e FDN, por pouco contribuírem com a discriminação dos acessos. Ainda de acordo com estes autores, os descritores agronômicos, por serem mais influenciados por fatores ambientais, tiveram menor participação na caracterização dos acessos, uma vez que, dos oito caracteres identificados como melhores descritores para este gênero, apenas dois foram agronômicos.

Tabela 5 - Componentes principais (CP), autovalores ( $\lambda_j$ ), porcentagem acumulada (% Acum.) e elementos dos autovetores associados em caracteres de valor nutritivo avaliados em indivíduos híbridos de *P. maximum*

CP	$\lambda_j$	% Acum.	Conjunto de autovetores associados								
			MO <sup>1</sup>	PB <sup>2</sup>	FDN <sup>3</sup>	FDA <sup>4</sup>	DIVMO <sup>5</sup>	LIGS <sup>6</sup>	LIGP <sup>7</sup>	CEL <sup>8</sup>	SIL <sup>9</sup>
1	4,3411	48,23	0,154	-0,359	0,320	0,431	-0,394	0,347	0,311	0,418	-0,115
2	1,9768	70,20	0,632	-0,017	0,111	-0,172	0,241	-0,145	-0,194	0,160	-0,646
3	0,9380	80,62	0,001	0,321	0,582	-0,252	-0,121	-0,238	0,582	-0,281	-0,077
4	0,6285	87,61	-0,063	0,634	-0,099	-0,022	0,042	<u>0,725</u>	0,023	0,020	-0,238
5	0,4896	93,04	-0,163	0,311	<u>0,595</u>	0,251	0,234	-0,137	-0,467	0,352	0,212
6	0,3332	96,75	-0,379	-0,053	-0,166	0,195	<u>0,624</u>	-0,144	0,468	0,312	-0,248
7	0,1648	98,58	0,249	<u>0,517</u>	-0,392	0,320	-0,333	-0,441	0,146	0,288	0,080
8	0,1033	99,73	<u>-0,584</u>	-0,014	-0,013	-0,167	-0,462	-0,197	-0,235	0,135	-0,553
9	0,0247	100,00	0,030	-0,016	-0,046	<u>-0,700</u>	-0,044	0,068	0,115	0,631	0,298

<sup>1</sup>teor de matéria orgânica; <sup>2</sup>teor de proteína bruta; <sup>3</sup>teor de fibra em detergente neutro; <sup>4</sup>teor de fibra em detergente ácido; <sup>5</sup>digestibilidade in vitro da matéria orgânica; <sup>6</sup>lignina em ácido sulfúrico; <sup>7</sup>lignina em permanganato de potássio; <sup>8</sup>celulose; <sup>9</sup>sílica.

Tabela 6 - Matriz de correlações genótípicas entre os caracteres de valor nutritivo avaliados em indivíduos híbridos de *P. maximum*

Caracteres	MO <sup>1</sup>	PB <sup>2</sup>	FDN <sup>3</sup>	FDA <sup>4</sup>	DIVMO <sup>5</sup>	LIGS <sup>6</sup>	LIGP <sup>7</sup>	CEL <sup>8</sup>	SIL <sup>9</sup>
MO	1	-0,282**	0,314**	0,052	-0,047	0,045	-0,037	0,414**	<u>-0,823**</u>
PB		1	-0,306**	<u>-0,687**</u>	0,583**	-0,374**	-0,359**	-0,660**	0,127*
FDN			1	0,467**	-0,507**	0,273**	0,534**	0,526**	-0,257**
FDA				1	<u>-0,730**</u>	0,698**	0,492**	<u>0,859**</u>	0,045
DIVMO					1	-0,629**	<u>-0,641**</u>	-0,524**	-0,114*
LIGS						1	0,407**	0,595**	-0,076
LIGP							1	0,322**	-0,023
CEL								1	-0,383**
SIL									1

<sup>1</sup>teor de matéria orgânica; <sup>2</sup>teor de proteína bruta; <sup>3</sup>teor de fibra em detergente neutro; <sup>4</sup>teor de fibra em detergente ácido; <sup>5</sup>digestibilidade in vitro da matéria orgânica; <sup>6</sup>lignina em ácido sulfúrico; <sup>7</sup>lignina em permanganato de potássio; <sup>8</sup>celulose; <sup>9</sup>sílica; \*,\*\*: significativo pelo teste t a 5 e 1% de probabilidade, respectivamente;

Por meio dos escores relativos, avaliou-se a dispersão gráfica dos genótipos com base nos componentes principais (Figura 2). Para visualização da dispersão gráfica dos genótipos, foram utilizados apenas os escores gerados com a ACP dos caracteres agronômicos, uma vez que, para todos os grupos de caracteres, foi observado semelhante padrão de resposta, que foi a impossibilidade de identificação dos três diferentes grupos genéticos avaliados no experimento. Esse padrão pode ser explicado pela ocorrência de maior variabilidade dentro que entre progênies e também pela proximidade genética entre os indivíduos que são aparentados. Nesse sentido, Jorge et al. (2008) também tiveram dificuldade na visualização de grupos por meio da dispersão gráfica dos dois primeiros componentes principais obtidos em 68 acessos do banco de germoplasma de *Cenchrus ciliaris*. Segundo esses autores, a análise de agrupamento pelo método hierárquico do vizinho mais próximo também não permitiu a visualização de grupos.

A ocorrência de pequena variabilidade entre os grupos genéticos também pode ser explicada pelo fato dos genitores se tratarem de plantas-elite, já melhoradas para os caracteres em estudo.

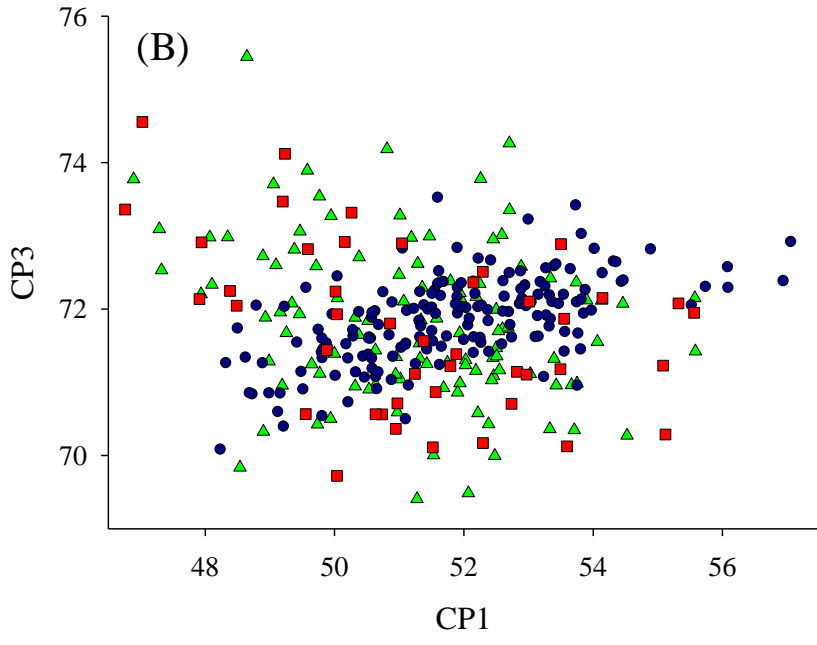
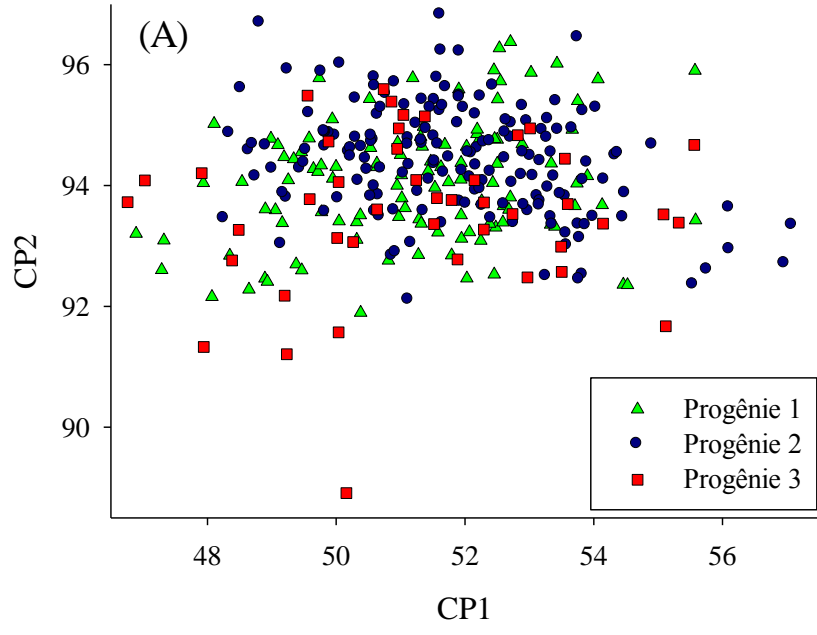


Figura 2 - Dispersão gráfica de 320 indivíduos híbridos de *P. maximum* considerando o primeiro e segundo (A), primeiro e terceiro (B) componentes principais.

A análise de diversidade genética foi realizada nos três grupos de variáveis e por grupo genético, ou seja, avaliou-se a diversidade das plantas no experimento e dos indivíduos híbridos dentro das progênies.

Para obtenção dos agrupamentos, utilizou-se o método de otimização que fornece diretamente o número de grupos, de indivíduos por grupo e a constituição de cada grupo. Nesse sentido, quando se avaliou a diversidade genética dos indivíduos híbridos dentro da progênie 1 com base no valor fenotípico de seus caracteres morfológicos, obteve-se a formação de 10 grupos, sendo que 76% dos indivíduos foram alocados dentro do primeiro grupo (Tabela 7). Número semelhante de indivíduos foi alocado no primeiro grupo da progênie 2, mas o número de grupos foi maior, totalizando 16 grupos. Esses resultados são indicativo de maior variabilidade morfológica dos indivíduos na progênie 2. O maior número de indivíduos também pode ter implicado na formação de mais grupos. A progênie 3 foi aquela que teve menor participação no experimento, de modo que, dos seus 40 híbridos avaliados morfológicamente, 31 puderam ser reunidos no mesmo grupo (Tabela 7).

Tabela 7 – Análise de agrupamento de acordo com a metodologia de otimização de Tocher realizada com base em caracteres morfológicos em híbridos de *P. maximum*

Quantidade	Progênie 1	Progênie 2	Progênie 3	Experimento
Total de indivíduos	96	149	40	285
de indivíduos no maior grupo	73	80	31	136
de grupos com um indivíduo	4	4	3	10
de grupos	10	16	6	30
Razão Indivíduos/Grupos	9,6	9,3	6,7	19
% indivíduos no maior grupo	76,04	53,69	77,75	47,00

Quando a estrutura de família não foi considerada, dos 285 indivíduos descritos morfológicamente, 136 foram reunidos no primeiro grupo e 30 grupos morfológicos distintos foram obtidos (Tabela 7). Estes resultados indicam que os indivíduos híbridos de *P. maximum* são divergentes geneticamente e que é possível identificar indivíduos mais discrepantes morfológicamente para a recomendação de cruzamentos com maior chance de obtenção de heterose. Nesse sentido, Azevedo et al. (2011) agruparam 19 acessos do Banco Ativo de Germoplasma de *Arachis* sp. em seis grupos morfológicos distintos. De acordo com esses autores, a distância genética entre grupos pode ser utilizada como recomendação de cruzamentos promissores, desde que esses acessos também possuam elevada média e variabilidade para os caracteres em melhoramento.

Do mesmo modo, foram estimadas distâncias dentro das progênes e entre os indivíduos no experimento por meio do valor genotípico dos caracteres agronômicos (Tabela 8). Nesse sentido, observou-se a formação de 26 grupos dentro da progênie 2, que foi maior que o número de agrupamentos formados com todos indivíduos do experimento. A progênie 2 também foi aquela que concentrou menor quantidade de indivíduos dentro do primeiro grupo. Esse resultado indica que estes indivíduos apresentaram maior diversidade genética quanto aos caracteres agronômicos. A progênie 3 foi aquela que apresentou maior número de agrupamentos em relação ao número total de indivíduos (Tabela 8), o que significa que o cruzamento proporcionou maior diversidade entre seus híbridos. Shimoya et al. (2002) observaram a formação de 18 grupos na avaliação de 99 genótipos de *Pennisetum purpureum* com base em 17 caracteres morfológicos quantitativos.

Tabela 8 - Análise de agrupamento de acordo com a metodologia de otimização de Tocher realizada com base no valor genotípico dos caracteres agronômicos em híbridos de *P. maximum*

Quantidade	Progênie 1	Progênie 2	Progênie 3	Experimento
Total de indivíduos	108	167	45	320
Total de indivíduos no maior grupo	54	70	22	222
Total de grupos com um indivíduo	6	13	4	3
Total de grupos	14	26	9	13
Razão Indivíduos/Grupos	7,71	6,42	5	24,6
% indivíduos no maior grupo	50,00	41,92	48,89	69,37

Quando considerada a matriz de distâncias geradas com base no valor genotípico dos caracteres de valor nutritivo, observou-se que um grande número de indivíduos pode ser reunido dentro do maior grupo (Tabela 9). Estes resultados indicam que há pequena diversidade quanto aos caracteres de valor nutritivo. Apesar disso, quando considerados apenas os indivíduos do progênie 3, observou-se a formação de grande quantidade de grupos e menor concentração de indivíduos em grupos grandes, o que pode ser indicativo de maior diversidade genética para valor nutritivo dentro dos indivíduos da progênie 3. As progênies 1 e 2, por outro lado, concentraram grande quantidade de indivíduos em grupos maiores, sobretudo a progênie 1. Este resultado indica que esta progênie foi mais uniforme quanto ao valor nutritivo dos indivíduos híbridos.

Tabela 9 - Análise de agrupamento de acordo com a metodologia de otimização de Tocher realizada com base no valor genotípico dos caracteres de valor nutritivo em híbridos de *P. maximum*

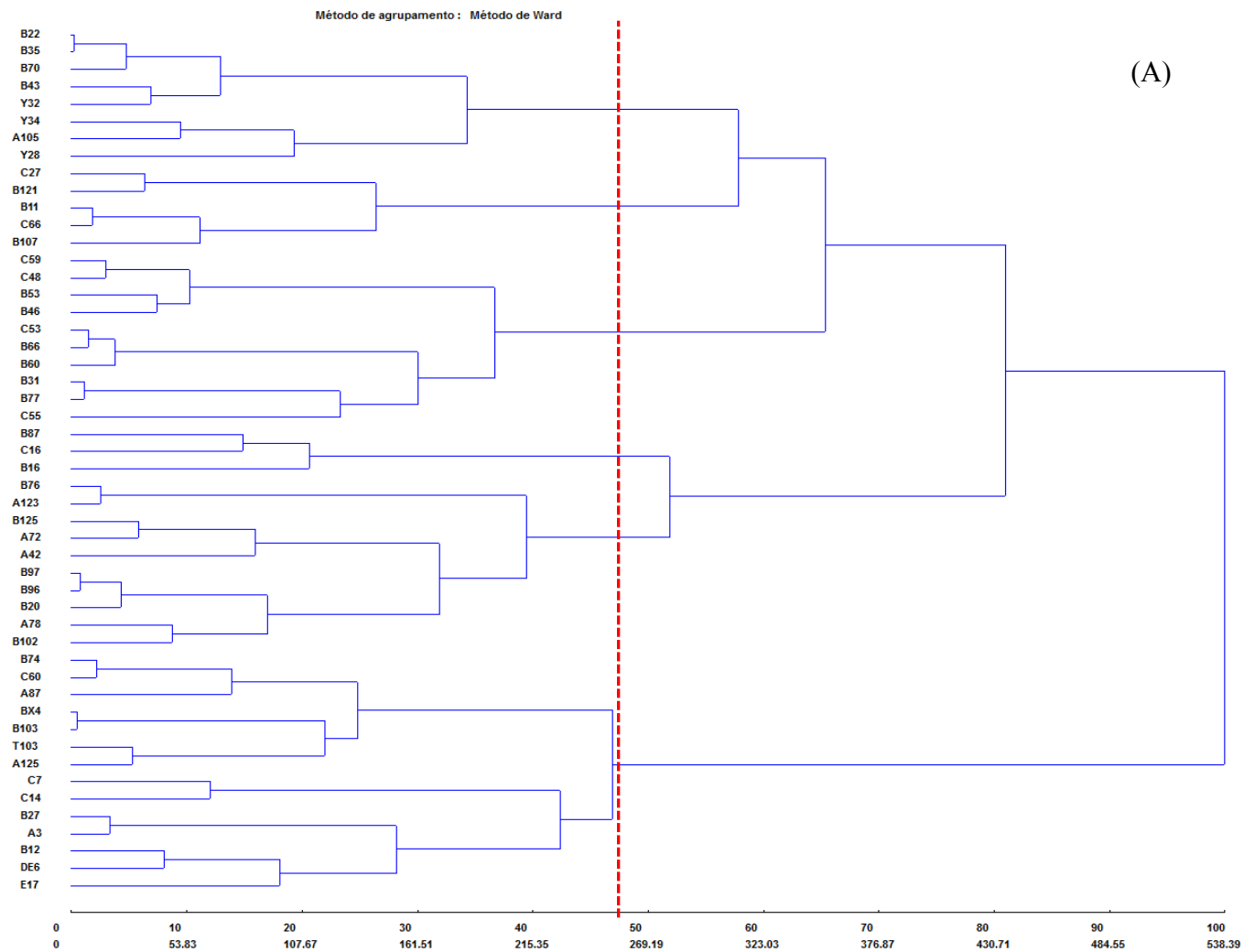
Quantidade	Progênie 1	Progênie 2	Progênie 3	Experimento
Total de indivíduos	108	167	45	320
Total de indivíduos no maior grupo	101	109	12	286
Total de grupos com um indivíduo	2	4	8	4
Total de grupos	5	11	14	8
Razão Indivíduos/Grupos	21,6	15,2	3,2	40
% indivíduos no maior grupo	93,52	65,26	26,67	89,37

Os híbridos também foram agrupados com base na matriz de dissimilaridade gerada considerando-se simultaneamente o valor genotípico dos caracteres agrônômicos e de valor nutritivo (Tabela 10). O número de grupos obtido foi semelhante ao agrupamento baseado em dados agrônômicos. Nesse sentido, a progênie 2 foi aquela que proporcionou formação de maior número de grupos e a progênie 3 foi a que concentrou menor proporção de indivíduos no primeiro grupo.

Tabela 10 - Análise de agrupamento de acordo com a metodologia de otimização de Tocher realizada com base no valor genotípico dos caracteres agrônômicos e de valor nutritivo em híbridos de *P. maximum*

Quantidade	Progênie 1	Progênie 2	Progênie 3	Experimento
Total de indivíduos	108	167	45	320
Total de indivíduos no maior grupo	94	84	17	266
Total de grupos com um indivíduo	2	8	8	3
Total de grupos	6	22	16	10
Razão Indivíduos/Grupos	18	7,6	2,8	32
% indivíduos no maior grupo	87,03	50,29	37,78	83,12

Foram gerados dendrogramas no conjunto de dados morfológicos e também com base no conjunto de dados agronômicos e de valor nutritivo simultaneamente. Quando foram considerados os caracteres agronômicos e de valor nutritivo, observou-se a formação de seis grupos distintos (Figura 3A). Já com a utilização de caracteres morfológicos, observou-se a formação de 14 grupos (Figura 3B). De fato, houve tendência ao agrupamento de indivíduos geneticamente mais próximos dentro de um mesmo clado (Figura 3B). Os indivíduos híbridos nomeados com as letras A e T foram menos frequentes entre os indivíduos superiores, mas tenderam a ser agrupados em clados semelhantes. O mesmo foi observado em relação aos indivíduos nomeados por D, E, DE e Y, que pertencem a progênie 3.



(Continua)

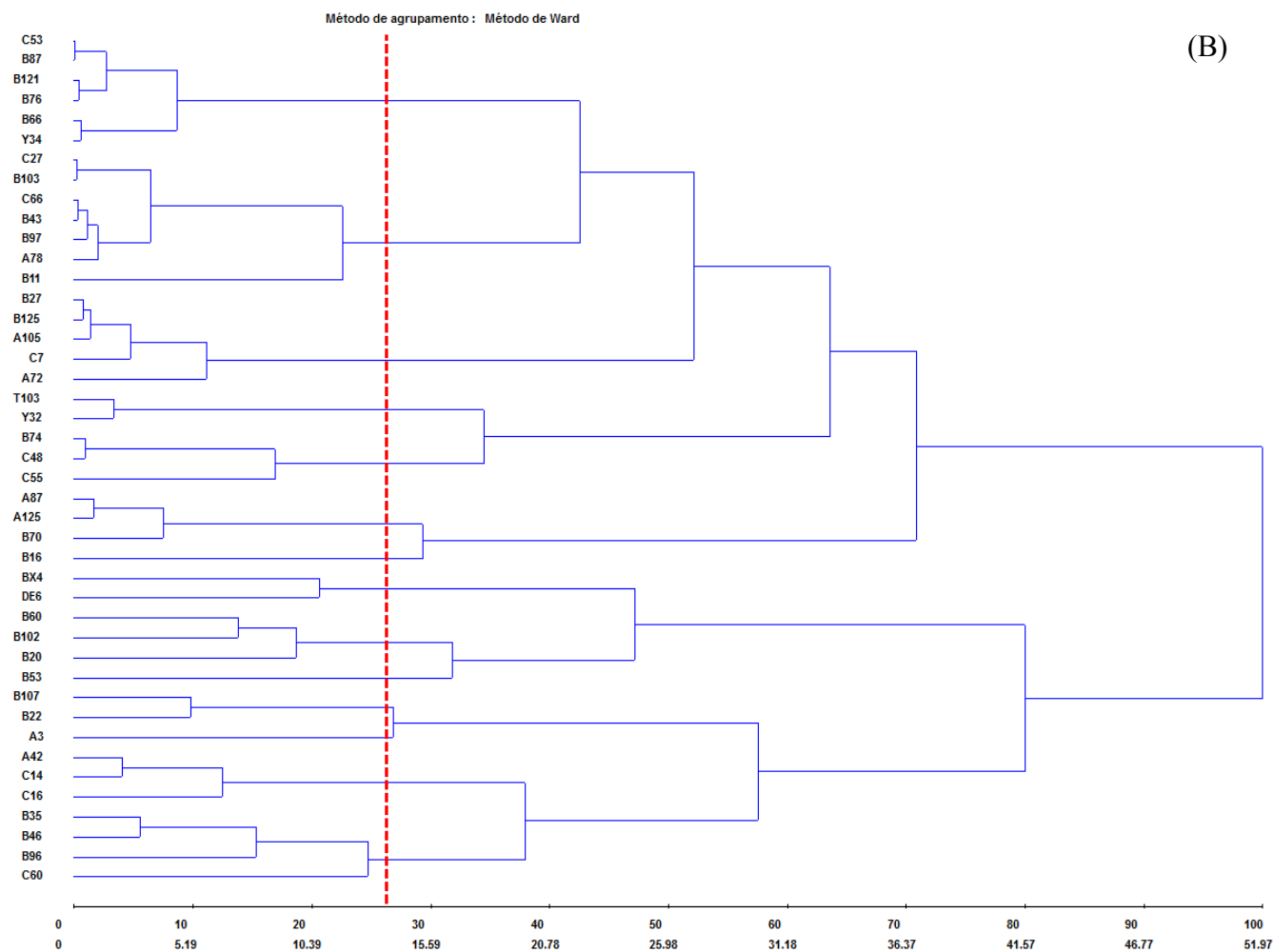


Figura 3 – Análise de agrupamento baseada no método hierárquico de Ward realizada com base no valor genotípico dos caracteres agrônômicos e de valor nutritivo (A) e com base no valor fenotípico dos caracteres morfológicos (B) nos 40 indivíduos híbridos superiores para massa seca de folhas.

Por meio da análise visual dos dendrogramas, também se observou maior formação de grupos entre os caracteres morfológicos que entre os caracteres agronômicos e de valor nutritivo (Figura 3).

Ao analisar as matrizes de dissimilaridade gerada com os diferentes grupos de variáveis, identificou-se a existência de indivíduos divergentes de bom desempenho para produção de folhas, caráter preconizado no melhoramento de forrageiras. As medidas de dissimilaridade são de grande importância em estudos de diversidade genética em que se procura identificar genitores a ser utilizados em programas de hibridação, pois há expectativa que os genitores de bom desempenho, com certo grau de diversidade, possam apresentar constituição genética complementar, que proporcionaria, na F1, maior heterose e, nas gerações segregantes, maior número de indivíduos transgressivos (Cruz et al., 2011).

Não foram observadas correlações importantes para as medidas de distância dos diferentes grupos de variáveis (Figuras 4, 5 e 6). A correlação entre as distâncias genéticas calculadas com base nos caracteres agronômicos e nos caracteres de valor nutritivo foi de 0,0913 significativa estatisticamente ( $P < 0,05$ ) (Figura 4). Esta correlação foi positiva e de baixa magnitude, o que indica que há dificuldade em encontrar genótipos que reúnam simultaneamente divergência para estes dois grupos de caracteres.

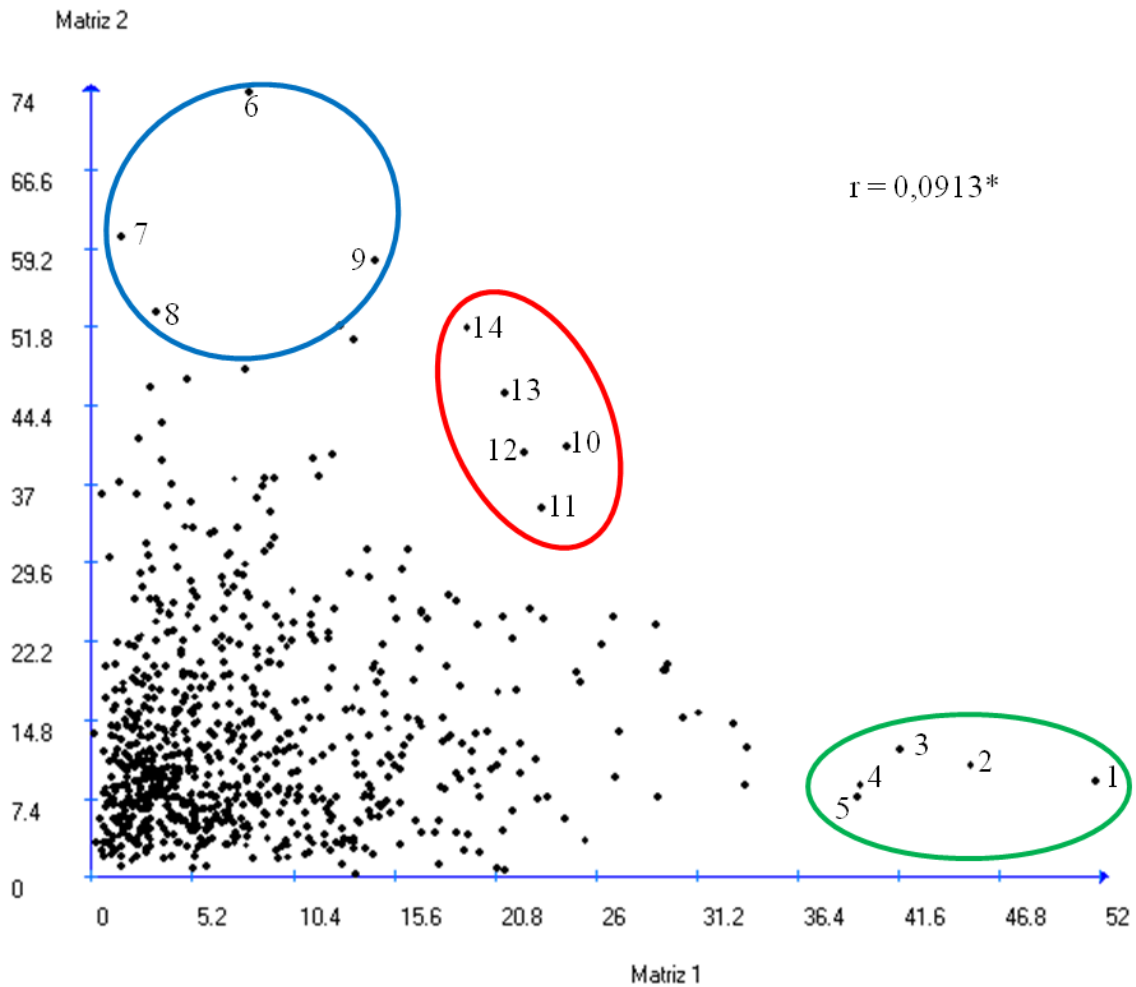


Figura 4 – Dispersão gráfica das distâncias entre os 40 genótipos superiores em função das matrizes de dissimilaridade dos dados agrônômicos (Matriz 1) e valor nutritivo (Matriz 2) e coeficiente de correlação de Pearson (r) (\*Significativo pelo teste de Mantel a 5% de probabilidade).

A maior parte dos indivíduos foi pouco divergente para ambos grupos de caracteres (Figura 4). Apesar disso, foram encontrados pares de indivíduos divergentes para caracteres agrônômicos (B107 e B76; C27 e B76; B27 e B76; C66 e B76; B11 e B76; marcados como 1, 2 3, 4 e 5, respectivamente) ou para valor nutritivo (C7 e C16; C60 e C16; B74 e C16; B87 e C7; marcados como 6, 7 8 e 9, respectivamente) e para ambos os grupos (B87 e B27; C27 e B87; C27 e C16; B87 e A3; B27 e C16) marcados como 10, 11, 12, 13 e 14,

respectivamente). A seleção destes últimos pode resultar em grande complementaridade nas gerações recombinantes, pois todos são considerados de bom desempenho para produção de folhas, caráter básico para o melhoramento de plantas forrageiras. Ressalta-se também que estas plantas são divergentes para dois grupos distintos de variáveis, o que pode resultar em maior complementaridade.

Ressalta-se que, para a realização de cruzamentos, pelo menos um dos indivíduos do par deve ser de reprodução sexual. As informações sobre o modo de reprodução das plantas selecionadas podem ser visualizadas na Tabela 11.

Tabela 11 – Modo de reprodução dos 40 melhores híbridos para massa seca de folhas

<b>Posição no rank</b>	<b>Indivíduo</b>	<b>Progênie</b>	<b>Modo de reprodução</b>
1	B107	2	Sexual
2	C55	2	Apomítica
3	B11	2	Apomítica
4	C27	2	A definir
5	A78	1	Apomítica
6	BX4	2	Sexual
7	B60	2	Apomítica
8	B121	2	A definir
9	C53	2	Apomítica
10	C66	2	Sexual
11	B87	2	Sexual
12	B27	2	A definir
13	B22	2	Sexual
14	B66	2	Apomítica
15	B43	2	Apomítica
16	B125	2	Apomítica
17	Y34	3	Sexual
18	A3	1	Sexual
19	B74	2	Sexual
20	B35	2	A definir
21	B102	2	A definir
22	B97	2	Apomítica
23	B16	2	A definir
24	A42	1	Sexual
25	DE6	3	Apomítica
26	B103	2	Sexual
27	B96	2	Sexual
28	C7	2	Sexual
29	A105	1	Apomítica
30	B76	2	Apomítica
31	C60	2	Apomítica
32	B53	2	Apomítica
33	A72	1	Sexual
34	A87	1	Apomítica
35	C48	2	Sexual
36	C16	2	Sexual
37	B70	2	Apomítica
38	B46	2	Apomítica
39	T10.3	1	Sexual
40	B20	2	Sexual

Quando se avaliou a correlação entre as medidas de dissimilaridade para caracteres agronômicos e morfológicos, observou-se coeficiente significativo de  $-0,0809$  ( $P < 0,05$ ). De maneira geral, os indivíduos foram mais divergentes morfológicamente que agronomicamente (Figura 5). Indivíduos divergentes para desempenho agrônômico também foram observados, assim como aqueles simultaneamente divergentes para ambos os grupos (C27 e B16; B107 e B16; B107 e B53; A3 e B76; B107 e B125; B107 e A72; B107 e T10.3; B107 e B87; C27 e A72; numerados como 1, 2, 3, 4 e 5, respectivamente).

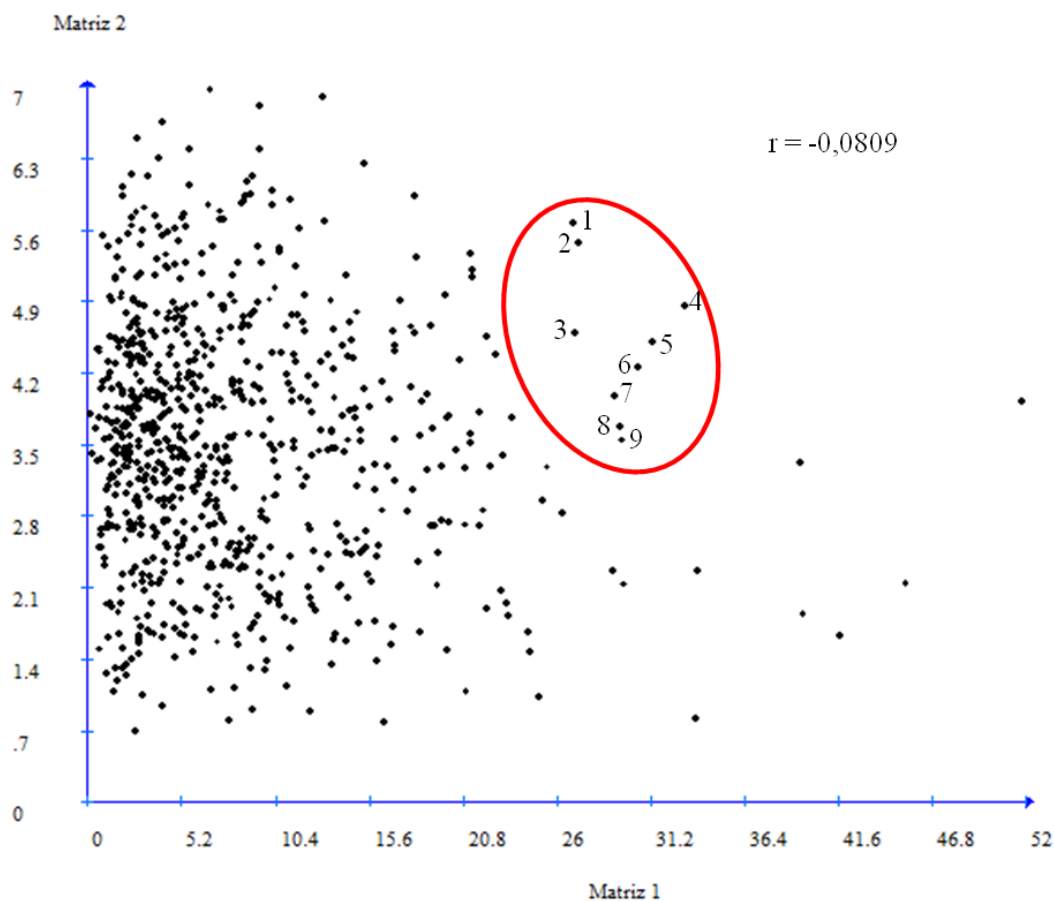


Figura 5 – Dispersão gráfica das distâncias entre os 40 genótipos superiores em função das matrizes de dissimilaridade dos dados agronômicos (Matriz 1) e morfológicos (Matriz 2) e coeficiente de correlação de Pearson ( $r$ ) (\*Significativo pelo teste t a 5% de probabilidade).

Não houve correlação significativa entre as distâncias dos caracteres morfológicos e de valor nutritivo ( $P > 0,05$ ). Quando as distâncias entre estes dois grupos de caracteres foram avaliadas em dispersão, também houve tendência a maior variabilidade para caracteres morfológicos (Figura 6). Maior número de indivíduos divergentes para ambos os grupos de caracteres também foi observado (Y34 e A3; B87 e DE6; B87 e A3; B16 e C7; B87 e C60; numerados como 1, 2, 3, 4 e 5, respectivamente).

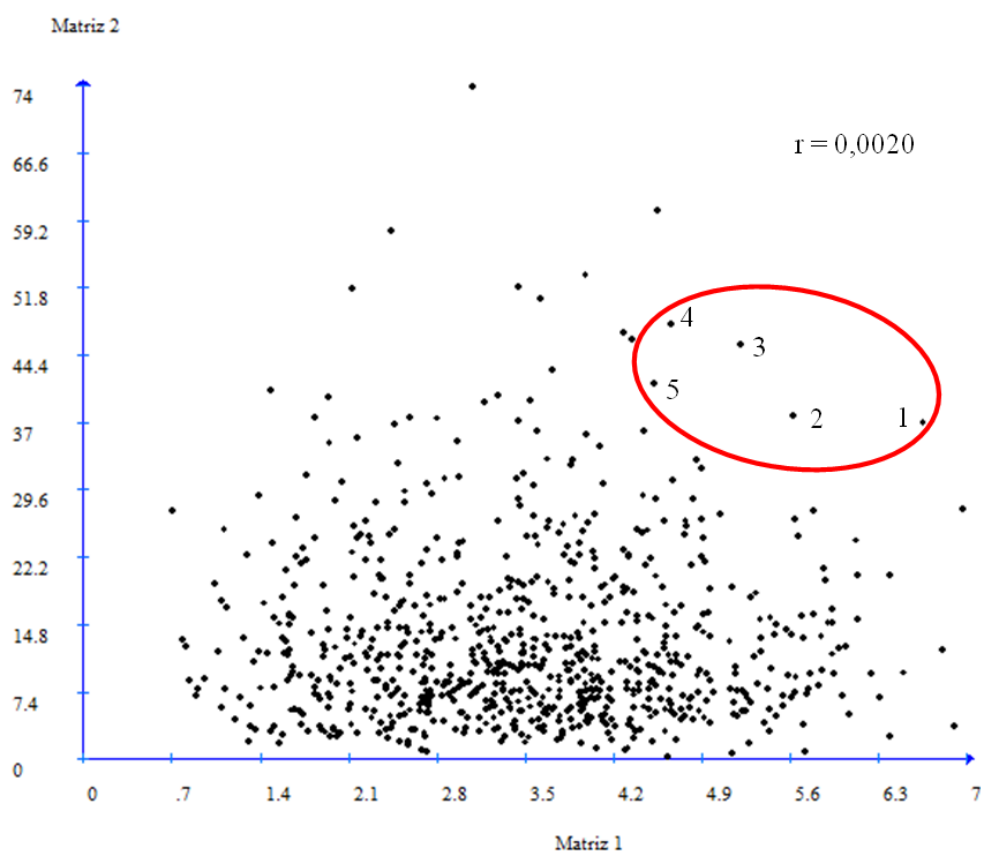


Figura 6 – Dispersão gráfica dos genótipos em função das matrizes de dissimilaridade dos dados morfológicas (Matriz 1) e de valor nutritivo (Matriz 2) e coeficiente de correlação de Pearson ( $r$ ) (<sup>ns</sup> não-significativo).

Os genótipos mais dissimilares quanto ao valor genotípico dos caracteres agrônômicos foram B107 e E18 ( $d_{ii}^2 = 110,7623$ ). Apesar de o genótipo B107 ter bom

desempenho, o indivíduo E18 não foi selecionado por ter desempenho agrônômico ruim, o que inviabiliza o cruzamento entre estas plantas. A dissimilaridade média entre todos indivíduos avaliados agronomicamente foi de 11,9947, enquanto a distância média entre os indivíduos selecionados foi de 7,9179. Este valor representa apenas 66,03% da distância média observada no experimento e indica o efeito da pressão de seleção sobre a redução da variabilidade genética dos indivíduos híbridos.

Na avaliação do nível de dissimilaridade dos indivíduos selecionados para produção de folhas, observou-se que os híbridos B107, C27, B27 e B76 foram os mais dissimilares (Tabela 12). Esses indivíduos apresentaram bom desempenho agrônômico para produção de folhas e são divergentes geneticamente. Nesse sentido, sua recombinação pode resultar em indivíduos de alta média e complementares geneticamente para os demais caracteres agrônômicos. Ressalta-se o indivíduo B107, além de apresentar maior distância média, é de reprodução sexual e foi o melhor para produção de folhas, logo pode ser bastante útil para o melhoramento e cruzamentos que o envolvam devem ser preconizados. Além deste, C27 também foi bastante dissimilar aos demais e ficou em quarto lugar no ranqueamento. Apesar disso, C27 é apomítico, o que limita sua utilização em cruzamentos realizados com plantas sexuais. Entre os indivíduos que compartilharam maior dissimilaridade com B107 e C27, podem ser citados B76, B125 e A72 e B76, A105 e T103, respectivamente. O cruzamento entre estes indivíduos deve ser priorizado, pois pode resultar em maior heterose.

Os indivíduos mais dissimilares para valor genotípico dos caracteres de valor nutritivo foram A71 e C16 ( $d_{ii}^2 = 200,8941$ ). Apesar do alto nível de dissimilaridade, estes indivíduos não são superiores para o caráter central produção de folhas. A dissimilaridade média para valor nutritivo foi de 18,0002 e entre os indivíduos selecionados, de 13,0880, o que representa 72,71% da distância média do experimento. Entre os indivíduos

selecionados, C55, B87, Y34, B16, A42, C7, C60 e C16 apresentaram maiores distâncias médias. Atenção especial deve ser dada ao indivíduo C55, pois este foi o segundo melhor para produção de folhas e foi bastante dissimilar aos demais (Tabela 13). Entre os indivíduos menos similares ao C55, estão C7, B87 e B125. O indivíduo B107, mais dissimilar para caracteres agronômicos, mostrou-se um dos menos divergentes para valor nutritivo.

Quando os híbridos foram avaliados quanto ao maior e menor nível de dissimilaridade para caracteres morfológicos, os mais dissimilares foram BX4, A3, C55, B16, DE6, C60 e B53, sendo que A3 destacou-se como o mais dissimilar para caracteres morfológicos. Esta planta ficou em 18ª posição no ranqueamento para produção de folhas, mas guardou alta dissimilaridade com B11, que foi a terceira melhor planta para produção de folhas (Tabela 14). O indivíduo B107 também apresentou alto nível de dissimilaridade com os demais, sobretudo com o indivíduo B11. Shimoya et al. (2002) também se basearam nas medidas de dissimilaridade para avaliar a distância entre genótipos de capim-elefante, entretanto, utilizaram a distância generalizada de Mahalanobis. De acordo com esses autores, os genótipos mais similares às testemunhas e entre si foram tidos como menos divergentes.

Ressalta-se que, entre o grupo de plantas mais dissimilares selecionadas por seu desempenho agronômico, existem plantas sexuais e apomíticas, o que possibilita a realização de cruzamentos entre indivíduos divergentes geneticamente.

Tabela 12 – Indivíduos mais e menos dissimilares com base nos caracteres agrônômicos

Posição no rank	Indivíduo	Menos similares			Média	Mais similares			Média	Média geral
1	B107	B76	B125	A72	37,8	B11	C27	C66	2,4	17,6
2	C55	B76	A105	T103	15,2	C53	B22	BX4	3,1	7,7
3	B11	B76	B125	B87	27,5	B107	C66	B121	1,5	11,2
4	C27	B76	A72	B125	34,7	B107	B11	B121	2,7	15,9
5	A78	B76	C7	A3	17,0	A42	B43	BX4	3,9	8,7
6	BX4	B107	C27	B27	16,1	C53	B60	B103	1,1	5,7
7	B60	B107	C27	B27	19,7	C53	BX4	B125	1,2	6,3
8	B121	B76	B125	A72	24,2	B27	B11	C66	2,2	9,4
9	C53	B107	C27	B27	15,8	BX4	B97	B60	0,8	5,4
10	C66	B76	B87	B125	28,3	B11	A3	B27	1,4	11,0
11	B87	B107	B27	C66	25,8	B102	C53	B53	2,6	9,8
12	B27	B76	B125	B87	30,4	C66	B121	A3	1,9	12,6
13	B22	B76	B107	C27	12,9	B96	B35	B74	0,8	4,3
14	B66	B107	C27	B27	18,9	B97	B60	C53	1,3	6,4
15	B43	B107	B76	C27	13,1	B103	C48	B70	1,0	4,6
16	B125	B107	C27	B27	28,5	B60	B53	B102	1,4	9,1
17	Y34	B76	B125	B87	20,1	DE6	B11	B121	2,3	7,8
18	A3	B76	B87	T103	24,4	C66	B27	DE6	2,2	9,4
19	B74	B76	B107	C27	14,6	C60	DE6	B96	0,8	5,2
20	B35	B76	B107	C27	13,2	B22	B96	B103	0,8	4,8
21	B102	B107	C27	B27	20,1	B97	C16	B53	0,7	6,1
22	B97	B107	C27	B27	17,0	B102	B103	B20	0,6	4,9
23	B16	B107	C27	B11	24,2	B53	B20	B103	1,9	7,8
24	A42	B107	C27	B27	18,7	B103	T103	B20	2,1	6,7
25	DE6	B76	B87	B107	14,5	B74	B96	B22	1,3	5,5
26	B103	B107	C27	B27	16,1	B20	B97	B53	0,5	4,7
27	B96	B107	B76	C27	13,6	B22	B35	B103	0,7	4,2
28	C7	C27	B107	B76	22,1	B16	B46	B22	3,1	9,3
29	A105	B76	B125	B87	24,3	B70	A87	B121	3,8	10,6
30	B76	B107	C27	B27	46,3	B125	B87	B53	4,6	18,4
31	C60	B107	C27	B27	17,5	B74	B97	C16	1,1	5,9
32	B53	B107	C27	B27	23,1	C16	B20	B97	0,6	6,5
33	A72	B107	C27	B27	27,6	B125	B53	C16	2,0	8,9
34	A87	B107	C27	B76	16,4	C48	B46	B70	0,8	5,5
35	C48	B107	B76	C27	16,0	A87	B70	B46	0,7	5,3
36	C16	B107	C27	B27	22,6	B53	B102	B97	0,6	6,5
37	B70	B76	B107	B125	14,6	C48	B43	A87	1,0	5,7
38	B46	B76	B107	C27	16,4	C48	A87	B22	1,2	5,9
39	T10.3	B107	C27	B27	26,4	A42	A72	B102	2,6	10,2
40	B20	B107	C27	B11	18,3	B103	B53	B97	0,5	5,2

Tabela 13 – Indivíduos mais e menos dissimilares com base nos caracteres de valor nutritivo

Posição no rank	Indivíduo	Menos similares			Média	Mais similares			Média	Média geral
1	B107	C7	A42	C16	23,3	B70	B66	B35	0,8	9,7
2	C55	C7	B87	B125	37,4	B121	C48	B11	7,0	19,8
3	B11	C16	B87	A42	23,0	C48	C66	A78	2,7	9,9
4	C27	C16	B87	A42	33,6	B60	DE6	B121	1,8	12,0
5	A78	C16	C7	B87	20,0	B46	B102	B76	2,4	7,8
6	BX4	C16	Y34	B87	33,4	B103	B27	B53	2,3	11,7
7	B60	C16	B87	A42	30,7	C27	C53	B121	2,3	12,1
8	B121	B87	C16	C7	27,5	C27	B60	B66	3,1	11,9
9	C53	C16	B87	A42	28,4	B107	B66	B70	1,8	10,5
10	C66	C16	B87	Y34	25,1	B11	C48	BX4	2,9	9,0
11	B87	C7	C60	A3	50,6	B43	C16	B16	6,6	24,1
12	B27	C16	B87	Y34	42,6	A3	C60	B103	2,2	13,7
13	B22	C7	A3	C16	20,3	B35	B66	B107	2,3	8,5
14	B66	C16	C7	B87	20,8	B107	B70	C53	1,2	8,2
15	B43	C7	A3	C60	30,4	B22	B125	B35	3,6	12,8
16	B125	C55	C7	Y34	31,1	A72	B43	B96	4,4	15,2
17	Y34	C7	A3	B27	41,0	A105	B35	B107	4,6	20,7
18	A3	C16	B87	Y34	44,9	B27	B53	C60	3,2	15,5
19	B74	C16	B87	Y34	42,0	A87	B27	T103	2,7	13,8
20	B35	C7	C16	A42	21,8	B107	B70	B22	1,6	10,1
21	B102	C7	C16	C55	19,9	A78	B22	B96	3,2	9,6
22	B97	C7	Y34	C60	22,9	B76	B96	A72	2,3	10,0
23	B16	C7	C60	DE6	33,6	B43	B97	B125	6,1	16,1
24	A42	C7	Y34	C60	35,0	A72	B96	B125	5,4	18,5
25	DE6	C16	B87	A42	37,2	C27	T103	B60	2,7	12,8
26	B103	C16	Y34	B87	31,2	BX4	B27	C66	2,3	10,7
27	B96	C7	C16	C55	23,5	B97	B22	B76	2,5	10,1
28	C7	C16	B87	Y34	60,9	C60	B27	B74	3,8	23,8
29	A105	C7	A3	B27	31,3	Y34	B35	B107	3,4	15,1
30	B76	C7	C16	Y34	23,2	B97	B46	A78	2,2	9,9
31	C60	C16	B87	B16	47,1	B27	C7	B74	2,9	16,0
32	B53	C16	B87	Y34	30,4	B46	BX4	C48	2,5	9,7
33	A72	Y34	C55	C16	28,1	B97	B96	B125	3,3	12,2
34	A87	C16	Y34	C55	36,4	B74	T103	B103	4,1	13,4
35	C48	C16	B87	A42	26,7	B11	C66	B66	2,7	9,9
36	C16	C7	C60	B74	62,5	B87	B16	B43	9,6	30,6
37	B70	C7	A42	C16	23,1	B107	B66	B35	1,0	9,9
38	B46	C16	B87	Y34	23,2	B53	A78	B76	1,8	8,0
39	T10.3	C16	B87	C55	31,8	DE6	B74	C27	3,1	10,3
40	B20	C16	Y34	B87	26,0	B103	B97	B76	3,4	10,0

Tabela 14 – Indivíduos mais e menos dissimilares com base nos caracteres morfológicos

Posição no rank	Indivíduo	Menos similares			Média	Mais similares			Média	Média geral
1	B107	A87	B16	B11	5,6	B74	B22	B96	2,3	4,0
2	C55	C60	DE6	B16	6,5	C27	C48	B43	2,3	4,1
3	B11	A3	B107	BX4	5,7	A105	C66	A78	2,0	3,6
4	C27	A3	B16	C60	5,7	B103	B43	B97	1,2	3,1
5	A78	A3	BX4	B16	5,1	B43	C66	B97	1,3	2,9
6	BX4	B16	C55	B70	6,1	A42	B96	C16	2,9	4,6
7	B60	A3	A72	BX4	5,3	B102	B53	B43	1,9	3,6
8	B121	A3	DE6	B53	5,1	B76	C54	B97	1,2	2,9
9	C53	A3	DE6	BX4	5,3	B87	Y34	B66	1,0	2,9
10	C66	A3	C60	BX4	4,8	B43	B97	B27	1,0	2,6
11	B87	DE6	A3	C60	5,2	C53	B121	B76	1,2	2,9
12	B27	DE6	C60	A3	4,7	B125	A105	C66	1,1	2,6
13	B22	C60	A72	T103	5,2	B107	B35	C16	2,5	3,7
14	B66	A3	DE6	BX4	5,9	Y34	C55	B43	1,3	3,4
15	B43	A3	B16	C60	5,0	C66	A78	B97	1,0	2,6
16	B125	B53	A3	DE6	4,9	B27	A105	B97	1,1	2,9
17	Y34	A3	DE6	BX4	5,6	B66	C53	B121	1,2	3,2
18	A3	B53	B66	Y34	6,8	B107	C7	B96	3,2	5,1
19	B74	B16	DE6	BX4	5,3	C48	B43	C27	1,4	3,1
20	B35	B53	C55	T103	4,7	B46	A42	B22	1,9	3,5
21	B102	C60	A3	A72	5,7	B60	B22	B43	2,3	4,0
22	B97	A3	BX4	B16	4,8	C66	B43	B125	1,1	2,8
23	B16	BX4	C55	T103	6,0	A87	B35	B70	2,8	4,5
24	A42	C55	B53	B66	4,6	B96	B35	C16	1,7	3,3
25	DE6	A3	C55	T103	6,4	B20	B11	BX4	3,0	4,8
26	B103	A3	B16	B46	5,6	C27	B43	B97	1,2	3,1
27	B96	B16	B11	DE6	5,2	A42	B46	C16	2,0	3,5
28	C7	DE6	C60	B53	5,5	B27	B76	B125	1,6	3,4
29	A105	B107	B53	A3	4,9	B125	B27	A78	1,3	2,8
30	B76	DE6	A3	B53	5,0	B121	B87	B97	1,3	3,0
31	C60	C55	B102	B22	6,2	B46	A72	B70	2,9	4,5
32	B53	A3	A72	A87	6,2	B60	B102	DE6	2,8	4,5
33	A72	B53	B102	DE6	5,6	B125	A105	B27	1,7	3,5
34	A87	B107	A3	B53	5,9	B70	A105	B11	1,8	3,5
35	C48	DE6	BX4	B16	5,5	B74	C66	B43	1,6	3,3
36	C16	C55	C60	C48	4,6	A42	B27	B96	2,0	3,4
37	B70	BX4	B53	B102	5,6	A87	B46	A105	1,9	3,4
38	B46	C55	B53	B103	5,6	B35	B70	B96	1,8	3,9
39	T10.3	DE6	B16	B53	5,8	B27	B74	A72	2,0	3,6
40	B20	A3	C55	BX4	5,3	A78	A105	B97	2,4	3,7

## 5.6) Conclusões

Constituem-se em melhores descritores para o estudo da diversidade genética em indivíduos híbridos de *P. maximum* os caracteres morfológicos altura da planta, densidade de pelos na bainha, comprimento dos pelos na folha, arroxamento da bainha, presença de cerosidade e o porte da folha; os caracteres agronômicos massa seca de folhas, porcentagem de folhas e incidência de *B. maydis*; e os caracteres de valor nutritivo teor de celulose, teor de sílica e de lignina em permanganato de potássio.

Há maior diversidade genética entre os indivíduos dentro que entre as progênes.

Os caracteres agronômicos foram aqueles que proporcionaram maior diversidade entre os genótipos avaliados.

Entre os indivíduos superiores, existem plantas divergentes para mais de um grupo de variáveis. Apesar disso, a correlação entre as medidas de dissimilaridade para os diferentes grupos de variáveis é baixa.

É possível identificar, por meio da matriz de dissimilaridade, indivíduos divergentes e de bom desempenho para serem recombinados no programa de melhoramento de forrageiras de *Panicum maximum*.

## 5.7) Referências

ASSIS, G.M.L.; EUCLYDES, R.F.; CRUZ, C.D.; VALLE, C.B. Genetic divergence in *Brachiaria* species. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.2, n.3, p.331-338, 2002.

AZEVEDO, J.M.A.; SILVA, H.S.F.; ASSIS, G.M.L; SANTOS, L.F.A; WOLTER, P.F. Genetic divergence among accessions of *Arachis repens* based on vegetative morphological traits. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.40, n.10, p.2067-2073, 2011.

BORÉM, A.; MIRANDA, G.V. **Melhoramento de plantas**. 5.ed. Viçosa: Editora UFV, 2009, p.529.

CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2.ed, v.2, Viçosa: Editora UFV, 2006, p.585.

CRUZ, C.D.; FERREIRA, F.M.; PESSONI, L.A. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. 1.ed. Viçosa: Suprema, 2011. 620p.

EUCLIDES, V.P.B.; MEDEIROS, S.R. **Valor nutritivo das principais gramíneas cultivadas no Brasil**. Campo Grande: Embrapa Gado de Corte, 43 p. (Documentos, 139), 2003.

JANK, L.; CALIXTO, S.; COSTA, J.C.G. et al. **Catálogo de caracterização e avaliação de germoplasma de *Panicum maximum*: descrição morfológica e comportamento agrônomo**. Embrapa, Documentos, n.68, 53p. 1997.

JANK, L.; RESENDE, R.M.S.; VALLE, C.B. et al. Melhoramento genético de *Panicum maximum*. In: RESENDE, R.M.S.; VALLE, C.B.; JANK, L. (Eds.) **Melhoramento de Forrageiras Tropicais**. 1.ed. Campo Grande: Embrapa, 2008. p.55-87.

JANK, L.; VALLE, C.B.; RESENDE, R.M.S. Breeding tropical forages. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**. Special edition 1, p.27-34, 2011.

JORGE, M.A.B.; VAN DE WOUW, M.; HANSON, J.; MOHAMMED, J. Characterisation of a collection of buffel grass (*Cenchrus ciliaris*). **Tropical Grasslands**, v.42, p.27-39, 2008.

MERTEN, G.C.; SHENK, J.S.; BARTON II, F.E. **Near infrared reflectance spectroscopy (NIRS), analysis of forage quality**. Washington: USDA, ARS, 1985. 110p.

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

SHIMOYA, A.; CRUZ, C.D.; FERREIRA, R.P.; PEREIRA, A.V.; CARNEIRO, P.C.S. Divergência genética entre acessos do banco de germoplasma de capim-elefante. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.37, n.7, p.971-980, 2002.

SISTEMA IBGE DE RECUPERAÇÃO AUTOMÁTICA. Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. Disponível em: <http://www.sidra.ibge.gov.br/bda/tabela/listabl.asp?z=t&o=1&i=P&e=1&c=264>. Acesso em: 15 de abril de 2011.

STRAPASSON, E.; VENKOVSKY, R.; BATISTA, L.A.R. Seleção de descritores na caracterização de germoplasma de *Paspalum sp.* por meio de componentes principais. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.29, n.2, p.373-381, 2000.

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

VAN DE WOUW, M.; JORGE, M.A.; BIERWIRTH, J.; HANSON, J. Characterization of a collection of perennial *Panicum* species. **Tropical Grasslands**, v.42, p.40–53, 2008.