

JANAINA AZEVEDO MARTUSCELLO

REPETIBILIDADE E SELEÇÃO EM *Panicum maximum* Jacq.

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
2007

JANAINA AZEVEDO MARTUSCELLO

REPETIBILIDADE E SELEÇÃO EM *Panicum maximum* Jacq.

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

APROVADA: 28 de setembro de 2007.

Prof. Augusto Cezar de Queiroz

Prof. Múcio Silva Reis

Dra. Liana Jank
(Co-Orientador)

Prof. Cosme Damião Cruz
(Co-Orientador)

Prof. Dilermando Miranda da Fonseca
(Orientador)

Dedico

Ao meu filho Miguel

*Soldado forte e destemido, que ao meu lado
venceu com bravura cada uma das batalhas que
travamos para chegar até aqui! Ao meu amado filho,
genitor dos meus sonhos e força das minhas realizações.*

Ao meu marido Daniel

*Por ter sido o primeiro a acreditar que esse trabalho seria possível. Por ter estado
ao meu lado nos momentos mais difíceis dessa jornada. Por ser minha força
e meu alicerce e por me mostrar que com amor e companheirismo somos
mais fortes. A você, meu amor, que ao meu lado trilha estradas
e constrói sonhos, mas que sobretudo, comigo os realiza.*

Aos meus pais

*Pela dedicação, pela confiança, pelo amor
e por serem exemplos de coragem e sabedoria*

Ofereço

A Deus

*Por ser capaz de trocar reinos por mim, abrir mares para que eu
possa atravessar e pela certeza de que se preciso fosse,
daria novamente a vida por mim. Quem só não é
capaz de deixar de me amar (Isaias, 43)*

*Ofereço também ao contribuinte brasileiro, que há longa data
vem me permitindo fazer uma das coisas que mais enobrecem o homem: estudar.*

*"Não basta a leitura sem unção, não basta a especulação sem a devoção, não basta a pesquisa sem
maravilhar-se; não basta a circunspeção sem o júbilo, o trabalho sem a piedade, a ciência sem a caridade,
a inteligência sem a humildade, o estudo sem a graça".*

(São Boaventura - 1217-1274)

AGRADECIMENTOS

A Deus, acima de tudo e à Nossa Senhora do Desterro pela intercessão.

Ao meu orientador, Professor Dilermando Fonseca, por ter acreditado desde o princípio que este trabalho seria possível, por ter confiado em mim e permitido que eu trilhasse os caminhos do melhoramento genético. A ele agradeço também pela amizade estabelecida nesses quatro anos de convivência, pelos conselhos, pelas longas conversas e pelo exemplo de retidão profissional e pessoal.

À Dra. Liana Jank, por ter tornado possível o sonho de trabalhar com uma das mais instigantes e interessantes ciências: o melhoramento genético. Por ser um exemplo não só de profissional, mas também de pessoa, de mãe e de amiga e por me fazer acreditar que tudo é possível desde que feito com humildade e sabedoria. Meu agradecimento pela confiança e por todo crescimento profissional que vem me proporcionando, pelo exemplo de coragem e fortaleza. Agradecimento extensivo à família que sempre me recebeu com muito carinho nas diversas vezes que estive em Campo Grande durante a condução do experimento.

Ao professor Cosme Damião Cruz, por quem tenho profundo respeito e admiração, por sempre ter me recebido sorrindo, por ter me esclarecido as dúvidas com paciência incondicional. Agradeço também pelo exemplo profissional.

À Vó Lais pela doação incondicional e pelas orações, meu agradecimento, minha gratidão e meu amor.

À minha amada irmã Rita, aos meus sogros Lais Helena e Ari e aos cunhados Henrique, Carol e Renato, que mesmo de longe sempre me incentivaram e apoiaram.

Aos amigos, uns de longa jornada e outros de recentes caminhos, mas todos muito especiais: Álvaro Bicudo, Anderson Corassa, Claudson Brito, Dawson José Faria, Darcilene Figueiredo, Douglas Sampaio e Kátia Atoji, Luisa Paiva, Márcia Teixeira, Manoel Eduardo Santos, Thiago Braz e Vânia Abreu.

Aos professores Augusto Cezar de Queiroz e Mucio Reis, pelas contribuições na melhoria desse trabalho e pela gentileza com a qual me trataram durante a defesa desta tese.

A Nidia Majerowicz, eterna amiga e conselheira meu sincero agradecimento por ter me iniciado na ciência e por ser meu grande exemplo de educadora.

Ao professor José Carlos Pereira pela agradável convivência, pelas longas e divertidas conversas e pela amizade.

À Dra. Rosane Scatamburlo Lizierie meus agradecimentos sinceros por ser exemplo de pesquisadora e por ter me apontado o caminho da ciência.

Aos funcionários da Embrapa Gado de Corte, em especial Silvano Calixto e Ramon pelos cuidados dispensados à área experimental e ao pessoal do “apoio” pela valiosa colaboração durante a separação botânica.

À Dra. Rosângela Resende (Embrapa Gado de Corte) pelas conversas e pelos esclarecimentos que tanto contribuíram para o entendimento do trabalho.

Aos colegas de orientação pela convivência harmoniosa: Márcia Vitória, Fabrício Paiva e Marcela Azevedo Magalhães.

Aos colegas da “casa de hóspedes” da Embrapa, Sandra Galbeiro, Denise Montagner, Maria Letícia Bittencourt e Gelson Difante, por terem sempre tornado a estadia em Campo Grande mais agradável.

Aos funcionários do DZO Fernanda, Celeste, Adilson e Rosane pela agradável convivência e pela paciência.

A Universidade Federal de Viçosa, pela oportunidade de realização do curso de doutorado, ao CNPq pela concessão da bolsa de estudos, a Embrapa Gado de Corte pela estrutura oferecida para a condução do trabalho e a Unipasto pelo financiamento do projeto.

A todas as pessoas que de alguma forma fizeram parte dessa história, que me incentivaram e acreditaram, meu sincero agradecimento.

BIOGRAFIA

Janaina Azevedo Martuscello, filha de Newton Luiz Martuscello e Adalgisa de Azevedo Martuscello, nasceu em Barra Mansa/RJ, em 29 de julho de 1977. Em 1995 concluiu o 2º grau na Escola Técnica Pnadiá Calógeras em Volta Redonda/RJ. Zootecnista, formada pela Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, colou grau em novembro de 2002. Ingressou no Curso de Pós-graduação em Zootecnia da Universidade Federal de Viçosa em março de 2003, na área de Forragicultura e Pastagens, defendendo dissertação (Mestrado) em julho de 2004. Foi admitida no curso de doutorado da mesma instituição em agosto de 2004, submetendo-se a defesa de tese em setembro de 2007.

SUMÁRIO

| | Página |
|--|--------|
| RESUMO..... | iv |
| ABSTRACT..... | vi |
| INTRODUÇÃO GERAL..... | 1 |
| OBJETIVOS..... | 3 |
| REVISÃO DE LITERATURA..... | 4 |
| REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS..... | 25 |
| CAPÍTULO 1 | |
| REPETIBILIDADE DE CARACTERES AGRONÔMICOS EM <i>Panicum maximum</i> | |
| Resumo..... | 33 |
| Introdução..... | 35 |
| Material e Métodos..... | 37 |
| Resultados e Discussão..... | 41 |
| Conclusões..... | 48 |
| Referências Bibliográficas..... | 49 |
| CAPÍTULO 2 | |
| SELEÇÃO EM FAMÍLAS DE MEIO-IRMÃOS DE <i>Panicum maximum</i> Jacq. | |
| Resumo..... | 51 |
| Introdução..... | 53 |
| Material e Métodos..... | 55 |
| Resultados e Discussão..... | 67 |
| Conclusões..... | 96 |
| Referências Bibliográficas..... | 97 |

RESUMO

MARTUSCELLO, Janaina Azevedo. D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, setembro de 2007. **Repetibilidade e seleção em *P.maximum* Jacq.** Orientador: Dilermando Miranda da Fonseca. Co-orientadores: Liana Jank e Cosme Damião Cruz.

O experimento foi conduzido objetivando avaliar o coeficiente de repetibilidade de algumas características agrônomicas em híbridos de *Panicum maximum*, bem como selecionar genótipos superiores em população de meio irmãos, originárias a partir do cruzamento de plantas apomíticas com plantas sexuais. Propôs-se também comparar estratégias de seleção entre e dentro de famílias, seleção combinada, seleção massal e seleção massal estratificada. Para isto, dez parcelas de plantas sexuais da espécie foram aleatoriamente distribuídos entre 230 parcelas de acessos apomíticos. Após a fecundação natural, sementes de cada planta sexual constituiu-se em uma família de meio irmãos. Trinta plantas de cada progenitora foram avaliadas em delineamento de blocos ao acaso, com cinco plantas por parcela e seis repetições (para estimativa de repetibilidade) e cinco repetições (para avaliação de parâmetros genéticos). A partir de cinco cortes, estimou-se o coeficiente de repetibilidade pelos métodos da Análise de variância, Componentes principais (matriz de correlação e covariância) e Análise estrutural. Para avaliação dos parâmetros genéticos foram realizados cinco cortes no período das águas e dois no período da seca em todas as plantas. Imediatamente após os cortes, a forragem foi pesada para obtenção da produção de matéria verde. Amostras do material foram separadas em lâmina, colmo + bainha e material morto, e levados a estufa para secagem e posterior determinação da produção de matéria seca total e matéria seca foliar, porcentagem de folhas, porcentagem de colmo e porcentagem de material morto em cada genótipo. As estimativas do coeficiente de repetibilidade nos diferentes métodos, para todas as características avaliadas variaram entre 0,51 e 0,86 e podem ser considerados altos, assim como os coeficientes de determinação. Observou-se que as estimativas do coeficiente de repetibilidade, obtidas para as quatro características avaliadas pelo método da análise de

variância, foram quase sempre menores que as estimativas pelos demais métodos. Pelo método dos componentes principais (baseado na matriz de covariância) as estimativas foram sempre maiores em relação aos demais métodos. Considerando-se como satisfatório um nível de 80 ou 90% de confiabilidade (R^2) para tomada de decisão sobre a superioridade relativa dos híbridos, para todas as características avaliadas, as cinco medições realizadas foram suficientes para escolha da melhor planta. A exclusão dos cortes 1 e 2 promoveu aumento nos coeficientes de repetibilidade e determinação. Houve variabilidade genética significativa para todas as características de produção, à exceção da variável material morto tanto para o período das águas, quanto para o período da seca, evidenciando a possibilidade de ganhos consideráveis com a seleção. Os critérios de seleção utilizados (seleção entre e dentro de famílias, seleção combinada, seleção massal e massal estratificada) mostraram-se eficientes para aplicação no melhoramento de *P. maximum*, com ganhos considerados de médio a altos para a maioria das características avaliadas. Os maiores ganhos genéticos foram proporcionados pela seleção combinada. Entretanto, as seleções massal e massal estratificada promoveram ganhos genéticos altos e podem ser utilizados no melhoramento de *P. maximum*. As famílias identificadas pela numeração 7, 1, 3 e 5 são promissoras e podem ser utilizadas para futuros cruzamentos, bem como para aumento da variabilidade genética no banco de germoplasma de *P. maximum*.

ABSTRACT

MARTUSCELLO, Janaina Azevedo. D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, September 2007. **Repeatability and selection of *P. maximum* Jacq.** Adviser: Dilermando Miranda da Fonseca. Co-advisers: Liana Jank and Cosme Damião Cruz.

The experiment was done with the objective to evaluate the repeatability coefficient of some agronomic characteristics in hybrids of *Panicum maximum*, and to select superior genotypes in half-sib populations obtained from crosses between sexual plants and apomictic accessions. It was also proposed to compare selection strategies between and within families, combined selection, mass selection and stratified mass selection. For this, ten plots of sexual plants were randomly distributed among 230 plots of apomictic accessions. After natural pollination, seeds of each sexual plant constituted a half-sib family. Thirty plants of each female progenitor were evaluated in a random blocks design experiment, with five plants per plot and six replications (for the repeatability estimate) and five replications (to evaluate the genetic parameters). The coefficient of repeatability, based on five evaluation harvests, was estimated by the methods of Analysis of Variance, Principal Components (correlation and covariance matrices) and Structural Analysis. For the evaluation of genetic parameters, five evaluation harvests were done in the rainy seasons and two in the dry seasons in all plants. Immediately after the harvests, the forage was weighed to obtain green matter production. Samples were separated into leaf blades, stems + sheath and dead matter, which were air-forced dried and later weighed for the determination of dry matter and percentages of leaves, stems and dead matter of each genotype. The estimates of the repeatability coefficient by the different methods, for all evaluated characteristics varied from 0,51 to 0,86 and may be considered high, as were the determination coefficients. It was observed that the repeatability coefficients obtained for the four characteristics evaluated by the method of analysis of variance, were almost always smaller than the estimates from the other methods. By the principal components method (based on the covariance matrix) the estimates were always greater than from the other methods. Considering as satisfactory a level of 80 or 90% confidence (R^2) for the decision on the relative superiority of the hybrids, for all the evaluated characteristics, the five

harvests were sufficient for the choice of the best plant. The exclusion of harvests 1 and 2 promoted an increase in the coefficients of repeatability and determination. There was significant genetic variability for all the production characteristics, with the exception of dead matter both in the rainy and the dry periods, which shows the possibility of considerable gains with selection. The selection criteria used (selection between and within families, combined, mass and stratified mass selections) were efficient for application in *P. maximum* breeding, with medium to high gains for most characteristics evaluated. The highest genetic gains were obtained from combined selection. However, mass and stratified mass selections promoted high genetic gains and may be used in *P. maximum* breeding. The sexual progenitors identified as numbers 7, 1, 3 and 5 are promising and may be used in future crosses, as well as for increase of the genetic variability in the *P. maximum* genebank.

INTRODUÇÃO

Estima-se que no Brasil exista cerca de 170 milhões de hectares de pastagens, sendo 100 milhões em pastagens cultivadas e 70 milhões de pastagens naturais (IBGE, 2005). A produção de carne e leite no país é baseada quase que exclusivamente em pastagens de gramíneas e leguminosas forrageiras. Devido a importância da pecuária nacional para a economia do país, o cultivo de plantas forrageiras assume papel primordial para a cadeia produtiva de carne e leite. Nos últimos anos a produção de carne aumentou no Brasil e esse agronegócio movimenta, aproximadamente 24 bilhões de dólares ao ano (FAO, 2005). Isso se deve principalmente, à adoção de novas tecnologias pelos pecuaristas, incluindo a utilização de novas forrageiras mais responsivas a sistemas intensivos de produção, lançadas pelos centros de pesquisa.

O lançamento de novas cultivares forrageiras resulta de uma demanda por plantas mais competitivas, menos exigentes em fertilidade do solo, com menor sazonalidade de produção e maior resistência à pragas e doenças, entre outros. Entretanto, o melhoramento de forrageiras tropicais é ainda incipiente quando comparado com o de outras culturas. A cultura de milho nos Estados Unidos elevou sua produtividade em 30%, de 1930 a 1980, sendo que 58% desse ganho foi devido ao melhoramento genético (Ramalho et al., 1989). No Brasil, o melhoramento do cafeeiro, iniciado pelo Instituto Agrônomo de Campinas (IAC) em 1934 promoveu incremento de 239% quando as plantas foram comparadas com genótipos selvagens.

Por outro lado, cerca de 90% das cultivares de plantas forrageiras no Brasil são selvagens, ou seja, não sofreram nenhum tipo de manipulação genética. Até mesmo as

algumas cultivares lançadas no mercado, na sua maioria não são oriundas de programas de melhoramento genético (Jank, 1995). No Brasil, existem programas de melhoramento genético para as forrageiras *Panicum maximum* (Jank et al., 1994; Resende et al., 2004), *Brachiaria* sp. (Valle et al., 2003) desenvolvidos na Embrapa Gado de Corte, *Pennisetum purpureum* (Passos et al., 1999) desenvolvido na Embrapa Gado de Leite, *Paspalum* sp., desenvolvidos no Embrapa Pecuária Sudeste, *Arachis pintoi* e *Leucaena leucocephala*, desenvolvido na Embrapa Cerrado (CPAC), *Sthylolantes* sp. desenvolvido em parceria entre Embrapa Cerrados e Embrapa Gado de Corte.

A espécie *P. maximum* apresenta reprodução do tipo apomítica, ou seja, a planta gerada apresenta as mesmas características da planta-mãe, não apresentando, portanto variabilidade genética. Neste caso, há necessidade da presença de plantas sexuais para intercâmbio gênico (Savidan et al., 1989). Assim, as novas cultivares forrageiras podem ser desenvolvidas de duas formas, ou pela seleção dos melhores genótipos a partir do germoplasma, ou pela geração de nova variabilidade por cruzamentos, fazendo-se em seguida a seleção para as características de interesse.

A Legislação brasileira sobre proteção de cultivares (MAPA, 1998) não prevê registro de plantas selvagens, mesmo para aquelas que apresentam desempenho superior após uma série de avaliações, como as realizadas pela Embrapa Gado de Corte para lançamentos de *P. maximum* e *Brachiaria* sp. Assim, o cruzamento para a seleção de híbridos superiores surge como uma alternativa para futuros registros, já que o material deixa de ser considerado selvagem quando sofre algum tipo de manipulação.

Entretanto, para a realização de cruzamentos é imprescindível que se faça avaliações de progenitores superiores que tenham capacidade de transmitir características de interesse forrageiro à progênie. Após o cruzamento os híbridos sexuais e o progenitor feminino,

poderão ser utilizados para futuros cruzamentos e híbridos apomíticos obtidos poderão ser avaliados visando futuro lançamento.

Diante da necessidade de intensificação do sistema de produção de bovinos no Brasil e sendo a espécie *P. maximum* responsiva a esse tipo de exploração, trabalhos de melhoramento com essa forrageira certamente contribuirão significativamente para a intensificação da produção de carne, leite, couro e lã no país. Assim, o cruzamento de plantas sexuais e apomíticas de *P. maximum* apresenta-se como uma alternativa viável para obtenção de plantas forrageiras superiores no que diz respeito à produção vegetal e conseqüentemente a produção animal.

Pela extensão de nosso país, diversidade de climas e solos e diferentes tipos de exploração pecuária, o mercado brasileiro comporta e necessita de várias cultivares de inúmeras espécies e gêneros de forrageiras. Como nem todos os gêneros e espécies são ainda representados comercialmente, e relativamente pouco material já foi lançado, há ainda muito espaço para o desenvolvimento de novas cultivares a serem utilizadas no Brasil.

OBJETIVOS

Selecionar genótipos superiores de *P. maximum*, em população de meio-irmãos, originários a partir do cruzamento de plantas sexuais com plantas apomíticas;

Comparar estratégias de seleção entre e dentro de famílias, combinada, massal e massal estratificada;

Estimar os coeficientes de repetibilidade de características agronômicas em híbridos de *P. maximum* a partir de dados obtidos durante dois anos (cinco cortes);

Estimar o número mínimo de medições necessário para se proceder à seleção com maior eficiência e confiabilidade, bem como a estabilização fenotípica da progênie.

REVISÃO DE LITERATURA

1 - O *Panicum maximum*

1.1 - Histórico

O principal centro de origem da espécie *P. maximum* é a África do leste, sendo encontradas formas nativas até a África do Sul, em margens de florestas como planta pioneira, ocupando solos recém desmatados e em pastagens sob sombra (Bogdan, 1977).

A primeira cultivar de *P. maximum* (cv. Colonião) foi introduzida no Brasil com os navios negreiros vindos da África, onde era utilizada como cama para os escravos. Entretanto, uma outra versão, descrita por Parsons (1972), atribui a Tomé de Souza a introdução desse capim no Brasil, no século XVI. Uma vez no país, devido, principalmente, à sua capacidade de se adaptar a altas intensidades de luz, o capim-colonião se ambientou muito bem às condições de solo e clima no Brasil e se disseminou, sendo em algumas regiões considerado nativo. Grande parte da engorda de bovinos no Brasil, até a década de 1980 foi baseada em capim-colonião, quando a partir daí se introduziu o germoplasma coletado em seu centro de origem.

As plantas da espécie *P. maximum* foram coletadas em seu centro de origem, em 1967 e 1969 no Quênia e Tanzânia na África pelo Institut Français de Recherche Scientifique pour le Développement en Coopération (ORSTOM) (Combes e Pernès, 1970). Pesquisadores do ORSTOM objetivavam estudar a apomixia, que nesta espécie é bastante

evidente. Após o término das pesquisas um abrangente banco de germoplasma estava formado e as características forrageiras dos diferentes acessos pareciam promissoras. Assim, e o governo francês apresentou interesse em compartilhar com outros países de clima tropical esse banco de germoplasma. Neste contexto, o Centro Nacional de Pesquisa em Gado de Corte (Embrapa) recebeu a coleção em 1982.

1.2 – Variabilidade genética da espécie *Panicum maximum*

Algumas cultivares de *P. maximum* foram diretamente trazidas da África, sem terem sido avaliadas no Brasil, como é o caso da cultivar Aruana, lançada pelo Instituto de Zootecnia de Nova Odessa. Cita-se também, a cultivar Tobiata que foi avaliada pelo ORSTOM, na Costa do Marfim, e lançada pelo IAC (Instituto Agrônomo de Campinas) no Brasil (Usberti Filho, 1982). Outras cultivares chegaram ao Brasil, após terem sido avaliadas na Austrália, como é o caso das cultivares Gatton Panic e Green Panic. Em 1986 e 1988, respectivamente foram lançados pelo IAC as cultivares Centenário e Centauro.

A seleção a partir de banco de germoplasma é imprescindível para o sucesso dos programas de melhoramento em *P. maximum*. Assim, a grande contribuição veio do convênio firmado em 1982 entre a Embrapa e o ORSTOM, que viabilizou a introdução de um amplo banco de germoplasma, o que possibilitou grandes avanços nos trabalhos de melhoramento. Estudos de caracterização agrônômica e morfológica de *P. maximum* foram realizados nas plantas do banco de germoplasma do CNPGC em Campo Grande-MS (Jank et al., 1989; Savidan et al., 1989). A partir desses ensaios, na década de 1990 o CNPGC lançou duas novas cultivares de *P. maximum* denominadas Tanzânia-1 e Mombaça, e mais recentemente, em 2001, lançou o capim-massai. Essas forrageiras tiveram grande aceitação

pelo mercado nacional, estimando-se hoje, venda de sementes de aproximadamente 31 mil toneladas em 2003, o que representa cerca de 20 % do mercado de sementes forrageiras (ABRASEM, 2004). A espécie é caracterizada pela alta produção de matéria seca e excelentes resultados em relação a produção animal (Euclides et al., 1993).

1.3 – Apomixia e reprodução sexuada

A reprodução sexuada é basicamente regra nas plantas superiores, embora em muitas delas ocorra, naturalmente, a propagação assexuada ou vegetativa, de forma facultativa, ou mesmo obrigatória. Os meios mais comuns de reprodução assexuada são constituídos por escamas bulbares, rizomas, estolões, tubérculos ou outros órgãos vegetativos. Segundo Bueno et al. (2001), as variedades que se propagam assexuadamente são altamente heterozigotas e segregam amplamente quando se reproduzem por via sexual. A reprodução assexual proporciona a perpetuação de genótipos superiores com grande precisão, o que se denomina de propagação clonal. Assim, define-se clone como toda a descendência a partir de um indivíduo, por via assexuada. Neste caso, como só ocorrem mitoses, os indivíduos serão genotipicamente idênticos. Neste tipo de reprodução, a herdabilidade no sentido amplo, usualmente superior à herdabilidade no sentido restrito, é de grande interesse para o melhorista, pois todos os tipos de ação e integração gênica são usualmente explorados (Bueno et al. 2001).

Um outro tipo de reprodução vegetativa comumente encontrado na agricultura é a apomixia, modo reprodutivo de várias espécies do gênero *Brachiaria* e da espécie *P. maximum*.

O célebre trabalho de pesquisa de Gregor Mendel (1822-1884) com plantas de *Pisum* é considerado o fundamento da Genética. Utilizando uma metodologia experimental rigorosa na realização de cruzamentos e observando as características das plantas na progênie como altura, cor e formato das sementes, cor das flores etc, ele enunciou os princípios da hereditariedade. Mendel concluiu que as características genéticas estão contidas em unidades que existem aos pares nos indivíduos; quando duas delas, responsáveis por uma única característica, estão presentes em um indivíduo, uma é dominante sobre a outra e, na formação dos gametas, as unidades pareadas se separam e se segregam individualmente de maneira aleatória, de modo que cada gameta recebe uma delas. Na busca de mais material para dar suporte às suas deduções, Mendel executou cruzamentos no gênero *Hieracium*. No entanto, encontrou muita dificuldade em repetir os resultados obtidos com *Pisum*. Na progênie dos cruzamentos, muitas plantas pareciam oriundas de autofecundação, sem haver transmissão das características paternas, fato esse intrigante, pois seus métodos criteriosos envolviam emasculações. Este trabalho fez com que ele mesmo duvidasse da validade de seus resultados com *Pisum*. Mendel não sabia que estava diante de plantas que se reproduzem por apomixia (Asker e Jerling, 1992; Nogler, 1994).

A apomixia é um processo que acontece apenas na parte feminina da flor, o ovário, mais especificamente na formação do óvulo, e, portanto, tem forte conexão com a via de reprodução sexual. Na reprodução sexual, as divisões meióticas promovem uma redução no número de cromossomos para formar um gametófito reduzido. Os embriões são formados após a fertilização com a fusão dos gametas masculino e feminino e, portanto, carregam uma cópia do conjunto de cromossomos de cada progenitor. No desenvolvimento apomítico, a meiose, característica da reprodução sexual, não ocorre ou não é funcional.

Em *P. maximum*, a meiose ocorre, porém os gametas se degeneram. Desse modo, a oosfera contém o mesmo número de cromossomos somáticos maternos, não ocorre fusão de gametas durante a fertilização e o desenvolvimento do embrião é autônomo, gerando, portanto, uma planta idêntica à planta-mãe (Carneiro e Dusi, 2004).

Algumas espécies de plantas apomíticas têm alto valor econômico e agrônômico como é o caso de várias espécies de gramíneas. As plantas apomíticas dessas espécies só podem ser usadas na fecundação de plantas sexuais, ou seja, como doadoras de pólen. Além disso, a diferença de ploidia existente entre plantas sexuais encontradas na natureza e apomíticas impedem os cruzamentos. Apesar disso, sendo a apomixia uma característica controlada por um só fator genético (Savidan, 2000), existe a possibilidade de ela ser manipulada tanto por técnicas convencionais de melhoramento quanto por técnicas de engenharia genética.

Segundo Carneiro e Dusi (2004), com o avanço da biotecnologia e a possibilidade de se transferir genes entre plantas, independentemente da compatibilidade sexual, o interesse por esse tipo de reprodução foi despertado. A combinação da apomixia com a reprodução sexual terá aplicação direta na produção de sementes. De fato, as vantagens do uso de sementes apomíticas em culturas onde a apomixia não ocorre são inúmeras e já foram discutidas por muitos autores (Hanna e Bashaw, 1987; Asker e Jerling, 1992). O uso controlado da apomixia na agricultura permitirá fixar genótipos de elite e híbridos de qualidade e propagá-los por sementes. Essa característica, segundo Carneiro e Dusi (2004) poderá trazer muitos benefícios como:

- possibilidade de propagar e armazenar por sementes culturas que são propagadas por tubérculos, rizomas ou estacas;

- produção de sementes por pequenos produtores por um número infinito de gerações;
- simplificação da produção comercial de sementes híbridas com conseqüente queda no custo total de produção de sementes;
- simplificação dos programas de melhoramento com conseqüente aumento no número de cultivares adaptados em cada local.

A amplitude do potencial de aplicação da apomixia em qualquer tipo de cultura, desde herbáceas até lenhosas, de anuais a perenes, aumentou o interesse mundial em entender como ocorre esse processo. Análises celulares e moleculares da apomixia vêm sendo realizadas em diferentes espécies e com uso de diferentes técnicas, com vistas a conhecer seu mecanismo (Carneiro e Dusi, 2004).

A apomixia é resultado de um dos três mecanismos: embrionia adventícia, diplosporia ou aposporia.

Na embrionia adventícia, células somáticas, portanto, não reduzidas, do nucelo ou do tegumento interno do ovário originam um embrião diretamente (Nogler, 1984). A formação do embrião adventício ocorre lado a lado com a formação do embrião pela via sexual. Esse processo é conhecido no gênero *Citrus*, porém pouco se conhece da sua genética que, parece, ser muito complexa.

A diplosporia e a aposporia envolvem a formação de uma estrutura de um gametófito ou saco embrionário e, portanto, são considerados como apomixia gametofítica. Essa é caracterizada pela apomeiose (Nogler, 1984), ou seja, pela formação de um saco embrionário sem completar a redução meiótica. Na diplosporia, a célula-mãe do megásporo inicia, mas não completa, a meiose e entra na mitose, e os núcleos do saco embrionário não são reduzidos. Os sacos embrionários formados possuem oito núcleos e são

morfologicamente semelhantes ao saco meiótico. Nesse caso, o processo sexual é completamente comprometido, e, num mesmo óvulo, apenas pode ocorrer um modo de reprodução. Na aposporia, a meiose ocorre, os gametas se degeneram, e as células do nucelo, denominadas células iniciais apospóricas ou apósporos, entram em mitose diretamente e formam sacos embrionários não reduzidos. Estes podem possuir oito núcleos como em *Hieracium* ou quatro núcleos como em *Panicum* (Asker e Jerling, 1992). Geralmente o processo sexual é interrompido, mas, nem sempre, o que possibilita a ocorrência de sexualidade e apomixia em um mesmo óvulo. É comum também a ocorrência de vários sacos embrionários apospóricos em um só óvulo em decorrência do aparecimento de diversos apósporos. O desenvolvimento do endosperma pode ser autônomo, sem a ocorrência de fertilização do núcleo polar pelo núcleo espermático, ou necessitar de fertilização do núcleo polar, caracterizando, então, a pseudogamia, como em *P. maximum*.

De acordo com Savidan (1981a) os biótipos sexuais contêm somente oito sacos embrionários e a aposporia é caracterizada pela presença de quatro estruturas nucleares. Em *P. maximum*, segundo o autor, a aposporia parece estar ligada com a partenogênese e a simples observação de quatro sacos embrionários pode ser suficiente para prever o comportamento apomítico.

O estudo de marcadores moleculares ligados à apomixia vêm sendo procurados em diferentes espécies. Esses facilitarão a detecção precoce e em larga escala da apomixia em análises de híbridos. Alguns marcadores moleculares já foram identificados em populações de plantas de *Brachiaria* (Pessino et al., 1999) e *P. maximum* (Ebina, 2005), porém ainda não foram encontrados marcadores universais para a apomixia.

Carneiro e Dusi (2004) afirmam que a possibilidade de se transferir a apomixia entre as plantas usando técnicas de Biologia Molecular requer, antes de tudo, conhecimento

da natureza dos genes envolvidos. Diferentes linhas de pesquisa estão sendo desenvolvidas para o conhecimento básico da reprodução, principalmente dos eventos de desenvolvimento do gametófito feminino e da fecundação.

Análises de populações segregantes em algumas culturas, derivadas de cruzamentos entre apomíticos e sexuais têm ajudado a desvendar a transmissão genética da apomixia e a produzir mapas do lóco apomítico (Ozias-Akins et al., 1993, 1998), baseado em marcadores moleculares. No entanto, a clonagem a partir desses mapeamentos ainda não foi obtida. A herança da apomixia foi estudada em poucas espécies devido às dificuldades desse tipo de estudo. Normalmente, as plantas apomíticas são poliplóides, a maioria é tetraplóide, enquanto as sexuais são diplóides (Carman, 1997), o que inviabiliza os cruzamentos. Em *Brachiaria* e *P. maximum*, por exemplo, alguns sexuais poliplóides foram obtidos artificialmente e vêm sendo usados em cruzamentos com apomíticos (Gobbe et al., 1981; Lutts et al., 1984; Pinheiro et al., 2000).

Dentre as plantas do germoplasma de *P. maximum* foram encontradas vinte e duas diplóides sexuais ($2n = 2x = 16$), e todo restante apomítico tetraplóide ($2n = 4x = 32$). Essa descoberta de sexualidade foi considerada como uma estratégia para o melhoramento genético dessa espécie (Savidan, 1981a). Estudos preliminares revelaram que a hibridação entre plantas sexuais e apomíticas podem gerar híbridos tanto sexuais quanto apomíticos (Combes 1975, Savidan, 1978, 1980).

A biologia do *P. maximum* tem sido extensivamente estudada por vários autores (Warmke, 1954; Combes, 1975; Savidan, 1982). Muitos biótipos da espécie são tetraplóides, com reprodução do tipo apomixia facultativa. A apomixia obrigatória foi descoberta e estudada em uma pequena população diplóide na Tanzânia por Combes e Pérnes (1970). Em um estudo de sistema reprodutiva de 256 plantas de *P. maximum*

conduzido por Burton et al. (1973), foram classificadas 225 plantas (87,80%) como apomíticas obrigatórias.

Foram feitos alguns experimentos com cruzamentos de plantas apomíticas tetraplóides com plantas sexuais também tetraplóides (Savidan, 1982). Os cruzamentos resultaram em híbridos tanto sexuais quanto apomíticos (Combes, 1975; Pérnes e René-Chaume, 1973). Do total de 50 híbridos estudados por Hanna et al. (1973), observações embriológicas indicaram que 21 eram sexuais e 28 apomíticos. A hipótese da razão 1:1 entre apomíticos e sexuais foi posteriormente, confirmada por Savidan (1980).

A segregação observada em 10 diferentes cruzamentos claramente demonstram que a apomixia em *P. maximum* é dominante sobre a sexualidade e determinada somente por um único gene (Savidan, 1982; 1983).

1.4 – Potencial de produção de *Panicum maximum*

O elevado potencial produtivo da espécie *P. maximum* tem sido amplamente documentado na literatura. Características como elevada produção e forragem de qualidade, são primordiais para alto desempenho animal e se enquadram na proposta de exploração animal intensiva, buscando máxima produtividade e lucratividade elevada (Moreno, 2006). Nesse sentido, observa-se na literatura a excelente capacidade da espécie *P. maximum* em responder a sistemas intensivos de produção, devido principalmente a superioridade dos resultados quando se compara tratamentos com adubação ou irrigação (Cecato et al., 2005; Garcez Neto et al. 2002; Martuscello et al. 2006; Herling et al., 1998) àqueles sem essa prática.

O capim-mombaça, é uma planta com potencial de produção condizente com taxas de lotação de 1,8 UA.ha⁻¹ a 5,2 UA.ha⁻¹, que promove ganhos em torno de 720 kg de peso

corporal.ha⁻¹.ano⁻¹ (Jank et al., 1994) e pode atingir, segundo Corsi & Santos (1995), de 12 a 15 UA.ha⁻¹.ano no verão e 3 a 4 UA.ha⁻¹.ano no inverno, proporcionando ganhos de 1.600 a 2.000 kg de peso corporal.ha⁻¹.ano. Barbosa (1996) obteve 7,2 t.ha⁻¹ de MS com 11,1% de proteína bruta no verão e 2,4 t.ha⁻¹ de MS com 10,4% de proteína bruta no inverno. A produção de forragem obtida por Machado et al. (1997) foi de 20 a 21 t.ha⁻¹.ano⁻¹ de MS, sendo que as plantas colhidas mais intensamente proporcionaram produções mais elevadas.

O potencial de utilização de outra cultivar de *P. maximum*, o capim-tanzânia, pode ser verificado através dos resultados obtidos durante a avaliação dos acessos no banco de germoplasma da Embrapa Gado de Corte. Essa cultivar produziu 33 t.ha⁻¹.ano de matéria seca total, sendo 26 t.ha⁻¹.ano de matéria seca foliar (80%), e teve, em média, 12,7% de proteína bruta nas folhas e 9% nos colmos (Savidan et al., 1990; Jank et al., 1994; Jank, 1995). Na literatura são encontrados dados de taxa de lotação variando de 1,0 a 9,0 UA.ha⁻¹.ano (Penati, 2002; Brâncio et al., 2003) e ganho de peso por animal de até 0,800 kg.animal⁻¹.dia (Euclides et al., 1999; Brâncio et al., 2003).

Considerando-se que o capim-massai é a cultivar de *P. maximum* mais recentemente lançada no mercado de sementes forrageiras, os resultados de pesquisa apresentam-se em menor número quando comparados aos das cultivares Tanzânia e Mombaça, havendo ainda necessidade de investigação acerca da melhor forma de utilização e maximização da produção dessa gramínea forrageira.

A aceitação do capim-massai no mercado, após sua avaliação e lançamento foi extremamente positiva e mesmo tendo sido lançado em 2002, já em 2004 ocupava lugar de destaque na venda de sementes forrageira, apresentando-se em oitavo lugar no quadro nacional de comercialização de sementes (ABRASEM, 2004).

Costa et al. (2006) avaliaram o efeito da calagem sobre a produtividade de capim-massai e obtiveram os maiores rendimentos de MS com a aplicação equivalente a 4.000 (24,07 g.vaso⁻¹) ou 3.000 (23,81 g.vaso⁻¹) kg.ha⁻¹ de calcário. Estas doses proporcionaram incrementos de 185,6 e 182,4%, respectivamente, em relação ao rendimento fornecido pelo tratamento testemunha. Martuscello et al. (2006), avaliando em casa de vegetação, características morfogênicas e estruturais de capim-massai em diferentes doses de nitrogênio, evidenciaram resposta positiva e linear a adubação nitrogenada. Os autores observaram taxa de alongamento foliar variando de 1,3 a 2,4 cm.dia⁻¹ na ausência de adubação nitrogenada e 120 mg.dm⁻³ de N, respectivamente. Segundo os autores a capacidade de perfilhamento dessa forrageira é responsável pelo grande acúmulo de MS. O número de perfilhos variou de 40 a 80 perfilhos/vaso também para ausência de adubação nitrogenada e 120 mg.dm⁻³ de N, respectivamente.

Brâncio et al. (2003), objetivando avaliar três cultivares de *P. maximum* (cv. Tanzânia com dois níveis de adubação, cv Mombaça e cv. Massai) sob lotação intermitente, quanto à composição química da dieta e ao ganho de peso por animal e por área verificaram que a cultivar Tanzânia adubada com 50 kg.ha⁻¹ de N apresentou maior digestibilidade em todas as épocas do ano, entretanto não se detectaram diferença significativa entre os demais tratamentos. Segundo os autores, apenas os ganhos de peso por animal (animais de 200 kg de peso corporal) em pastagens da cv. Tanzânia + 100 kg.ha⁻¹ de N foram superiores aos ganhos observados em pastagens da cv. Massai. No entanto, quando os tratamentos foram avaliados considerando não apenas o ganho por animal, mas também a taxa de lotação utilizada, os ganhos de peso por hectare apresentados na cv. Tanzânia + 100 kg.ha⁻¹ de N foram ainda superiores. Na época seca, a cv. Massai apresentou menores ganhos de peso, por animal e também por hectare, mas na época chuvosa, devido a alta capacidade de

suporte, os ganhos de peso por área nesta cultivar foram superiores aos apresentados na cv. Tanzânia + 50 kg.ha⁻¹ de N e, principalmente, os ganhos verificados na cv. Mombaça.

2 - REPETIBILIDADE

Durante o processo de seleção de plantas visando ao lançamento de novas cultivares ou escolha de genitores superiores para recombinação, é importante que se tenha certeza da superioridade genética dos indivíduos. A análise de sucessivas medições de uma característica, em grupo de indivíduos, é um processo desejável em melhoramento genético de plantas perenes, pois espera-se que a superioridade ou a inferioridade inicial de um indivíduo, em relação aos demais, mantenha-se ao longo das medições. O coeficiente de repetibilidade é que valida essa expectativa (Cruz et al, 2004). Valores altos de repetibilidade para as características em questão indicam que é possível uma predição do valor real dos indivíduos utilizando-se um número bem menor de medições, quando se compara a baixos valores de estimativa de repetibilidade. Assim, a medida de consistência da posição relativa em relação à classificação dos indivíduos durante sucessivas medições de um determinado caráter é denominada repetibilidade (Turner & Young, 1969).

De acordo com Lush (1964), Abeywardena (1972), Kempthorne (1973) e Cruz et al. (2004), a repetibilidade pode ser definida com a correlação entre sucessivas medidas, obtidas de um mesmo indivíduo, com avaliações tomadas ao longo do tempo ou do espaço. A repetibilidade, porém, é uma medida que somente pode ser determinada para aquelas características que permitem mais de uma avaliação em um mesmo indivíduo. Assim, este coeficiente torna-se um importante parâmetro a ser estimado para caracteres de plantas perenes e animais, simplesmente porque estes permitem que as medidas sejam tomadas ao longo do tempo ou no espaço (Cruz et al., 2004). A produção de matéria seca de uma

capineira, por exemplo, em sucessivos cortes é um exemplo de medição no tempo e a avaliação do número de sementes por fruto de uma planta é um exemplo de medição no espaço. Falconer (1987) exemplifica como repetições no espaço o número de cerdas nos segmentos abdominais em *Drosophila*. Para caracteres mensurados no espaço, a variância dentro de indivíduos é de origem inteiramente causada pelo ambiente e representa a variação do desenvolvimento que tem origem em fatos localizados que agem no decorrer do ciclo de vida.

O conhecimento da repetibilidade torna-se importante porque fixa o limite superior da herdabilidade (variância aditiva/variância fenotípica total) e porque mede o grau de determinação genética (variância genética confundida com os efeitos permanentes do ambiente/variância fenotípica total) da característica em estudo. Um outro ponto que também torna a repetibilidade importante é o fato desta ser mais facilmente determinada em detrimento a herdabilidade e a determinação genética sem efeito permanente do ambiente.

Quando uma característica apresenta alta repetibilidade, isso é um indicativo de que haverá pouco ganho em acurácia, com o aumento do número de medidas repetidas. Por outro lado, quando a repetibilidade apresenta baixos valores, um grande número de medições será necessário para que se alcance um valor de determinação satisfatório. Assim, ao se aumentar o número de medidas tomadas para uma certa característica, diminui-se a variância temporária causada pelo ambiente, e evidentemente, diminui-se também a variância fenotípica, melhorando assim a acurácia do coeficiente de repetibilidade. Vale salientar, que quando a variância ambiental temporária é baixa e a repetibilidade alta, o aumento no número de tomada de dados pouco acrescentará na melhoria da inferência do valor genotípico do indivíduo. Por outro lado, se a repetibilidade apresenta baixo valor, em se aumentando o número de avaliações haverá aumento de ganho.

Uma grande vantagem do conhecimento do coeficiente de repetibilidade é o fato de permitir, que a fase de avaliação seja executada mais eficientemente com menor demanda de mão de obra e tempo. Exemplificando uma planta com muitos ciclos de produção ao longo do ano, o coeficiente de repetibilidade torna-se indispensável na indicação do número de medições necessárias para que seja feita com segurança a seleção de genótipos superiores.

Várias medidas podem ser realizadas em diversos indivíduos e a variância de uma determinada característica pode ser decomposta em variância dentro de indivíduo, e a variância entre indivíduos, que mede a variância permanente entre indivíduos. Assim, o componente de variância dentro de indivíduos é somente de natureza ambiental, ocasionada por diferenças no ambiente ao longo do tempo, gerando distintas performances. Por outro lado, a variância entre indivíduos é parte devido ao ambiente e parte devida ao componente genético. A parte pertinente ao ambiente é causada por variações que afetam permanentemente os indivíduos. Somente a variância causada por circunstâncias ambientais temporárias pode ser separada do restante e medida. Dessa forma, a variância causada por circunstâncias que afetam permanentemente os indivíduos permanece confundida com a variância genotípica. Assim, a repetibilidade expressa a proporção da variância total, que é explicada por variações proporcionadas pelos genótipos e por variações permanentes atribuídas ao comum ambiente.

Em uma visão prática, a maior vantagem da estimativa do coeficiente de repetibilidade é o fato de poder possibilitar a determinação do número de medições, para avaliar com acurácia os valores genéticos aditivos, genotípicos ou fenotípicos dos indivíduos.

A utilização de genótipos estabilizados quando da obtenção de estimativas de repetibilidade é de suma importância. Existe, em alguns casos, a possibilidade de um caráter ser regido por conjuntos gênicos distintos e os genes estarem mais ou menos ativos de acordo, com o estado de desenvolvimento que se encontra os indivíduos. Assim, o teor de proteína bruta de uma planta forrageira, tão importante no que tange a nutrição animal, no último corte poderá estar sendo regido por um conjunto gênico diferente daquele que controlava esse teor na primeira colheita, uma vez que o conteúdo de proteína estará sendo influenciado por processos de desenvolvimento distintos. Em alguns casos, a inclusão de avaliações em estágio precoce, onde não há plena manifestação do potencial genético da planta, ou em avaliações tardias, onde o material já apresenta um certo grau de senescência, a repetibilidade pode ser subestimada. Assim, se o genótipo no qual se tomam as medidas não estiver estabilizado, a variação dentro de indivíduos incluirá uma parte considerável da variância da interação genótipo x ambiente temporário e o aumento do número de medições, com a finalidade de reduzir a variação dentro de indivíduos, pode não ser vantajoso, pois a variância adicional, poderá ser suficiente para neutralizar a redução do componente. Existe, inclusive a possibilidade de se avaliar a estabilização genotípica de uma certa característica por meio de procedimentos computacionais.

2.1 - Métodos para estimação do coeficiente de repetibilidade

Várias metodologias vêm sendo usadas para estimação do coeficiente de repetibilidade. Serão aqui elucidadas a Análise de Variância, Componentes Principais (covariância e correlação) e da Análise Estrutural (correlação).

2.1.1 - Análise de Variância (ANOVA)

Em experimentos com delineamentos experimentais, quando várias medições em cada um dos indivíduos de cada uma das parcelas experimentais (total ou média) são tomadas no tempo, diversos modelos estatísticos podem ser usados para descrever a característica medida no i -ésimo genótipo e no j -ésimo tempo. Havendo necessidade, o modelo pode ser ajustado para experimentos mantidos em esquema de parcelas subdivididas, fatorial, entre outros. Independente do modelo estatístico utilizado as estimativas de repetibilidade assumem o mesmo valor.

Assim, para estimativa do coeficiente de repetibilidade utilizando-se a ANOVA alguns modelos podem ser utilizados.

(a) Modelo com um fator de variação – usado quando há desequilíbrio de dados, ou seja quando ocorre número diferente de medições para cada genótipo. Tem-se o modelo:

$$Y_{ij} = \mu + g_i + e_{ij}, \text{ onde}$$

μ = média geral;

g_i = efeito aleatório do i -ésimo genótipo sob a influência do ambiente permanente;

e_{ij} = efeito do ambiente temporário associado à j -ésima medição no i -ésimo genótipo

Para este modelo o coeficiente de repetibilidade é dado por

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

(b) Modelo com dois fatores de variação:

Este modelo possibilita remover efeitos de ambiente temporário que, no modelo com um fator, ficam confundidos com a variação dentro de genótipos, contribuindo para uma subestimação do coeficiente de repetibilidade.

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

μ = 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 é dado por

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

2.1.2 - Metodologia dos Componentes Principais

Este método baseia-se na matriz de correlação ou na matriz de covariância entre os genótipos, obtidas em cada par de medições e, por isso estima de forma mais eficiente o coeficiente de repetibilidade em casos onde os genótipos apresentam comportamento cíclico em relação ao caráter estudado.

Em muitas espécies a produção ocorre de forma muito desigual em dois anos seguidos, por exemplo. Já que este efeito pode variar em diferente forma e intensidade entre os genótipos, a análise de variância utilizada para estimar o coeficiente de repetibilidade usualmente, pode não eliminar este componente adicional embutido no erro experimental, e assim se estaria subestimando o coeficiente de repetibilidade.

Quando se baseia na matriz de correlações, o coeficiente de repetibilidade é dado por:

$$\hat{r} = \frac{\lambda_1 - 1}{n - 1}$$

onde:

λ_1 = auto valor obtido da matriz \hat{R} , associado ao autovetor, cujos elementos têm o mesmo sinal e magnitudes semelhantes e,
 n = número de períodos avaliados

E quando se baseia na matriz de covariâncias, o coeficiente de repetibilidade é estimado considerando-se a matriz paramétrica de variâncias e covariância fenotípicas:

$$\hat{r} = \frac{\hat{\lambda} - \hat{\sigma}_y^2}{\hat{\sigma}_y^2(n-1)}$$

onde

$$\hat{\sigma}_y^2 = \hat{\sigma}^2 + \hat{\sigma}_g^2$$

2.1.3 - Análise Estrutural

Este método apresenta apenas diferenças conceituais em relação ao método dos componentes principais. Aqui obtém-se também as estimativas da repetibilidade através de matriz de correlações entre genótipos, em cada par de avaliação. Assim o estimador do coeficiente de repetibilidade é dado por:

$$\hat{r} = \frac{a' \hat{R} a - 1}{n - 1}$$

sendo: a' = o autovetor com elementos paramétricos, associados ao maior autovalor obtido de R;

R = matriz paramétrica de correlação entre genótipos, em cada par de avaliação;

\hat{R} = estimador da matriz R

n = número de períodos avaliados

Uma vez estimado o coeficiente de repetibilidade, a estimativa do número de medições (n_0) necessárias para se predizer o valor real dos indivíduos com o valor de determinação genotípica (R^2) desejado é obtida pela expressão:

$$n_0 = \frac{R^2(1 - \hat{r})}{(1 - R^2)\hat{r}}$$

onde:

$$R^2 = \frac{nr}{1 + r(n-1)}$$

3 – SELEÇÃO ENTRE E DENTRO DE FAMÍLIAS, SELEÇÃO COMBINADA E SELEÇÕES MASSAL E MASSAL ESTRATIFICADA

No melhoramento genético vegetal, uma prática importante é a seleção de fenótipos superiores, indivíduos ou famílias, o que torna viável o melhoramento, uma vez que para obter-se populações melhoradas é necessário que a seleção e a recombinação sejam feitas em nível de indivíduos e famílias.

No sentido de realizar-se a prática da seleção, torna-se necessário escolher os métodos de seleção, sua escolha dependerá das magnitudes e dos sentidos dos ganhos

genéticos preditos e da facilidade de aplicação. Neste contexto, a seleção entre e dentro de famílias, a seleção combinada e as seleções massal e massal estratificada surgem como opções.

3.1- Seleção entre e dentro de famílias

A seleção entre e dentro de famílias considera apenas um caráter e é simples de ser aplicada e consiste em identificar as melhores famílias e, dentro destas, os melhores indivíduos em um teste de progênies. Nesse método, as plantas-mães selecionadas inicialmente não participam no processo de recombinação após a seleção, mas, sim, seus descendentes, geralmente aqueles que estão sendo testados (Pires, 1996). Esta modalidade de seleção consiste, numa primeira etapa, em selecionar ou rejeitar famílias inteiras, levando em conta o desvio do valor da família em relação ao valor fenotípico médio da população. Uma vez fixadas as famílias selecionadas, efetua-se a seleção dentro delas, levando-se em conta o desvio do valor fenotípico de cada indivíduo, em relação ao valor fenotípico médio da população. Aquelos indivíduos de mais alto valor fenotípico são tidos como superiores (Silva, 1982).

Segundo Cornacchia et al. (1995) a seleção de indivíduos dentro de famílias superiores tem merecido considerável atenção por parte dos melhoristas, uma vez que, em muitas estruturas de famílias, considerável proporção da variância genética aditiva permanece disponível entre plantas dentro de progênies. Assim, ganhos adicionais são obtidos mediante a seleção das melhores plantas das parcelas, representadas por famílias comprovadamente superiores.

3.2 – Seleção combinada

Uma das críticas que se pode fazer à seleção entre e dentro de famílias é o fato de indivíduos superiores de famílias de desempenho intermediário, bem como indivíduos de desempenho intermediário de famílias superiores, não serem incluídos na recombinação para a formação da população melhorada. A seleção combinada é uma opção alternativa à seleção entre e dentro de famílias, este tipo de seleção é mais apurada em informações, pois considera o desempenho individual associado ao desempenho da família em um único estágio. Consta, portanto, de resultados mais satisfatórios que a seleção entre e dentro. A seleção baseada em índices combinados constitui estratégia eficaz que visa priorizar o mérito individual, com informações complementares relativas ao valor apresentado pelas suas respectivas famílias (Cruz et al, 2004).

Falconer e Mackay (1996) afirmam que a seleção combinada deve proporcionar resultados tão bons, ou superiores, aos obtidos com outros métodos de seleção, como seleção entre famílias, dentro de famílias e individual. Nas condições mais favoráveis, a expectativa é de que a superioridade não exceda 10% do ganho obtido pela seleção entre e dentro de famílias.

3.2 – Seleção Massal e Seleção Massal Estratificada

A seleção massal surge também como metodologia alternativa para seleção de genótipos superiores de *P. maximum*. O objetivo com a seleção massal é aumentar na população a proporção de genótipos superiores (Allard, 1971). A seleção massal estratificada, por outro lado, permite que a seleção massal se torne mais eficiente, porque cada estrato representa uma unidade ambiental independente (Gardner, 1961). Entretanto, o

sucesso de um esquema seletivo depende da variação genética disponível na população e, sobretudo, do valor relativo desta, face da variação não-genética (Vencovsky, 1978).

A seleção massal, baseada na observação do fenótipo da planta, permite identificar indivíduos potencialmente interessantes para um programa de melhoramento. Esta tem sido bastante utilizada como fonte de genes comercialmente desejáveis.

Segundo Pires (1996), a seleção massal refere-se à forma mais simples de seleção, que consiste na escolha dos melhores indivíduos fenotipicamente, para proporcionarem sementes para estabelecimento da próxima geração. Esta estratégia de seleção é recomendável nos casos em que se tem alta herdabilidade, ficando a eficiência de sua aplicação, assim com qualquer outra estratégia de seleção, na dependência da experiência do melhorista.

4- REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ABRASEM. **Associação Brasileira de sementes e mudas**. www.abrasem.br. Consultado em dezembro de 2004.
- ALLARD, R.W. **Princípios de melhoramento genético das plantas**. São Paulo: Edgard Blücher, 1971. 381p.
- ASKER, S.E., JERLING, L. **Apomixis in Plants**. CRC Press, Boca Raton Ann Arbor London Tokyo. 298p. 1992
- BOGDAN, A.V. *Panicum maximum*. In: BOGDAN, A.V. (Ed.) **Tropical pasture and fodder plants: grasses and legumes**. 181-191. 1977.
- BRÂNCIO, P.A., NASCIMENTO JUNIOR, D., EUCLIDES, V.B.P., FONSECA, D.F., ALMEIDA, R.G., MACEDO, M.C.M., BARBOSA, R.A. Avaliação de três cultivares

- de *Panicum maximum* sob pastejo: composição da dieta, consumo de matéria seca e ganho de peso animal. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.32, n.5, p. 1037-1044, 2003.
- BUENO, L.C.S., MENDES, A.N.G., CARVALHO, S.P. **Melhoramento Genético de plantas**. Lavras. Ed. UFLA. 282 p. 2001.
- BURTON, G.W., MILLOT, J.C., MONSON, W.G. Breeding procedures for *Panicum maximum* Jacq. suggested by plant variability and mode of reproduction. **Crop Science**. v.13, p.717-720. 1973.
- CARMAN, J.G. Asynchronous expression of duplicate genes in angiosperms may cause apomixis, bispory, tetraspory, and polyembryony. **Biological Journal of the Linnean-Society**, v.61, n.1, p.51-94. 1997
- CARNEIRO, V.T.C., DUSI, D.M.A. **Apomixia**. www.cenargen.embrapa.br. Consultado em dezembro de 2004.
- COMBES, D. **Polymorphisme et modes de reproduction dans la section des *Maximae* du genre *Panicum* (Graminées) en Afrique**. Paris: ORSTOM, 1975. 99p. (ORSTOM, Mémoires ORSTOM, 77).
- COMBES, D., PÉRNES, J. **Variation ans les nombres chromosomiques du *Panium maximum* en relation avec le mode de reproduction**. **Comptes Rendues Academie Science**, Paris, Sér. D., v.270 p.782-785. 1970.
- CORNACCHIA, G.; CRUZ, C. D.; PIRES, I. E. Seleção combinada e seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos de três espécies do gênero *Pinus*. **Revista Árvore**, 19, n. 2, p.200-2012, 1995.
- CORSI, M.; SANTOS, P.M. Potencial de produção do *Panicum maximum*. In: SIMPÓSIO SOBRE MANEJO DA PASTAGEM, 11., Piracicaba, 1995. **Anais**. Piracicaba: FEALQ, 1995. p. 275-304.

- CRUZ, C.D., REGAZZI, A.J., CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**: v.1. 3. ed. Viçosa:UFV. 2004. 480p.
- EBINA, M.; NAKAGAWA, H.; YAMAMOTO, T.; ARAYA, H., TSURUTA, S.; TAKAHARA, M.; NAKAJIMA, K. Co-segregation of AFLP and RAPD markers to apospory in Guineagrass (*Panicum maximum* Jacq.). **Grassland Science**, Tochigi, v. 51, n. 1, p. 71-78, 2005.
- EUCLIDES, V.P.B., THIAGO, L.R..S., MACEDO, M.C.M., OLIVEIRA, M.P. Consumo voluntário de forragem de três cultivares de *Panicum* sob pastejo. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.28, n.6., p.1177-1185. 1999.
- EUCLIDES, V.P.B., MACEDO, M.C.M., VIEIRA, A., OLIVEIRA, M.P. Evaluation of *Panicum maximum* cultivars under grazing. In: **International Grassland Congress**. 17. 1993. **Proceedings**...Palmerston North: New Zealand Grassland Association, 1993. p.1999.
- FAO. <http://www.apps.fao.org/page/collections?subset = agriculture>. (20 de abril de 2005).
- FALCONER, D. S. Introdução a genética quantitativa. 1987. 464p.
- GARCEZ NETO, A.F., NASCIMENTO JÚNIOR, D., REGAZZI, A.J., FONSECA, D.M., MOSQUIM, P.R., GOBBI, K.F. 2002. Avaliação de características morfogênicas de *Panicum maximum* cv. Mombaça em resposta à adubação nitrogenada e alturas de corte. **Anais**.. Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia, 38, Recife. Seção Forragicultura, Recife, p.101-103. 2002.
- GARDNER, C.O. An evaluation of effects of mass selection and seed irradiation with thermal neutrons on yield of corn. **Crop Science**, v. 36, p.124-245, 1961.

- GOBBE, J., SWENNE, A. & LOUANT, B-P. Diploïdes naturels et autotetraploïdes induits chez *Brachiaria ruziziensis* Germain et Evrard: Critères d'identification. **Agronomie Tropicale**, v.36, p. 339-346. 1981.
- HANNA, W.W., POWELL, J.B., MILLOT, J.C., BURTON, G.W. Citology of obligate sexual plants in *Panicum maximum* Jacq. and their use in controlled hybrids. **Crop Science**, v.13, p. 695-697. 1973.
- HANNA, W.W., BASHAW, E.C. Apomixis: its identification and use in plant breeding. **Crop Science** v.27, p.1136-1139. 1987.
- HERLING, V.R.; PIAZZA, C.; JANTALIA, C.P.; SUDA, C.H.; LUZ, P.H.C.; LIMA, C.G. Efeito do período de descanso e da matéria seca residual no capim Mombaça (*Panicum maximum* Jacq.) 2. Perdas de matéria seca. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 35., Botucatu, 1998. **Anais...**Botucatu, SBZ, 1998. p.321-323.
- INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA (**IBGE**).
<http://www.ibge.gov.br>. Consultado em 20 de junho de 2005.
- JANK, L., SAVIDAN, Y.H., COSTA, J.C.G., VALLE, C.B. Pasture diversification through selection of new *Panicum maximum* cultivars in Brazil. In: *International Grassland Congress*, 16., 1989. **Proceedings...**The French Grassland Society. p.275-276. 1989.
- JANK, L.; SAVIDAN, Y.; SOUZA, M.T.; COSTA, J.G.C. Avaliação do germoplasma de *Panicum maximum* introduzido da África. 1. Produção forrageira. **Revista Brasileira de Zootecnia** v.23, p.433-440. 1994.
- JANK, L. Melhoramento e seleção de variedades de *Panicum maximum*. In: SIMPÓSIO SOBRE MANEJO E PASTAGEM, 12. Piracicaba, 1995. **Anais...**Piracicaba: FEALQ, p. 28-58. 1995.

- KEMPTHORNE, O. **The design and analysis of experiments**. New York: Robert E. Krieger Publishing Company, 1973. 631p.
- LUSH, J.L. **Melhoramento dos animais domésticos**. Tradução de G.G. CARNEIRO, J.M.P. MEMORIA, G. DRUNMOND, Rio de Janeiro : CEDEGRA, 1964. 566p.
- LUTTS, S., NDIKUMANA, J., LOUANT, B. P. Male and female sporogenesis and gametogenesis in apomictic *Brachiaria brizantha*, *Brachiaria decumbens* and F₁ hybrids with sexual colchicine induced tetraploid *Brachiaria ruziziensis*. **Euphytica** v.78, p.19-25. 1984.
- MARTUSCELLO, J.A., FONSECA, D.M., NASCIMENTO JÚNIOR, D., SANTOS, P.M., CUNHA, D.N.F.V. Características morfológicas e estruturais de capim-massai submetido a adubação nitrogenada e desfolhação. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 35, n.3, p. 665-671, 2006.
- MORENO, L.S.B. **Produção de forragem de capins do gênero *Panicum* e modelagem de respostas produtivas e morfofisiológicas em função de variáveis climáticas**. Piracicaba. Tese (Doutorado). 2006. Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz. Universidade de São Paulo.
- NAKAJIMA, K., KOMATSU, T., MOCHIZUKI, N., SUSUKI, S. Isolation of diploid and tetraploid sexual in guineagrass (*Panicum maximum* Jacq.). **Japanese Journal of Breeding**. v. 29, n.3, p. 228-238. 1979.
- NOGLER G. A. Genetics of gametophytic apomixis - A Historical Sketch. **Polish Botanical Studies**, v. 8, p. 5-11. 1984.
- OZIAS-AKINS, P.; ROCHE, D., HANNA, W.W. Tight clustering and hemizigosity of apomixis-linked molecular markers in *Pennisetum squamulatum* implies genetic control of apospory by a divergent locus that may have no allelic form in sexual genotypes.

- Proceedings. National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 95: p. 5127-5132. 1998
- OZIAS-AKINS, P.; LUBBERS, E.L.; HANNA, W., MCNAY, J.W. Transmission of the apomictic mode of reproduction in *Pennisetum*: co-inheritance of the trait and molecular markers. **Theoretical and Applied Genetics**. v.85, p.632-638. 1993.
- PARSONS, J.J. Spread of African Pasture grasses to the American Tropics. **Journal of Range Management**, v.25, n. 1. p. 12-17, 1972.
- PASSOS, L. P, CARVALHO, L.A., MARTINS, C. E., BRESSAN, M. E PEREIRA, A V. **Biologia e Manejo do Capim Elefante**. Coronel Pacheco, MG: EMBRAPA – CNPGL, 229 p.,1999.
- PENATI, M.A. **Estudo do desempenho animal e produção de capim-tanzânia (*Panicum maximum*) em um sistema rotacionado de pastejo sob irrigação em três níveis de resíduo pós-pastejo**. Piracicaba, 2002. Tese de Doutorado. Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”. Universidade de São Paulo.
- PERNÉS, J.D., RÉNÉ-CHAUME, R. Genetic analysis of sexual and apomictic *Panicum maximum*. **Genetics**. v.74, p.202-210. 1973.
- PESSINO, S. C., ESPINOZA, F., MARTINEZ, E. J., ORTIZ, J. P., VALLE, E. M., QUARIN, C. L. Isolation of cDNA clones differentially expressed in flowers of apomictic and sexual *Paspalum notatum*. **Hereditas** 134, 35-42. 1999.
- PINHEIRO, A.A., POZZOBON, M.T.; DO VALLE, C.B.; PENTEADO, M.I.O., CARNEIRO, V.T.C. Duplication of the chromosome number of diploid *Brachiaria brizantha* plants using colchicine. **Plant Cell Reports** 19: 274-278. 2000.

- PIRES, I. E. **Eficiência da seleção combinada no melhoramento genético de *Eucalyptus spp.*** Viçosa, MG: UFV, 1996. 116f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, 1996.
- RAMALHO, M., SANTOS, J.B. dos, PINTO, C.A.P.B. **Introdução e importância do estudo da genética.** In: Genética na Pecuária. São Paulo. Globo:Lavras, FAEPE, 1989.
- RESENDE, R.M.S.; JANK, L.; VALLE, C.B. Do; BONATO, A.L.V. Biometrical analysis and selection of tetraploid progenies of *Panicum maximum* Jacq. using mixed model methodology. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 39, n. 4, p. 335-341, 2004.
- SAVIDAN, Y.H. JANK, L., COSTA, J.C.G., VALLE, C.B. Breeding *Panicum maximum* in Brazil: 1. Genetic resources, modes of reproduction and breeding procedures. **Euphytica**, 41:107-112, 1989.
- SAVIDAN, Y. H. Apomixis: genetics and breeding. **Plant Breeding Reviews** 18: 13-86. 2000.
- SAVIDAN, Y.H. Embryological analysis of facultative apomixis in *Panicum maximum* Jacq. **Crop Science**, v. 22, p.467-469. 1982a.
- SAVIDAN, Y.H. **Nature et hérédité de l'apomixie chez *Panicum maximum*.** Thesis. Université of Paris. ORSTOM. 1982b.
- SAVIDAN, Y.H. Genetics and utilization of apomixis for the improvement of guineagrass (*Panicum maximum* Jacq). In: INTERNATIONAL GRASSLAND CONGRES, 14. 1981. Lexington. **Proceedings...**Boulder: Westview Press. P. 182-184. 1983.
- SAVIDAN, Y.H. L'apomixie gamétophytique chez les graminées et son utilisation em amélioration des plantes. **Annales Del'Amélioration des Plantes**. v.28:1-9. 1978.
- SILVA, M.A. **Métodos de seleção.** Viçosa – MG: UFV, 1982. 51 p.

- TURNER, H. N., YOUNG, S.Y. **Quantitative genetics in sheep breeding**. Ithaca: Cornell University Press, 1969. 331p.
- USBERTI-FILHO, J.A. **O agrônomo**, v.34, 1982, 7 p. (Edição especial)
- VALLE, C.B., JANK,L., RESENDE, R.M.S., BONATO, A.L.V. Lançamentos decultivares forrageiras: o processo e seus resultados – cvs. Massai, Pojuca, Campo Grande, Xaraés. In: NÚCLEO DE ESTUDOS EM FORRAGICULTURA, 4, Lavras. **Proceedings**..Lavras. MG: UFLA, 2003, p.179-225. 2003.
- VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E. (Ed.). Melhoramento e produção do milho no Brasil. Piracicaba: USP/ESALQ, 1978. cap.5, p.122-201.

CAPÍTULO I

Repetibilidade de Caracteres Agronômicos em *Panicum maximum* Jacq.¹

Resumo: O experimento objetivou avaliar o coeficiente de repetibilidade e a determinação genotípica para algumas características agronômicas em híbridos de *Panicum maximum*. Dez parcelas de plantas sexuais da espécie foram aleatoriamente distribuídos entre as 230 parcelas de acessos apomíticos. Após a fecundação natural, sementes de cada planta sexual constituiu-se em uma família de meio-irmãos. Trinta plantas de cada genitora foram avaliadas em delineamento de blocos ao acaso, com cinco plantas por parcela e seis repetições. A partir de cinco cortes, estimou-se o coeficiente de repetibilidade pelos métodos da Análise de Variância, Componentes Principais (matriz de correlação e covariância) e Análise estrutural. As estimativas do coeficiente de repetibilidade (r) nos diferentes métodos, para todas as características avaliadas oscilaram entre 0,51 e 0,86 e podem ser consideradas altas, assim como os coeficientes de determinação. Verificou-se que as estimativas do coeficiente de repetibilidade, obtidas para as quatro características avaliadas pelo método da análise de variância, foram quase sempre menores que às estimativas obtidas pelos demais métodos. Pelo método dos componentes principais (baseado na matriz de covariância) as estimativas foram sempre maiores em relação aos demais métodos. Considerando-se como satisfatório um nível de 80 ou 90% de confiabilidade para tomada de decisão sobre a superioridade relativa dos híbridos, para todas as características avaliadas, os cinco cortes realizados foram suficientes para escolha da melhor planta. A exclusão dos cortes 1 e 2 promoveu aumento nos coeficientes de repetibilidade e determinação.

Palavras chave: Análise estrutural, Análise de Variância, Componentes principais, produção de matéria seca

¹ Artigo publicado na Revista Brasileira de Zootecnia, v. 36, n.6, 2007 (Supl.)

Repeatability Agronomic Characteristics in *Panicum maximum* Jacq.

Abstract: The experiment was conducted with the objective of evaluating the coefficient of repeatability of some agronomic characteristics in *Panicum maximum* hybrids. Ten plots of sexual plants of the species were randomly distributed among 230 plots of apomictic accessions. After natural hybridization, seeds of each sexual plant constituted a half-sib family. Thirty plants of each female progenitor were evaluated in a randomized blocks design, with five plants per plot and six replications. Based on five evaluation cuts, the coefficient of repeatability was estimated by the methods Analysis of variance, Principal components (correlation and covariance matrices) and Structural analyses. The coefficient of repeatability (r) estimated by the different methods, for all the characteristics evaluated, was high and varied from 0,51 to 0,86. The estimates of the coefficient of determination were also high. It was verified that the estimates of the repeatability coefficient for the four characteristics evaluated by the analyses of variance method were almost always smaller than the estimates obtained by the other methods. By the principal components method (based on the covariance matrix), the estimates were always the highest. Considering a level of 80 or 90% as satisfactory for the confidence in the decision of the relative superiority of the hybrids based on green matter yield, these five evaluation cuts were sufficient for the choice of the best plant. The exclusion of the first two evaluation increase the repeatability and determination coefficients.

Key word: Analysis of variance, Dry matter production, Principal components, Structural analyses

Introdução

A espécie *Panicum maximum* Jacq. é cultivada em cerca de 20% de toda a área de pastagens no Brasil e detêm 30% do mercado de sementes forrageiras (ABRASEM, 2004). Diante da necessidade de intensificação dos sistemas de produção de bovinos no Brasil e sendo a espécie *P. maximum* indicada para esse tipo de exploração, trabalhos de melhoramento genético dessa forrageira contribuirão significativamente para o aumento da produção de carne, leite, couro e lã no País.

O cruzamento entre plantas sexuais e apomíticas de *P. maximum* apresenta-se como uma alternativa viável para obtenção de forrageiras superiores no que diz respeito à produção vegetal e conseqüentemente, a produção animal.

Durante o processo de seleção de plantas visando ao lançamento de novas cultivares ou escolha de genitores superiores para recombinação é importante que se tenha certeza da superioridade genética dos indivíduos. A análise de sucessivas medições de uma característica, em um grupo de indivíduos é um processo desejável em melhoramento genético de plantas perenes, pois se espera que a superioridade ou a inferioridade inicial de um indivíduo, em relação aos demais, mantenha-se ao longo das medições. O coeficiente de repetibilidade é que valida essa expectativa (Cruz et al., 2004).

Valores altos de repetibilidade, para qualquer característica, indicam que é possível a predição do valor real dos indivíduos utilizando-se um número bem menor de medições, quando se compara a baixos valores de estimativa de repetibilidade. Assim, a medida de consistência da posição em relação à classificação dos indivíduos durante sucessivas medições de um determinado caráter é denominada repetibilidade (Turner & Young, 1969).

De acordo com Lush (1964), Abeywardena (1972), Kempthorne (1973) e Cruz et al. (2004), a repetibilidade pode ser definida como a correlação entre sucessivas medidas, obtidas de um mesmo indivíduo, com avaliações tomadas ao longo do tempo ou do espaço.

Quando uma característica apresenta alta repetibilidade há indicativo de que haverá pouco ganho em acurácia, com o aumento do número de medidas repetidas. Por outro lado, quando a repetibilidade apresenta baixos valores, grande número de medições será necessário para que se alcance um valor de determinação satisfatório. Assim, ao se aumentar o número de medidas tomadas para uma certa característica, diminui-se a variância temporária causada pelo ambiente, e evidentemente, diminui-se também a variância fenotípica, melhorando assim a acurácia do coeficiente de repetibilidade. Vale salientar, que quando a variância ambiental temporária é baixa e a repetibilidade alta, o aumento no número de tomada de dados pouco acrescentará na melhoria da inferência do valor genotípico do indivíduo. No entanto, se a repetibilidade apresenta baixo valor, em se aumentando o número de avaliações haverá aumento de ganho.

Assim, objetivou-se com este trabalho determinar os coeficientes de repetibilidade das características produção de matéria verde (MV), produção de matéria seca (MS), produção de matéria seca foliar (MSF) e percentagem de folhas (%F) em híbridos de *P. maximum* a partir de dados obtidos durante dois anos (cinco cortes). Objetivou-se também, estimar o número mínimo de medições necessário para se proceder à seleção com maior eficiência e confiabilidade, bem como a estabilização fenotípica da progênie.

Material e Métodos

O experimento foi conduzido na Embrapa Gado de Corte no município de Campo Grande/MS, localizada 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 pela distribuição anual irregular das chuvas com ocorrência bem definida do período seco durante os meses frios do ano e um período chuvoso durante os meses de verão. Os 250 acessos do Banco de Germoplasma de *Panicum maximum* estão conservados em campo e cultivados em parcelas de 4 x 4 m com 2 m entre elas. Distribuídos aleatoriamente entre os acessos apomíticos (tetraplóides), encontram-se 10 parcelas com plantas sexuais (diplóides) que tiveram o número de cromossomos duplicados pela aplicação de colchicina. Na época de florescimento (março a maio), as plantas sexuais foram fecundadas naturalmente pelos acessos vizinhos, fazendo com que suas sementes constituíssem famílias de meio-irmãos. Sementes híbridas de 10 plantas sexuais foram colhidas em maio e junho de 2004, e semeadas em outubro em bandejas de isopor com substrato vermiculita:areia 1:1. Após dois meses, 30 plântulas de cada progenitora sexual foram transplantadas para terra em sacos plásticos e mantidas até condições adequadas para plantio no campo.

Em dezembro de 2005, as mudas por progênes foram transplantadas para a área experimental em um delineamento de blocos ao acaso, com cinco plantas por parcela e seis repetições, com espaçamento de 1m entre parcelas e plantas na parcela e dois metros entre repetições. O solo da área experimental caracteriza-se como um Latossolo Vermelho Escuro. Os valores obtidos a partir da análise química do solo foram: pH CaCl₂ 4,53; P=1,29 mg/dm³; K=48,6 mg/dm³; Ca²⁺=1.64 µmol/dm³; Mg²⁺= 0,93 µmol/dm³; H + Al= 8,31 µmol/dm³).

Foram aplicadas 3 t.ha⁻¹ de calcário dolomítico incorporado no início de novembro de 2005. As adubações fosfatada e potássica consistiram respectivamente de 100 kg.ha⁻¹ de P₂O₅ (superfosfato simples) e 100 kg.ha⁻¹ de K₂O (cloreto de potássio). Aplicou-se também 50 kg.ha⁻¹ de FTE BR16. A adubação nitrogenada foi realizada por meio da aplicação de 100 kg.ha⁻¹ de N (uréia) no transplantio. Outra adubação idêntica a anterior, à exceção dos 50 kg.ha⁻¹ de FTE BR16, foi realizada em dezembro de 2005.

Foram feitos cinco cortes no período das águas em todas as plantas (03/03/05, 13/04/05, 8/12/05, 24/01/06 e 08/03/06). Imediatamente após o corte, o material foi pesado para obtenção da produção de matéria verde (MV). Amostras do material foram separadas em lâmina, colmo + bainha e material morto, para estimativa da produção de matéria seca total (MS) e matéria seca foliar (MSF). Em seguida se determinou a % de folhas em cada genótipo.

O coeficiente de repetibilidade (r) foi estimado por quatro procedimentos estatísticos de forma a se poder avaliar a consistência da estimativa, permitindo conclusões mais confiáveis sobre as características estudadas. Os estimadores dos coeficientes de repetibilidade foram obtidos por meio de: método da análise de variância, método dos componentes principais (baseado na matriz de covariância ou correlação) e análise estrutural (baseado na matriz de correlação).

Para estimação do coeficiente de repetibilidade pelo método da Análise de Variância (ANOVA) utilizou-se o modelo estatístico com dois fatores de variação:

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

μ = 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 é dado por:

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

em que:

$\hat{\sigma}_g^2$ = componente de variância genotípica associado aos efeitos ambientais permanentes

$\hat{\sigma}^2$ = Componente da variância ambiental

A metodologia dos componentes principais baseia-se na matriz de correlação ou na matriz de covariância entre os genótipos, obtidas em cada par de medições e, por isso estima de forma mais eficiente o coeficiente de repetibilidade em casos onde os genótipos apresentam comportamento cíclico em relação ao caráter estudado.

Quando se baseia na matriz de correlações, o coeficiente de repetibilidade é dado por:

$$\hat{r} = \frac{\lambda_1 - 1}{n - 1}$$

em que:

λ_1 = auto valor obtido da matriz \hat{R} , associado ao autovetor, cujos elementos têm o mesmo sinal e magnitudes semelhantes.

n = número de períodos avaliados

Quando se baseia na matriz de covariâncias, o coeficiente de repetibilidade é estimado considerando-se a matriz paramétrica de variâncias e covariância fenotípicas:

$$\hat{r} = \frac{\hat{\lambda} - \hat{\sigma}_y^2}{\hat{\sigma}_y^2(n-1)}$$

onde:

$$\hat{\sigma}_y^2 = \hat{\sigma}^2 + \hat{\sigma}_g^2$$

O método da análise estrutural apresenta apenas diferenças conceituais em relação ao método dos componentes principais. Aqui obtém-se também as estimativas da repetibilidade através de matriz de correlações entre genótipos, em cada par de avaliação. Assim o estimador do coeficiente de repetibilidade é dado por:

$$\hat{r} = \frac{a' \hat{R} a - 1}{n - 1}$$

sendo: a' = o autovetor com elementos paramétricos, associados ao maior autovalor obtido de R;

R = matriz paramétrica de correlação entre genótipos, em cada par de avaliação

\hat{R} = estimador da matriz R

n = número de períodos avaliados

Após a obtenção do coeficiente de repetibilidade, estimou-se o número mínimo de cortes, que devem ser realizados para prever o valor real do indivíduos, com base em um coeficiente de determinação (R^2) preestabelecido. A predição desse valor foi realizada, com base na seguinte expressão:

$$n_0 = \frac{R^2(1-\hat{r})}{(1-R^2)\hat{r}}$$

onde:

$$R^2 = \frac{nr}{1+r(n-1)}$$

Avaliou-se a estabilização fenotípica das quatro características estudadas nos híbridos de *P. maximum*, utilizando os métodos dos componentes principais, obtidos a partir da matriz de correlações para os sucessivos cortes, considerando-se 2,3... até todos os n cortes efetuados. Portanto, foram realizadas n-1 análises, fazendo dois cortes sucessivos; n-2, três cortes sucessivos e assim, até chegar aos cinco cortes.

Todas as análises estatísticas foram realizadas utilizando-se o programa computacional GENES (Programa Computacional em Genética e Estatística) (Cruz, 2001).

Resultados e Discussão

As estimativas do coeficiente de repetibilidade (r) e do coeficiente de determinação (R^2) nos diferentes métodos, para todas as características avaliadas são apresentados na Tabela 1. Observou-se que os coeficientes de repetibilidade oscilaram entre 0,5114 (Matéria verde) e 0,8611 (Matéria seca foliar). Os maiores valores foram registrados para a MSF e os menores para produção de MS. No processo de seleção de novas forrageiras a característica produção de MSF é imprescindível, uma vez que apresenta grande importância na alimentação animal, já que folhas apresentam, em geral, maior digestibilidade em relação ao colmo. A seleção com base nessa característica tende a tornar

o processo de melhoramento genético mais eficiente, principalmente na etapa final, onde a avaliação do ganho de peso é o principal indicador do potencial de utilização da planta.

As estimativas dos coeficientes de repetibilidade para avaliação das características MV, MS, MSF e % F, de maneira geral, podem ser consideradas altas, indicando a confiabilidade na identificação dos melhores genótipos, considerando as cinco avaliações utilizadas.

Observa-se que independentemente do método utilizado para estimativa do coeficiente de repetibilidade, os coeficientes de determinação variaram de 83,96 (Matéria verde) a 96,88% (Matéria seca foliar), podendo ser classificados como altos (Tabela 1). Como o coeficiente de determinação expressa a acurácia na predição do valor real do indivíduo, a confiabilidade na seleção das melhores progênies de *P. maximum*, baseada no valor fenotípico de MSF, será de 96,88% (Método dos componentes principais baseado na matriz de covariância), portanto, evidenciou-se que as cinco colheitas realizadas foram suficientes para se alcançar alta confiabilidade na predição do comportamento de diferentes genótipos.

Verificou-se que as estimativas do coeficiente de repetibilidade, obtidas para as quatro características avaliadas pelo método da análise de variância, foram quase sempre menores que às estimativas obtidas pelos demais métodos. Notou-se também que pelo método dos componentes principais (baseado na matriz de covariância) essas estimativas foram sempre maiores em relação aos demais métodos. Segundo Abeywardena (1972), o método dos componentes principais estima de forma mais eficiente o coeficiente de repetibilidade em situações nas quais os genótipos apresentam comportamento cíclico em relação ao caráter estudado, por basear-se na matriz de covariância entre genótipos obtidas em cada par de medições. De acordo com Cruz et al. (2004), o método da análise de

variância pode, em alguns casos, levar à estimativas subdimensionadas do coeficiente de repetibilidade. Ainda assim, para todas as características avaliadas, as estimativas obtidas pelas quatro metodologias utilizadas demonstram acurácia nas medições realizadas e alta regularidade da superioridade dos indivíduos.

Tabela 1: Estimativas do coeficiente de repetibilidade e coeficiente de determinação (entre parênteses) das características produção de *Panicum maximum* avaliados por quatro métodos.

| Método | Característica | | | |
|---|-------------------|-------------------|-------------------|-------------------|
| | MV | MS | MSF | % de folhas |
| Análise de Variância | 0,5114 (83,96) | 0,5165 (84,23) | 0,7038 (92,24) | 0,6386 (89,83) |
| Componentes Principais (Covariância) | 0,7491 (93,72) | 0,6182 (88,99) | 0,8611 (96,88) | 0,7067 (92,33) |
| Componentes Principais (Correlação) | 0,6087 (88,61) | 0,5594 (86,39) | 0,7929 (95,03) | 0,6555 (90,49) |
| Análise Estrutural (Correlação) | 0,6063 (88,51) | 0,5571 (86,28) | 0,7825 (94,73) | 0,6503 (90,29) |

MV: Matéria verde; MS: Matéria seca; MSF: Matéria seca foliar

De forma geral, a diferença entre as estimativas do coeficiente de repetibilidade nos quatro métodos indicam a necessidade de utilização de vários métodos disponíveis, no sentido de se obter um intervalo preciso, dentro do qual, com maior probabilidade, se encontrará o valor real para esse parâmetro.

Na Tabela 2 é apresentada a simulação do número de medições necessárias para obtenção de diferentes coeficientes de determinação, para as quatro características avaliadas com os quatro métodos utilizados. Nota-se que à medida que se aumentou a

precisão, em relação à predição do valor real das avaliações, em todos os métodos utilizados, implicou aumentar consideravelmente, o número de medições para todas as características. Esses dados sugerem que a tentativa de aumento de precisão, além de 95%, exigiria aumentar sobremaneira o número de medições, o que, por sua vez, pouco acrescentaria em termos de precisão, sendo então injustificado seu uso.

Na seleção de híbridos de *P. maximum*, Resende et al. (2004) obtiveram 80% de precisão para matéria seca foliar, com quatro anos de avaliação sob cortes, porém com um baixo incremento na eficiência de seleção após três anos de avaliação (15 cortes). Já para *Brachiaria brizantha* Basso (2005) obteve 80% de precisão para esta variável com 6 a 14 cortes, dependendo dos genótipos avaliados em diferentes campos.

O número de cortes necessários para caracterizar a produção de MV e MS com 80% de probabilidade do seu valor real foi de no máximo quatro (para o método da Análise de Variância), e apenas um e dois, respectivamente para o método de componentes principais (baseado na matriz de covariância). Isso indica que não é necessário, para essas características, realizar cinco cortes, pois apenas quatro (para o método que estima o maior número de medições) obtêm-se boa confiabilidade, reduzindo-se dessa forma mão-de-obra e tempo.

Isso também é válido para as demais características avaliadas. Para a produção de MSF e porcentagem de folhas o número de cortes necessários para os mesmos 80% de probabilidade é de no máximo duas medições, mais uma vez indicando que os cinco cortes utilizadas foram suficientes para estimativa confiável do coeficiente de repetibilidade.

Para que se obtenha maior confiabilidade pode-se utilizar o coeficiente de determinação de 90% para a seleção dos melhores genótipos para todas as características

avaliadas, e neste caso, serão necessários de três a nove cortes de acordo com a metodologia a ser utilizada para que se obtenha maior acurácia.

Tabela 2: Número de cortes associado a diferentes coeficientes de determinação do valor genotípico (R^2), em quatro métodos de estimação do coeficiente de repetibilidade

| R^2 | Anova | Componentes Principais | | Análise Estrutural |
|---------------------|-------|------------------------|------------|--------------------|
| | | Covariância | Correlação | |
| Matéria Verde | | | | |
| 0,8 | 4 | 1 | 2 | 3 |
| 0,85 | 5 | 2 | 3 | 4 |
| 0,9 | 9 | 3 | 6 | 6 |
| 0,95 | 18 | 6 | 12 | 12 |
| 0,99 | 94 | 33 | 64 | 64 |
| Matéria Seca | | | | |
| 0,8 | 4 | 2 | 3 | 3 |
| 0,85 | 5 | 3 | 4 | 4 |
| 0,9 | 8 | 6 | 7 | 7 |
| 0,95 | 18 | 12 | 15 | 15 |
| 0,99 | 93 | 61 | 78 | 79 |
| Matéria Seca Foliar | | | | |
| 0,8 | 2 | 1 | 1 | 1 |
| 0,85 | 2 | 1 | 1 | 2 |
| 0,9 | 4 | 2 | 2 | 3 |
| 0,95 | 8 | 3 | 5 | 5 |
| 0,99 | 42 | 16 | 26 | 27 |
| % de Folhas | | | | |
| 0,8 | 2 | 2 | 2 | 2 |
| 0,85 | 3,2 | 2 | 3 | 3 |
| 0,9 | 5 | 4 | 5 | 5 |
| 0,95 | 11 | 8 | 10 | 10 |
| 0,99 | 56 | 41 | 52 | 53 |

A utilização de genótipos estabilizados, quando da obtenção de estimativas de repetibilidade, é de suma importância. Existe, em alguns casos, a possibilidade de um caráter ser regido por conjuntos gênicos distintos e os genes estarem mais ou menos ativos de acordo com o estado de desenvolvimento que se encontram os indivíduos. Em alguns casos, a inclusão de avaliações em estágio precoce, onde não há plena manifestação do

potencial genético da planta, ou em avaliações tardias, onde a forrageira já apresenta um certo grau de senescência, a repetibilidade pode ser subestimada. Assim, se o genótipo no qual se tomam às medidas não estiver estabilizado, a variação dentro de indivíduos incluirá uma parte considerável da variância da interação genótipo x ambiente temporário e o aumento do número de medições, com a finalidade de reduzir a variação dentro de indivíduos, pode não ser vantajoso, pois a variância adicional, poderá ser suficiente para neutralizar a redução do componente.

Na tabela 3 é apresentado um resumo dos resultados da estabilização fenotípica para as quatro características avaliadas nos cinco cortes utilizados. Notou-se que para a variável produção de MV o maior coeficiente de repetibilidade foi observado quando se correlacionou os cortes 1 e 2 e o menor na correlação dos cortes 2 e 3. Isso provavelmente deveu-se ao fato de que nos dois primeiros cortes os genótipos ainda não estavam estabilizados. De fato, a produção de matéria verde, foi a característica que apresentou maior instabilidade. Isso já era esperado uma vez que a teor de água em cada planta tem reflexo direto nesta estimativa. Não só para MV, mas também para MS, a baixa correlação entre os cortes 2 e 3 pode ser explicada pela época do corte, uma vez que o terceiro corte foi realizado em dezembro, onde as plantas se desenvolveram após rebrotação de corte na seca. Para MS o maior coeficiente de repetibilidade e o maior coeficiente de determinação são àqueles relacionados a correlação entre os cortes 3 e 4, provavelmente devido ao fato desses terem ocorrido em condições ambientais bastante homogêneas (em relação a temperatura e precipitação).

Em relação à produção de MSF e porcentagem de folhas, a correlação entre os cortes e a estabilização do genótipo, provavelmente sofreu efeito direto da época de florescimento de cada progênie, uma vez que em florescimento ocorre maior acúmulo de

colmo, havendo conseqüentemente efeito direto desse acúmulo sobre a produção de MSF e, principalmente sobre a porcentagem de folhas em cada genótipo. Observou-se (Tabela 3) que para MSF o maior coeficiente de repetibilidade foi na correlação entre os cortes 4 e 5 e o menor para as correlações entre os cortes 2 e 3. Já para porcentagem de folhas a correlação entre os cortes 3 e 4, assim como para produção de MS, apresentou maiores coeficientes de repetibilidade e determinação.

Assim, fica claro (Tabela 3) que, embora tenha ocorrido regularidade no comportamento dos indivíduos nos cortes 1 e 2, em geral, a inclusão dos dados gerados a partir desses cortes tendem a diminuir o coeficiente de repetibilidade. Isso evidencia que a estabilização de genótipos de *P. maximum* ocorre, provavelmente após o segundo corte, e embora haja necessidade das plantas serem cortadas, a exclusão dos primeiros cortes deve ser considerada em futuras avaliações.

Tabela 3: Estimativa de números de cortes (n) e obtenção de R², por meio da estabilização fenotípica usando o método dos componentes principais a partir da matriz de correlação de quatro características agronômicas avaliadas em híbridos de *Panicum maximum* em cinco sucessivos cortes.

| Cortes | Número de cortes | Coefficiente de repetibilidade | R ² | Colheitas | Número de cortes | Coefficiente de repetibilidade | R ² |
|----------------|------------------|--------------------------------|----------------|---------------------|------------------|--------------------------------|----------------|
| Matéria Verde | | | | Matéria Seca Foliar | | | |
| 1-2 | 2 | 0,92 | 95 | 1-2 | 2 | 0,52 | 69 |
| 2-3 | 2 | 0,35 | 52 | 2-3 | 2 | 0,61 | 76 |
| 3-4 | 2 | 0,90 | 95 | 3-4 | 2 | 0,89 | 94 |
| 4-5 | 2 | 0,69 | 82 | 4-5 | 2 | 0,92 | 96 |
| 1, 2 e 3 | 3 | 0,62 | 83 | 1, 2 e 3 | 3 | 0,68 | 87 |
| 2, 3 e 4 | 3 | 0,57 | 80 | 2, 3 e 4 | 3 | 0,71 | 88 |
| 3, 4, e 5 | 3 | 0,75 | 90 | 3, 4, e 5 | 3 | 0,92 | 97 |
| 1, 2, 3 e 4 | 4 | 0,60 | 86 | 1, 2, 3 e 4 | 4 | 0,75 | 92 |
| 2, 3, 4 e 5 | 4 | 0,59 | 85 | 2, 3, 4 e 5 | 4 | 0,77 | 93 |
| 1, 2, 3, 4 e 5 | 5 | 0,61 | 89 | 1, 2, 3, 4 e 5 | 5 | 0,79 | 95 |
| Matéria Seca | | | | % de folhas | | | |
| 1-2 | 2 | 0,85 | 92 | 1-2 | 2 | 0,86 | 93 |
| 2-3 | 2 | 0,36 | 54 | 2-3 | 2 | 0,51 | 67 |
| 3-4 | 2 | 0,86 | 92 | 3-4 | 2 | 0,97 | 98 |
| 4-5 | 2 | 0,58 | 73 | 4-5 | 2 | 0,71 | 83 |
| 1, 2 e 3 | 3 | 0,58 | 81 | 1, 2 e 3 | 3 | 0,68 | 87 |
| 2, 3 e 4 | 3 | 0,57 | 80 | 2, 3 e 4 | 3 | 0,66 | 86 |
| 3, 4, e 5 | 3 | 0,64 | 84 | 3, 4, e 5 | 3 | 0,77 | 91 |
| 1, 2, 3 e 4 | 4 | 0,58 | 85 | 1, 2, 3 e 4 | 4 | 0,70 | 90 |
| 2, 3, 4 e 5 | 4 | 0,53 | 82 | 2, 3, 4 e 5 | 4 | 0,62 | 87 |
| 1, 2, 3, 4 e 5 | 5 | 0,56 | 87 | 1, 2, 3, 4 e 5 | 5 | 0,65 | 90 |

Conclusões

Os coeficientes de repetibilidade das características agronômicas produção de matéria verde, produção de matéria seca, produção de matéria seca foliar e percentagem de folhas em genótipos de *Panicum maximum*, apresentam-se maior quando se utiliza a metodologia dos componentes principais baseando na matriz de correlação e menores pelo método da análise de variância. Entretanto, podem ser considerados altos, assim

como os coeficientes de determinação, para todas as características em todos os métodos avaliados.

Para que se obter maior acurácia (90% de confiabilidade) na seleção dos melhores híbridos, são necessárias de três (método dos componentes principais baseado na matriz de correlação) a nove (método da análise de variância) medições.

A exclusão dos cortes 1 e 2 promove aumento nos coeficientes de repetibilidade e determinação. É necessário utilizar os vários métodos de análise disponíveis para se obter um intervalo preciso para cada parâmetro, visando encontrar o valor real com maior probabilidade.

Referências Bibliográficas

ABEYWARDENA, V. An application of principal component analysis in genetics. **Journal Genetics**, v.16, p.27, 1972.

ABRASEM. Associação Brasileira de sementes e mudas. www.abrasem.br. Consultado em dezembro de 2004.

BASSO, K.C. **Estimação de parâmetros genéticos e índice de seleção em genótipos de *Brachiaria brizantha***. Dourados, MS: Universidade Federal de Mato Grosso do Sul, 2005. 63p. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal). Universidade Federal de MS., 2005.

CRUZ, C.D. **Programa Genes Versão Windons**: aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa:UFV, 2001. 684p.

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

KEMPTHORNE, O. **The design and analysis of experiments**. New York: Robert E. Krieger Publishing Company, 1973. 631p.

LUSH, J.L. **Melhoramento dos animais domésticos**. Tradução de G.G. CARNEIRO, J.M.P. MEMORIA, G> DRUNMOND, Rio de janeiro : CEDEGRA, 1964. 566p.

RESENDE, R.M.S.; JANK, L.; VALLE, C.B. do ; BONATO, A.L.V. Biometrical analysis and selection of tetraploid progenies of "Panicum maximum" Jacq. using mixed model methodology. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 39, n. 4, p. 335-341, 2004.

TURNER, H. N., YOUNG, S.Y. **Quantitative genetics insheep breeding**. Ithaca: Cornell University Press, 1969. 331p.

CAPÍTULO II

Seleção em Famílias de Meio-Irmãos de *Panicum maximum* Jacq.

Resumo: O experimento foi conduzido objetivando-se selecionar genótipos superiores de *Panicum maximum*, em populações de meio-irmãos, originárias a partir do cruzamentos de plantas apomíticas com plantas sexuais e comparar estratégias de seleção entre e dentro de famílias, combinada, massal e massal estratificada. Dez parcelas de plantas sexuais da espécie foram aleatoriamente distribuídos entre 230 parcelas de acessos apomíticos. Após a fecundação natural, sementes de cada planta sexual constituiu-se em uma família de meio-irmãos. Trinta plantas de cada progenitora foram avaliadas em delineamento de blocos ao acaso, com cinco plantas por parcela e cinco repetições. A partir da média de sete cortes foram realizadas as análises de variância com base no modelo em blocos ao acaso com informação de indivíduos dentro de parcela. Foram obtidos os coeficientes de herdabilidade e de variação. A porcentagem de famílias selecionadas foi de 50%. Houve variabilidade genética significativa para todas as características de produção, à exceção da variável porcentagem de material morto. Os critérios de seleção utilizados mostraram-se eficientes para aplicação no melhoramento de *P. maximum*, mas os maiores ganhos genéticos foram proporcionados pela seleção combinada. Entretanto, as seleções massal e massal estratificada promoveram ganhos genéticos altos e podem ser utilizados no melhoramento de *P. maximum*. Quatro genitoras, identificadas pelos números 7, 1, 3 e 5 são promissoras e podem ser usadas para futuros cruzamentos em *P. maximum*.

Palavras chave: Melhoramento genético, métodos de seleção, planta forrageira.

Selection in in half-sib of *Panicum maximum* Jacq.

Abstract: The experiment was done with the objective to select superior genotypes in half-sib populations obtained from crosses between sexual plants and apomictic accessions. It was also proposed to compare selection strategies between and within families, combined selection, mass selection and stratified mass selection. For this, ten plots of sexual plants were randomly distributed among 230 plots of apomictic accessions. After natural pollination, seeds of each sexual plant constituted a half-sib family. Thirty plants of each female progenitor were evaluated in a random blocks design experiment, with five plants per plot and and five replications. For the evaluation of genetic parameters, five evaluation harvests were done in the rainy seasons and two in the dry seasons in all plants. There was significant genetic variability for all the production characteristics, with the exception of dead matter both in the rainy and the dry periods, which shows the possibility of considerable gains with selection. The selection criteria used (selection between and within families, combined, mass and stratified mass selections) were efficient for application in *P. maximum* breeding, with medium to high gains for most characteristics evaluated. The highest genetic gains were obtained from combined selection. However, mass and stratified mass selections promoted high genetic gains and may be used in *P. maximum* breeding. The sexual progenitors identified as numbers 7, 1, 3 and 5 are promising and may be used in future crosses, as well as for increase of the genetic variability in the *P. maximum* genebank.

Key words: plant breeding, selection strategies, forage

Introdução

Para o cultivo de pastagens cada vez mais produtivas é importante considerar, além do desenvolvimento de novas técnicas de manejo, os aspectos genéticos, uma vez que a otimização da utilização da forrageira é resultado de ações e interações do genótipo com o ambiente no qual está inserido. Sendo o Brasil, um país de dimensões continental e formado por vários ecossistemas, o melhoramento genético de plantas forrageiras vem complementar a ação do manejo, gerando plantas mais produtivas e adaptadas a diferentes regiões.

Os métodos de melhoramento genético, da maioria das gramíneas forrageiras tropicais, consistem basicamente na avaliação e seleção massal de genótipos a partir da variabilidade genética de ecotipos coletados na África (Valle et al., 2001). Esse processo de seleção tem sido bastante utilizado, e com sucesso, no melhoramento de forrageiras de elevada importância na pecuária nacional como *Panicum maximum*. Para essa espécie a introdução e a seleção massal, a partir do germoplasma, são as metodologia mais simples para lançamento de novas cultivares. Adicionalmente, a apomixia, modo de reprodução assexuada, presente na espécie, apesar de dificultar o intercâmbio gênico tem a vantagem de garantir a uniformidade gênica e perpetuar o genótipo superior.

A apomixia, como reprodução assexuada, proporciona a perpetuação de genótipos superiores com grande precisão, o que se denomina propagação clonal. Define-se clone como toda a descendência a partir de um indivíduo, por via assexuada. Neste caso, como só ocorrem mitoses, os indivíduos serão genotipicamente idênticos. Neste tipo de reprodução, a herdabilidade no sentido amplo, usualmente superior a

herdabilidade no sentido restrito, é de grande interesse para o melhorista, pois todos os tipos de ação e integração gênica são explorados (Bueno et al., 2001).

As novas cultivares de plantas forrageiras com reprodução por apomixia podem ser desenvolvidas pela seleção dos melhores genótipos a partir do germoplasma, ou pela geração de nova variabilidade por cruzamentos, fazendo-se em seguida a seleção para as características de interesse. No segundo caso, é de extrema importância que se detecte na população, plantas de reprodução sexual.

Em *P. maximum* a descoberta de plantas sexuais diplóides, permitiu o cruzamento e intercâmbio gênico, entretanto houve necessidade da duplicação artificial do número de cromossomos (Combes & Pernes, 1970), para que fosse possível o cruzamento dessas plantas sexuais com plantas apomíticas tetraplóides. Esquema de seleção de *P. maximum* baseado no cruzamento de plantas sexuais com plantas apomíticas foi inicialmente proposto por Smith (1975). No Brasil, a Embrapa Gado de Corte (Campo Grande/MS) mantêm um programa de seleção de *P. maximum* a partir do cruzamento entre plantas sexuais e apomíticas (Jank et al., 2001).

Os testes de progênie são comumente utilizados no melhoramento para estabelecer valores genéticos de genitores. Assim, a classificação de genitores a partir das performances de suas progênies é especialmente importante para as características de baixa herdabilidade (Routsalainen e Lindgreen, 1998).

Segundo Martins et al. (2005) existem vários métodos de seleção genética, alguns são complementares, outros concorrentes, e a escolha depende das magnitudes e sentidos dos ganhos genéticos conseguidos e da facilidade de aplicação dos mesmos. Neste contexto, a seleção entre e dentro de famílias, a seleção combinada e as seleções massal e massal estratificada surgem como opções.

O objetivo com esse trabalho foi selecionar genótipos superiores de *P. maximum*, em população de meio irmãos, originárias a partir do cruzamento de plantas sexuais e apomíticas bem como, comparar estratégias de seleção entre e dentro de famílias, seleção combinada, massal e massal estratificada.

Material e Métodos

Descrição do Experimento

O experimento foi conduzido na Embrapa Gado de Corte no município de Campo Grande/MS, localizada 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 pela distribuição anual irregular das chuvas com ocorrência bem definida do período seco durante os meses frios do ano e um período chuvoso durante os meses de verão.

Os 250 acessos do Banco de Germoplasma de *P. maximum* estão conservados em campo e cultivados em parcelas de 4 x 4 m com 2 m entre essas. Entre os acessos apomíticos (tetraplóides) foram distribuídos aleatoriamente 10 parcelas com plantas sexuais (tetraplóides) que tiveram o número de cromossomos duplicado pela aplicação de colchicina.

Na época de florescimento (março a maio), as plantas sexuais foram fecundadas naturalmente pelos acessos vizinhos, fazendo com que suas sementes gerassem famílias de meio-irmãos. Sementes híbridas das 10 plantas sexuais foram colhidas em maio e junho de 2004, e semeadas em bandejas de isopor com substrato vermiculita:areia 1:1 em outubro. Após dois meses, 30 plântulas de cada progenitora sexual foram transplantadas para terra em sacos plásticos e mantidas até condições adequadas para transplantação no campo.

O solo da área experimental caracteriza-se como um Latossolo Vermelho Escuro com as seguintes características: pH CaCl_2 4,53; $\text{P}=1,29 \text{ mg.dm}^{-3}$; $\text{K}=48,6 \text{ mg.dm}^{-3}$; $\text{Ca}^{2+}=1,64 \text{ mol.c.dm}^{-3}$; $\text{Mg}^{2+}=0,93 \text{ mol.c.dm}^{-3}$; $\text{H} + \text{Al}= 8,31 \text{ mol.c.dm}^{-3}$.

Foram aplicadas 3 t.ha^{-1} de calcário dolomítico incorporado ao solo na camada de 0-20 cm de profundidade no início de novembro de 2005. As adubações fosfatada e potássica consistiram respectivamente de 100 kg.ha^{-1} de P_2O_5 (superfosfato simples) e 100 kg.ha^{-1} de K_2O (cloreto de potássio). Aplicou-se também 50 kg.ha^{-1} de FTE BR16. A adubação nitrogenada foi realizada por meio da aplicação de 100 kg.ha^{-1} de N (uréia) na transplantação.

Em dezembro de 2005, as mudas (por progênes) foram transplantadas para a área experimental em um delineamento de blocos ao acaso, com cinco plantas por parcela e cinco repetições, com espaçamento de 1 m entre parcelas e entre plantas na parcela e dois metros entre repetições (Figura 1).



Figura 1: Vista da aérea experimental após transplatação das mudas

Na Figura 2, observa-se vista parcial do experimento após estabelecimento das progênies. Em dezembro de 2006, repetiram-se as adubações fosfatada, potássica e nitrogenada nas mesmas doses da primeira aplicação.



Figura 2: Vista parcial da área experimental após estabelecimento das progênies

Foram realizados cinco cortes com costal Stihl a 20 cm do solo, em todas as plantas no período das águas (03/03/05, 13/04/2005, 08/12/2005, 24/01/2006 e 08/03/2006) e dois no período da seca (20/10/2005 e 19/10/2006). Imediatamente após aos cortes, a forragem foi pesada para obtenção da produção de matéria verde (MV). Amostras das plantas foram separadas em lâmina, colmo + bainha e material morto, secas em estufa de circulação forçada a 105°C por 72 horas e pesadas para estimativa da produção de matéria seca total (MS), matéria seca foliar (MSF), a porcentagem de folhas, porcentagem de colmo e porcentagem de material morto em cada genótipo. As amostras foram moídas, identificadas e enviadas (1 g/planta) para as avaliações bromatológicas, que foram realizadas no Near-infrared Reflectance Spectroscopy (NIRS) no Laboratório de Nutrição Animal da Embrapa Gado de Corte.

Análise de Variância e Parâmetros genéticos

As análises de variância foram realizadas com base no modelo em blocos ao acaso com informação de indivíduos dentro de parcela. Os parâmetros genéticos foram estimados a partir de informações de parcela e de indivíduos dentro da parcela.

Com o objetivo de verificar a existência de variância genética entre as médias das famílias de meio-irmãos da população estudada, as características mensuradas foram submetidas à análise de variância com base no modelo estatístico a seguir (CRUZ, 2006b):

$$Y_{ijk} = \mu + g_i + b_j + \varepsilon_{ij} + \delta_{ijk}$$

sendo:

Y_{ijk} : observação no k-ésimo indivíduo, avaliado na i-ésima família da j-ésima repetição considerando-se todos os cortes;

μ : média geral do ensaio;

g_i : efeito da família i (i= 1, 2,...g); sendo g =10

b_j : efeito do bloco j (j= 1, 2,...r); sendo r = 5

ε_{ij} : efeito da parcela ij; e

δ_{ijk} : efeito do indivíduo k, da i-ésima família no j-ésimo bloco (k= 1,2,...n_{ij}).

Na Tabela 1 pode-se observar o esquema da análise de variância para o modelo estatístico apresentado anteriormente, com as respectivas indicações de somas dos quadrados e quadrados médios.

Tabela 1 – Esquema da análise de variância para experimento em blocos ao acaso com informação dentro de parcela

| FV | GL | SQ | QM | F |
|-----------------|-----------|------|-----|---------|
| Blocos | r-1 | SQB | QMB | |
| Tratamentos | g-1 (r-1) | SQT | QMT | QMT/QME |
| Dentro parcelas | (n-1)gr | SQD | QMD | |
| Total | grn-1 | SQTo | | |

Segundo Cruz (2006b), para experimentos desbalanceados (com número desigual de indivíduos dentro das parcelas), como neste trabalho (devido à morte de algumas plantas experimentais), realiza-se análise de variância considerando apenas os dados médios de genótipos nos r blocos. Obtêm-se as somas de quadrados para as fontes de variação blocos, famílias e variação entre famílias. Adicionalmente tem-se para cada parcela, a variação dentro de famílias. A média ponderada desta variação representa a variação dentro de família, que é acoplada ao quadro de análise de variância. O número médio de indivíduo dentro da parcela é obtido pela expressão:

$$\frac{1}{n} = \frac{1}{gr} \sum_{i=1}^g \sum_{j=1}^r \left(\frac{1}{n_{ij}} \right)$$

Foram obtidos os seguintes estimadores dos parâmetros genéticos (CRUZ, 2006b):

Estimadores de herdabilidade:

- Herdabilidade em nível de média de família (unidade de seleção é a família, tomando como referência sua média):

$$H_m^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{(QMT / \bar{n}r)}$$

- Herdabilidade de planta dentro da família (unidade de seleção é o indivíduo, ou planta, tomando como referência seu valor dentro da família):

$$h_d^2 = \frac{\hat{\sigma}_{gd}^2}{\hat{\sigma}_g^2}$$

- Herdabilidade de planta dentro do bloco (unidade de seleção é o indivíduo, ou planta, tomando como referência seu valor dentro do bloco):

$$h_b^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_{gd}^2}{\hat{\sigma}_d^2 + \hat{\sigma}_e^2 + \hat{\sigma}_g^2}$$

- Herdabilidade de planta dentro do experimento (unidade de seleção é o indivíduo, ou planta, tomando como referência seu valor no experimento):

$$h_{ex}^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_{gd}^2}{\hat{\sigma}_d^2 + \hat{\sigma}_e^2 + \hat{\sigma}_g^2 + \sigma_b^2}$$

Sendo:

$\hat{\sigma}_b^2$: Variância de blocos;

$\hat{\sigma}_d^2$: Variância fenotípica dentro de parcela;

$\hat{\sigma}_e^2$: Variância ambiental entre parcelas;

$\hat{\sigma}_g^2$: Variância genotípica entre médias de famílias;

$\hat{\sigma}_{gd}^2$: Variância genotípica dentro da família.

Estimadores de coeficiente de variação:

- Coeficiente de variação experimental comparável ao de blocos ao acaso sem informação dentro da parcela:

$$CV_{exp} \% = CV_1 = \frac{100\sqrt{QME/\bar{n}}}{m}$$

- Coeficiente de variação experimental:

$$CV_e \% = CV_2 = \frac{100\sqrt{\hat{\sigma}_e^2}}{m}$$

- Coeficiente de variação genético entre famílias:

$$CV_g \% = CV_3 = \frac{100\sqrt{\hat{\sigma}_g^2}}{m}$$

- Coeficiente de variação genético dentro de famílias:

$$CV_{gd} \% = CV_4 = \frac{100\sqrt{\hat{\sigma}_{gd}^2}}{m}$$

Razão CV_g / CV_e , dada por:

$$CV_g / CV_e = CV_3 / CV_2$$

$$CV_{gd} / CV_e = CV_4 / CV_2$$

Sendo:

$\hat{\sigma}_b^2$: Variância de blocos;

$\hat{\sigma}_d^2$: Variância fenotípica dentro de parcela;

$\hat{\sigma}_e^2$: Variância ambiental entre parcelas;

$\hat{\sigma}_g^2$: Variância genotípica entre médias de famílias;

$\hat{\sigma}_{gd}^2$: Variância genotípica dentro da família.

Seleção entre e dentro de famílias – Experimento desbalanceado

As plantas promissoras foram identificadas por meio de seleção entre e dentro de famílias em experimento desbalanceado, segundo metodologia de Cruz (2006a). Foram selecionadas as melhores plantas dentro das melhores famílias. A percentagem de seleção entre famílias foi 50%, totalizando cinco famílias superiores. Para cada família selecionada, identificou-se uma planta superior em cada um dos cinco blocos, perfazendo 25 plantas selecionadas. À exceção das características % de colmo, % de material morto, teor de lignina nas folhas e colmos e FDN nas folhas e colmos, todas as outras características foram selecionadas no sentido positivo, isto é, de modo a obter acréscimo em suas médias originais.

Foram estimados os ganhos de seleção entre e dentro de famílias de meio-irmãos de *P. maximum*, em cada variável, conforme CRUZ (2006a):

- Ganho de seleção entre famílias

$$GSe = h_m^2 DS$$

sendo:

GSe : ganho de seleção entre famílias;

h_m^2 : herdabilidade em nível de média de famílias

$DS = \overline{X}_s - \overline{X}_o$: diferencial de seleção; e

\overline{X}_o e \overline{X}_s : média original e dos indivíduos selecionados, respectivamente.

- Ganho de seleção dentro de famílias

$$GS_d = h_d^2 DS_m$$

sendo:

GS_d : ganho de seleção dentro de famílias;

h_d^2 : herdabilidade em nível de parcela (entre plantas dentro de famílias), que foi estimada a partir das matrizes de variâncias e covariâncias genotípicas e fenotípicas dentro de famílias;

DS_m = diferencial de seleção médio dentro das várias parcelas das famílias selecionadas.

Foram estimados os ganhos de seleção entre e dentro das famílias, em cada variável, conforme CRUZ, (2006a):

- Ganho de seleção entre e dentro de famílias

$$G_{ed} = GS_e + GS_d$$

Neste procedimento foram estimados os ganhos entre e dentro, listadas as famílias a serem selecionadas e identificados todos os indivíduos a serem selecionados, dentro de cada família e para cada bloco.

Seleção combinada – Experimento desbalanceado

Objetiva-se neste procedimento estimar e comparar os ganhos obtidos por seleção entre e dentro de famílias e por seleção combinada. A seleção combinada é

aquela em que o critério de seleção é o índice estabelecido pela combinação linear da informação do indivíduo e de seus aparentados (Cruz, 2006a).

A seleção combinada consiste no estabelecimento de um índice para cada indivíduo, para determinada característica, cujos pesos que compõem esse índice foram obtidos do próprio indivíduo.

Par este experimento, adotou-se o Índice 2, em que é considerado o valor do indivíduo em relação à média do bloco e é dado pela seguinte expressão:

$$\text{Índice 2: } G_{ijk} = \beta_i (Y_{ijk} - \bar{Y}_{..j}) + \beta_f (\bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{...})$$

sendo:

G_{ijk} :preditor do valor genético do indivíduo;

β_i : peso do valor individual, no índice; e

β_f :peso do valor da família, no índice.

Para estimação dos pesos do indivíduo e da família no índice, adota-se a forma generalizada:

$$G_{ijk} = \beta_i Z_1 + \beta_f Z_2$$

O vetor b foi, então, estimado por meio de:

$$Pb = G$$

em que:

$$b = \begin{bmatrix} \beta_i \\ \beta_f \end{bmatrix}, \quad P = \begin{bmatrix} V(Z_1) & Cov(Z_1, Z_2) \\ & V(Z_2) \end{bmatrix} \quad e \quad G = \begin{bmatrix} Cov(Z_1, G_{ijk}) \\ Cov(Z_2, G_{ijk}) \end{bmatrix}$$

Também foi estimada a correlação entre o índice e o agregado genotípico, utilizando-se a seguinte expressão:

$$r_{HI} = \frac{C\hat{o}v(H, I)}{\sqrt{\hat{V}(I)\hat{V}(H)}} = \sqrt{\frac{b'Pb}{\hat{\sigma}_a^2}}$$

Com base em variâncias e covariâncias envolvendo informações do indivíduo e da família, obtêm-se as seguintes estimativas:

- Variância de $Z1 - V(Z1)$
- Variância de $Z2 - V(Z2)$
- Covariância entre $Z1$ e o valor genético do indivíduo, dada por:

$$Cov(Z1, g) = COV(Z1, Gijk)$$
- Covariância entre $Z2$ e o valor genético do indivíduo, dada por:

$$Cov(Z2, g) = COV(Z2, Gijk)$$
- Covariância entre $Z1$ e $Z2$ - $Cov(Z1, Z2)$
- Variância do índice - $b'Pb$
- Variância genética total - $\hat{\sigma}_a^2$
- Correlação entre o agregado e o índice - r_{HI}
- Coeficientes do índice de seleção combinado - β_i e β_f

O ganho por seleção, baseado no índice, foi estimado por:

$$GS = DS_I$$

sendo:

DS_I : diferencial de seleção baseado no índice combinado, ou seja:

$$DS_I = \bar{I}_s - \bar{I}$$

em que:

\bar{I}_s : valor médio do índice, considerando-se apenas os indivíduos selecionados; e

\bar{I} : valor médio do índice (igual a zero, para os índices considerados na análise)

Neste procedimento foi listado o número de indivíduos selecionados por família, estimado o ganho da seleção combinada e quantificada a eficiência da seleção combinada em relação à seleção entre e dentro de famílias.

Seleção massal

Neste procedimento foram obtidas as estimativas de ganhos obtidos por seleção massal e identificadas as unidades de seleção a serem utilizadas na recombinação genética. Considera-se a seleção massal aquela praticada tomando como critério os valores fenotípicos dos indivíduos em todo o experimento, sem qualquer restrição à família ou ao ambiente (bloco) a que pertence (CRUZ, 2006a).

Os ganhos de seleção massal foram estimados por meio das seguintes expressões:

$$GS_m = h_e^2 DS \qquad GS_m(\%) = \frac{100GS_e}{X_o}$$

sendo:

GS_m : ganho de seleção massal;

h_e^2 : herdabilidade em nível de indivíduos dentro do experimento;

$DS = \overline{X_s} - \overline{X_o}$: diferencial de seleção; e

$\overline{X_o}$ e $\overline{X_s}$: média original e dos indivíduos selecionados, respectivamente.

Neste procedimento foi estimado o ganho e listados os indivíduos a serem selecionados para a característica produção de matéria seca foliar (MSF).

Seleção massal estratificada

Neste procedimento foram obtidas as estimativas de ganhos obtidos por seleção massal estratificada e identificadas as unidades de seleção a serem utilizadas na recombinação genética. Considera-se a seleção massal estratificada aquela praticada tomando como critério os valores fenotípicos dos indivíduos em cada um dos blocos do experimento, sem qualquer restrição à família a que pertence (CRUZ, 2006a).

Os ganhos de seleção massal estratificada foram estimados por meio das seguintes expressões:

$$GS_{me} = h_b^2 DS \qquad GS_{me}(\%) = \frac{100GS_{me}}{\overline{X}_o}$$

sendo:

GS_m : ganho por seleção massal estratificada;

h_e^2 : herdabilidade em nível de indivíduos dentro do bloco;

$DS = \overline{X}_s - \overline{X}_o$: diferencial de seleção; e

\overline{X}_o e \overline{X}_s : média original e dos indivíduos selecionados, respectivamente.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Análise de Variância

Os resultados das análises de variância das 14 características mensuradas, no período das águas e da seca, estão apresentados nas Tabelas 2 e 3, respectivamente. A partir da análise de variância observou-se variância genética significativa, tanto nas águas quanto na seca entre as famílias, pelo teste F, nas seguintes características avaliadas: produção de matéria verde (MV), produção de matéria seca total (MST), porcentagem de folhas (% folhas), produção de matéria seca foliar (MSF) e porcentagem de colmo (% colmo). As características proteína bruta (PB), fibra em detergente neutro (FDN) e digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica (DIVMO) do colmo e lignina (LIG) da folha apresentaram diferenças significativas somente no período seco do ano.

Para a característica porcentagem de material morto (% MM) e para as características de qualidade (PB, DIVMO e FDN de folha e LIG do colmo) da forragem não foram detectadas variância genéticas significativas entre as famílias avaliadas. As

características que não apresentaram variância significativa entre famílias, foram mantidas das análises subseqüentes, a fim de identificar as principais famílias, mesmo que para estas características não tenha sido detectada variabilidade suficiente.

Nas Tabelas 2 e 3 observa-se ainda a média populacional das características avaliadas. Para MV observou-se produção por genótipo de 980,74 e 1.289,99 g.genótipo⁻¹ nos períodos das águas e seca, respectivamente. Para produção de MST os valores foram de 239,86 g. genótipo⁻¹ e 438,35 g. genótipo⁻¹. Esses resultados expressos em g. genótipo⁻¹ restringem a base comparativa, uma vez que a maioria dos trabalhos com *P. maximum* sob corte são realizados em parcelas com várias plantas ou em vasos, havendo neste caso expressão e, ou extrapolação dos resultados em g.vaso⁻¹ (Martuscello et al., 2006), t.ha⁻¹ (Jank et al, 1994; Souza et al., 2005) ou kg.ha⁻¹ (Brâncio et al., 2003). A maior produção por planta no período seco do ano pode ser explicada pelo fato de que nessa época do ano as plantas receberam somente um corte, permitindo dessa forma, maior acúmulo de forragem, enquanto que no primeiro ano, durante a época das águas as plantas foram cortadas duas vezes (03/03/2005 e 13/04/2005) e no segundo ano três vezes (8/12/2006, 24/01/2006, 8/03/2006).

Tabela 2: Resumo das análises de variância das características avaliadas nas famílias de meio-irmãos de *Panicum maximum* no período das águas

| FV | GL | QM das variáveis | | | | | | | | | | | | | |
|--------------|-----|------------------|-----------|-----------|------------|-----------|---------------------|---------------------|---------------------|----------------------|----------------------|----------------------|----------------------|---------------------|---------------------|
| | | MV | MST | %folha | MSF | %colmo | %MM | LIG folha | LIG colmo | DIVMO folha | DIVMO colmo | FDN folha | FDN colmo | PB folha | PB colmo |
| Blocos | 4 | 539798,19 | 22757,07 | 177,75 | 8310,71 | 73,84 | 45,58 | 7,61 | 12,31 | 221,15 | 161,46 | 485,91 | 494,35 | 20,05 | 77,86 |
| Famílias | 9 | 1610628,00* | 66185,39* | 2922,13** | 63387,60** | 2070,77** | 27,07 ^{NS} | 11,70 ^{NS} | 15,72 ^{NS} | 246,74 ^{NS} | 128,19 ^{NS} | 514,66 ^{NS} | 468,78 ^{NS} | 35,92 ^{NS} | 18,72 ^{NS} |
| Entre parc. | 36 | 489511,72 | 20135,39 | 389,23 | 12306,83 | 142,45 | 20,94 | 8,52 | 12,84 | 273,85 | 233,03 | 394,12 | 513,14 | 29,91 | 22,59 |
| Dentro parc. | 200 | 307490,01 | 14358,21 | 191,03 | 7914,37 | 118,85 | 11,80 | 5,20 | 7,33 | 160,16 | 161,93 | 261,58 | 308,16 | 18,29 | 15,70 |
| Média | | 980,74 | 239,86 | 60,85 | 183,77 | 33,55 | 1,94 | 2,75 | 4,18 | 53,39 | 47,40 | 70,58 | 73,93 | 10,74 | 6,37 |

** , * Significativo a 1 e 5 % de probabilidade pelo teste F, respectivamente; ^{NS} Não significativo a 5 % de probabilidade pelo teste F: MV: Produção de matéria verde (g); MST: matéria seca total (g); %folha: porcentagem de folha; MSF: matéria seca foliar (g); % colmo: porcentagem de colmo; %MM: porcentagem de material morto; LIG: lignina (%); DIVMO: digestibilidade in vitro da meteria orgânica (%); FDN: fibra em detergente neutro (%); PB: proteína bruta (%).

Tabela 3: Resumo das análises de variância das características avaliadas nas famílias de meio-irmãos de *Panicum maximum* no período seco do ano

| FV | GL | QM das variáveis | | | | | | | | | | | | | |
|--------------|-----|------------------|-------------|-----------|-------------|-----------|----------------------|---------------------|-----------|----------------------|-----------------------|----------------------|-----------|---------------------|----------|
| | | MV | MST | %folha | MSF | %colmo | %MM | LIG folha | LIG colmo | DIVMO folha | DIVMO colmo | FDN folha | FDN colmo | PB folha | PB colmo |
| Blocos | 4 | 751078,63 | 36096,74 | 36,09 | 8822,89 | 175,32 | 464,98 | 11,57 | 22,78 | 331,20 | 1284,11 | 196,43 | 748,07 | 22,37 | 102,73 |
| Famílias | 9 | 4354354,00** | 469156,35** | 1908,33** | 123037,10** | 3378,22** | 799,59 ^{NS} | 20,48 ^{NS} | 128,28** | 486,20 ^{NS} | 1837,94 ^{NS} | 902,97 ^{NS} | 5381,09** | 53,19 ^{NS} | 159,16* |
| Entre parc. | 36 | 634678,82 | 65381,98 | 314,04 | 13124,92 | 68,51 | 283,92 | 12,78 | 33,80 | 282,41 | 578,63** | 610,08 | 1366,89 | 36,34 | 56,83 |
| Dentro parc. | 200 | 528768,85 | 53991,28 | 156,80 | 12936,84 | 96,99 | 127,23 | 9,51 | 25,25 | 247,49 | 419,70 | 396,00 | 1027,27 | 27,12 | 31,99 |
| Média | | 1289,99 | 438,45 | 42,24 | 162,79 | 20,53 | 33,25 | 2,82 | 2,19 | 47,93 | 35,90 | 68,08 | 61,72 | 9,54 | 3,78 |

** , * Significativo a 1 e 5 % de probabilidade pelo teste F, respectivamente; ^{NS} Não significativo a 5 % de probabilidade pelo teste F: MV: Produção de matéria verde (g); MST: matéria seca total (g); %folha: porcentagem de folha; MSF: matéria seca foliar (g); % colmo: porcentagem de colmo; %MM: porcentagem de material morto; LIG: lignina (%); DIVMO: digestibilidade in vitro da meteria orgânica (%); FDN: fibra em detergente neutro (%); PB: proteína bruta (%).

A média da porcentagem de folha por planta variou de 42,24 a 60,85% no período seco do ano e nas águas, respectivamente (Tabelas 2 e 3). Para essa característica, considerando média de dois anos de produção em ambas estações, Jank et al. (1994) objetivando avaliar e selecionar acessos de *P. maximum*, encontraram variação na participação de folhas de 33% para o acesso K214 a 88% para o acesso K193.

Pode-se destacar também que a maior porcentagem de folhas foi detectada no período das águas. Para a produção de matéria seca foliar os valores para as épocas das águas e seca foram de 183,77 e 162,79 g.genótipo⁻¹, respectivamente (Tabelas 2 e 3). No processo de seleção de novas forrageiras a característica porcentagem de folhas, e conseqüentemente MSF, é imprescindível, uma vez que apresenta real importância na alimentação animal, já que em relação ao colmo as folhas apresentam maior digestibilidade e o melhoramento com base nessa característica torna o processo seletivo mais eficiente, principalmente na etapa final da seleção onde a avaliação do ganho de peso animal é essencial.

Os valores de porcentagem de colmos nos componentes da planta de *P. maximum* foram, em média 33,55 e 20,53% respectivamente nos períodos das águas e seca (Tabelas 2 e 3). Sendo a porcentagem de folhas uma das características essenciais para a seleção de melhores genótipos a porcentagem de colmos assume papel contrário, uma vez que é uma característica indesejável. Neste caso o aumento na produção de colmo tem reflexo direto e negativo na razão lâmina:colmo. Segundo Jank et al. (1994) na literatura, utiliza-se, comumente, produção de matéria seca total para efeito de comparações entre plantas e, raramente, produção de MSF. Entretanto, a primeira inclui, além das folhas, colmos e material morto, podendo haver grande diferença entre duas

plantas que apresentam semelhante produção de MST, ou seja, uma dessas plantas pode apresentar grande produção de colmos, o que não é desejável no que se refere a produção animal.

Ainda em relação aos componentes das plantas de *P. maximum*, nota-se (Tabelas 2 e 3) que no período seco do ano ocorreu maior participação da porcentagem de material morto (33,25%) em relação ao período das águas (1,94 %). Isso é explicado pelo longo período de crescimento das plantas que permitiu o processo normal de senescência nesta época do ano e também pelo maior número de cortes realizados nos genótipos durante a estação chuvosa, como mencionado anteriormente.

Em relação às características de qualidade dos genótipos no período das águas (Tabela 2) nota-se que os teores de lignina e FDN nos colmos (4,18 e 73,93, respectivamente) foram maiores que àqueles observados nas folhas (2,75 e 70,58, respectivamente), o que era esperado. No período da seca (Tabela 3) os teores de lignina e FDN nos colmos foram de 2,82 e 68,08 %, respectivamente, e nas folhas 2,19 e 61,72 %, respectivamente.

Para as características, lignina e FDN, a seleção também é feita no sentido de decréscimo, já que altos valores relacionam-se negativamente com a digestibilidade e o consumo de matéria seca da forragem. Segundo Rodrigues e Vieira (2006), é aceito que a lignina afeta a digestibilidade da matéria seca, principalmente da fração FDN, ao limitar a digestão da parede celular das plantas, havendo, neste caso, reflexo direto na concentração de energia digestível das plantas, o que compromete a produção animal.

No que se refere às características PB e DIVMO no período das águas (Tabela 2) observou-se valores de 10,74 e 53,39%, respectivamente no componente folha. Para o colmo esse valores foram de 6,37 e 47,40%, respectivamente para PB e DIVMO. No período seco do ano, os valores de PB e DIVMO nas folhas foi respectivamente de 9,54

e 47,93%, respectivamente. Para o colmo os valores foram de 3,78 e 35,90%. Os valores tanto de PB quanto o de DIVMO para ambos componentes morfológicos estão de acordo com os dados de literatura para algumas cultivares de *P. maximum* já lançadas no mercado (Brâncio et al., 2003; Difante, 2005)

Estimativas dos coeficientes de variação

No período das águas (Tabela 4) observou-se maior coeficiente de variação experimental para a característica porcentagem de material morto (160,19%). Essa maior variação na quantidade de material morto depositado no período chuvoso pode ser atribuída ao fato de que nessa época o número de cortes foi maior (cinco cortes) quando comparado ao período seco do ano (dois cortes), não havendo neste caso, grande deposição de material senescente. Assim, a pouca quantidade de material morto por planta, pode ter influenciado o coeficiente de variação experimental dessa característica no período das águas, já que pouco material pode aumentar a impressão nas tomadas de medida de peso. Por outro lado, o menor coeficiente de variação experimental no período das águas foi para FDN folha (12,58%). Baixos valores de coeficiente de variação experimental também foram encontrados para FDN do colmo, DIVMO da folha e do colmo e porcentagem de folhas e de colmo.

Para o período seco do ano (Tabela 5) os maiores coeficientes de variação experimental foram observados nas características teor de lignina no colmo (118,53%) e PB do colmo (89,23%). Enquanto as demais características avaliadas, em ambos períodos do ano, seus respectivos coeficientes de variação podem ser considerados dentro da normalidade, o que indica eficácia e, ou eficiência na tomada dos dados e confiabilidade dos resultados obtidos. Assim, a porcentagem de MM nas águas e PB e lignina no colmo no período seco do ano são aquelas que apresentaram maior

sensibilidade às variações ambientais e a seleção com base nessas características devem ser vistas com cautela em futuros programas de melhoramento de *P. maximum*.

Tabela 4: Estimativas dos coeficientes de variação no período das águas em *P. maximum*

| Característica | Coeficientes de Variação | | | | | |
|----------------|--------------------------|------------------|------------------|-----------------|-----------------------------------|-----------------------------------|
| | CV _{exp} (%) | CV _{ge} | CV _{gd} | CV _e | CV _{ge} /CV _e | CV _{gd} /CV _e |
| MV | 31,90 | 21,59 | 37,40 | 19,45 | 1,11 | 1,92 |
| MST | 26,45 | 17,89 | 30,99 | 14,17 | 1,26 | 2,18 |
| % folha | 14,50 | 16,54 | 28,65 | 10,34 | 1,60 | 2,70 |
| MSF | 30,48 | 27,76 | 48,09 | 18,21 | 1,52 | 2,64 |
| % colmo | 15,91 | 26,17 | 45,33 | 6,48 | 1,04 | 7,00 |
| %MM | 160,19 | 38,77 | 67,16 | 105,82 | 0,37 | 0,63 |
| LIG folha | 47,44 | 12,92 | 22,39 | 29,65 | 0,44 | 0,75 |
| LIG colmo | 38,25 | 25,04 | 8,10 | 14,04 | 0,32 | 0,56 |
| DIVMO folha | 13,86 | 8,93 | - | - | - | - |
| DIVMO colmo | 14,40 | 7,95 | - | - | - | - |
| FDN folha | 12,58 | 7,29 | 3,11 | 5,39 | 0,42 | 0,74 |
| FDN colmo | 13,70 | 8,66 | - | - | - | - |
| PB folha | 22,77 | 14,20 | 4,56 | 7,90 | 0,32 | 0,56 |
| PB colmo | 33,36 | 18,42 | - | - | - | - |

CV_{exp} (%): coeficiente de variação experimental ($CV_{exp}=100*RAIZ(QME/N)/M$); CV_{ge}: coeficiente de variação genético entre; CV_{gd}: coeficiente de variação genético dentro; CV_e: coeficiente de variação ambiental ($CV_e=100*RAIZ(VAR.AMB.ENTRE)/M$); MV: Produção de matéria verde; MST: matéria seca total; %folha: porcentagem de folha; MSF: matéria seca foliar; % colmo: porcentagem de colmo; %MM: porcentagem de material morto; LIG: lignina; DIVMO: digestibilidade in vitro da matéria orgânica; FDN: fibra em detergente neutro; PB: proteína bruta.

Os valores obtidos para os coeficientes de variação ambiental (CV_e), foram, no geral, baixos, exceção para as características porcentagem de material morto (105,82%) nas águas e LIG e PB no colmo (59,59% e 59,0%) na seca, respectivamente. Esses valores sugerem que as condições ambientais entre parcelas são homogêneas e revelam que o efeito ambiental dentro da parcela desempenha maior influência sobre a variação fenotípica.

Tabela 5: Estimativas dos coeficientes de variação no período seco do ano em *P.*

maximum

| Característica | Coeficientes de Variação | | | | | |
|----------------|--------------------------|------------------|------------------|-----------------|-----------------------------------|-----------------------------------|
| | CV _{exp} (%) | CV _{ge} | CV _{gd} | CV _e | CV _{ge} /CV _e | CV _{gd} /CV _e |
| MV | 27,62 | 29,90 | 51,80 | 11,28 | 2,65 | 4,60 |
| MST | 26,08 | 28,98 | 50,20 | 10,88 | 3,66 | 4,62 |
| % folha | 18,73 | 13,28 | 32,74 | 23,28 | 1,42 | 2,47 |
| MSF | 33,65 | 35,08 | 60,76 | 19,14 | 1,83 | 3,17 |
| % colmo | 18,03 | 56,03 | 97,05 | - | - | - |
| %MM | 22,66 | 13,66 | 23,65 | 16,83 | 0,81 | 1,40 |
| LIG folha | 56,76 | 19,70 | 34,13 | 28,72 | 0,69 | 1,19 |
| LIG colmo | 118,53 | 88,62 | 153,50 | 59,59 | 1,48 | 2,60 |
| DIVMO folha | 15,68 | 5,95 | 10,32 | 5,51 | 1,08 | 1,87 |
| DIVMO colmo | 29,96 | 19,77 | 34,24 | 15,70 | 1,26 | 2,18 |
| FDN folha | 16,23 | 5,02 | 8,70 | 9,63 | 0,52 | 0,90 |
| FDN colmo | 26,79 | 20,53 | 35,56 | 13,35 | 1,54 | 2,66 |
| PB folha | 28,24 | 8,60 | 14,89 | 14,22 | 0,60 | 1,04 |
| PB colmo | 89,23 | 53,54 | 92,74 | 59,00 | 0,91 | 1,58 |

CV_{exp} (%): coeficiente de variação experimental ($CV_{exp}=100*RAIZ(QME/N)/M$); CV_{ge}: coeficiente de variação genético entre; CV_{gd}: coeficiente de variação genético dentro; CV_e: coeficiente de variação ambiental ($CV_e=100*RAIZ(VAR.AMB.ENTRE)/M$); MV: Produção de matéria verde; MST: matéria seca total; %folha: porcentagem de folha; MSF: matéria seca foliar; % colmo: porcentagem de colmo; %MM: porcentagem de material morto; LIG: lignina; DIVMO: digestibilidade in vitro da meteria orgânica; FDN: fibra em detergente neutro; PB: proteína bruta.

Tanto para o período das águas quanto para o período da seca (Tabelas 4 e 5) o coeficiente de variação genético entre famílias (CV_{ge}) foi inferior ao coeficiente de variação genético dentro de famílias (CV_{gd}) para todas as características avaliadas. Isso era esperado uma vez que a tendência é que, em famílias de meio-irmãos ocorra maior variação dentro das famílias do que entre as famílias. Ainda assim, o pequeno número de indivíduos por família pode ter influenciado a variação dentro de família. Porém, vale salientar que a apomixia ocorre na maioria dos acessos de *P. maximum* e, conseqüentemente poucas são as plantas sexuais existentes nos acessos do banco de germoplasma na Embrapa Gado de Corte. Assim, para esse estudo todas as plantas sexuais existentes foram utilizadas, não havendo possibilidade de se utilizar maior número de famílias. Isso evidencia a necessidade de hibridação em plantas de *P. maximum* não só no sentido de selecionar plantas apomíticas para futuros lançamentos,

mas também, para que se aumente o número de plantas sexuais existentes no banco de germoplasma. Portanto, considerando que em todas as características avaliadas o CV_{gd} foi superior ao CV_{ge} espera-se que a seleção entre e dentro de famílias promova maiores progressos do que somente a seleção entre famílias.

O coeficiente de variação genético entre famílias foi pequeno para a digestibilidade e FDN, tanto em folhas como em colmos no período das águas, e apenas nas folhas no período da seca. Pouca variabilidade, portanto, está disponível nestes dados para se realizar a seleção. Por outro lado, a LIG no colmo no período seco, apresentou a maior variabilidade nos dados para seleção.

De acordo com Vencovsky (1987), quando a relação entre coeficientes de variação genético entre famílias e de variação ambiental é igual ou superior a um, há uma situação favorável para a obtenção de ganhos na seleção. Portanto, quando essa relação for superior a um, a variação genética supera a ambiental, favorecendo a seleção. No caso deste experimento, os valores dessa relação (CV_{ge}/CV_e) (Tabelas 4 e 5) foram superiores a um para as seguintes características: MV (águas e seca), MST (águas e seca), porcentagem de folhas (águas e seca), MSF (águas e seca), porcentagem de colmo (águas), LIG colmo (águas e seca), DIVMO folha e colmo (seca), FDN colmo (seca). Isso indica situação favorável para obtenção de ganhos com a seleção entre as famílias.

Vencovsky (1987) e Kageyama (1980) relatam que a relação CV_{ge}/CV_e e a herdabilidade são indicativos das possibilidades de ganhos genéticos com a seleção, pois desempenham importante função no entendimento da estrutura genética da população por mostrarem a quantidade de variação existente entre famílias.

Estimativas da herdabilidade

As estimativas de herdabilidade, em nível de média de família, de plantas dentro de famílias, de planta dentro do bloco e de plantas dentro do experimento estão apresentadas na Tabela 6, relativas aos períodos das águas e seca.

À exceção das características porcentagem de folha, MSF e porcentagem de colmo, para o período das águas, para as demais características avaliadas as estimativas dos coeficientes de herdabilidade em nível de média de família superaram aquelas em nível de indivíduos dentro de famílias. Esses resultados indicam que, para essas características a seleção baseada em nível de família será mais eficiente do que dentro de família. Nesse caso, pode-se combinar a seleção entre e dentro, a fim de explorar adequadamente a variabilidade, elevando o ganho genético total.

Tabela 6: Estimativa de herdabilidade das famílias de meio-irmãos em *P. maximum* no período das águas e da seca

| Característica | Coeficiente de herdabilidade | | | | | | | |
|----------------|------------------------------|---------|---------|------------|---------|---------|---------|------------|
| | Águas | | | | Seca | | | |
| | h^2_m | h^2_d | h^2_b | h^2_{ex} | h^2_m | h^2_d | h^2_b | H^2_{ex} |
| MV | 0,70 | 0,44 | 0,46 | 0,46 | 0,85 | 0,84 | 0,85 | 0,85 |
| MST | 0,70 | 0,39 | 0,42 | 0,42 | 0,86 | 0,90 | 0,90 | 0,90 |
| % folha | 0,86 | 1,00 | 1,0 | 1,00 | 0,83 | 1,00 | 1,00 | 1,00 |
| MSF | 0,81 | 0,77 | 0,75 | 0,76 | 0,84 | 0,96 | 0,91 | 0,91 |
| % colmo | 0,93 | 1,00 | 1,00 | 1,00 | 0,97 | 1,00 | 1,00 | 1,00 |
| %MM | 0,22 | 0,14 | 0,14 | 0,13 | 0,65 | 0,48 | 0,46 | 0,15 |
| LIG folha | 0,27 | 0,07 | 0,08 | 0,08 | 0,38 | 0,10 | 0,12 | 0,12 |
| LIG colmo | 0,18 | 0,05 | 0,05 | 0,05 | 0,73 | 0,45 | 0,49 | 0,49 |
| DIVMO folha | 0,11 | 0,02 | 0,02 | 0,02 | 0,42 | 0,10 | 0,12 | 0,12 |
| DIVMO colmo | 0,82 | 0,08 | 0,10 | 0,10 | 0,68 | 0,36 | 0,40 | 0,39 |
| FDN folha | 0,23 | 0,05 | 0,07 | 0,07 | 0,32 | 0,09 | 0,10 | 0,10 |
| FDN colmo | 0,09 | 0,02 | 0,02 | 0,02 | 0,75 | 0,47 | 0,51 | 0,51 |
| PB folha | 0,17 | 0,04 | 0,04 | 0,05 | 0,32 | 0,07 | 0,09 | 0,09 |
| PB colmo | 0,21 | 0,03 | 0,04 | 0,03 | 0,64 | 0,38 | 0,40 | 0,39 |

H^2_m : herdabilidade em nível de média de família; H^2_d : herdabilidade de planta dentro de família; H^2_b : herdabilidade de planta dentro bloco; H^2_{ex} : herdabilidade de planta dentro experimento; MV: Produção de matéria verde; MST: matéria seca total; %folha: porcentagem de folha; MSF: matéria seca foliar; % colmo: porcentagem de colmo; %MM: porcentagem de material morto; LIG: lignina; DIVMO: digestibilidade in vitro da matéria orgânica; FDN: fibra em detergente neutro; PB: proteína bruta.

No período seco do ano (Tabela 6) a herdabilidade em nível de média de família superou aquela em nível de indivíduos dentro de famílias para as seguintes características avaliadas: MV, porcentagem de material morto, LIG folha e colmo, DIVMO folha e colmo, FDN folha e colmo e PB folha e colmo. Para as demais características (MST, porcentagem de folha, MSF, porcentagem de colmo) a seleção dentro de família seria mais indicada em relação a seleção em nível de família.

Tanto para o período das águas quanto para o de seca (Tabela 6), as estimativas da herdabilidade, com base em indivíduos nos blocos e indivíduos no experimento apresentaram valores muito próximos em todas as características avaliadas, indicando que os blocos contribuíram pouco para a variância fenotípica.

Resende et al. (2004), em estudo objetivando estimar parâmetros genéticos e fenotípicos em famílias de meio irmãos de *P. maximum*, encontraram valores de herdabilidade de 0,60 e 0,68 para as características produção de matéria seca e produção de matéria seca foliar, respectivamente. Valores esses de herdabilidade inferiores aos encontrados nesse experimento.

As estimativas de herdabilidade são fundamentais em programas de melhoramento, pois expressam a confiabilidade com que os fenótipos representam os genótipos, e talvez constituem um dos principais parâmetros genéticos (Negreiros, 2006). Características com maiores coeficientes de herdabilidade respondem mais facilmente à seleção, assim a escolha do melhor método de seleção pode ser, em muito, auxiliada pela estimativa do coeficiente de herdabilidade. Nesse caso, considerando-se que a produção de MSF é uma das características de maior interesse em melhoramento de plantas forrageiras e que a herdabilidade dessa característica apresentou-se alta, pode-se inferir que a seleção a partir da MSF tende ao sucesso.

Segundo Rosado (2003) a existência de variação estatisticamente significativa entre famílias para qualquer caráter é entendida como a possibilidade desse caráter ser melhorado pela seleção. Porém essa constatação nada indica sobre a quantidade de variabilidade genética dentro da população. Todavia, pode-se, para isso utilizar a estimativa de herdabilidade, que indicaria a magnitude relativa das variações genéticas e ambientais. Assim, para as características que apresentaram de média a alta herdabilidade nesse experimento a seleção tornar-se-á facilitada.

Seleção entre e dentro de famílias

Os ganhos genéticos com o processo de seleção entre e dentro de famílias foram estimados para todas as características avaliadas nas famílias de meio-irmãos de *P. maximum* nos períodos da águas e da seca (Tabelas 7 e 8, respectivamente).

As características porcentagem de colmo, porcentagem de material morto, LIG folha e colmo e FDN folha e colmo apresentaram valores negativos de ganhos genéticos devido ao fato da seleção ter sido realizada no sentido de decréscimo, ou seja, objetivou-se indivíduos com menos acúmulo de colmo e material morto, bem como com menores teores de lignina e FDN, características essas que apresentam relação inversa com a digestibilidade da forragem e, conseqüentemente promovem efeitos negativos no desempenho animal.

Observa-se na Tabela 7, que para o período das águas o ganho por seleção dentro de família (GSd%) superou o ganho por seleção entre famílias (GSe%) para as características MV, MST, MSF e porcentagem de colmo. Assim, fica realçado que para a maioria das características de produção, no período das águas, existe maior variabilidade dentro de famílias do que entre famílias. Neste caso, a seleção dentro de famílias poderá contribuir com ganhos consideráveis para essas características.

Para o período seco do ano observa-se (Tabela 8) que o ganho por seleção dentro de família (GSd%) superou o ganho por seleção entre famílias (GSe%) nas seguintes características: MV, MST, porcentagem de folha, MSF, porcentagem de material morto, LIG colmo, FDN colmo. Para as demais características (porcentagem de colmo, LIG folha e colmo, DIVMO folha e colmo e FDN folhae PB folha e colmo) o ganho por seleção entre famílias (GSe%) superou o ganho por seleção dentro de família (GSd%).

O maior ganho estimado dentro de famílias foi para a característica MSF, tanto para o período das águas (Tabela 7) quanto para o período da seca (Tabela 8), tendo sido observados valores de 38,67 e 58,49, respectivamente.

A produção de MSF talvez seja a característica de maior interesse para melhoristas de plantas forrageiras cespitosas, uma vez que o acúmulo de folhas é extremamente favorável no que tange a produção animal, já que em relação aos colmos as folhas são mais digestíveis por apresentarem melhor qualidade. Esse fato pode ser confirmado ao se observar nos Tabelas 7 e 8, onde a digestibilidade das folhas, tanto na média original, quanto dos selecionados é maior que a digestibilidade dos colmos. Ganhos expressivos nessa característica podem contribuir significativamente para o sucesso do programa de melhoramento de *P. maximum*, uma vez que planta forrageira com maior produção de folha tende a ser mais consumida pelos animais em pastejo, desde que aspectos de manejo sejam considerados e o animal possa colher mais eficientemente a biomassa foliar produzida.

Tabela 7: Ganhos de seleção entre (GSe), dentro (GSd) e entre e dentro (GSt) e médias preditas e originais para as características estudadas em famílias de meio-irmãos de *P. maximum* no período das águas

| GS (%) | MV | MST | %folha | MSF | %colmo | %MM | LIG folha | LIG colmo | DIVMO folha | DIVMO colmo | FDN folha | FDN colmo | PB folha | PB colmo |
|--------|---------|--------|--------|--------|--------|--------|-----------|-----------|-------------|-------------|-----------|-----------|----------|----------|
| GSe | 12,64 | 9,87 | 12,46 | 20,54 | -16,86 | -8,36 | -4,26 | -2,22 | 0,00 | 0,00 | -2,88 | 0,00 | 1,28 | 0,00 |
| GSd | 21,96 | 17,35 | 9,84 | 38,67 | -21,98 | -7,39 | -3,46 | -1,66 | 0,00 | 0,00 | -0,73 | 0,00 | 1,25 | 0,00 |
| GSt | 34,60 | 27,22 | 22,30 | 59,21 | -38,84 | -15,75 | -7,72 | -3,88 | 0,00 | 0,00 | -3,61 | 0,00 | 2,53 | 0,00 |
| Xo | 980,74 | 239,86 | 60,84 | 162,79 | 33,56 | 1,94 | 2,75 | 4,18 | 51,12 | 47,40 | 70,58 | 73,93 | 10,74 | 6,37 |
| Xs | 1158,79 | 273,90 | 69,60 | 204,27 | 27,48 | 1,22 | 2,31 | 3,68 | 53,39 | 49,15 | 67,69 | 71,19 | 11,56 | 7,01 |

GS(%): ganho de seleção em percentagem; GSe: ganho por seleção entre famílias ($GSe=DS*m^2$); GSd: ganho de seleção dentro de famílias ($GSD=DS*m^2$); GSt: ganho seleção total ($GSt=GSe+GSd$); Xo: média da população original; Xs: média da população selecionada; MV: Produção de matéria verde (g); MST: matéria seca total (g); %folha: percentagem de folha; MSF: matéria seca foliar (g); % colmo: percentagem de colmo; %MM: percentagem de material morto; LIG: lignina (%); DIVMO: digestibilidade in vitro da meteria orgânica (%); FDN: fibra em detergente neutro (%); PB: proteína bruta (%).

Tabela 8: Ganhos de seleção entre (GSe), dentro (GSd) e entre e dentro (GSt) e médias preditas e originais para as características estudadas em famílias de meio-irmãos de *P. maximum* no período da seca

| GS (%) | MV | MST | %folha | MSF | %colmo | %MM | LIG folha | LIG colmo | DIVMO folha | DIVMO colmo | FDN folha | FDN colmo | PB folha | PB colmo |
|--------|---------|--------|--------|--------|--------|--------|-----------|-----------|-------------|-------------|-----------|-----------|----------|----------|
| GSe | 21,13 | 21,46 | 13,79 | 20,54 | -35,54 | -8,80 | -10,51 | -55,60 | 3,24 | 12,68 | -2,52 | -12,60 | 3,86 | 31,70 |
| GSd | 43,92 | 44,81 | 21,39 | 58,49 | -30,71 | -11,55 | -9,12 | -98,11 | 0,71 | 7,35 | -2,01 | -22,47 | 3,24 | 18,98 |
| GSt | 65,05 | 66,27 | 35,18 | 79,03 | -66,25 | -20,35 | 19,63 | -153,71 | 3,95 | 20,03 | -4,53 | -35,07 | 7,10 | 50,68 |
| Xo | 1289,99 | 438,45 | 42,24 | 183,78 | 20,53 | 33,25 | 2,81 | 2,19 | 47,93 | 35,90 | 68,08 | 61,72 | 9,55 | 3,78 |
| Xs | 1609,20 | 543,05 | 48,95 | 228,48 | 13,08 | 28,72 | 2,02 | 0,53 | 51,64 | 42,53 | 62,77 | 51,29 | 10,79 | 5,64 |

GS(%): ganho de seleção em percentagem; GSe: ganho por seleção entre famílias ($GSe=DS*m^2$); GSd: ganho de seleção dentro de famílias ($GSD=DS*m^2$); GSt: ganho seleção total ($GSt=GSe+GSd$); Xo: média da população original; Xs: média da população selecionada; MV: Produção de matéria verde (g); MST: matéria seca total (g); %folha: percentagem de folha; MSF: matéria seca foliar (g); % colmo: percentagem de colmo; %MM: percentagem de material morto; LIG: lignina (%); DIVMO: digestibilidade in vitro da meteria orgânica (%); FDN: fibra em detergente neutro (%); PB: proteína bruta (%).

Sendo a porcentagem de colmo da forrageira uma característica dependente da porcentagem de folhas, esta também apresentou valores altos de ganho de seleção. Observa-se nos Tabelas 7 e 8 que o GSt foi de -38,84 e -66,25 nos períodos das águas e seca, respectivamente. Para as características DIVMO folha e colmo (águas) os ganhos foram nulos.

A seleção de forrageiras com menor porcentagem de colmo e, conseqüentemente maior porcentagem de folhas, sem, evidentemente, desconsiderar a produção de MSF, assume papel primordial no melhoramento de *P. maximum*, já que a espécie é de crescimento cespitoso, o que por si só, tende a promover maior acúmulo de colmo. Assim, o elevado GSt (no sentido de decréscimo) para a porcentagem de colmo pode ser um indicativo de que genótipos promissores podem surgir dessa seleção.

Os processos de seleção visam identificar, dentro de critérios previamente estabelecidos, os melhores indivíduos e, ou famílias que deverão permanecer no programa de melhoramento, gerando populações mais produtivas, de acordo com os interesses do melhorista (Negreiros, 2006). A seleção não cria variabilidade, mas sim atua na variabilidade existente (Allard, 1971). Nesse contexto, a seleção de genótipos superiores, independentemente se indivíduos ou famílias, é uma prática de considerável relevância para o melhorista, uma vez que a obtenção de populações melhoradas passa pela seleção e pela recombinação desses indivíduos ou famílias. Na espécie *P. maximum* a seleção, tanto dentro quanto entre famílias tem primordial importância, já que plantas sexuais superiores poderão ser utilizadas para futuros cruzamentos e aumento da variabilidade genética.

Na Tabela 9 pode-se observar as famílias selecionadas pela seleção entre famílias nos períodos das águas e seca.

Tabela 9: Famílias selecionadas pela seleção entre famílias de meio-irmãos de *P. maximum* no período das águas e da seca

| Característica | Famílias selecionadas | |
|----------------|-----------------------|------------|
| | Águas | Seca |
| MV | 3,5,8,7,4 | 3,8,5,9,4 |
| MST | 3,7,4,5,6 | 8,3,5,9,7 |
| % folha | 5,7,6,3,1 | 3,5,1,4,8 |
| MSF | 3,5,7,1,6 | 3,5,1,4,8 |
| % colmo | 5,7,10,1,2 | 10,1,5,2,7 |
| %MM | 10,4,1,5,9 | 4,8,3,9,10 |
| LIG folha | 7,3,5,8,6 | 6,2,10,4,1 |
| LIG colmo | 8,7,9,3,1 | 2,10,5,6,1 |
| DIVMO folha | 10,6,1,2,4 | 9,8,7,3,5 |
| DIVMO colmo | 10,9,8,1,4 | 9,8,3,4,7 |
| FDN folha | 3,7,8,6,1 | 10,6,4,2,1 |
| FDN colmo | 8,5,9,7,1 | 2,10,5,6,1 |
| PB folha | 10,2,4,1,6 | 9,8,7,3,5 |
| PB colmo | 10,9,8,1,7 | 8,9,3,7,4 |

MV: Produção de matéria verde (g); MST: matéria seca total (g); %folha: porcentagem de folha; MSF: matéria seca foliar (g); % colmo: porcentagem de colmo; %MM: porcentagem de material morto; LIG: lignina (%); DIVMO: digestibilidade in vitro da meteria orgânica (%); FDN: fibra em detergente neutro (%); PB: proteína bruta (%).

Nota-se (Tabela 9) que as famílias 7 e 1 (Figura 3) foram selecionadas para quase todas as características avaliadas no período das águas. Para a família 7 as exceções foram porcentagem de material morto, DIVMO e PB folha, já para a família 1 as exceções foram somente para MV, MST e LIG folha. Os dados indicam que a família 1 pode ser utilização em programas de melhoramento que visem ganhos relacionados à qualidade.

Para o período seco do ano as famílias 3 e 5 (Figura 4) foram selecionadas para a maioria das características avaliadas. Entretanto, como os ganhos por seleção dentro de família (GSd%) superaram os ganhos por seleção entre famílias (GSe%) para a maioria das características avaliadas a seleção dentro dessas famílias selecionadas indicará os melhores indivíduos (Tabela 10 e 11).



Figura 3: Plantas sexuais 1 e 7 de *P. maximum*, respectivamente na época do florescimento.



Figura 4: Plantas sexuais de *P. maximum*, 3 e 5, respectivamente na época do florescimento

Nas tabelas 10 e 11 observa-se os indivíduos selecionados pela seleção dentro de famílias, para o período das águas e da seca, respectivamente.

Tabela 10: Indivíduos selecionados pela seleção dentro de famílias de meio-irmãos de *P. maximum* no período das águas

| Bloco | Características | | | | | | | | | | | | | |
|-------|-----------------|--------|--------|--------|---------|---------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|
| | MV | MST | %folha | MSF | %colmo | %MM | LIG | LIG | DIVMO | DIVMO | FDN | FDN | PB | PB |
| | Fam. 3 | Fam. 3 | Fam. 5 | Fam. 3 | Fam. 5 | Fam. 10 | folha | colmo | folha | colmo | folha | colmo | folha | colmo |
| 1 | 5 e 4 | 5 e 4 | 3 e 1 | 5 e 4 | 3 e 1 | 1 e 2 | 2 e 5 | 2 e 3 | 1 e 2 | 1 e 2 | 4 e 2 | 3 e 2 | 1 e 2 | 1 e 2 |
| 2 | 5 e 1 | 5 e 4 | 4 e 3 | 4 e 1 | 4 e 3 | 2 e 3 | 1 e 3 | 4 e 2 | 2 e 1 | 2 e 5 | 1 e 2 | 3 e 2 | 2 e 1 | 2 e 5 |
| 3 | 5 e 1 | 5 e 1 | 2 e 4 | 5 e 2 | 2 e 4 | 1 e 5 | 1 e 5 | 5 e 2 | 3 e 4 | 3 e 2 | 5 e 4 | 5 e 1 | 4 e 5 | 3 e 5 |
| 4 | 4 e 5 | 4 e 5 | 2 e 4 | 4 e 5 | 3 e 4 | 1 e 2 | 2 e 4 | 3 e 1 | 1 e 3 | 2 e 1 | 3 e 2 | 5 e 1 | 3 e 2 | 1 e 2 |
| 5 | 5 e 2 | 5 e 2 | 4 e 3 | 5 e 2 | 4 e 3 | 4 e 1 | 4 e 2 | 4 e 1 | 4 e 2 | 1 e 2 | 4 e 5 | 3 e 1 | 1 e 2 | 1 e 5 |
| | Fam. 5 | Fam. 7 | Fam. 7 | Fam. 5 | Fam. 7 | Fam. 4 | Fam. 3 | Fam. 7 | Fam. 6 | Fam. 9 | Fam. 7 | Fam. 5 | Fam. 2 | Fam. 9 |
| 1 | 3 e 1 | 1 e 2 | 3 e 1 | 2 e 3 | 3 e 1 | 2 e 3 | 4 e 3 | 2 e 1 | 1 e 3 | 3 e 4 | 2 e 5 | 1 e 3 | 3 e 4 | 1 e 2 |
| 2 | 5 e 1 | 1 e 2 | 3 e 4 | 1 e 5 | 3 e 5 | 1 | 2 e 3 | 1 e 2 | 2 e 4 | 4 e 2 | 3 e 1 | 1 e 3 | 5 e 2 | 4 e 2 |
| 3 | 5 e 1 | 1 e 2 | 4 e 5 | 1 e 5 | 2 e 3 | 2 e 1 | 4 e 2 | 5 e 3 | 1 e 3 | 2 e 1 | 1 e 2 | 1 e 5 | 5 e 3 | 4 e 2 |
| 4 | 5 e 1 | 4 e 1 | 5 e 4 | 5 e 1 | 5 e 2 | 1 e 2 | 5 e 2 | 4 e 2 | 1 e 2 | 2 e 3 | 2 e 3 | 4 e 5 | 3 e 2 | 2 e 1 |
| 5 | 5 e 1 | 4 e 1 | 3 e 5 | 5 e 2 | 5 e 3 | 4 e 1 | 3 e 5 | 1 e 2 | 2 e 1 | 1 e 5 | 2 e 1 | 2 e 5 | 2 e 1 | 5 e 1 |
| | Fam. 8 | Fam. 4 | Fam. 6 | Fam. 7 | Fam. 10 | Fam. 1 | Fam. 5 | Fam. 9 | Fam. 1 | Fam. 8 | Fam. 8 | Fam. 9 | Fam. 4 | Fam. 8 |
| 1 | 5 e 3 | 4 e 1 | 1 e 5 | 1 e 2 | 1 e 2 | 1 | 4 e 5 | 4 e 2 | 1 e 4 | 2 e 3 | 1 e 3 | 1 e 2 | 1 e 2 | 2 e 4 |
| 2 | 5 e 1 | 2 e 3 | 4 e 5 | 1 e 2 | 2 e 1 | 4 e 5 | 2 e 1 | 2 e 1 | 5 e 3 | 4 e 2 | 1 e 2 | 2 e 1 | 1 e 3 | 2 e 1 |
| 3 | 5 e 1 | 3 e 5 | 4 e 3 | 2 e 1 | 2 e 3 | 3 e 4 | 4 e 5 | 4 e 2 | 3 e 1 | 1 e 5 | 3 e 1 | 3 e 3 | 2 e 1 | 2 e 3 |
| 4 | 5 e 1 | 5 e 4 | 2 e 1 | 4 e 1 | 5 e 2 | 2 e 3 | 1 e 3 | 5 e 2 | 1 e 2 | 3 e 2 | 4 e 2 | 3 e 1 | 3 e 4 | 2 e 3 |
| 5 | 5 e 4 | 5 e 2 | 5 e 3 | 4 e 1 | 1 e 5 | 1 e 2 | 1 e 3 | 5 e 1 | 1 e 3 | 5 e 4 | 1 e 3 | 5 e 4 | 2 e 3 | 2 e 1 |
| | Fam. 7 | Fam. 5 | Fam. 3 | Fam. 1 | Fam. 1 | Fam. 5 | Fam. 8 | Fam. 3 | Fam. 2 | Fam. 1 | Fam. 6 | Fam. 7 | Fam. 1 | Fam. 1 |
| 1 | 2 e 1 | 2 e 1 | 2 e 1 | 5 e 1 | 5 e 2 | 4 | 3 e 2 | 4 e 2 | 2 e 3 | 1 e 5 | 1 e 3 | 1 e 2 | 1 e 4 | 1 e 2 |
| 2 | 1 e 2 | 1 e 2 | 3 e 1 | 3 e 2 | 2 e 3 | 5 | 1 e 5 | 2 e 5 | 2 e 3 | 2 e 3 | 5 e 3 | 1 e 5 | 1 e 2 | 2 e 1 |
| 3 | 1 e 4 | 5 e 1 | 2 e 1 | 3 e 5 | 2 e 1 | 2 e 3 | 5 e 3 | 2 e 3 | 5 e 1 | 5 e 1 | 2 e 1 | 2 e 3 | 1 e 5 | 4 e 5 |
| 4 | 4 e 1 | 1 e 5 | 5 e 4 | 2 e 1 | 4 e 3 | 4 e 3 | 1 e 2 | 3 e 2 | 3 e 2 | 3 e 2 | 1 e 2 | 4 e 1 | 1 e 3 | 1 e 2 |
| 5 | 4 e 1 | 5 e 2 | 2 e 3 | 5 e 4 | 1 e 3 | - | 3 e 4 | 3 e 5 | 2 e 5 | 1 e 2 | 1 e 5 | 1 e 3 | 1 e 2 | 1 e 4 |
| | Fam. 4 | Fam. 6 | Fam. 1 | Fam. 6 | Fam. 2 | Fam. 9 | Fam. 6 | Fam. 1 | Fam. 4 | Fam. 4 | Fam. 1 | Fam. 1 | Fam. 6 | Fam. 7 |
| 1 | 4 e 5 | 4 e 5 | 5 e 2 | 4 e 1 | 4 e 5 | 4 e 5 | 3 e 4 | 2 e 3 | 1 e 4 | 1 e 3 | 5 e 4 | 2 e 3 | 3 e 1 | 1 e 4 |
| 2 | 2 e 4 | 1 e 5 | 2 e 3 | 1 e 5 | 4 e 3 | 4 e 2 | 1 e 4 | 2 e 5 | 1 e 4 | 1 e 3 | 2 e 1 | 5 e 1 | 2 e 1 | 2 e 1 |
| 3 | 3 e 5 | 1 e 4 | 2 e 1 | 1 e 4 | 5 e 3 | 1 e 4 | 1 e 3 | 5 e 3 | 2 e 1 | 2 e 4 | 5 e 4 | 5 e 4 | 1 e 3 | 1 e 2 |
| 4 | 5 e 1 | 5 e 3 | 4 e 3 | 2 e 1 | 5 e 2 | 3 e 4 | 1 e 3 | 3 e 4 | 3 e 5 | 2 e 1 | 1 e 2 | 2 e 3 | 1 e 2 | 2 e 4 |
| 5 | 5 e 2 | 4 e 5 | 3 e 5 | 4 e 5 | 2 e 4 | 4 e 5 | 1 e 2 | 3 e 5 | 2 e 1 | 1 e 4 | 3 e 2 | 2 e 3 | 1 e 2 | 2 e 1 |

MV: Produção de matéria verde (g); MST: matéria seca total (g); %folha: porcentagem de folha; MSF: matéria seca foliar (g); % colmo: porcentagem de colmo; %MM: porcentagem de material morto; LIG: lignina (%); DIVMO: digestibilidade in vitro da metéria orgânica (%); FDN: fibra em detergente neutro (%); PB: proteína bruta (%).

Tabela 11: Indivíduos selecionados pela seleção dentro de famílias de meio-irmãos de *P. maximum* no período da seca

| Características | | | | | | | | | | | | | | |
|-----------------|--------|--------|--------|--------|---------|---------|---------|---------|--------|--------|--------|---------|--------|--------|
| Bloco | MV | MST | %folha | MSF | %colmo | %MM | LIG | LIG | DIVMO | DIVMO | FDN | FDN | PB | PB |
| | Fam. 3 | Fam. 8 | Fam. 3 | Fam. 3 | Fam. 10 | Fam. 4 | folha | colmo | folha | colmo | folha | colmo | folha | colmo |
| 1 | 4 e 5 | 5 e 1 | 3 e 4 | 4 e 5 | 1 e 2 | 5 e 3 | 2 e 5 | 1 e 3 | 5 e 3 | 5 e 2 | 1 e 2 | 1 e 3 | 5 e 4 | 5 e 2 |
| 2 | 1 e 4 | 5 e 1 | 3 e 1 | 1 e 4 | 2 e 1 | 1 e 5 | 2 e 3 | 2 e 4 | 5 e 2 | 5 e 2 | 2 e 3 | 2 e 4 | 5 e 4 | 5 e 4 |
| 3 | 5 e 2 | 5 e 4 | 2 e 4 | 5 e 2 | 5 e 3 | 2 e 5 | 2 e 5 | 4 e 5 | 5 e 4 | 4 e 3 | 1 e 2 | 4 e 5 | 3 e 4 | 5 e 4 |
| 4 | 4 e 5 | 5 e 1 | 4 e 2 | 1 e 4 | 4 e 1 | 5 e 2 | 1 e 2 | 2 e 3 | 5 e 4 | 5 e 1 | 5 e 3 | 2 e 3 | 5 e 3 | 3 e 2 |
| 5 | 5 e 2 | 5 e 4 | 4 e 2 | 5 e 2 | 1 e 5 | 2 e 5 | 5 e 1 | 1 e 5 | 5 e 4 | 3 e 5 | 4 e 5 | 1 e 5 | 4 e 5 | 5 e 2 |
| | Fam. 8 | Fam. 3 | Fam. 5 | Fam. 5 | Fam. 1 | Fam. 8 | Fam. 2 | Fam. 10 | Fam. 8 | Fam. 8 | Fam. 6 | Fam. 10 | Fam. 8 | Fam. 9 |
| 1 | 5 e 1 | 4 e 5 | 4 e 2 | 4 e 3 | 2 e 3 | 1 e 3 | 1 e 3 | 1 e 2 | 4 e 2 | 5 e 2 | 2 e 4 | 1 e 2 | 5 e 2 | 5 e 3 |
| 2 | 5 e 1 | 4 e 1 | 5 e 4 | 5 e 1 | 3 e 2 | 1 e 5 | 2 e 5 | 1 e 2 | 5 e 4 | 5 e 1 | 3 e 2 | 1 e 2 | 5 e 3 | 5 e 2 |
| 3 | 5 e 1 | 5 e 2 | 5 e 1 | 5 e 1 | 1 e 4 | 3 e 2 | 5 e 1 | 1 e 4 | 2 e 4 | 4 e 3 | 5 e 1 | 3 e 2 | 2 e 3 | 4 e 3 |
| 4 | 5 e 1 | 5 e 4 | 4 e 5 | 5 e 1 | 5 e 1 | 1 e 4 | 4 e 3 | 2 e 3 | 3 e 5 | 3 e 2 | 1 e 2 | 2 e 5 | 5 e 4 | 5 e 1 |
| 5 | 5 e 4 | 5 e 1 | 4 e 2 | 5 e 3 | 1 e 3 | 5 e 2 | 1 e 3 | 1 e 5 | 4 e 1 | 5 e 4 | 5 e 4 | 1 e 5 | 4 e 3 | 2 e 5 |
| | Fam. 5 | Fam. 5 | Fam. 2 | Fam. 1 | Fam. 5 | Fam. 3 | Fam. 10 | Fam. 5 | Fam. 7 | Fam. 3 | Fam. 4 | Fam. 5 | Fam. 7 | Fam. 3 |
| 1 | 4 e 3 | 3 e 4 | 3 e 1 | 3 e 5 | 4 e 3 | 4 e 3 | 1 e 2 | 1 e 3 | 3 e 4 | 1 e 5 | 4 e 3 | 1 e 3 | 2 e 4 | 5 e 1 |
| 2 | 5 e 1 | 5 e 1 | 1 e 4 | 3 e 2 | 2 e 5 | 5 e 1 | 2 e 4 | 3 e 4 | 3 e 5 | 5 e 2 | 1 e 5 | 3 e 1 | 4 e 3 | 2 e 5 |
| 3 | 5 e 1 | 5 e 1 | 4 e 3 | 3 e 1 | 1 e 3 | 2 e 4 | 4 e 2 | 2 e 5 | 3 e 4 | 1 e 3 | 2 e 5 | 1 e 2 | 3 e 4 | 1 e 2 |
| 4 | 5 e 1 | 5 e 1 | 3 e 1 | 1 e 2 | 3 e 2 | 4 e 5 | 1 e 5 | 2 e 3 | 5 e 2 | 4 e 2 | 5 e 2 | 2 e 3 | 5 e 4 | 5 e 3 |
| 5 | 5 e 1 | 5 e 3 | 5 e 4 | 5 e 4 | 4 e 5 | 5 e 4 | 1 e 3 | 1 e 2 | 5 e 2 | 1 e 3 | 1 e 3 | 1 e 5 | 5 e 1 | 5 e 4 |
| | Fam. 9 | Fam. 9 | Fam. 1 | Fam. 4 | Fam. 2 | Fam. 9 | Fam. 4 | Fam. 6 | Fam. 3 | Fam. 4 | Fam. 2 | Fam. 6 | Fam. 3 | Fam. 7 |
| 1 | 3 e 2 | 3 e 2 | 3 e 5 | 5 e 4 | 4 e 3 | 4 e 3 | 1 e 4 | 2 e 1 | 3 e 5 | 5 e 2 | 1 e 3 | 2 e 5 | 3 e 5 | 3 e 5 |
| 2 | 5 e 4 | 5 e 4 | 3 e 2 | 4 e 5 | 4 e 5 | 4 e 1 | 1 e 4 | 2 e 1 | 2 e 5 | 3 e 2 | 2 e 5 | 5 e 2 | 1 e 2 | 3 e 5 |
| 3 | 5 e 4 | 5 e 2 | 3 e 5 | 5 e 3 | 5 e 4 | 1 e 2 | 2 e 5 | 5 e 4 | 2 e 5 | 1 e 4 | 5 e 1 | 5 e 2 | 1 e 3 | 5 e 3 |
| 4 | 5 e 1 | 5 e 2 | 3 e 2 | 5 e 1 | 3 e 4 | 4 e 3 | 3 e 1 | 1 e 4 | 1 e 4 | 2 e 1 | 4 e 2 | 1 e 4 | 3 e 4 | 1 e 4 |
| 5 | 5 e 2 | 5 e 1 | 5 e 2 | 5 e 2 | 5 e 1 | 4 e 3 | 5 e 1 | 5 e 4 | 5 e 2 | 4 e 5 | 4 e 3 | 5 e 4 | 5 e 4 | 4 e 2 |
| | Fam. 4 | Fam. 7 | Fam. 7 | Fam. 8 | Fam. 7 | Fam. 10 | Fam. 1 | Fam. 1 | Fam. 5 | Fam. 7 | Fam. 1 | Fam. 1 | Fam. 5 | Fam. 4 |
| 1 | 4 e 5 | 4 e 1 | 3 e 4 | 5 e 1 | 3 e 2 | 1 e 2 | 1 e 4 | 2 e 1 | 3 e 5 | 5 e 3 | 2 e 3 | 2 e 1 | 3 e 5 | 1 e 2 |
| 2 | 2 e 5 | 1 e 2 | 5 e 2 | 5 e 1 | 4 e 5 | 2 e 5 | 5 e 1 | 5 e 1 | 3 e 5 | 4 e 3 | 5 e 4 | 5 e 4 | 5 e 3 | 5 e 3 |
| 3 | 5 e 1 | 1 e 4 | 4 e 3 | 4 e 5 | 3 e 5 | 1 e 4 | 2 e 4 | 4 e 2 | 3 e 5 | 4 e 1 | 3 e 5 | 4 e 3 | 5 e 4 | 1 e 4 |
| 4 | 5 e 1 | 2 e 4 | 5 e 1 | 5 e 1 | 3 e 5 | 3 e 5 | 4 e 3 | 5 e 4 | 2 e 5 | 4 e 1 | 3 e 4 | 5 e 3 | 5 e 2 | 3 e 5 |
| 5 | 5 e 4 | 4 e 1 | 4 e 5 | 5 e 4 | 5 e 4 | 3 e 4 | 1 e 4 | 1 e 3 | 5 e 1 | 2 e 4 | 1 e 3 | 1 e 3 | 4 e 5 | 4 e 1 |

MV: Produção de matéria verde (g); MST: matéria seca total (g); %folha: porcentagem de folha; MSF: matéria seca foliar (g); % colmo: porcentagem de colmo; %MM: porcentagem de material morto; LIG: lignina (%); DIVMO: digestibilidade in vitro da metéria orgânica (%); FDN: fibra em detergente neutro (%); PB: proteína bruta (%).

Seleção combinada, Seleção Massal e Massal estratificada

A seleção combinada difere da seleção convencional entre e dentro de famílias, por considerar o valor individual e as médias de família de maneira ponderada. Neste caso, é gerado um índice, resultando em um número diferenciado de famílias e de indivíduos selecionados por famílias, enquanto que na seleção entre e dentro, esse número é constante. Na Tabela 12 pode-se observar as estimativas de pesos relativos ao valor individual da planta, da família e o valor relativo para as características avaliadas no período das águas e da seca.

Os coeficientes das expressões do índice de seleção combinada refletem a pressão seletiva sobre os valores aditivos (Lin & Allaire, 1977). Nesse sentido, verifica-se (Tabela 12) que o coeficiente b_1 (peso relativo para indivíduo) aumenta a medida que aumenta a herdabilidade em nível de plantas dentro de família, conforme esperado, visto ser diretamente proporcional a herdabilidade dentro de famílias (Tabela 6).

No período das águas, para as características porcentagem de folha, MSF, porcentagem de colmo e LIG folha o índice relativo ao peso do indivíduo (b_1) foi superior ao índice de relativo ao peso da família (b_2), assim, para essas características foi atribuído maior peso para a seleção dentro de família. Para as demais características observou-se o inverso, ou seja, foi atribuído maior valor para a seleção de famílias. No período da seca, à exceção das características produção de MST e LIG colmo, para as demais também foi atribuído maior valor para a seleção de famílias.

Essas informações (Tabela 12) indicam, segundo Negreiros (2006), que a seleção considerando as informações de indivíduos e famílias em um único estágio (seleção combinada), pode ser mais eficiente em termos de resposta percentual, que a

seleção de famílias e indivíduos em dois estádios distintos (seleção entre e dentro de famílias).

Tabela 12: Estimativas de pesos relativos ao valor individual da planta (b_1), da família (b_2) e ao valor relativo b_2/b_1 para as características avaliadas em famílias de meio-irmãos de *P. maximum*

| Características | Águas | | | Seca | | |
|-----------------|-------|-------|-----------|-------|-------|-----------|
| | b_1 | b_2 | b_1/b_2 | b_1 | b_2 | b_1/b_2 |
| MV | 0,40 | 0,45 | 0,89 | 0,80 | 0,25 | 3,14 |
| MST | 0,37 | 0,49 | 0,75 | 0,85 | 0,21 | 3,93 |
| % folha | 1,32 | 0,01 | 132,15 | 1,02 | 0,01 | 102,42 |
| MSF | 0,70 | 0,30 | 2,41 | 0,87 | 0,16 | 5,30 |
| % colmo | 1,80 | 0,01 | 179,89 | 4,01 | 0,01 | 401,50 |
| %MM | 0,12 | 0,22 | 0,53 | 0,41 | 0,38 | 1,07 |
| LIG folha | 0,73 | 0,26 | 0,28 | 0,10 | 0,37 | 0,28 |
| LIG colmo | 0,05 | 0,18 | 0,26 | 0,43 | 0,48 | 0,89 |
| DIVMO folha | 0,01 | 0,01 | 1,00 | 0,11 | 0,41 | 0,26 |
| DIVMO colmo | 0,01 | 0,01 | 1,00 | 0,35 | 0,50 | 0,69 |
| FDN folha | 0,06 | 0,23 | 0,24 | 0,09 | 0,31 | 0,29 |
| FDN colmo | 0,01 | 0,01 | 1,00 | 0,45 | 0,47 | 0,94 |
| PB folha | 0,04 | 0,17 | 0,24 | 0,08 | 0,31 | 0,25 |
| PB colmo | 0,01 | 0,01 | 1,00 | 0,35 | 0,44 | 0,78 |

MV: Produção de matéria verde (g); MST: matéria seca total (g); %folha: porcentagem de folha; MSF: matéria seca foliar (g); % colmo: porcentagem de colmo; %MM: porcentagem de material morto; LIG: lignina (%); DIVMO: digestibilidade in vitro da metéria orgânica (%); FDN: fibra em detergente neutro (%); PB: proteína bruta (%).

Na Tabela 13 observa-se os ganhos de seleção pelo método de seleção combinada (GS_C), seleção entre e dentro (GS_t), seleção massal (GS_M), seleção massal estratificada (GS_{ME}) e a eficiência de seleção combinada em relação a seleção entre e dentro.

Os ganhos genéticos variaram com as características, mas de forma geral, podem ser considerados altos, principalmente para as características de produção (MV, MST, porcentagem de folha, MSF, porcentagem de colmo). Para todas as características avaliadas, à exceção de FDN folha nas águas, as estimativas obtidas de GS_C foram

superiores às estimativas de GS_t . Na literatura é comum a comparação entre os ganhos obtidos por seleção combinada e seleção entre e dentro de famílias. Alguns autores encontraram maiores ganhos da seleção combinada em comparação a seleção entre e dentro em espécies florestais (Rosado, 2003; Maeda et al., 2001; Costa et al., 2000; Martins et al., 2005; Pires et al., 1996). Para *P. maximum* trabalhos objetivando estimar ganhos por seleção são inexistentes na literatura.

Os resultados (Tabela 13) sugerem que a seleção combinada deve ser preferida como método de ordenamento de candidatos (famílias e indivíduos) à seleção. No entanto, apesar da aparente superioridade da seleção combinada, os processos de seleção entre e dentro também proporcionaram ganhos genéticos expressivos e, como são mais simples de serem usados, devem continuar sendo considerados como instrumento de ordenamento de candidatos à seleção.

Segundo Martins et al. (2005) outra consideração importante, em termos de seleção combinada, diz respeito ao número de famílias selecionadas, uma vez que, apesar de a mesma normalmente ser superior à seleção entre e dentro, pode levar à seleção de poucas famílias, o que não seria desejável em termos de base genética. Especialmente para o melhoramento de *P. maximum* isso deve ser avaliado com cautela, uma vez que poucos acessos sexuais foram utilizados nos cruzamentos, havendo nesse caso, necessidade da escolha de indivíduos (sexuais) superiores para que se possa aumentar a variabilidade e conseqüentemente a possibilidade de cruzamentos futuros.

Na Tabela 13 é apresentada a relação de plantas selecionadas e seus respectivos valores fenotípicos (g) para produção de matéria seca foliar por seleção combinada, tanto para o período das águas, quanto para o período da seca.

Tabela 13: Relação de plantas selecionadas e seus respectivos valores fenotípicos (g) para produção de matéria seca foliar por seleção combinada em famílias de meio-irmãos em *P. maximum*

| Águas | | | | | Seca | | | | |
|-------|---------|-------|--------|--------|------|---------|-------|--------|--------|
| Nº | Família | Bloco | Planta | g | Nº | Família | Bloco | Planta | g |
| 1 | 3 | 4 | 4 | 524,57 | 1 | 5 | 2 | 5 | 719,30 |
| 2 | 3 | 3 | 5 | 508,31 | 2 | 3 | 4 | 4 | 753,82 |
| 3 | 4 | 5 | 5 | 548,04 | 3 | 5 | 5 | 5 | 770,32 |
| 4 | 1 | 1 | 5 | 481,00 | 4 | 1 | 3 | 4 | 575,84 |
| 5 | 5 | 2 | 1 | 453,45 | 5 | 3 | 5 | 5 | 543,64 |
| 6 | 4 | 3 | 3 | 464,24 | 6 | 3 | 3 | 5 | 566,52 |
| 7 | 3 | 4 | 5 | 422,43 | 7 | 5 | 3 | 5 | 477,95 |
| 8 | 5 | 2 | 5 | 436,39 | 8 | 5 | 5 | 3 | 637,97 |
| 9 | 3 | 5 | 5 | 411,11 | 9 | 5 | 5 | 4 | 425,13 |
| 10 | 5 | 5 | 5 | 417,44 | 10 | 3 | 4 | 5 | 599,82 |
| 11 | 3 | 1 | 5 | 327,36 | 11 | 3 | 3 | 2 | 468,03 |
| 12 | 7 | 2 | 1 | 351,35 | 12 | 3 | 2 | 1 | 431,21 |
| 13 | 5 | 2 | 2 | 349,55 | 13 | 1 | 5 | 5 | 437,80 |
| 14 | 1 | 1 | 1 | 339,10 | 14 | 3 | 1 | 5 | 408,16 |
| 15 | 7 | 5 | 4 | 350,12 | 15 | 5 | 3 | 1 | 383,67 |
| 16 | 7 | 3 | 2 | 322,52 | 16 | 2 | 5 | 5 | 457,65 |
| 17 | 3 | 1 | 4 | 288,94 | 17 | 10 | 2 | 5 | 410,64 |
| 18 | 3 | 2 | 4 | 298,81 | 18 | 5 | 1 | 4 | 285,18 |
| 19 | 7 | 2 | 2 | 312,84 | 19 | 1 | 3 | 3 | 402,63 |
| 20 | 4 | 5 | 2 | 346,16 | 20 | 8 | 1 | 5 | 351,12 |
| 21 | 3 | 3 | 2 | 286,90 | 21 | 4 | 5 | 5 | 508,35 |
| 22 | 3 | 3 | 1 | 286,00 | 22 | 3 | 4 | 2 | 470,35 |
| 23 | 3 | 4 | 2 | 285,72 | 23 | 3 | 2 | 4 | 312,65 |
| 24 | 6 | 5 | 4 | 332,20 | 24 | 5 | 1 | 3 | 222,82 |
| 25 | 1 | 5 | 5 | 322,26 | 25 | 5 | 2 | 1 | 399,71 |
| 26 | 1 | 2 | 3 | 307,15 | 26 | 8 | 5 | 5 | 336,39 |
| 27 | 7 | 3 | 1 | 283,51 | 27 | 3 | 5 | 2 | 266,44 |
| 28 | 7 | 4 | 4 | 281,26 | 28 | 3 | 2 | 3 | 289,75 |
| 29 | 2 | 3 | 3 | 314,54 | 29 | 3 | 5 | 1 | 264,60 |
| 30 | 3 | 2 | 1 | 263,67 | 30 | 5 | 1 | 2 | 201,52 |
| 31 | 3 | 4 | 3 | 252,65 | 31 | 6 | 5 | 4 | 245,46 |
| 32 | 1 | 3 | 3 | 276,55 | 32 | 2 | 4 | 5 | 312,14 |
| 33 | 5 | 4 | 5 | 263,47 | 33 | 6 | 2 | 1 | 302,65 |
| 34 | 7 | 1 | 1 | 248,13 | 34 | 7 | 2 | 2 | 348,04 |
| 35 | 3 | 2 | 3 | 255,07 | 35 | 3 | 2 | 5 | 265,13 |
| 36 | 4 | 4 | 5 | 280,48 | 36 | 6 | 3 | 1 | 319,05 |
| 37 | 1 | 4 | 2 | 264,27 | 37 | 7 | 3 | 4 | 303,73 |
| 38 | 7 | 3 | 4 | 248,96 | 38 | 1 | 2 | 3 | 286,56 |
| 39 | 3 | 2 | 5 | 237,84 | 39 | 7 | 3 | 1 | 290,24 |
| 40 | 6 | 2 | 1 | 265,43 | 40 | 4 | 4 | 5 | 233,46 |

Tabela 13: continuação...

| Águas | | | | | Seca | | | | |
|-------|---------|-------|--------|--------|------|---------|-------|--------|--------|
| Nº | Família | Bloco | Planta | g | Nº | Família | Bloco | Planta | g |
| 41 | 1 | 1 | 3 | 238,44 | 41 | 7 | 5 | 4 | 282,40 |
| 42 | 7 | 5 | 1 | 262,71 | 42 | 5 | 4 | 1 | 225,17 |
| 43 | 8 | 4 | 5 | 272,32 | 43 | 8 | 2 | 5 | 276,34 |
| 44 | 8 | 5 | 5 | 292,43 | 44 | 4 | 2 | 4 | 173,73 |
| 45 | 5 | 3 | 1 | 233,41 | 45 | 8 | 4 | 5 | 303,84 |
| 46 | 6 | 5 | 5 | 268,76 | 46 | 9 | 5 | 5 | 299,79 |
| 47 | 6 | 4 | 3 | 246,95 | 47 | 3 | 2 | 1 | 231,08 |
| 48 | 6 | 1 | 4 | 229,38 | 48 | 1 | 4 | 1 | 213,21 |
| 49 | 8 | 1 | 5 | 245,47 | 49 | 4 | 3 | 5 | 225,84 |
| 50 | 7 | 2 | 3 | 234,68 | 50 | 5 | 4 | 3 | 210,04 |

MV: Produção de matéria verde (g); MST: matéria seca total (g); %folha: porcentagem de folha; MSF: matéria seca foliar (g); % colmo: porcentagem de colmo; %MM: porcentagem de material morto; LIG: lignina (%); DIVMO: digestibilidade in vitro da matéria orgânica (%); FDN: fibra em detergente neutro (%); PB: proteína bruta (%).

Analisando ambos períodos de avaliação, nota-se que as famílias 3, 5 e 7 se destacaram, sendo pertencentes a estas muitos dos 50 indivíduos selecionados. De fato, essas famílias forma aquelas de maior destaque no processo de seleção entre famílias (Figuras 3 e 4).

Na Tabela 14 encontram-se as estimativas de ganho referentes a seleção massal e massal estratificada para os períodos das águas e da seca.

Nas estratégias de seleção massal e massal estratificada as maiores estimativas de ganhos no período das águas foi para MSF (74,51 e 72,96, respectivamente). Na seca, as maiores estimativas foram, respectivamente para as características porcentagem de colmo (-325,54) e LIG colmo (-216,42). As menores estimativas foram para FDN folha no período das águas (-0,66 e -0,65, respectivamente para seleção massal e massal estratificada). Para as características DIVMO folha e colmo e PB colmo para o período das águas os ganhos foram nulos em todas as estratégias de seleção.

Tabela 14: Ganhos de seleção pelo método de seleção combinada (GS_C), seleção entre e dentro (GS_{ED}), seleção massal (GS_M), seleção massal estratificada (GS_{ME}) e a eficiência de seleção combinada em relação a seleção entre e dentro em famílias de meio-irmãos de *P. maximum*

| Características | Águas | | | | | Seca | | | | |
|-----------------|-----------------|------------------|-----------------|------------------|---------------------------------------|-----------------|------------------|-----------------|------------------|---------------------------------------|
| | GS _C | GS _{ED} | GS _M | GS _{ME} | Efic. S _C /S _{ED} | GS _C | GS _{ED} | GS _M | GS _{ME} | Efic. S _C /S _{ED} |
| MV | 42,79 | 34,60 | 44,83 | 43,70 | 1,23 | 76,32 | 65,05 | 84,24 | 82,54 | 1,17 |
| MST | 34,57 | 27,22 | 34,42 | 33,98 | 1,26 | 75,33 | 66,27 | 84,81 | 83,05 | 1,13 |
| % folha | 54,00 | 22,30 | 27,00 | 26,92 | 2,42 | 46,06 | 35,18 | 45,08 | 44,15 | 1,31 |
| MSF | 67,09 | 59,21 | 74,51 | 72,96 | 1,13 | 92,11 | 79,03 | 102,72 | 99,92 | 1,16 |
| % colmo | -103,69 | -38,84 | -53,15 | -52,98 | 2,67 | -396,31 | -66,25 | -325,54 | -80,29 | 5,57 |
| %MM | -34,27 | -15,75 | -19,40 | -20,55 | 2,17 | -26,70 | -20,35 | -8,12 | -24,07 | 1,31 |
| LIG folha | -13,36 | -7,72 | -3,32 | -3,29 | 1,73 | -24,06 | -19,63 | -16,20 | -16,03 | 1,22 |
| LIG colmo | -6,82 | -3,88 | -2,00 | -1,98 | 1,75 | -181,08 | -153,71 | -241,70 | -216,42 | 1,18 |
| DIVMO folha | 0,00 | 0,00 | 0,00 | 0,00 | 0,00 | 7,62 | 3,95 | 2,88 | 2,51 | 1,93 |
| DIVMO colmo | 0,00 | 0,00 | 0,00 | 0,00 | 0,00 | 37,46 | 20,03 | 19,57 | 18,74 | 1,87 |
| FDN folha | -2,94 | -3,61 | -0,66 | -0,65 | 0,81 | -5,70 | -4,53 | -3,92 | -3,83 | 1,26 |
| FDN colmo | 0,00 | 0,00 | 0,00 | 0,00 | 0,00 | -42,58 | -35,07 | -57,82 | -51,71 | 1,21 |
| PB folha | 3,63 | 2,53 | -2,59 | -2,38 | 1,43 | 9,50 | 7,10 | 3,53 | 3,14 | 1,34 |
| PB colmo | 0,00 | 0,00 | 0,00 | 0,00 | 0,00 | 99,92 | 50,68 | 49,41 | 46,09 | 1,97 |

MV: Produção de matéria verde (g); MST: matéria seca total (g); %folha: porcentagem de folha; MSF: matéria seca foliar (g); % colmo: porcentagem de colmo; %MM: porcentagem de material morto; LIG: lignina (%); DIVMO: digestibilidade in vitro da matéria orgânica (%); FDN: fibra em detergente neutro (%); PB: proteína bruta (%).

Observa-se (Tabela 14) que as seleções massal e massal estratificada foram superiores as demais estratégias de seleção para as seguintes características: MV (água e seca), MST (seca), MSF (água e seca), LIG colmo (seca) e FDN colmo (seca). Para a característica porcentagem de colmo, cuja seleção foi realizada no sentido de decréscimo, as seleções massal e massal estratificada foram inferiores à seleção combinada, mas superiores a seleção entre e dentro de famílias. De forma geral, os ganhos de seleção com essas estratégias podem ser considerados bons, entretanto para a maioria das características avaliadas a seleção combinada foi aquela a apresentar maiores ganhos. Entretanto, pela praticidade, essas duas estratégias (massal e massal estratificada) devem ser consideradas quando na seleção de acessos promissores de *P. maximum*.

Para qualquer estratégia de seleção utilizada pode-se observar (Tabela 14) que os maiores ganhos foram obtidos no período das águas em relação ao período da seca, assim como maiores foram os ganhos para as características de produção (MS, MSF, porcentagem de folha,

porcentagem de colmo, porcentagem de material morto) do que para as características de qualidade, salvo algumas exceções, como LIG e FDN colmo para o período da seca.

Na Tabela 15 no período das águas e da seca, observa-se o número de famílias selecionadas nas diferentes estratégias de seleção utilizadas para as características avaliadas na mesma intensidade de seleção. Para o período das águas as estratégias de seleção massal e massal estratificada apresentaram um número maior ou igual de famílias selecionadas para todas as características avaliadas, com exceção da porcentagem de colmo. No período da seca as exceções foram para as características LIG e FDN colmo.

Tabela 15: Números de famílias selecionadas nas diferentes estratégias de seleção utilizadas para as características avaliadas em *P. maximum* nos períodos das águas e da seca

| Características | Número de Famílias | | | | | | | |
|-----------------|--------------------|----------------|----------------|-----------------|-----------------|----------------|----------------|-----------------|
| | Águas | | | | Seca | | | |
| | S _{ED} | S _C | S _M | S _{ME} | S _{ED} | S _C | S _M | S _{ME} |
| MV | 5 | 9 | 10 | 10 | 5 | 9 | 10 | 10 |
| MST | 5 | 7 | 10 | 10 | 5 | 10 | 10 | 10 |
| % folha | 5 | 7 | 7 | 7 | 5 | 8 | 8 | 8 |
| MSF | 5 | 8 | 9 | 8 | 5 | 9 | 9 | 9 |
| % colmo | 5 | 9 | 9 | 8 | 5 | 8 | 8 | 8 |
| %MM | 5 | 8 | 10 | 10 | 5 | 8 | 10 | 10 |
| LIG folha | 5 | 6 | 10 | 8 | 5 | 6 | 9 | 8 |
| LIG colmo | 5 | 3 | 9 | 9 | 5 | 7 | 1 | 4 |
| DIVMO folha | 5 | 9 | 10 | 10 | 5 | 4 | 10 | 10 |
| DIVMO colmo | 5 | 8 | 10 | 10 | 5 | 5 | 9 | 9 |
| FDN folha | 5 | 4 | 9 | 8 | 5 | 6 | 10 | 10 |
| FDN colmo | 5 | 7 | 10 | 10 | 5 | 8 | 1 | 1 |
| PB folha | 5 | 7 | 9 | 10 | 5 | 4 | 8 | 8 |
| PB colmo | 5 | 10 | 10 | 10 | 5 | 6 | 10 | 10 |

MV: Produção de matéria verde (g); MST: matéria seca total (g); %folha: porcentagem de folha; MSF: matéria seca foliar (g); % colmo: porcentagem de colmo; %MM: porcentagem de material morto; LIG: lignina (%); DIVMO: digestibilidade in vitro da matéria orgânica (%); FDN: fibra em detergente neutro (%); PB: proteína bruta (%).

Verifica-se (Tabelas 15) que a seleção entre e dentro de família identificou número constante de cinco famílias para todas as características, o que também é confirmado pelos

Tabelas 9, 10 e 11. De forma geral, a seleção combinada elegeu número de famílias bastante semelhante ao das seleções massal e massal estratificada, com exceção da característica LIG folha e colmo e FDN colmo nas águas, e todas de qualidade à exceção de LIG folha na seca na seca.

Na Tabela 16 são apresentados os indivíduos selecionados e seus respectivos valores fenotípicos a partir da seleção massal, em ambos períodos avaliados, para a característica produção de MSF. Nota-se, para ambos períodos de avaliação, que os indivíduos que se destacaram pelo processo de seleção combinada (Tabela 13) estão também destacados pelo processo de seleção massal (Tabela 16) havendo pouca modificação na ordem desses indivíduos. Considerando-se que para a característica produção de MSF, no período das águas, a média original da população foi de 183,77 g e que, a média dos selecionados pela estratégia seleção massal foi de 322,43 g, pode-se evidenciar o excelente ganho que essa estratégia de melhoramento proporciona, como já elucidados anteriormente (Tabela 14). Para essa época de avaliação destaca-se o indivíduo 5, do bloco 5 e da família 4, com produção de MSF de 584,04 g. Vale salientar que este indivíduo, classificou-se em 7º lugar para avaliação de MV e em 2º lugar para a característica MST, o que evidencia seu potencial para utilização em futuros programas de cruzamento.

Tabela 16: Relação de plantas selecionadas e seus respectivos valores fenotípicos (g) para produção de matéria seca foliar por seleção massal em famílias de meio-irmãos em *P. maximum*

| Águas | | | | | Seca | | | | |
|-------|---------|-------|--------|--------|------|---------|-------|--------|--------|
| Nº | Família | Bloco | Planta | g | Nº | Família | Bloco | Planta | g |
| 1 | 4 | 5 | 5 | 548,04 | 1 | 5 | 5 | 5 | 770,32 |
| 2 | 3 | 4 | 4 | 524,57 | 2 | 3 | 4 | 4 | 753,82 |
| 3 | 3 | 3 | 5 | 508,31 | 3 | 5 | 2 | 5 | 719,30 |
| 4 | 1 | 1 | 5 | 481,00 | 4 | 5 | 5 | 3 | 637,97 |
| 5 | 4 | 3 | 3 | 464,24 | 5 | 3 | 4 | 5 | 599,82 |
| 6 | 5 | 2 | 1 | 453,45 | 6 | 3 | 1 | 4 | 575,84 |
| 7 | 5 | 2 | 5 | 436,39 | 7 | 3 | 3 | 5 | 566,52 |
| 8 | 3 | 4 | 5 | 422,43 | 8 | 3 | 5 | 5 | 543,64 |
| 9 | 5 | 5 | 5 | 417,44 | 9 | 4 | 5 | 5 | 508,35 |
| 10 | 3 | 5 | 5 | 411,11 | 10 | 5 | 3 | 5 | 477,95 |
| 11 | 7 | 2 | 1 | 351,55 | 11 | 3 | 4 | 2 | 470,35 |
| 12 | 7 | 5 | 4 | 351,12 | 12 | 3 | 3 | 2 | 468,03 |
| 13 | 5 | 2 | 2 | 349,55 | 13 | 2 | 5 | 5 | 457,65 |
| 14 | 4 | 5 | 2 | 346,16 | 14 | 1 | 5 | 5 | 437,80 |
| 15 | 1 | 1 | 1 | 339,10 | 15 | 3 | 2 | 1 | 431,21 |
| 16 | 6 | 5 | 4 | 332,20 | 16 | 5 | 4 | 5 | 425,13 |
| 17 | 3 | 1 | 5 | 327,36 | 17 | 10 | 2 | 5 | 410,64 |
| 18 | 7 | 3 | 2 | 322,52 | 18 | 3 | 1 | 5 | 408,16 |
| 19 | 1 | 5 | 5 | 322,26 | 19 | 1 | 3 | 3 | 402,63 |
| 20 | 2 | 3 | 3 | 314,54 | 20 | 5 | 2 | 1 | 399,71 |
| 21 | 7 | 2 | 2 | 312,84 | 21 | 5 | 3 | 1 | 383,67 |
| 22 | 1 | 2 | 3 | 317,15 | 22 | 4 | 5 | 2 | 371,87 |
| 23 | 3 | 2 | 4 | 298,81 | 23 | 5 | 5 | 1 | 360,91 |
| 24 | 8 | 5 | 5 | 292,43 | 24 | 8 | 1 | 5 | 354,12 |
| 25 | 3 | 1 | 4 | 288,94 | 25 | 7 | 2 | 2 | 348,04 |
| 26 | 3 | 3 | 2 | 286,90 | 26 | 8 | 5 | 5 | 336,39 |
| 27 | 3 | 3 | 1 | 286,00 | 27 | 6 | 3 | 1 | 319,05 |
| 28 | 3 | 4 | 2 | 285,72 | 28 | 3 | 2 | 4 | 312,65 |
| 29 | 7 | 3 | 1 | 283,15 | 29 | 2 | 4 | 5 | 312,14 |
| 30 | 7 | 4 | 4 | 281,26 | 30 | 8 | 4 | 5 | 303,84 |
| 31 | 4 | 4 | 5 | 280,48 | 31 | 7 | 3 | 4 | 303,73 |
| 32 | 1 | 3 | 3 | 276,55 | 32 | 6 | 2 | 1 | 302,65 |
| 33 | 8 | 4 | 5 | 272,32 | 33 | 5 | 2 | 2 | 296,07 |
| 34 | 2 | 5 | 4 | 271,37 | 34 | 6 | 1 | 5 | 295,03 |
| 35 | 6 | 5 | 5 | 268,76 | 35 | 4 | 1 | 5 | 293,12 |
| 36 | 1 | 4 | 2 | 267,27 | 36 | 7 | 3 | 1 | 290,24 |
| 37 | 6 | 2 | 1 | 265,43 | 37 | 3 | 2 | 3 | 289,75 |
| 38 | 3 | 2 | 1 | 263,67 | 38 | 1 | 2 | 3 | 286,56 |
| 39 | 5 | 4 | 5 | 263,47 | 39 | 5 | 1 | 4 | 285,18 |
| 40 | 7 | 5 | 1 | 262,71 | 40 | 6 | 1 | 1 | 282,95 |

Tabela 16: continuação...

| Águas | | | | | Seca | | | | |
|-------|---------|-------|--------|--------|------|---------|-------|--------|--------|
| Nº | Família | Bloco | Planta | g | Nº | Família | Bloco | Planta | g |
| 41 | 3 | 2 | 3 | 255,07 | 41 | 7 | 5 | 4 | 282,40 |
| 42 | 3 | 4 | 3 | 252,65 | 42 | 8 | 2 | 5 | 276,34 |
| 43 | 2 | 4 | 5 | 251,11 | 43 | 10 | 4 | 5 | 269,98 |
| 44 | 7 | 3 | 4 | 248,96 | 44 | 9 | 5 | 5 | 266,79 |
| 45 | 6 | 2 | 5 | 248,28 | 45 | 3 | 5 | 2 | 266,44 |
| 46 | 7 | 1 | 1 | 248,13 | 46 | 4 | 5 | 4 | 266,37 |
| 47 | 6 | 4 | 3 | 246,95 | 47 | 3 | 2 | 5 | 265,13 |
| 48 | 8 | 1 | 5 | 245,47 | 48 | 3 | 5 | 1 | 264,60 |
| 49 | 2 | 5 | 5 | 244,48 | 49 | 10 | 3 | 2 | 264,26 |
| 50 | 10 | 2 | 5 | 242,50 | 50 | 1 | 1 | 3 | 263,07 |

MV: Produção de matéria verde (g); MST: matéria seca total (g); %folha: porcentagem de folha; MSF: matéria seca foliar (g); % colmo: porcentagem de colmo; %MM: porcentagem de material morto; LIG: lignina (%); DIVMO: digestibilidade in vitro da matéria orgânica (%); FDN: fibra em detergente neutro (%); PB: proteína bruta (%).

Para o período da seca, no qual a média original da população foi de 162,79 g e a média dos selecionados foi de 389,56, destacou-se o indivíduo 5, do bloco 5 e da família 5, com produção, nessa época do ano de 770,32 g (Tabela 16). Esse genótipo, também se sobressaiu durante o período das águas, no qual foi ordenado em 9º lugar. Também o melhor genótipo, durante o período das águas (indivíduo 5, do bloco 5 e da família 4) se destacou na seca, sendo igualmente ordenado em 9º lugar. Uma vez detectado o modo de reprodução desses genótipos, estes, se apomíticos, poderão ser encaminhados para os testes de candidatos a futuros lançamentos (Jank, 1994), e se de reprodução sexual poderá ser utilizado para futuros cruzamentos.

Em melhoramento genético de forrageiras as características morfológicas são de grande importância, uma vez que são essenciais para discriminação dos genótipos. Os principais caracteres morfológicos que identificam a espécie *P. maximum* são o hábito de crescimento ereto e a inflorescência tipo panícula. Entretanto, essas características são comuns a todas as cultivares utilizadas no Brasil, e a diferenciação entre elas se dá principalmente devido a características como altura da planta, pilosidade, porte das folhas e coloração das espiguetas. Na Tabela 17 é

apresentado um resumo das características morfológicas dos genótipos que se destacaram para produção de MSF no período das águas e da seca.

Tabela 17: Características morfológicas de plantas selecionadas para produção de matéria seca foliar por seleção massal em famílias de meio-irmãos em *P. maximum*

| Característica Morfológica | Indivíduo 5, bloco 5, família 4 | Indivíduo 5, bloco 5, família 5 |
|--|---------------------------------|---------------------------------|
| Morfologia Vegetativa | | |
| Hábito de crescimento | Cespitoso | Cespitoso |
| Porte da folha ^{1/} | Quebradiça | Decumbente |
| Altura da planta ^{2/} | 64 cm | 53 cm |
| Cerosidade | Ausente | Ausente |
| Densidade de pêlos na bainha | Média | Ausente |
| Dureza de pêlos na bainha | Macio | Ausente |
| Comprimento de pêlos na bainha foliar | Médio | Ausente |
| Densidade de pêlos na lâmina foliar | Ausente | Baixa |
| Dureza de pêlos na lâmina foliar | Ausente | Macios |
| Comprimento de pêlos na lâmina foliar | Ausente | Longos |
| Morfologia Reprodutiva | | |
| Forma da inflorescência | Panícula | Panícula |
| Ramificação primária ^{3/} | Longa | Longa |
| Ramificação secundária | Longa | Ausente |
| Altura da ramificação secundária ^{4/} | Em toda ramificação | Ausente |
| Distribuição das espiguetas | Uniforme | Uniforme |
| Manchas nas espiguetas | Poucas | Poucas |
| Cor das manchas nas espiguetas | Arroxeadas | Arroxeadas |

^{1/} - Decumbente= folhas curvadas para o solo e Quebradiça= folhas atingindo certo ponto e quebrando em suas pontas bruscamente;

^{2/} - Altura média na fase vegetativa, período das águas;

^{3/} - Longa = maior que a metade do comprimento da raquis;

^{4/} = Observação visual do local da ocorrência da ramificação secundária, em relação à ramificação primária.

Conclusões

Houve variabilidade genética significativa para todas as características de produção, à exceção da variável porcentagem de material morto tanto para o período das águas, quanto para o período da seca, evidenciando a possibilidade de ganhos consideráveis com a seleção.

As características apresentaram níveis diferenciados de variabilidade genética, conforme evidenciado por seus respectivos coeficientes de variação genético.

Os critérios de seleção utilizados mostram-se eficientes para aplicação no melhoramento de *Panicum maximum*, mas os maiores ganhos genéticos são proporcionados pela seleção combinada. Entretanto, as seleções massal e massal estratificada promovem ganhos genéticos altos e podem ser utilizados no melhoramento de *Panicum maximum*.

As genitoras 7, 1, 3 e 5 são promissoras e podem ser usadas para futuros cruzamentos em *Panicum maximum*.

Referências Bibliográficas

- ALLARD, R.W. Princípios de melhoramento genético das plantas. São Paulo: Edgard Blücher, 1971. 381p.
- BRANCIO, P.A., NASCIMENTO JUNIOR, D., EUCLIDES, V.B.P., FONSECA, D.F., ALMEIDA, R.G., MACEDO, M.C.M., BARBOSA, R.A. Avaliação de três cultivares de *Panicum maximum* sob pastejo: composição da dieta, consumo de matéria seca e ganho de peso animal. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.32, n.5, p. 1037-1044, 2003
- BUENO, L.C.S., MENDES, A.N.G., CARVALHO, S.P. **Melhoramento genético de plantas**. Lavras. Ed. UFLA. 282 p. 2001.
- COMBES, D., PÉRNES, J. **Variation ans les nombres chromosomiques du *Panium maximum* en relation avec le mode de reproduction. Comptes Rendues Academie Science**, Paris, Sér. D., v.270 p.782-785. 1970.
- COSTA, R.B., RESENDE, M.D.V., ARAÚJO, A.J., GONÇALVES, P.S., BORTOLLETO, N. Seleção combinada univariada e multivariada aplicada ao melhoramento genético da seringueira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. v. 35, n. 2, p. 381-388. 2000.
- CRUZ, C.D. **Programa Genes: Biometria**. Viçosa : UFV, 2006a. 382p.

- CRUZ, C.D. **Programa Genes: Estatística experimental e matrizes**. Viçosa : UFV, 2006b. 285p.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. v 1 Viçosa : UFV, 2004. 480p.
- DIFANTE, G. **Desempenho e comportamento ingestivo de novilhos em *Panicum maximum* Jacq. Cv. Tanzaânia em lotação intermitente**. Universidade Federal de Viçosa. Tese (Doutorado em Zootecnia). Universidade Federal de Viçosa. 2005. 179 p.
- JANK, L.; SAVIDAN, Y.; SOUZA, M.T.; COSTA, J.G.C. Avaliação do germoplasma de *Panicum maximum* introduzido da África. 1. Produção forrageira. **Revista Brasileira de Zootecnia** v.23, p.433-440. 1994.
- JANK, L.; VERZIGNASSI, J.R.; URBEN, A.F.; FERNANDES, C.D.; FERNANDES, J.M.; VALLE, C.B. Ocorrência de *Tilletia ayresii* em genótipos de *Panicum maximum* em Campo Grande. **Fitopatologia Brasileira**, v. 26, suplemento, p. 422, 2001.
- KAGEYAMA, P.Y. **Variação genética em progênes de uma população de *Eucalyptos grandis* (Hill) Maiden**. Piracicaba Tese (Doutorado). Esalq. 1980, 125p.
- LIN, C.Y., ALLAIRE, R.R. Heritability of a linear combination traits. **Theoretical and applied genetics**, n.51, p. 1-3, 1977.
- MAÊDA, J.M., PIRES, I.E., BORGES, R.C.G., CRUZ, C.D., Critérios de seleção uni e multivariados no melhoramento genético de *Virola surinamensis* Warb. **Floresta e ambiente**. v. 8, n. 1. p. 61-69, 2001.
- MARTINS, I.S., CRUZ, C.D., ROCHA, M.G.B., REGAZZI, A.J., PIRES, I.E. Comparação entre os processos de seleção entre e dentro de seleção combinada em progênes de *Eucalyptos grandis*. **Revista Cerne**. v. 11, n. 1, p. 14-21, 2005.
- MARTUSCELLO, J.A., FONSECA, D.M., NASCIMENTO JÚNIOR, D., SANTOS, P.M., CUNHA, D.N.F.V. Características morfogênicas e estruturais de capim-massai submetido a

- adubação nitrogenada e desfolhação. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 35, n.3, p. 665-671, 2006.
- NEGREIROS, J. R. da S. **Seleção combinada, massal e entre e dentro, análise de trilha e repetibilidade em progênies de meios – irmãos de maracujazeiro (*Passiflora edulis f. flavicarpa*)**. 2006. 128f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2006.
- PIRES, I. E. **Eficiência da seleção combinada no melhoramento genético de *Eucalyptus spp.*** Viçosa, MG: UFV, 1996. 116f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, 1996.
- RESENDE, R.M.S., JANK, L., VALLE, C.B., BONATO, A.L. Biometrical analysis and selection of tetraploid progenies of *Panicum maximum* using mixed model methods. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 39. n. 4, p. 335-341. 2004.
- RODRIGUES, M.T, VIEIRA, R. Metodologias aplicadas ao fracionamento de alimentos. In: **Nutrição de Ruminantes**. BERCHIELLI, T.T., PIRES, A.V., OLIVEIRA, S.G. (Ed.). p.25-56. 2006.
- ROSADO, A. M. **Seleção entre e dentro de famílias e baseada nos valores genéticos obtidos pelo índice combinado e BLUP em eucalipto**. Viçosa, MG: UFV, 2003. 76f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa. 2003.
- ROUTSALAINEN, S., LINDGREEN, D. Predicting genetic gain of backward and forward selection in forest tree breeding. **Silvae Genetica**, v.47, n.1, p.42- 50, 1998.
- SMITH, R.L. Breeding *Panicum maximum* Jacq. **Proceedings of the Soil and Crop Science Society of Florida**. v.12, p. 624-627. 1975.

- SOUZA, E.M., ISEPON, O.J., ALVES, J.B., BASTOS, J.F.P., LIMA, R.C. Efeitos da irrigação e adubação nitrogenada sobre a massa de forragem de cultivares de *Panicum maximum* Jacq. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, n.4, p.1146-1155. 2005.
- VALLE, C.B., PEREIRA, A.V., JANK, L. Melhoramento de forrageiras tropicais. In: **CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS**, 1, 2001. Goiânia. Anais. Goiânia: Embrapa-CNPAP, Universidade Federal de Goiás. Seção: Palestras, 2001.
- VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E. & VIEGAS, G. P. (Ed.). **Melhoramento e produção do milho no Brasil**. Campinas: Fundação Cargill, 1987. p. 135 – 214.