



YASMIN VASQUES BERCHEMBROCK

**OBTENÇÃO DA POPULAÇÃO BASE PARA UM
PROGRAMA DE SELEÇÃO RECORRENTE EM *Brachiaria*
*humidicola***

**LAVRAS – MG
2017**

YASMIN VASQUES BERCHEMBROCK

**OBTENÇÃO DA POPULAÇÃO BASE PARA UM
PROGRAMA DE SELEÇÃO RECORRENTE EM *Brachiaria*
*humidicola***

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas para a obtenção do título de Mestre.

Prof^o Dr. José Airton Rodrigues Nunes
Orientador
Dra. Cacilda Borges do Valle
Coorientadora

**LAVRAS - MG
2017**

Ficha catalográfica elaborada pelo Sistema de Geração de Ficha Catalográfica da Biblioteca
Universitária da UFLA, com dados informados pelo(a) próprio(a) autor(a).

Berchembrock, Yasmin Vasques.

Obtenção da população base para um programa de seleção
recorrente em *Brachiaria humidicola* / Yasmin Vasques
Berchembrock. - 2017.

53 p.

Orientador(a): José Airton Rodrigues Nunes.

Coorientador(a): Cacilda Borges do Valle.

Dissertação (mestrado acadêmico) - Universidade Federal de
Lavras, 2017.

Bibliografia.

1. Seleção recorrente intrapopulacional. 2. Correlação genética.
3. Ganhos de seleção. I. Nunes, José Airton Rodrigues. II. Valle,
Cacilda Borges do. III. Título.

YASMIN VASQUES BERCHEMBROCK

**OBTENÇÃO DA POPULAÇÃO BASE PARA UM PROGRAMA DE SELEÇÃO
RECORRENTE EM *Brachiaria humidicola***

**OBTAINING THE BASIC POPULATION FOR A RECURRENT SELECTION
PROGRAM IN *Brachiaria humidicola***

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas para a obtenção do título de Mestre.

APROVADA em 14 de março de 2017.

Dr. Magno Antonio Patto Ramalho - UFLA

Dr. Sanzio Carvalho Lima Barrios – Embrapa Gado de Corte

Profº Dr. José Airton Rodrigues Nunes

Orientador

Dra. Cacilda Borges do Valle

Coorientadora

LAVRAS - MG

2017

*Aos meus pais, Rosa e Edgard, por sempre sonharem e batalharem comigo.
Aos meus irmãos, Roger e Rafaela, meus amigos de sangue para toda a vida.
Ao meu parceiro de caminhada, Rafael, por juntos nos tornarmos mais fortes.*

DEDICO

AGRADECIMENTOS

À minha família, pelo amor carinho, atenção, cuidado e pelo apoio em todos os momentos.

À Universidade Federal de Lavras, principalmente ao Departamento de Biologia.

Ao programa de pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, aos professores pelos ensinamentos, principalmente ao meu orientador José Airton Rodrigues Nunes pela paciência, por todo conhecimento transmitido e a todos os funcionários do Departamento de Biologia.

À Embrapa Gado de Corte, em especial a Cacilda Borges do Valle pelo grande exemplo de mulher, aos demais estagiários e funcionários de laboratório e campo.

Aos meus colegas e amigos do GEN que contribuíram na minha formação acadêmica e crescimento pessoal, em especial ao Indalécio Cunha Jr. por sempre estar pacientemente disposto a tirar minhas dúvidas, que não foram poucas.

Aos Apáticos 2015/1 e agregados, por termos começado e encerrado essa caminhada sempre juntos e torcendo pelas vitórias um do outro.

Aos meus amigos mais distantes, que mesmo longe sempre acreditaram em mim e me apoiaram, apesar de toda distância, vocês fizeram parte da realização desse sonho.

À CAPES pelo apoio financeiro.

Meus sinceros agradecimentos.

*“Ninguém ignora tudo. Ninguém sabe tudo. Todos nós sabemos alguma coisa.
Todos nós ignoramos alguma coisa. Por isso aprendemos sempre.
Se a educação sozinha não transforma a sociedade,
sem ela tampouco a sociedade muda” Paulo Freire*

RESUMO

A *Brachiaria humidicola* é uma espécie forrageira importante pela sua adaptação a solos ácidos e mal drenados. Contudo, em se tratando de melhoramento genético, esta espécie apresenta forte limitação no que concerne a existência de apenas uma única fonte sexual poliploide. Neste trabalho objetivou-se selecionar híbridos sexuais superiores para caracteres agronômicos e de valor nutritivo a partir da avaliação de progênies sexuais de meios-irmãos de *B. humidicola* do primeiro ciclo de seleção recorrente intrapopulacional. Ademais, procedeu-se à estimação de parâmetros genéticos a fim de auxiliar na definição de estratégias de seleção e informar sobre a possibilidade de ganhos genéticos. Foram avaliadas em delineamento de blocos incompletos nove progênies de meios-irmãos do cruzamento entre genitores sexuais, perfazendo 605 híbridos. Avaliaram-se os caracteres agronômicos de peso verde de campo (PVC), porcentagem de folha (%F), relação folha colmo (RFC), produtividade da matéria seca total (MST), produtividade da matéria seca foliar (MSF) e rebrota (REB) em até seis cortes realizados em intervalos de 30 a 60 dias, no período de chuvas e seca. Quanto aos caracteres de valor nutritivo foram avaliados teor de proteína bruta (PB), fibra em detergente neutro (FDN), fibra em detergente ácido (FDA), digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica (DIVMO) e lignina (LIG) avaliados em dois cortes. Observou-se ausência de variabilidade dos efeitos aditivos totais, no entanto, ao se considerar efeitos permanentes de indivíduos diferenças significativas foram observadas ($p < 0,05$) para a maioria dos caracteres avaliados, indicando a predominância de efeitos de dominância no controle genéticos dessas características. As correlações genéticas foram positivas entre caracteres agronômicos, com destaque para PVC, que apresentou maior magnitude de correlação com PMT e PMF. Os caracteres de valor nutritivo apresentaram menores a negativas magnitudes de correlações com caracteres agronômicos, indicando dificuldade na associação dessas características visando ganhos com a seleção. As estimativas dos ganhos diretos com a seleção foram positivas para todas as características, além de apresentarem uma boa coincidência com os ganhos baseado na seleção multi-característica, indicando possibilidade de seleção de genótipos superiores de *B. humidicola* e progressos com a seleção em ciclos de seleção recorrente intrapopulacional.

Palavras-Chave: Seleção recorrente intrapopulacional. Correlação genética. Ganhos de seleção. Melhoramento de forrageiras

ABSTRACT

The *Brachiaria humidicola* is an important forage specie, due to its adaptation to acidic and poorly drained soils. However, when it comes to genetic improvement, such specie presents a strong limitation regarding the existence of a single polyploid sexual source. The objective of this study was to select superior sexual hybrids with agronomic and nutritional value traits, based on the evaluation of *B. humidicola* half-siblings progenies, from the first cycle of intrapopulation recurrent selection. In addition, genetic parameters were estimated in order to help in the definition of selection strategies reporting on the possibility of genetic gains. In the outline of incomplete blocks, nine half-siblings progenies of the cross-breeding between sexual parents were evaluated, making 605 hybrids. The agronomic characteristics of green field weight (GFW), percentage of leaf (% L), leaf:stem ratio (LSR), total dry matter yield (TDMY), leaf dry matter yield (LDMY) and regrowth (REG) in up to six cuts performed at intervals of 30 to 60 days in the rainy season and dry season. The nutritive value traits were evaluated in crude protein (CP), neutral detergent fiber (NDF), acid detergent fiber (ADF), in vitro digestibility of organic matter (IVDOM) and lignin (LIG) evaluated in two cuts. It was observed the absence of variability of the total additive effects, however, when considering permanent effects of individuals significant differences were observed ($p < 0.05$) for most of the evaluated characters, indicating the predominance of dominance effects in the genetic control of these characteristics. The genetic correlations were positive among agronomic characters, with emphasis on GFW, which presented higher magnitude of correlation with TDMY and LDMY. The characters of nutritive value presented lower to negative magnitudes of correlations with agronomic characters, indicating difficulty in the association of these characteristics with the selection. The direct gains estimated from the selection were positive for all the characteristics, besides showing a good coincidence with the gains based on the multi-characteristic selection, indicating possibility of selection of superior genotypes of *B. humidicola* and progress with the selection in cycles of recurrent intrapopulation selection.

Palavras-Chave: Recurrent intrapopulation selection. Genetic correlation. Genetic gain. Forage breeding.

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	11
2 REFERENCIAL TEÓRICO	13
2.1 Gênero <i>Brachiaria</i> e a espécie <i>Brachiaria humidicola</i> (Syn. <i>Urochloa humidicola</i>).....	13
2.2 Melhoramento genético da <i>B. humidicola</i> (Syn. <i>U. humidicola</i>).....	15
2.2.1 Nível de ploidia	17
2.2.2 Modo de reprodução	19
2.3 Seleção recorrente no melhoramento genético de forrageiras	20
2.4 Análise estatística e estimativa de parâmetros genéticos no melhoramento de forrageiras	22
3 MATERIAL E MÉTODOS	26
3.1 Local.....	26
3.2 Seleção intrapopulacional em <i>B. humidicola</i>.....	26
3.2.1 População base (ciclo 0) e escolha dos genitores.....	26
3.2.2 Obtenção da população de ciclo 1	27
3.2.3 Avaliação das progênes do ciclo 1	27
3.3 Caracteres avaliados	28
3.4 Análise estatística.....	29
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	32
5 CONCLUSÃO.....	46
REFERÊNCIAS	47

1 INTRODUÇÃO

A pecuária brasileira possui a sua demanda alimentar baseada na produção de forrageiras em sistemas de pastejo. O Brasil é o segundo maior produtor e o maior exportador de carne bovina do mundo desde 2004 (JANK et al., 2014; VALLE; JANK; RESENDE 2009). Exportou no primeiro semestre de 2016 uma média de 140 mil toneladas por mês de carne bovina, mais de 10 mil toneladas a mais que no mesmo período em 2015, chegando a contribuir cerca de 30% ao Produto Interno Bruto (PIB) brasileiro somente no setor pecuário (ABIEC, 2015). Sendo assim, a área de pastagem se destaca como importante negócio agrícola para o país.

Nas áreas tropicais as espécies forrageiras mais cultivadas são algumas espécies do gênero *Brachiaria*, como *B. decumbens*, *B. brizantha*, *B. ruziziensis* e *B. humidicola* (Syn. *Urochloa decumbens*, *U. brizantha*, *U. ruziziensis* e *U. humidicola*) e da espécie *Panicum maximum*. Estima-se que somente as espécies forrageiras do gênero *Brachiaria* ocupem cerca de 85% das áreas de pastagem cultivadas no mundo, sendo esta área no Brasil de 99 milhões de hectares (JANK et al., 2014). Neste caso, ganha destaque a produção e exportação de sementes forrageiras tropicais, sendo Brasil o maior produtor, exportador e também o maior consumidor. Não obstante à grande área cultivada com espécies forrageiras, tem-se um problema vigente sobre o pequeno número de cultivares comercializadas Marandu (*B. brizantha*), Basilisk (*B. decumbens*), Mombaça e Tanzânia (*P. maximum*), apesar dos lançamentos de novas cultivares nos últimos dez anos como BRS Piatã e BRS Paiaguás (*B. brizantha*), BRS Ipyporã (*B. brizantha* x *B. ruziziensis*) e BRS Zuri, BRS Tamani e BRS Quênia (*P. maximum*) (ABRASEM, 2014; JANK et al., 2014).

Dentre as espécies do gênero *Brachiaria*, a espécie *B. humidicola* se destaca principalmente pela sua adaptação a solos ácidos e mal drenados, ou até mesmo que se encontram temporariamente alagados (ASSIS et al., 2013). Com isso, tornou-se uma espécie de grande importância nas regiões amazônicas e mais recentemente no ecossistema pantanal da região centro-oeste brasileira (SANTOS et al., 2002). No mercado brasileiro encontram-se disponíveis somente três cultivares da espécie: cv. Llanero, cv. Comum e a mais recente, BRS Tupi.

Os caracteres relacionados com a produção de biomassa e à qualidade de *B. humidicola* indubitavelmente envolvem muitos genes ou QTLs, além da expressão fenotípica

ser fortemente influenciada por inúmeros fatores ambientais. Neste contexto, uma estratégia de melhoramento pertinente no sentido de buscar o desenvolvimento de genótipos superiores é a seleção recorrente. Esse método se caracteriza como um processo cíclico de seleção, visando o aumento gradativo e contínuo de alelos favoráveis na população, mantendo sua variabilidade genética conforme avanço de novos ciclos seletivos (FEHR, 1987; PINTO; NETO; SOUZA JR., 2000).

As hibridações em *Brachiaria humidicola* apenas foram possibilitadas prontamente com a descoberta de um único acesso sexual (H31) hexaploide no Banco Ativo de Germoplasma (BAG) do Centro Nacional de Pesquisa de Gado de Corte (CNPGC – EMBRAPA) (CHIARI et al., 2007). A partir dos cruzamentos entre genitores apomíticos com a fonte sexual tornou-se possível a ampliação da variabilidade genética tendo-se na descendência novas fontes sexuais, uma vez destes cruzamentos segregam progênies para ambos os modos de reprodução (VALLE; GLIENKE, 1993; MILES; ESCANDÓN, 1996; FIGUEIREDO; NUNES. VALLE, 2012). Além disso, foi descoberto em estudo realizado por ZORZATTO et al. (2010) um marcador ligado à apomixia em *B. humidicola*, capaz de diferenciar os genótipos apomíticos dos sexuais, facilitando esta distinção.

Genitores sexuais em *B. humidicola* devem reunir fenótipos favoráveis para uma série de características agrônômicas, como produtividade de matéria seca total, produtividade de matéria seca foliar, porcentagem de folhas, capacidade de rebrota após o corte e resistência a insetos e doenças; e de valor nutritivo, como digestibilidade da fibra, teor de fibra, teor de proteína, entre outros (VALLE; JANK; RESENDE, 2009). Dois aspectos comuns neste elenco de caracteres é o controle por muitos genes e a pronunciada influência exercida por variados fatores ambientais que justificam o emprego do método de seleção recorrente como a estratégia de melhoramento mais adequada e eficiente na geração de variabilidade e obtenção de genótipos sexuais superiores.

Diante do exposto, objetivou-se neste trabalho selecionar híbridos sexuais superiores para caracteres agrônômicos e de valor nutritivo a partir da avaliação de progênies sexuais de meios-irmãos de *B. humidicola* para obtenção da população base de seleção recorrente intrapopulacional. Ademais, o trabalho visou estimar parâmetros genéticos a fim de auxiliar na definição de estratégias de seleção e informar sobre a possibilidade de ganhos genéticos.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Gênero *Brachiaria* e a espécie *Brachiaria humidicola* (Syn. *Urochloa humidicola*)

O nome *Brachiaria* foi descrito pela primeira vez por Trinius (1826) como uma subdivisão do *Panicum*. Já em 1853, *Brachiaria* foi elevada ao nível de gênero por Grisebach, classificado como domínio Eukaryota, reino Plantae, superdivisão Spermatophyta, divisão Magnoliophyta, classe Liliopsida, subclasse Commelinidae, ordem Poales e família Poacea (GRISEBACH, 1853; MARTINS, 2013). O gênero *Brachiaria* abrange plantas nativas de regiões tropicais, sendo encontradas espécies em diversos habitats, desde regiões semiáridas a alagadas (GONZÁLEZ; MORTON, 2005). São caracterizadas principalmente por apresentarem flores hermafroditas ou masculinas, colmo herbáceo, espiga unilateral ou panícula e espiguetas de forma ovalada e comprimida dorsiventralmente em relação ao eixo do racemo com a gluma inferior adjacente à raquis (MONTEIRO; LUCAS; SOUTO, 1974; SENDULSKY, 1978).

Apesar de o gênero *Brachiaria* ter sido descrito no século XIX ainda há controvérsias quanto a sua diferenciação em relação a gêneros próximos, como *Urochloa*, *Eriochloa* e *Panicum*. O gênero *Urochloa* está intimamente ligado à *Brachiaria* e tem sido diferenciado principalmente pela orientação da espigueta. A *Brachiaria* é definida como orientação adaxial com a gluma inferior voltada para a ráquis, enquanto a *Urochloa* apresenta orientação abaxial e gluma inferior oposta à ráquis. No entanto, essas características são simples de diferenciar em espiguetas únicas nos ramos primários, tornando mais dificilmente sua identificação em espiguetas dispostas aos pares, no qual ambos apresentam orientação adaxial (MORRONE; ZULOAGA 1992).

Alguns autores, baseados em estudos florísticos, incluíram no gênero *Urochloa* a maioria das espécies de *Brachiaria*. No caso de espécies australianas, essa reclassificação foi realizada por Webster (1987), o qual afirmava que as espécies que apresentavam espiguetas desarticuladas acima ou abaixo da gluma deveriam ser separadas em gêneros distintos (RENVOIZE; CLAYTON; KABUYE, 1998). Os autores Morrone e Zuloaga (1992) utilizaram como característica principal para separação dos gêneros o tipo de articulação da espigueta, a simetria da inflorescência, textura e ornamentação do antécio anterior e presença

ou ausência de crista, arista e esporão e forma do calo na base do antécio superior. Já Gonzales e Morton (2005), realizaram análises filogenéticas moleculares e morfológicas entre algumas espécies de ambos os gêneros, concluindo que todas elas pertencem a grupos monofiléticos. Devido à maioria das espécies desses gêneros serem poliploides existe maior propensão à diversificação do genoma acarretando plasticidade. A proposta atual é de se aplicar estudos com marcadores moleculares para estabelecer a identidade de materiais, bem como a relação entre espécies e gêneros. Devido a grandes controvérsias quanto à diferenciação de espécies dentro desses dois gêneros, no Brasil ainda se conserva a denominação *Brachiaria* até que novos estudos sejam conduzidos.

O gênero *Brachiaria* se destaca pela alta produção de matéria seca total, boa adaptabilidade a diferentes tipos de solo e crescimento bem distribuído ao longo do ano (SEIFFERT, 1980). As espécies mais importantes economicamente são *Brachiaria brizantha* (*Syn. Urochloa brizantha*), *B. decumbens* (*Syn. U. decumbens*), *B. ruziziensis* (*Syn. U. ruziziensis*) e *B. humidicola* (*Syn. U. humidicola*), espécies perenes nativas do Leste e África Central (CHIARI et al., 2008; VALLE; JANK; RESENDE, 2009; WORTHINGTON; MILES, 2015).

A espécie *Brachiaria humidicola* é caracterizada como uma planta forrageira de hábito perene e estolonífera. A espécie foi confundida muito tempo com *B. dictyoneura*, no entanto, foram discriminadas principalmente pelo hábito de crescimento, no qual a *B. dictyoneura* se comporta formando touceiras perenes com baixa emissão de estolões. É uma planta nativa do leste e sudeste da África e de regiões úmidas, característica responsável pela crescente utilização da espécie na região norte do Brasil. É popularmente conhecida como capim-coronívia, braquiária rastejante (Austrália), falso paspalum rastejante (Inglês) e quicuío da Amazônia (Brasil) (SEIFFERT, 1980; FIGUEIREDO; NUNES; VALLE, 2012; ASSIS et al., 2013). As plantas da espécie *B. humidicola* apresentam de um a quatro racemos dispersos no eixo central, ráquis com aproximadamente um milímetro de largura, espiguetas elípticas ou oblongas com cerca de cinco milímetros de comprimento, gluma inferior com mais de dois terços do comprimento da espigueta e com nervuras, gluma superior e lema inferior com nervuras reticuladas e estolões de cor avermelhada (MITIDIERI, 1983; RENVOIZE; CLAYTON; KABUYE, 1998). O modo principal de reprodução observado nas espécies de *B. humidicola* é apomixia facultativa do tipo apospórica (JUNGMANN et al., 2010), caracterizada pela capacidade da planta em se reproduzir tanto sexual como apomiticamente.

O grande obstáculo das cultivares de *B. humidicola* disponíveis comercialmente é o baixo valor nutritivo da forragem quando comparado a outras espécies do gênero. Em estudo realizado por Lopes et. al (2010) comparando a cv. Comum (*B. humidicola*) com outras três espécies do gênero *Brachiaria* (*B. decumbens* cv. Basilisk, *B. ruziziensis*, *B. brizantha* cv. Marandu) obteve-se os piores valores para digestibilidade *in vitro* e *in situ* de matéria seca. A digestibilidade pode ser entendida como o potencial alimentar de conversão de macromoléculas dos nutrientes em compostos mais simples, capazes de serem absorvidos a partir do trato gastrointestinal (MARIN, et al. 2003). Além disso, os autores observaram uma maior concentração de frações fibrosas e indigestíveis, altas concentrações de proteínas de média e lenta taxa de degradação e valores de proteína bruta de 6,8%. Níveis de proteína bruta abaixo do nível adequado de 7% para ruminantes, proposto por Minson (1990), limitam a síntese de proteína microbiana acarretando prejuízos para os níveis de consumo e digestibilidade suficientes para manutenção do animal (REIS; TEIXEIRA; SIQUEIRA, 2006). Esses resultados se assemelham ao encontrado por Assis et al. (2014) em híbridos de *B. humidicola*, no qual o teor médio de proteína bruta encontrado foi de 7,29%, e por Figueiredo, Nunes e Valle. (2012) com teores médios de proteína bruta da folha de 9,03% e do caule de 6,22%. Além disso, Assis et al. (2014), observou uma baixa variabilidade para as características bromatológicas estudadas, não constatando grandes diferenças entre os híbridos avaliados e a cv. Comum, indicando uma grande necessidade de diferentes estratégias a fim de encontrar variabilidade genética para tais características.

Outra característica da *B. humidicola* relatada por Souza Filho et. al (2005), foi a presença de um ácido conhecido como *p*-cumárico, que apresenta uma atividade alelopática inibitória da germinação e desenvolvimento da radícula em sementes de algumas plantas daninhas que variam de acordo com as concentrações do ácido e das espécies testadas. Isso faz da *B. humidicola* uma boa planta colonizadora, permitindo a formação de pastagens livres de invasoras.

2.2 Melhoramento genético da *B. humidicola* (Syn. *U. humidicola*)

A maioria das espécies forrageiras tropicais utilizadas e passíveis de melhoramento é originária da África, continente com alta população de ruminantes, o que favoreceu a seleção para adaptação ao pastejo, ataque de predadores e condições edafoclimáticas. Essas espécies

se caracterizam principalmente pela boa capacidade de suporte e rebrota, características indispensáveis ao sistema produtivo de pecuária a pasto (VALLE; JANK; RESENDE, 2009).

O grande desafio do melhoramento de plantas forrageiras está no fato do alvo não ser a planta em si, mas o desempenho animal em pastagem avaliando-se o produto final como carne ou leite, em um sistema complexo de interação solo-planta-animal-clima. Sendo assim, a geração de novas cultivares de espécies de forrageiras tropicais deve englobar uma equipe multidisciplinar, no qual se avaliam as mais diferentes variáveis que interferem nesta interação.

O programa de melhoramento de *Brachiaria* no Brasil se iniciou a partir da introdução de genótipos coletados na década de 1980 em uma expedição de coleta no leste africano, numa parceria entre o Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), o International Livestock Center for Africa (ILCA) e instituições de pesquisa locais em cada país visitado. A coleta ocorreu principalmente em seis países: Burundi, Etiópia, Quênia, Ruanda, Tanzânia e Zimbábue (MILES et al., 2004). Cerca de 500 acessos de diferentes espécies foram então introduzidos e mantidos no Banco Ativo de Germoplasma (BAG) do Centro Nacional de Pesquisa de Gado de Corte (CNPGC – EMBRAPA), em Campo Grande/MS-Brasil, e conservados *ex situ* e *in vivo*, se tornando a principal fonte de variabilidade da espécie no país. A coleção conta com 455 acessos representados por 13 espécies do gênero *Brachiaria*, sendo a espécie *B. humidicola* constituída por um total de 58 acessos (CANÇADO, 2009) sendo apenas um sexual (CHIARI et al., 2007; FIGUEIREDO; NUNES; VALLE, 2012). A partir da introdução dos genótipos africanos foram realizadas avaliações sistemáticas para identificação de indivíduos superiores, quanto a caracteres como resistência a cigarrinhas, alto valor nutritivo, adaptação a solos ácidos, alta produção de folhas e de sementes, perfilhamento, capacidade de competição, rebrota, entre outros (MILES, 1997; TIMBÓ, 2014) a fim de identificar potenciais candidatos a cultivares.

A partir da introdução e avaliação desses acessos, foi obtido a única cultivar de *B. humidicola* selecionada para as condições brasileiras, cv. BRS Tupi. A cultivar foi resultado de seleção massal em populações derivadas de uma planta trazida do Burundi. Os trabalhos de seleção duraram 18 anos sendo coordenados pela Embrapa Gado de Corte em parceria com outras instituições. A cultivar foi registrada junto ao Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA) no ano de 2004, recebeu o certificado de cultivar protegida em 2009 e foi lançada oficialmente no ano de 2012 (VALLE, 2011). Além dessa, as únicas cultivares

da espécie no mercado são as cv. Llanero e a cv. Comum. A cv. Llanero foi introduzida em 1978 pelo ICA (Instituto Colombiano Agropecuário) a partir de sementes da Austrália, coletadas no Zimbábue (ex-Zâmbia) em 1971 e foram registradas no Brasil em 1999. Já a cv. Comum registrada em 2000 no Brasil cresce de forma nativa na África equatorial e foi introduzida da Austrália em 1952 (MAPA, 2016; MATSUDA, 2016).

A busca por novas cultivares de *B. humidicola* se mostra necessária devido à baixa oferta de cultivares da espécie no mercado. Além disso, trata-se de uma espécie apomítica e capaz de suportar condições de alagamento ou drenagem deficiente. Por isso, há a necessidade de que se tenham genótipos diferentes para essas regiões evitando a monocultura e prevenindo possíveis danos devido a problemas bióticos ou abióticos. O programa de melhoramento da espécie tem uma alta dependência da formação de novos híbridos para aumentar a variabilidade genética, utilizando-se de genótipos sexuais e pólen de acessos apomíticos ou de híbridos (BOLDRINI; PAGLIARINI; VALLE, 2006).

A efetiva utilização de genótipos de *Brachiaria* dentro de um programa de melhoramento depende da determinação de características como o nível de ploidia, o comportamento cromossômico durante as divisões meióticas e principalmente o modo de reprodução, para definição e escolha dos métodos de melhoramento aplicados a determinadas espécies, além de estimar componentes genéticos, fenotípicos e ambientais. As maiores dificuldades na obtenção de cultivares superiores de *Brachiaria* estão na sua ploidia, conjunto básico de cromossomos e no modo de reprodução.

2.2.1 Nível de ploidia

A ploidia se caracteriza como o conjunto básico de cromossomos presentes no núcleo de uma célula. A maioria das espécies do gênero *Brachiaria* é poliploide, ou seja, possui o conjunto básico em múltiplas cópias. A determinação dos níveis de ploidia pode ser realizada via contagem cromossômica ou por estimativa do conteúdo de DNA, utilizando a técnica de citometria de fluxo (TIMBÓ et al. 2014). Determinar os níveis de ploidia é importante na seleção de genitores compatíveis e conhecimento do comportamento meiótico do indivíduo, além de auxiliar na obtenção de híbridos inter e intraespecíficos dentro de um programa de melhoramento.

Os programas de melhoramento de *Brachiaria* visam aumentar a fonte de variabilidade genética das espécies utilizando-se de genótipos sexuais e pólen de acessos apomíticos ou de híbridos (BOLDRINI; PAGLIARINI; VALLE, 2006). Como ferramenta para driblar os diferentes níveis de ploidia e possibilitar o cruzamento entre plantas com níveis distintos, o principal método utilizado em *Brachiaria* tem sido a duplicação cromossômica artificial utilizando-se principalmente a aplicação de substâncias como a colchicina. Esse método consiste em tratar meristemas, ou seja, regiões onde estão ocorrendo divisões celulares com substâncias que obstem a formação das fibras do fuso impedindo a separação dos cromossomos durante a anáfase (MONDIN; NETO, 2006). No entanto, o alto grau de toxidez desse mutagênico tem levado pesquisadores a procurarem novas técnicas alternativas para a duplicação cromossômica (PEREIRA et al., 2012).

Os poliploides podem apresentar-se superiores quando comparados aos diploides. O número de cromossomos duplicados e a necessidade de acomodação de todo o material genético resulta em um aumento do volume nuclear e conseqüentemente o aumento do tamanho das células e de órgãos da planta, conhecido como efeito giga (MONDIN; NETO, 2006). Além dos aspectos morfológicos observa-se maior tolerância a estresses ambientais e melhor adaptação, no entanto, a poliploidia pode resultar em algumas anormalidades durante a meiose para alguns genótipos comprometendo a fertilidade do pólen e acarretando em sementes não viáveis, fator indesejável dentro de um programa de melhoramento (PEREIRA et al., 2012).

O número básico de cromossomos definido para espécies do gênero da *Brachiaria* era até então, mais comumente $x=9$ podendo encontrar acessos $x=7$ (MILES; VALLE, 1996; BOLDRINI; PAGLIARINI; VALLE, 2009). No entanto, em estudos realizados por Boldrini, Pagliarini e Valle (2009) foi encontrado um novo número básico, $x = 6$, em acessos de *B. humidicola* do BAG da Embrapa Gado de Corte, caracterizando indivíduos hexaploides, heptaploides e nonaploides, com 36, 42 e 54 cromossomos, além do único acesso sexual em que $2n = 6x = 36$ (RISSO-PASCOTTO; PAGLIARINI; VALLE, 2006; BOLDRINI et al., 2011). Dos 54 acessos da espécie analisados do BAG, 21 acessos apresentaram $2n = 36$, 5 acessos $2n = 42$ e 28 acessos $2n = 54$ cromossomos (BOLDRINI, 2009). Em trabalho realizado por Boldrini, Pagliarini e Valle (2009) com três acessos de *B. humidicola* derivados de $x=6$, sendo dois heptaplóides e um nonaplóide, foi observado assincronia na meiose indicando em todos os casos uma origem aloploiploide. A origem desses acessos pode ser

resultado de cruzamentos entre espécies relacionadas com divergências no ritmo meiótico. Embora esses acessos não devam ser usados em programas de melhoramento com objetivo de hibridação, é um bom indicativo da existência de outros genótipos sexuais da espécie nos locais de origem dos mesmos.

2.2.2 Modo de reprodução

As plantas podem apresentar dois modos de reprodução: assexual e sexual. Em algumas espécies de reprodução assexual as sementes são formadas sem que ocorram as fases de meiose e fertilização, processo conhecido como apomixia, comum em espécies do gênero *Brachiaria* (BESPALHOK; GUERRA; OLIVEIRA, 2015). Apomixia (do grego *apo-* longe e *mixis*-mistura), “longe do ato da mistura” definida como sinônimo de agamosperma (ASKER; JERLING, 1992; DALL’AGNOL; SCHIFINO-WITTMANN, 2005).

A apomixia pode ser subdividida em dois tipos, gametofítica ou esporofítica, também conhecida como embrião adventícia (ASKER, 1979; ASKER; JERLING, 1992). Na apomixia esporofítica, muito comum em espécies dos gêneros *Citrus e Mangifera*, não há formação de sacos embrionários, os embriões diplóides desenvolvem-se diretamente a partir de tecidos ovulares fora do saco embrionário, podendo ser de origem nucelar ou tegumentar (SAVIDAN; CARMAN; DRESSELHAUS, 2001). Além disso, a célula mãe do megásporo pode se desenvolver, e ambas coexistir no óvulo, resultando em apomixia facultativa e poliembrião (CRUZ; FEDERIZZI; MILACH, 1998; DALL’AGNOL; SCHIFINO-WITTMANN, 2005). Na apomixia do tipo gametofítica, há a formação de saco embrionário com número cromossômico não reduzido. Nesse caso, a meiose foi substituída pela mitose a fim de originar o saco embrionário diploide, podendo ser dividida em diplosporia ou aposporia. Na gametofítica diplospórica ocorre a divisão mitótica da célula mãe do megásporo, enquanto na apospórica essa divisão ocorre na célula somática da nucela (CRUZ; FEDERIZZI; MILACH, 1998; HANNA; BASHAW, 1987). A espécie *B. humidicola* é caracterizada por apresentar apomixia facultativa apospórica com formação de saco embrionário do tipo *Panicum* (VALLE; SAVIDAN, 1996). Nesse caso, o saco embrionário formado ao invés de conter oito núcleos haplóides (uma oosfera, duas células sinérgidas, dois núcleos polares e três células antípodas) contém apenas quatro núcleos somáticos (uma oosfera, duas sinérgidas e um núcleo polar), em que a produção de sementes com embriões

somáticos a partir da oosfera ocorre por partenogênese originando uma progênie clonal (BATH; DWIVEDI; KHURANA, 2005). Além disso, na apomixia facultativa a planta produz descendentes tanto de origem sexual quanto de origem apomítica, quando a planta receptora de pólen apresentar reprodução sexual. Apesar das sementes serem formadas sem a necessidade de fecundação, o núcleo polar é fecundado por pseudogamia para formação do endosperma ($3n$), necessitando assim de pólen fértil para a perfeita formação do mesmo e consequente viabilidade das sementes (BOLDRINI; PAGLIARINI; VALLE, 2006; GROSSNIKLAUS 2001, RICCI et al., 2011; VALLE et al. 2008;).

A apomixia trás uma grande vantagem no melhoramento vegetal pelo fato dos embriões apomíticos serem geneticamente idênticos à planta mãe, podendo preservar fenótipos de interesse e até mesmo a heterose ao longo das gerações. Além disso, em espécies forrageiras os pastos formados a partir de cultivares apomíticas apresentam maior uniformidade facilitando o seu manejo. No entanto, a apomixia está relacionada com a baixa variabilidade genética nas espécies. Para contornar esse problema, tem-se utilizado hibridação entre plantas apomíticas e plantas de reprodução sexuada produzindo novas combinações gênicas e fixando a progênie heterozigota (DALL'AGNOL; SCHIFINO-WITTMANN, 2005).

2.3 Seleção recorrente no melhoramento genético de forrageiras

Quando se deseja realizar o melhoramento para um ou mais caracteres, controlados por vários genes, é impossível se obter sucesso em um único ciclo seletivo. A principal alternativa é o emprego da seleção recorrente (HALLAUER, 1992). A seleção recorrente é caracterizada como um método dinâmico e contínuo de melhoramento visando o acúmulo de alelos favoráveis dos caracteres quantitativos sob seleção, deslocando-se as médias a cada ciclo seletivo sem, contudo, perder a variabilidade genética dentro da população (PINTO; NETO; SOUZA JR., 2000).

Cada ciclo de seleção recorrente é caracterizado pelas fases de obtenção de indivíduos ou progênies, avaliação, seleção dos melhores e recombinação daqueles selecionados, visando, desse modo, aumentar a frequência de alelos favoráveis e, conseqüentemente, melhorar a expressão do caráter a ser trabalhado. Esse processo é contínuo e só termina quando o melhorista obtém o genótipo desejado (GERALDI, 1997). A amostra de progênies

ou indivíduos selecionados dentro da população deve representar a variabilidade genética da mesma, podendo se alterar dentro das espécies e das populações. Além disso, deve-se atentar para o tamanho da população, visto que quando muito pequenas, podem acarretar erros de representatividade, possível perda de alelos favoráveis ou fixação dos alelos não favoráveis que podem resultar em altos custos e problemas experimentais (FALCONER, 1989; PINTO, NETO; SOUZA JR., 2000).

A seleção recorrente pode ser subdividida em dois tipos, a seleção recorrente intrapopulacional, que visa à melhora da população *per se*, aumentando o desempenho médio de determinado caráter na população e a seleção recorrente interpopulacional ou seleção recorrente recíproca, que visa o melhoramento simultâneo de duas populações avaliando-se os híbridos gerados entre elas para que se possam extrair linhagens superiores de ambas obtendo-se híbridos superiores, com maior heterose.

A seleção recorrente intrapopulacional pode ser caracterizada em dois tipos quanto ao método de seleção: seleção fenotípica ou massal (seleção de indivíduos) e seleção de famílias, podendo essas serem: meios-irmãos, irmão-germanos, S1 e S2 (BERNARDO, 2010; FEHR, 1987). A seleção fenotípica terá maior eficiência para caracteres de alta herdabilidade, com menor influência ambiental ao qual poderão ser selecionados indivíduos visualmente. Apesar da facilidade de condução e baixo custo esse método é pouco utilizado devido a grande probabilidade de erro associado na seleção (RAMALHO; ABREU; SANTOS, 2003). A seleção com base na avaliação de famílias é mais eficiente já que permite ao melhoristas realizar ensaios com repetições podendo ser avaliados em diferentes ambientes, além de permitir avaliar o valor genotípico das plantas pelo desempenho fenotípico médio de seus descendentes (CARGNIN, 2007).

No caso de seleção recorrente intrapopulacional em *Brachiaria*, essas populações são compostas somente de plantas sexuais, contemplando os efeitos aditivos dos alelos. A cada ciclo, os melhores genótipos sexuais poderão ser cruzados com uma ou mais cultivares apomíticas superiores. A progênie apomítica resultante avançará então para as demais fases do programa de melhoramento a fim de obter uma nova cultivar (MILES; CARDONA; SOTELO, 2006). A utilização da seleção recorrente já se mostrou satisfatória para espécies forrageiras leguminosas como *Arachis sp.* (RESENDE et al., 2008), *Stylosantes sp.* (RESENDE et al., 2008) e algumas espécies de *Brachiaria* (MILES; CARDONA; SOTELO,

2006) e tem se mostrado com grande potencial de utilização em algumas espécies como em *P. maximum* (RESENDE et al., 2004) e *B. ruziziensis* (SOUZA SOBRINHO et al., 2009).

2.4 Análise estatística e estimativa de parâmetros genéticos no melhoramento de forrageiras

O emprego da experimentação e procedimentos estatísticos adequados nos programas melhoramento de forrageiras é indispensável para a melhor percepção da variabilidade e divergência genética, permitindo a predição de valores genéticos aditivos e genotípicos resultando no sucesso da seleção inter ou intrapopulacional.

Dentre as abordagens de análise estatística frequentistas, pode-se destacar a abordagem dos modelos mistos, para fins de estimação e/ou predição no melhoramento genético de forrageiras (NETO; RESENDE, 2001; RESENDE, 2002). Os modelos lineares mistos se caracterizam por englobar modelos que apresentam tanto efeitos aleatórios como efeitos fixos, além da constante e do erro. No entanto, para a qualidade das predições dependem da estimação das componentes de variância (PERRI; IEMMA, 1999). Nesse caso, o método analítico de estimação mais recomendado tem sido o REML (máxima verossimilhança restrita) proposta por Patterson e Thompson (1971). A partir das estimativas das componentes de variância, a seleção dos genótipos pode ser realizada pelo método das predições dos valores genéticos, usando o preditor BLUP (melhor predição linear não tendencioso) (NETO; RESENDE, 2001)

As componentes de variância permitem identificar a variação presente entre os genótipos testados dentro de uma população. Depois de estimados, estes podem ser discriminados em variação genotípica, influência efetiva dos diferentes genótipos da população, e variação ambiental, que é representada pela influência dos efeitos ambientais sobre essas (BOREM; MIRANDA, 2013). Além disso, podem auxiliar no estudo da proporção herdável de cada característica, estimativa de ganhos com a seleção, repetibilidade e correlações genéticas (RESENDE et al., 1995) As estimativas de parâmetros genéticos populacionais como herdabilidade, repetibilidade e correlações genéticas são fatores essenciais dentro de um programa de melhoramento.

As correlações genéticas ou fenotípicas permitem ao melhorista estudar quanto uma característica pode influenciar na expressão de outras, mensuradas em associação linear ou o grau em que estas variam em conjunto, atribuídas a causas genéticas e ambientais

(MARCHIORO et al., 2003; VENCOVSKY; BARRIGA, 1992). Essa influência pode ser fraca, média ou forte, podendo ainda ser positiva ou negativa. A correlação genética entre caracteres ocorre devido ao efeito de pleiotropia ou fenômeno de genes ligados (FALCONER; MACKAY, 1996). O conhecimento acerca da correlação genética é utilizado para fins de seleção simultânea de diferentes caracteres ou para seleção indireta. Nesse caso, quando o caráter de interesse apresenta reduzida herdabilidade ou é de difícil mensuração, a seleção direta é praticada sobre outro caráter de alta correlação genética com o de interesse (MARCHIORO et al., 2003).

Segundo estudo realizado por Basso et al. (2009) em acessos de *B. brizantha*, evidenciou-se uma alta correlação genética entre acúmulo de matéria seca verde (MSV) e matéria seca (MST) e acúmulo de matéria seca verde e matéria seca foliar (MSF). Indicando assim, que o caráter MSV poderá ser utilizado como objetivo da seleção indireta para ganhos genéticos das outras características simultaneamente, sendo de mais fácil mensuração. Em *B. humidicola* foram evidenciadas correlações genotípicas positivas entre caracteres agronômicos, no entanto, relacionada aos teores de proteína bruta de folha e colmo apresentaram correlações negativas. Essa correlação negativa evidencia um desafio para os melhoristas que visam associar características agronômicas e de valores nutritivos como o teor de proteína bruta, sem que haja um detrimento de um em relação ao outro. Sendo assim, a seleção multi característica é indispensável para o sucesso do programa de melhoramento nessa espécie (REYES-PURATA et al., 2009; FIGUEIREDO; NUNES; VALLE, 2012).

A herdabilidade (h^2) pode ser estimada a partir dos componentes de variância associados a genótipos e ao erro experimental, e é caracterizada como a proporção da variância genética presente na variância fenotípica total. Está dividida em herdabilidade no sentido amplo, que considera toda a variância genética sendo utilizada para espécies de propagação assexuada, e a herdabilidade no sentido restrito, que leva em conta somente a variância genética aditiva e que efetivamente é fixada pela seleção e recombinação dos melhores indivíduos na população (BERNARDO, 2010).

Estudos realizados por Figueiredo, Nunes e Valle (2012), considerou a herdabilidade entre médias de 50 progênies de irmãos germanos de *B. humidicola* avaliados em nove cortes. Considerando os caracteres agronômicos como MST, %F, MSF e REB as estimativas de herdabilidade ficaram acima de 0,59 indicando um bom parâmetro para seleção de progênies superiores para os respectivos caracteres. Para os valores nutritivos da folha como PB, FDN,

FDA, DIVMO e LIG a herdabilidade apresentada foi inferior quando comparada a caracteres agronômicos. Já Assis et al. (2013), avaliando MST, MSF, PB, FDN, FDA e LIG em quatorze genótipos sexuais e apomíticos de *B. humidicola* em oito cortes, observou valores inferiores relacionados a PB e LIG. No entanto, no geral, as estimativas de herdabilidade foram satisfatórias evidenciando que na maioria dos casos a maior variação encontrada nesses caracteres é de natureza genética (TABELA 1).

Tabelas 1 - Estimativas de herdabilidade média (h^2) de progênies de *B. humidicola*

	MST	MSF	%F	REB	PB
h^2	0,69 – 0,77	0,59 – 0,63	0,68	0,76	0,07 – 0,66
	FDN	FDA	DIVMO	LIG	
h^2	0,58 – 0,71	0,37 -0,46	0,64	0,03 – 0,35	

MST: matéria seca total (kg. ha⁻¹); %F: porcentagem de folhas; MSF: matéria seca foliar (kg. ha⁻¹); REB: capacidade de rebrota; PBf: teores de proteína bruta na folha; FDNf: fibra em detergente neutro das folhas; FDAf: fibra em detergente ácido das folhas; DIVMOf: digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica das folhas; LIGf: lignina da folha

Fonte: Adaptado por Figueredo et al. (2012) e ASSIS et al. (2013).

O coeficiente de repetibilidade (r) é, estatisticamente, o grau de associação entre as medidas consecutivas de um mesmo indivíduo (SHIMOYA et al., 2002). É um parâmetro que auxilia na definição do número de observações fenotípicas necessárias, em um mesmo genótipo, a fim de se atingir um limite de confiança na seleção de indivíduos na população (FALCONER; MACKAY, 1996; MATIAS, 2015). O valor da característica do mesmo indivíduo tende a repetir-se e depende parcialmente do genótipo, assumindo que o efeito dos genes na característica mensurada é constante e de influências ambientais. A repetibilidade é definida como uma razão de variâncias dependente da variância do ambiente permanente, aqueles que influenciam todas as observações realizadas nos indivíduos, e a variância de ambiente temporário, que influencia apenas uma observação (PEREIRA et al., 2012).

No caso de espécies forrageiras, tais medidas repetidas podem ser consideradas como único caráter, as medições são abordadas como cortes ou colheitas e a análise dos dados é realizada por meio de um modelo de repetibilidade. O número adequado de cortes pode ser aferido pela eficiência, por ciclo seletivo, baseado na repetibilidade e número de medições pré-determinadas ou em função da acurácia seletiva ($r_{\hat{g}}$) ou coeficiente de determinação

($r_{\hat{g}g}$) escolhido *a priori* (RESENDE et al., 2008). À medida que cresce o número de medições do mesmo indivíduo, ocorre redução da variância atribuída a efeitos temporários do ambiente aumentando-se a acurácia da estimativa (PEREIRA et al., 2012).

Segundo estudo realizado por Figueiredo, Nunes e Valle (2012), avaliando-se 50 progênies de *B. humidicola* submetidos a nove cortes e para cinco caracteres agronômicos e cinco de valores nutritivos, o coeficiente de determinação variou de 0,79 a 0,97. Com isso, verifica-se a possibilidade de se selecionar progênies que proporcionem um máximo rendimento de forragem em dois anos e nove cortes. Já em estudo com 77 acessos de capim-elefante (*Pennisetum purpureum Schum*) para características como proteína bruta de folha e colmo, quatro cortes foram suficientes para obter um coeficiente de determinação de 0,80, já com sete cortes o coeficiente de determinação passa a 0,90, valores considerados satisfatórios para obter sucesso na identificação de genótipos superiores (SHIMOYA et al., 2002).

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Local

O experimento foi implantado nas dependências da Embrapa Gado de Corte localizada na cidade de Campo Grande - MS, ao qual se insere na classificação climática Aw de *Köppen*, caracterizada como clima tropical com estação chuvosa no verão e seca no inverno (INMET, 1992). Localizado a 20°27' de latitude Sul e 54°37' de longitude Oeste e altitude aproximada de 530 m. O solo é classificado como Latossolo Roxo Álico com uma composição física de aproximadamente 46,4 % de argila, 23,4% de silte e 30,2% de areia, considerado um solo pesado. A composição química está apresentada na Tabela 2:

Tabela 2 - Análise química do solo da área experimental

Perfil	pH	Ca *	Mg *	Al *	P **	K+ *	V (%)	MO****
0-20cm	5,24	1,90	0,90	0,34	1,10	0,32	38,24	34,01
20-40cm	5,23	1,40	0,65	0,44	0,74	0,14	37,06	17,99

*cmol/dm³ **mg/dm³ ***g/dm³

Fonte: Do autor (2017).

3.2 Seleção intrapopulacional em *B. humidicola*

3.2.1 População base (ciclo 0) e escolha dos genitores

Em estudo realizado por Figueiredo, Nunes e Valle (2012), 50 híbridos resultantes do cruzamento entre o acesso sexual H31, presente no BAG da Embrapa Gado de Corte, e a cv. BRS Tupi foram avaliados quanto a caracteres qualitativos de vigor, densidade de folhas e florescimento. A partir disso foram selecionados nove híbridos sexuais: H05216, H05185, H05350, H05002, H05138, H05024, H05179, H05076 e H05289, os quais foram utilizados como genitores em bloco de recombinação para iniciar o programa de seleção recorrente intrapopulacional em *B. humidicola*

3.2.2 Obtenção da população de ciclo 1

A partir da seleção dos nove genitores sexuais foram montados blocos de recombinação e gerados progênies de meios irmãos. As sementes dos híbridos selecionados foram colhidas no bloco de recombinação e logo após, realizada a escarificação em ácido sulfúrico (H_2SO_4) para quebra de dormência. A germinação destas foi conduzida em papel mata-borrão, colocadas em caixas plásticas do tipo gerbox em presença de fungicida e posteriormente levadas para câmaras de germinação do tipo B.O.D. (Biochemical Oxygen Demand) com fotoperíodo e temperatura controlados. Ao atingir cerca de um cm, sendo caracterizadas como plântulas com presença de radícula e folíolos, foram transferidas para bandejas de isopor com substrato de areia e vermiculita na razão de 1:1. Após atingirem cerca de 2 a 3 cm foram repicadas para tubetes de plásticos e posteriormente transplantadas a campo.

3.2.3 Avaliação das progênies do ciclo 1

As mudas foram transplantadas em 30 de março de 2015 em experimento implantado no delineamento de blocos incompletos, totalizando 26 blocos variando de 10 a 95 parcelas, sendo a parcela constituída por cinco plantas com espaçamento de 2,2 m entre linhas e entre plantas e após a formação constituíram uma área de 1,0 m².

Foram avaliados 605 híbridos relacionados às nove progênies de meios irmãos (TABELA 3), juntamente com os genitores sexuais além das três testemunhas apomíticas (cv. Comum, cv. Tupi e T64). Os genitores e testemunhas foram aleatorizados às parcelas nos blocos do experimento.

Tabela 3 - Tabela referente ao número de híbridos obtidos de cada progênie de meios irmãos de *B. humidicola*.

Progênies	Nº de híbridos	Blocos	Progênies	Nº de híbridos	Blocos
2	120	24	185	65	13
24	85	18	216	60	12
76	40	8	289	90	18
138	95	19	350	25	5
179	25	5			

Fonte: Do autor (2017).

Foram realizados seis cortes das plantas a aproximadamente 10 cm do solo com intervalos de rebrota de 30 a 60 dias, sendo cinco na época das águas: 29/10/2015, 16/12/2015, 3/2/2016, 7/4/2016 e 9/6/2016 e um na época da seca (1/11/2016).

3.3 Caracteres avaliados

Foram avaliados em todos os cortes caracteres agronômicos de peso verde de campo (PVC, g) e notas de rebrota (REB), após sete dias de cada corte, por meio de uma escala de notas (TABELA 4) baseada na densidade (1: menos de 20% dos perfilhos rebrotados; 2: 20%-40%; 3:40%-60%; 4: 60%-80% e 5: mais de 80%) e velocidade de rebrota dos perfilhos (baixa, média e alta de crescimento em altura) (BASSO et al., 2009; FIGUEIREDO, 2011).

Tabela 4 - Notas de rebrota pela combinação de densidade e velocidade de rebrota

Densidade	Velocidade		
	Pouca	Média	Alta
1	0	1	2
2	1	2	3
3	2	3	4
4	3	4	5
5	4	5	6

Fonte: Adaptado por BASSO et al., 2009.

Após a realização dos cortes foram retiradas sub amostras de aproximadamente 200g, colocadas em estufa de ventilação forçada a 72°C e determinada a porcentagem de matéria seca (%MS), exceto para o corte 1, e avaliado produtividade de matéria seca total (MST, Kg.ha⁻¹) baseado na produtividade de matéria verde e porcentagem de matéria seca. Além disso, em dois cortes, um de água (corte 2) e um de seca (corte 6), além dos caracteres agronômicos já citados foi feita a separação morfológica em folhas, colmos e material morto a fim de avaliar a porcentagem de folhas (%F); produtividade de matéria seca foliar (MSF, Kg.ha⁻¹) realizada a partir da MST e %F, e relação folha: colmo (RFC). Após a moagem apenas das folhas, no corte das águas, foi realizada a análise química utilizando o equipamento NIRS (Near Infrared Reflectance Spectroscopy). Foram avaliados caracteres de valores nutritivos como: proteína bruta (PB, %MS), digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica (DIVMO, %), fibra em detergente neutro (FDN, %MS), fibra em detergente ácido (FDA, %MS) e lignina (LIG, %MS).

3.4 Análise estatística

A análise dos dados foi realizada utilizando-se a abordagem de modelos mistos empregando-se o software SELEGEN REML/BLUP (RESENDE, 2007). Para as análises individuais por corte foi adotado o seguinte modelo estatístico:

$$y = Xb + Z_1p + Z_2t + Z_3r + e$$

Em que:

y : vetor de dados;

b : vetor dos efeitos fixos da população de progênies de meios-irmãos, genitores e testemunhas somados à média geral;

p : vetor dos efeitos genéticos aditivos entre progênies, sendo $p \sim \text{NMV}(\mathbf{0}, I\sigma_p^2)$. O σ_p^2 é a variância genética aditiva individual;

t : vetor dos efeitos de parcela, sendo $t \sim \text{NMV}(\mathbf{0}, I\sigma_t^2)$. No qual σ_t^2 é a variância associada aos efeitos de parcela;

r : vetor dos efeitos de blocos, sendo $r \sim \text{NMV}(\mathbf{0}, I\sigma_r^2)$. O σ_r^2 é a variância entre blocos;

e : vetor de erros, sendo $e \sim \text{NMV}(\mathbf{0}, \text{I}\sigma_e^2)$. O σ_e^2 é a variância residual;

X, Z_1, Z_2, Z_3 : matrizes de incidência para os efeitos b, p, t e r respectivamente.

Posteriormente, foi realizada a análise conjunta envolvendo todos os cortes de acordo com o seguinte modelo estatístico:

$$y = Xb + Z_1p + Z_2d + Z_3t + Z_4r + Z_5i + e,$$

Em que:

b : vetor dos efeitos fixos da população de progênies, genitores e testemunhas somados à média geral;

p : vetor dos efeitos genéticos aditivos entre progênies, sendo $p \sim \text{NMV}(\mathbf{0}, \text{I}\sigma_p^2)$;

d : vetor dos efeitos permanentes de indivíduos, sendo $d \sim \text{NMV}(\mathbf{0}, \text{I}\sigma_d^2)$. O σ_d^2 é a variância associada aos efeitos permanentes de indivíduos;

t : vetor dos efeitos de parcela, sendo $t \sim \text{NMV}(\mathbf{0}, \text{I}\sigma_t^2)$;

r : vetor dos efeitos das combinações blocos-colheitas, sendo $r \sim \text{NMV}(\mathbf{0}, \text{I}\sigma_r^2)$;

i : vetor da interação indivíduos x cortes, sendo $i \sim \text{NMV}(\mathbf{0}, \text{I}\sigma_i^2)$. O σ_i^2 é a variância associada à interação indivíduos x cortes;

e : vetor de erros, sendo $e \sim \text{NMV}(\mathbf{0}, \text{I}\sigma_e^2)$;

X, Z_1, Z_2, Z_3, Z_4 e Z_5 : matrizes de incidência para os efeitos b, p, d, t, r e i respectivamente.

Os componentes de variância e predição dos efeitos aleatórios foram estimados utilizando-se o procedimento REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não tendenciosa) (RESENDE, 2002).

A precisão experimental foi aferida pela estimação da acurácia ($r_{\hat{g}g}$) associada aos valores genéticos preditos das progênies a partir da seguinte expressão: $r_{\hat{p}p} = \sqrt{1 - \frac{\overline{\text{PEV}}}{\sigma_p^2}}$; em que PEV é a variância do erro de predição (MRODE & THOMPSON, 2005; RESENDE, 2007). Ademais, foram estimados herdabilidades na média das progênies (h_m^2).

A partir das predições BLUP, foram estimados o ganho com a seleção (GS) para cada caráter considerando os 60 melhores híbridos ($i=10\%$) entre todos os cortes. Posteriormente, foi estimado o índice de seleção (IS) (RESENDE, 2007), envolvendo os caracteres REB, PMV, %F, PB e FDN, baseado na seguinte expressão:

$$IS_j = \sum_{i=1}^n \hat{p}_{cij} \times w_i \times \frac{1}{\hat{\sigma}_{d_i}}$$

IS_j : índice associado ao híbrido j ;

\hat{p}_{cij} : valor genotípico predito do híbrido j para o caráter i ;

w_i : importância proporcional ou peso econômico associado ao caráter i ;

$\hat{\sigma}_{d_i}$: estimativa do desvio padrão genotípico de plantas dentro de progênie para o caráter i .

Os caracteres REB, PMV e %F foram caracterizados com peso econômico (w_i) de 0,267 cada, enquanto PB e FDN tiveram peso individual aproximado de 0,10, totalizando peso de 80% referente aos caracteres agrônômicos e 20% aos de valores nutritivos. Depois de estimado o IS foram selecionados novamente os 60 melhores híbridos ($i=10\%$) e obtido novos GS referentes a esses indivíduos selecionados.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Dos caracteres avaliados 78,8% das acurácias estimadas foram superiores a 70%, limiar referente a experimentos de alta precisão (TABELA 5) (RESENDE; DUARTE, 2007). Esses valores indicam boa confiabilidade em relação ao verdadeiro valor genotípico com base nas informações experimentais. Além disso, as herdabilidades entre progênie apresentaram elevada magnitude, indicando que a maior parte da variação observada foi devido a variação genética.

Tabela5 - Estimativas da herdabilidade na média de progênies (h_m^2 , %) e sua respectiva acurácia (Ac_m , %) para os caracteres agrônômicos e de valor nutritivo na avaliação de genótipos de *B. humidicola* em seis cortes.

REB							
Cortes							
Parâmetros	1	2	3	4	5	6	
h_m^2	68,95	91,64	91,64	85,58	88,25	92,84	
Ac_m	83,03	95,73	95,73	92,51	93,94	96,35	
PVC							
Cortes							
Parâmetros	1	2	3	4	5	6	
h_m^2	7,78	65,19	96,05	98,83	85,28	80,19	
Ac_m	27,89	80,74	98,00	99,42	92,35	89,55	
MST							
Cortes							
Parâmetros	1	2	3	4	5	6	
h_m^2	-	71,70	88,05	98,40	88,85	71,44	
Ac_m	-	84,67	93,83	99,20	94,26	84,52	
		%F		RFC		MSF	
		Cortes		Cortes		Cortes	
Parâmetros	2	6	2	6	2	6	
h_m^2	51,01	94,76	87,56	92,07	67,55	75,00	
Ac_m	71,42	97,34	93,58	95,95	82,19	86,60	
		PB		FDN		FDA	
		Cortes		Cortes		Cortes	
Parâmetros	2	6	2	6	2	6	
h_m^2	5,30	80,08	8,94	82,31	5,93	35,37	
Ac_m	23,02	89,48	29,91	90,72	24,35	59,47	
		DIVMO		LIG			
		Cortes		Cortes			
Parâmetros	2	6	2	6			
h_m^2	4,51	21,09	77,38	96,54			
Ac_m	21,23	45,93	87,97	98,25			

REB: notas de rebrota; PVC: peso verde de campo (g); %F: porcentagem de folhas; RFC: relação folha:colmo; MST: Produtividade de matéria seca total (kg ha^{-1}); MSF: produtividade de matéria seca foliar (kg ha^{-1}).Fonte: Do autor (2017).

O objetivo de qualquer programa de melhoramento é aumentar a frequência dos alelos favoráveis para os genes relacionados com a expressão dos caracteres de interesse. Em se tratando de *B. humidicola* visa-se com o melhoramento obter genótipos que associem elevado desempenho agrônômico e qualidade da forragem, o que em última instância resulta em

elevado desempenho animal. Por se tratarem, em sua maioria, de caracteres de herança poligênica, uma estratégia de melhoramento genético adequada para alcançar o objetivo supracitado é a seleção recorrente. Neste método, a cada ciclo de seleção é promovida a recombinação entre as melhores progênes ou plantas dentro de progênes (HALLAUER, 1992).

Para todas as características avaliadas, foi observada variação nula para os efeitos aditivos totais entre progênes ($p > 0,05$) (TABELA 6; TABELA 7). No entanto, foi constatada variância significativa ($p < 0,05$) para os efeitos permanentes de indivíduos para a maioria dos caracteres, exceto para FDN, FDA e DIVMO, indicando a atuação de efeitos genéticos não-aditivos, a exemplo dos efeitos de dominância. Esse resultado indica a possibilidade de selecionar híbridos superiores em virtude do vigor híbrido ou heterose manifestado. O efeito da heterose (h) é uma função do efeito de dominância (d) e da divergência genética entre os genitores (y) relativos aos genes controladores do caráter de interesse: $h = y^2 \times d$ (FALCONER; MACKAY, 1996) e podendo ser caracterizadas pela superioridade do híbrido em relação à média dos pais (BERNARDO, 2010).

Tabela 6 - Estimativas das variâncias aditivas entre progênes (σ_p^2), de efeitos permanentes de indivíduos (σ_d^2), da interação dos genótipos x cortes (σ_{pc}^2) e variância residual (σ_e^2), herdabilidade aditiva total (h_p^2 , %) e coeficiente de determinação dos efeitos permanentes de indivíduo (c_d^2 , %) para os caracteres agrônômicos obtidos com base na avaliação de genótipos de *B. humidicola* em seis cortes.

Parâmetros	REB	PVC	F%	RFC	MST	MSF
σ_p^2	0,008 ^{ns}	2328,487 ^{ns}	9,851 ^{ns}	0,098 ^{ns}	22770,512 ^{ns}	3292,965 ^{ns}
σ_d^2	0,339*	107837,551*	45,770*	0,396*	907185,635*	220276,699*
σ_{pc}^2	0,390*	306293,797*	11,101*	0,137*	2977784,193*	98120,857*
σ_e^2	0,536	231947,199	99,643	1,266	2050386,872	404676,817
h_p^2	1,532	0,994	8,997	7,171	1,098	0,807
c_d^2	25,401	15,757	25,847	19,625	14,744	27,860

REB: notas de rebrota; PVC: peso verde de campo (g); %F: porcentagem de folhas; RFC: relação folha:colmo; MST: produtividade de matéria seca total (kg ha^{-1}); MSF: produtividade de matéria seca foliar (kg ha^{-1}).

*, ^{ns} significativo, não significativo pelo teste de razão de verossimilhança (LRT), a 5% de probabilidade.

Fonte: Do autor (2017).

Tabela 7 - Estimativas das variâncias aditivas entre progênies (σ_p^2), de efeitos permanentes de indivíduos (σ_d^2), da interação dos genótipos x cortes (σ_{pc}^2) e variância residual (σ_e^2), herdabilidade aditiva total (h_p^2 , %) e coeficiente de determinação dos efeitos permanentes de indivíduo (c_d^2 , %) para os caracteres de valor nutritivo obtido com base na avaliação de genótipos de *B. humidicola* em dois cortes.

Parâmetros	PB	FDN	FDA	DIVMO	LIG
σ_p^2	0,015 ^{ns}	0,018 ^{ns}	0,024 ^{ns}	0,011 ^{ns}	0,002 ^{ns}
σ_d^2	0,631*	0,080 ^{ns}	0,053 ^{ns}	0,365 ^{ns}	0,022*
σ_{pc}^2	0,311*	0,886*	4,013*	1,921*	0,093*
σ_e^2	1,715	7,829	3,293	17,944	0,161
h_p^2	0,222	0,075	0,143	0,022	0,245
c_d^2	18,122	0,663	0,630	1,412	7,144

PB: proteína bruta da folha (%MS); FDN: fibra em detergente neutro (%MS); FDA: fibra em detergente ácido (%MS), DIVMO: digestibilidade in vitro da matéria orgânica (%MS); LIG: lignina (%MS)

*, ^{ns} significativo, não significativo pelo teste de razão de verossimilhança (LRT), a 5% de probabilidade.

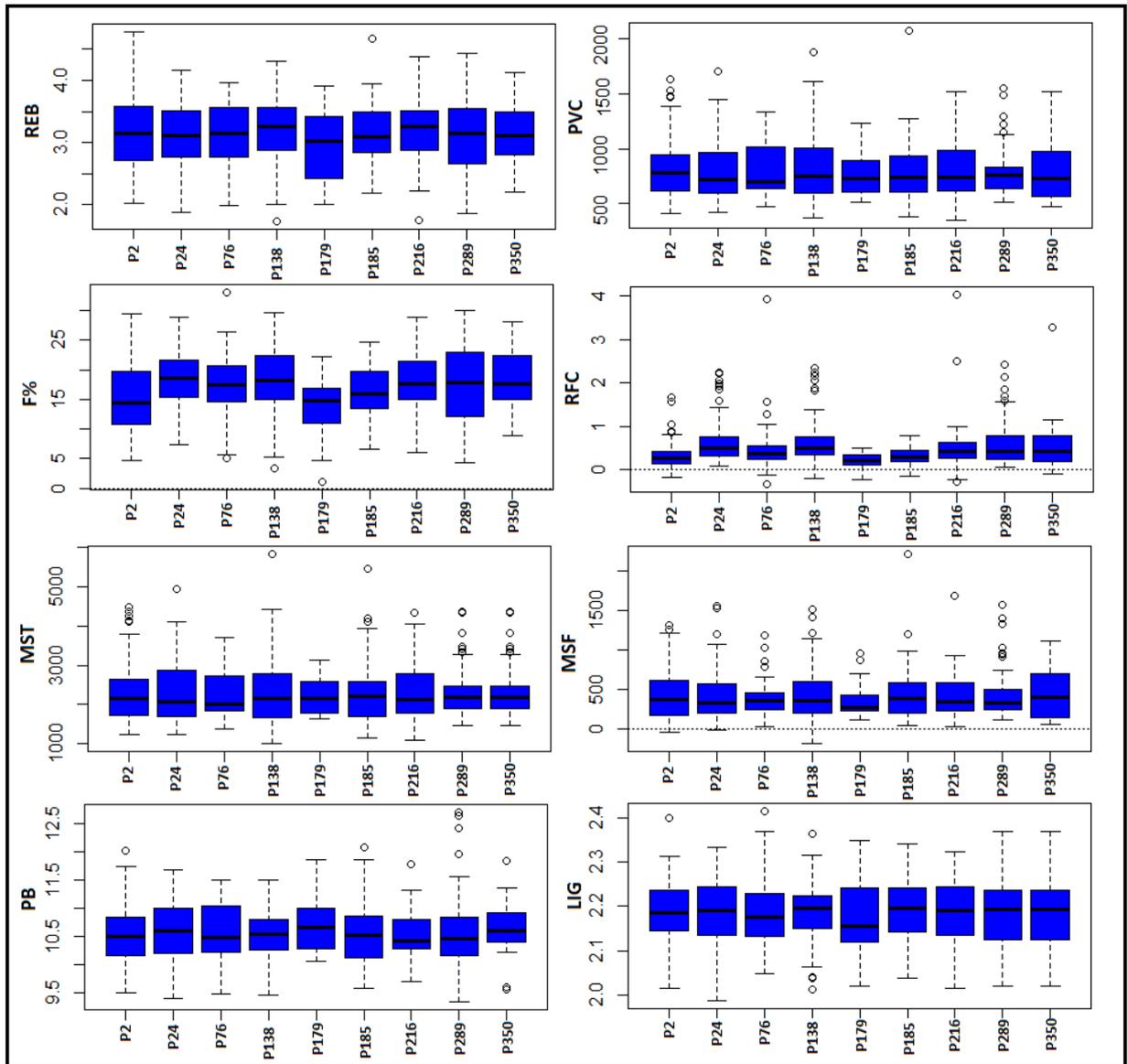
Fonte: Do autor (2017).

A variância permanente de indivíduos fica mais bem evidenciada ao se analisar os gráficos Boxplot (Figura 1) dos BLUPs dos valores genotípicos individuais. Para todas as características mensuradas, fica ratificado a baixa ou nula variância entre progênies, com médias BLUPs próximas. Por outro lado, evidenciou-se heterogeneidade genética dentro das progênies de meios-irmãos, com presença de indivíduos com valores preditos acima da média e, assim, com potencial de proporcionar ganhos genéticos em gerações futuras. Para REB, as progênies P2 e P289 apresentaram maior dispersão de valores genotípicos preditos. Para os caracteres relacionados com o rendimento em biomassa (PVC, MST e MSF), pode-se destacar a progênie P138 com maior variação de plantas/híbridos superiores à média. Vale destacar ainda a presença de possíveis outliers, a exemplo do observado para a P185 e P138. Estes valores suspeitos devem ser melhor investigados. Todavia, uma vantagem da abordagem REML/BLUP é o ajuste e encolhimento realizado para a obtenção das predições BLUP. Neste caso, tornando possível identificar indivíduos superiores mesmo em progênies de baixa performance média (Resende, 2002).

As características %F e RFC têm grande importância no ideótipo de uma cultivar de *B. humidicola*, pois a folha apresenta melhor digestibilidade que o colmo. Pela Figura 1, pode-se destacar a presença de híbridos promissores das progênies P289 e P138 que associam elevada

%F e RFC. Além da performance agrônômica satisfatória, a cultivar ideal deve agregar aspectos de qualidade da foragem. Para PB e LIG, foi evidenciado variação dentro das progênies, com destaque para a possibilidade de seleção de plantas ou híbridos com teor de proteína mais elevado (P289 e P185) e menor teor de fibra (P24). Vale acrescentar que caracteres de qualidade apresentam correlações de baixa magnitude ou até mesmo negativas com caracteres agrônômicos em diferentes espécies forrageiras, como *B. humidicola* (FIGUEIREDO; NUNES; VALLE, 2012), híbridos intraespecíficos de *B. decumbens* (MATIAS et al. 2016) e *B. ruziziensis* (BORGES et al. 2011). Não obstante, na medida que esta associação negativa têm baixa ou mediana magnitude, torna-se possível a seleção de indivíduos que associem potencial agrônômico e qualidade nutricional.

Figura 1 - Boxplot dos valores genótipos preditos das plantas dentro de progênes de *B. humidicola* para os caracteres agrônômicos de rebrota (REB), peso verde de campo (PVC), porcentagem de folha (%F), relação folha colmo (RFC), produtividade de matéria seca total (MST), produtividade de matéria seca foliar (MSF), proteína bruta (PB) e lignina (LIG) avaliados em seis cortes.



Fonte: Do autor (2017).

A verificação da presença de interação genótipos x cortes é de grande importância na espécie, por se tratar de uma planta de hábito perene, a qual é submetida a diversas medições/cortes em uma mesma parcela. Foi observada significância ($p < 0,05$) quanto ao componente da variância da interação genótipos x cortes (σ_{pc}^2) para todas as características

analisadas (TABELA 6; TABELA 7). A presença de interação foi mais fortemente relacionada com a resposta diferencial das testemunhas e genitores ao longo dos cortes. Em trabalhos realizados com *Panicum maximum* (EMATNE, 2016) e com *B. humicidola* (FIGUEIREDO; NUNES; VALLE, 2012) com cinco e nove cortes respectivamente, também foram observadas interação genótipos x cortes para todos os caracteres analisados. A interação acentuada, juntamente com a ausência de variância aditiva, pode ser a justificativa para a redução da magnitude das herdabilidades quando comparada as análises individuais e as análises conjuntas envolvendo todos os cortes (TABELA 5; TABELA 6; TABELA 7). As estimativas de herdabilidade, no geral, apresentaram baixa magnitude, indicando a influência dos fatores ambientais na expressão dos caracteres. A herdabilidade é um parâmetro genético não imutável e que está intimamente associada aos efeitos ambientais dos experimentos, ademais, a herdabilidade pode ser incrementada com maior variação genética na população ou maior uniformização das condições ambientais do experimento (RAMALHO et al., 2012). No entanto, ao se considerar o coeficiente de determinação, indicativo da repetibilidade, dos efeitos permanentes de indivíduo esses apresentaram alta magnitude. A repetibilidade dá uma ideia de constância da característica nos diferentes cortes.

As médias das progênes se apresentam superiores à média das cv. Tupi e cv. Comum quanto a características agronômicas de produção foliar, %F e RFC, e de valor nutricional como PB (TABELA 8). Os genitores que apresentaram desempenho superior quanto a caracteres agronômicos foram 350, 216 e 289, sobressaindo as cv. Tupi e cv. Comum em todas essas características, no entanto, foram os genitores que apresentaram pior desempenho quanto ao valor nutritivo, indicando possivelmente uma relação inversa entre esses caracteres. Esse resultado indica a possibilidade de seleção de indivíduos que sejam superiores a essas cultivares comerciais podendo ser uma importante estratégia no programa de melhoramento a fim de otimizar essas características em genótipos futuros.

Tabela 8 – Estimativas de médias de progênes, testemunhas (cv. Tupi, cv. Comum e T64) e dos nove genitores sexuais de *B. humicicola* obtido em seis cortes (continua).

REB		PVC		F%	
Genótipo	Média	Genótipo	Média	Genótipo	Média
Progênes	3,209	Progênes	652,586	Progênes	49,449
Tupi	4,314	Tupi	1599,624	Tupi	39,300
Comum	3,627	Comum	1064,760	Comum	36,675
T64	4,373	T64	1627,206	T64	52,063
350	5.012	350	2682.261	350	56.554
216	4.854	216	1760.976	216	53.690
289	4.365	289	1655.428	289	50.797
185	4.256	185	1319.029	24	50.632
138	4.017	2	1034.654	138	47.799
2	4.001	138	955.525	185	44.259
24	3.785	179	838.092	76	43.903
179	3.575	24	673.584	2	40.511
76	3.379	76	527.536	179	37.348
RFC		MST		MSF	
Genótipo	Média	Genótipo	Média	Genótipo	Média
Progênes	1,591	Progênes	1798,856	Progênes	934,249
Tupi	0,735	Tupi	4731,842	Tupi	1981,708
Comum	0,742	Comum	2876,082	Comum	895,891
T64	1,306	T64	4726,561	T64	2091,499
350	1.676	350	7616.536	350	4706.935
138	1.399	216	5373.041	216	2438.539
24	1.349	289	4833.846	289	2167.981
216	1.282	185	4085.521	185	1539.102
289	1.205	2	3060.590	138	1294.443
76	1.101	138	3000.464	2	1064.288
179	0.901	179	2617.370	76	951.134
185	0.843	24	2286.897	179	786.498
2	0.802	76	1757.870	24	750.774
PB		FDN		FDA	
Genótipo	Média	Genótipo	Média	Genótipo	Média
Progênes	13,160	Progênes	67,787	Progênes	31,948
Tupi	12,600	Tupi	66,810	Tupi	32,950
Comum	12,738	Comum	69,880	Comum	32,291
T64	11,978	T64	68,688	T64	32,496
2	14.001	76	65.828	24	31.138
179	13.454	24	66.549	138	31.520
138	13.288	185	66.698	76	31.831
76	13.165	179	67.387	179	32.325

Tabela 8 – Estimativas de médias de progênes, testemunhas (cv. Tupi, cv. Comum e T64) e dos nove genitores sexuais de *B. humidicola* obtido em seis cortes (conclusão).

24	13.138	138	67.769	185	32.606
185	12.546	350	68.764	350	32.875
289	12.177	2	68.813	2	33.126
350	11.552	289	69.525	289	33.216
216	11.382	216	69.876	216	33.660
DIVMO			LIG		
Genótipo	Média	Genótipo	Média		
Progênes	73,372	Progênes	2,023		
Tupi	73,573	Tupi	2,421		
Comum	69,617	Comum	2,170		
T64	73,012	T64	2,328		
138	76.628	76	2.090		
24	76.617	179	2.166		
179	76.510	138	2.178		
76	74.148	24	2.213		
289	74.083	2	2.335		
185	73.481	350	2.393		
350	73.340	185	2.455		
2	72.955	216	2.489		
216	71.545	289	2.620		

REB: notas de rebrota; PVC: peso verde de campo (g); %F: porcentagem de folhas; RFC: relação folha:colmo; MST: produtividade de matéria seca total (kg ha⁻¹); MSF: produtividade de matéria seca foliar (kg ha⁻¹); PB: proteína bruta da folha (%MS); FDN: fibra em detergente neutro (%MS); FDA: fibra em detergente ácido (%MS), DIVMO: digestibilidade in vitro da matéria orgânica (%MS); LIG: lignina (%MS)
 Fonte: Do autor (2017)

A correlação entre caracteres é de grande importância para o melhorista de forrageiras, já que visa agregar em uma única planta diferentes fenótipos favoráveis tanto de valores nutricionais como agrônômicos. Algumas características podem ser de difícil ou onerosa mensuração, aumentando os custos de um programa de melhoramento, com isso, a relação entre características pode ser de grande utilidade na seleção indireta.

As correlações genéticas entre os caracteres agrônômicos e/ou de valor nutritivo apresentaram variações positivas e negativas e de magnitudes variadas (TABELA 9). A PVC apresentou uma elevada correlação com MST (0.97) e MSF (0.87), correlação essa também observada em trabalhos realizados com *Brachiaria ruziziensis* (BORGES et al.,2011) com valores de 0,93 e 0,84 respectivamente, e *Brachiaria decumbens* (MATIAS et al., 2016) com

valores de 0,99 para MST. Esses resultados levam ao questionamento da necessidade da mensuração de porcentagem de matéria seca por se tratar de atividade trabalhosa e onerosa, principalmente em etapas iniciais do ciclo de melhoramento nos quais são avaliados um grande número de genótipos. O caráter %F apresentou baixa correlação com PMT (0.21) e PMF (0.41), sugerindo uma necessidade de inclusão desse caráter em índice de seleção multi característica (FIGUEIREDO; NUNES; VALLE, 2012). As correlações dos caracteres agrônômicos com PB foram negativas para todas as características analisadas, resultado em conformidade com o encontrado por Reyes-Purata et al. (2009), em que o autor verifica a relação inversa entre produção de matéria seca e proteína, sugerindo um efeito de diluição da proteína com o incremento da produção de matéria seca da planta. Os autores também observaram que a espécie *B. humidicola* apresentou a maior diluição da proteína em consequência de sua alta produção de matéria seca, devendo essa característica ser destacada em programas de melhoramento da espécie. Além disso, PB e LIG também apresentaram uma correlação negativa, isso ocorre pois o baixo valor nutritivo das forrageiras está associada ao alto conteúdo de fibras, o aumento das porcentagens de celulose, hemicelulose e lignina na planta ocorre em detrimento das proporções dos nutrientes potencialmente digestíveis como carboidratos solúveis, proteínas, minerais e vitaminas (REIS et al., 2005).

Tabela 9 - Estimativas das correlações entre caracteres agrônômicos e de valor nutritivo obtidos com base na avaliação de genótipos de *B. humidicola* em diferentes cortes.

	REB	PVC	%F	RFC	MST	MSF	PB	LIG
REB	1	0,73	0,53	0,26	0,73	0,73	-0,51	0,38
PVC		1	0,20	0,03	0,97	0,87	-0,33	0,40
%F			1	0,73	0,21	0,41	-0,48	0,11
RFC				1	0,04	0,21	-0,31	-0,01
MST					1	0,87	-0,36	0,40
MSF						1	-0,41	0,35
PB							1	-0,34
LIG								1

Fonte: Do autor (2017).

Uma vez caracterizada a existência de variação genética entre plantas dentro de progênies, tem-se a possibilidade de obter ganhos genéticos. Os ganhos de seleção direta (*GS*) relativos à média da população, admitindo-se uma intensidade de seleção de 10%, foram satisfatórios para a maioria dos caracteres avaliados (TABELA 10; Figura 3). Os percentuais

de GS variaram de 0,395% (DIVMO) a 216,283% (RFC) indicando possibilidade de progresso genético nos ciclos sucessivos de seleção recorrente. Na seleção multi característica foram considerados cinco caracteres baseados nas correlações, visando associar características que promovam ganhos indiretos com as demais além da importância para o desempenho da planta e animal, sendo elas REB, PMV, F%, PB e LIG. No cálculo do índice de seleção os caracteres agrônômicos obtiveram peso econômico de 80% enquanto os de valor nutritivo 20%. Essa diferença se deu devido à importância das características relacionadas ao desempenho da planta, características essas analisadas nos processos iniciais de avaliação de materiais genéticos, visando o desenvolvimento de novas cultivares de gramíneas forrageiras, enquanto as de valor nutritivo são avaliadas em ciclos mais avançados (VALLE et al., 2008). Avaliações essas corroboram com o realizado por Figueiredo, Nunes e Valle (2012) em que foi realizada a seleção para vários caracteres simultaneamente considerando características agrônômicas como MST, %F, MSF, RFC e REB com peso econômico de 0,14 cada e de valor nutritivo sendo PB, FDN e DIVMO com peso econômico de 0,10 cada, somando 70% e 30% respectivamente.

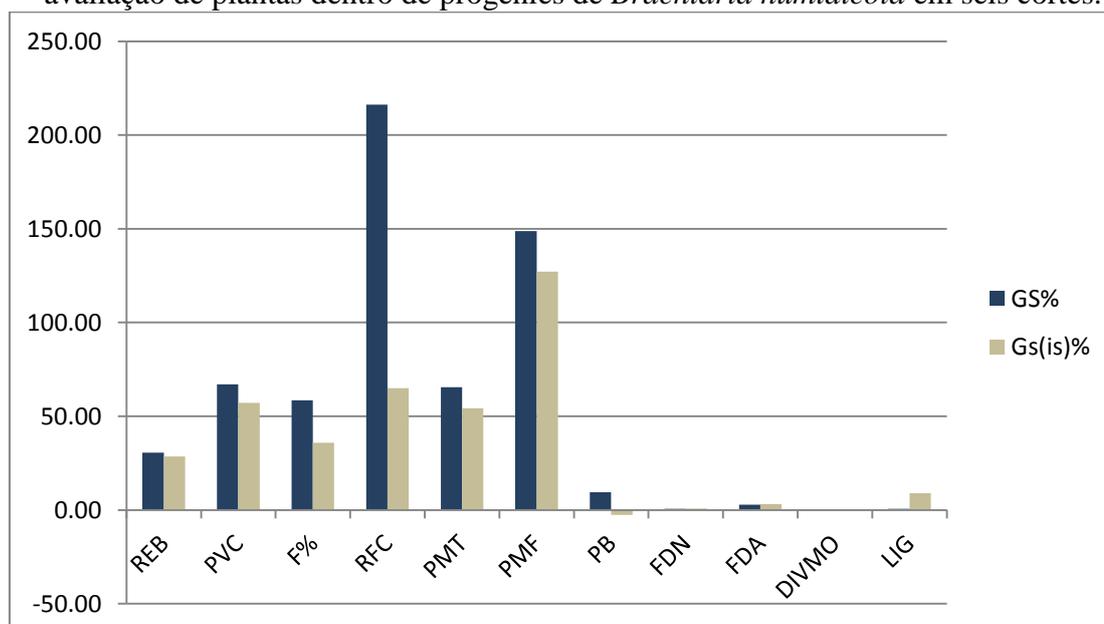
Os percentuais de ganho com a seleção (GS_{iS}) a partir da fração de 10% das plantas selecionadas baseado no índice de seleção multi característica (TABELA 11) foram positivos exceto para o caráter PB, variando de -2,559% (PB) a 127,214% (MSF), no entanto, são inferiores quando comparados ao GS . Os caracteres REB, PVC e MST obtiveram maior coincidência entre as progênies selecionadas com base nos valores genotípicos individuais e as ranqueadas com base no índice de seleção. A principal deficiência da espécie *B. humidicola* está relacionado a características de valor nutritivo, principalmente PB. Diante desses resultados levanta-se o questionamento sobre a necessidade de seleção de genótipos baseado somente nesses caracteres quando comparado a seleção multi característica.

Tabela 10- Estimativas dos de ganho de seleção (GS) em relação à média geral da população selecionando as 10% melhores progênes para cada um dos caracteres agrônômicos e de valor nutritivo e do ganho de seleção (GS_{is}) em relação à média geral selecionando as 10% melhores progênes baseado no índice de seleção multi caracteres para REB, PVC, F%, PB e LIG obtidos com base na avaliação de plantas dentro de progênes de *Brachiaria humidicola* em seis cortes.

	REB	PVC	F%	RFC	PMT	PMF
\bar{y}_o	3.082	806.329	16.616	0.496	2306.918	433.452
GS	4.024	1346.340	26.351	1.569	3815.882	1077.931
GS_{is}	0.878	460.891	5.952	0.818	3559.429	984.864
	PB	FDN	FDA	DIVMO	LIG	
\bar{y}_o	10.517	58.211	28.818	61.303	2.046	
GS	11.511	58.594	29.648	61.545	2.060	
GS_{is}	10.243	58.681	29.750	61.330	2.229	

Fonte: Do autor (2017)

Figura 3. Estimativas dos percentuais de ganho de seleção ($GS\%$) em relação à média geral da população selecionando as 10% melhores progênes para cada um dos caracteres agrônômicos e de valor nutritivo e percentuais de ganho de seleção ($GS_{is}\%$) em relação à média geral selecionando as 10% melhores progênes baseado no índice de seleção multi caracteres para REB, PMV, F%, PB e LIG obtidos com base na avaliação de plantas dentro de progênes de *Brachiaria humidicola* em seis cortes.



Fonte: Do autor (2017)

Tabela 11 – Seleção das 60 melhores plantas dentro de progênies de *B. humidicola* baseado no índice de seleção multi característica (IS) avaliados em seis cortes (continua)

Ordem	Indivíduo	Família	Bloco	Planta	IS
1	18533	185	3	3	1,818
2	263	2	6	3	1,475
3	21615	216	1	5	1,448
4	28991	289	9	1	1,262
5	35012	350	1	2	1,246
6	138151	138	2	1	1,205
7	28921	289	7	1	1,160
8	28972	289	2	2	1,137
9	2424	24	2	4	1,101
10	2125	2	12	5	1,079
11	2105	2	10	4	1,073
12	2414	24	1	4	1,057
13	289124	289	12	4	1,041
14	35044	350	4	3	0,973
15	2183	2	18	3	0,972
16	2433	24	3	1	0,943
17	13851	138	5	1	0,941
18	35021	350	2	2	0,940
19	2412	24	1	2	0,936
20	24152	24	15	2	0,923
21	21642	216	4	2	0,852
22	24122	24	12	2	0,829
23	289101	289	10	1	0,824
24	2421	24	2	1	0,819
25	13822	138	2	2	0,808
26	7633	76	3	3	0,800
27	289152	289	15	2	0,778
28	185242	185	24	2	0,765
29	138172	138	17	2	0,764
30	2491	24	9	1	0,750
31	283	2	8	3	0,750
32	13844	138	4	4	0,726
33	13872	138	7	2	0,704
34	28974	289	7	4	0,698
35	21612	216	1	2	0,696
36	13814	138	1	4	0,687
37	138153	138	15	3	0,665
38	24124	24	12	4	0,646
39	244	2	4	4	0,635
40	7642	76	4	2	0,625

Tabela 11 – Seleção das 60 melhores plantas dentro de progênies de *B. humidicola* baseado no índice de seleção multi característica (IS) avaliados em seis cortes (conclusão)

41	138115	138	11	5	0,622
42	13864	138	6	4	0,618
43	28943	289	4	3	0,609
44	7635	76	3	5	0,604
45	289102	289	10	2	0,596
46	28962	289	6	2	0,592
47	2413	24	1	3	0,584
48	17924	179	2	4	0,568
49	2134	2	13	4	0,565
50	13815	138	1	5	0,548
51	138181	138	18	1	0,545
52	2465	24	6	5	0,533
53	185231	185	23	1	0,519
54	7654	76	5	4	0,517
55	13885	138	8	5	0,513
56	216111	216	11	1	0,512
57	28951	289	5	1	0,508
58	289123	289	12	3	0,507
59	21665	216	6	5	0,503
60	7675	76	7	5	0,502

Fonte: Do autor (2017)

5 CONCLUSÃO

Há variação genética entre híbridos sexuais dentro das progênies de meios-irmãos de *B. humidicola*. Constatam-se híbridos sexuais superiores de *B. humidicola* para formar a população base de seleção recorrente intrapopulacional para os caracteres agronômicos e de valor nutritivo. Os ganhos esperados com a seleção direta para cada caráter e, por meio de índice de seleção, são promissores.

Há participação de genes de ação não-aditiva na expressão dos caracteres agronômicos e nutricionais mensurados, indicando possibilidade de emprego da estratégia de obtenção de híbridos e ganhos com a exploração da heterose.

As correlações genéticas entre caracteres agronômicos e de valor nutritivo apresentaram estimativas de menor magnitude, podendo ser negativas em alguns casos, destacando um desafio aos melhoristas que buscam associar ganhos genéticos com a seleção para ambos os grupos de características.

REFERÊNCIAS

- ABIEC, 2015. Disponível em: <http://www.abiec.com.br/estatisticaspais.asp?Pais=USA>
Acesso em: 12/06/2015
- ASKER, SVEN. Progress in apomixis research. **Hereditas**, v. 91, n. 2, p. 231-240, 1979.
- ASKER, S.E.; JERLING, L. 1992. **Apomixis in plants**. CRC Press, Boca Raton, Florida.
- ASSIS, G. M. L. et al. Selecting new *Brachiaria humidicola* hybrids for western Brazilian Amazon. **Tropical Grasslands**, p. 3–5, 2013.
- ASSIS, G. M. L. D. et al. Genetic divergence among *Brachiaria humidicola* (Rendle) Schweick hybrids evaluated in the Western Brazilian Amazon. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 14, n. 4, p. 224-231, 2014.
- BASSO, K. C. et al. Avaliação de acessos de *Brachiaria brizantha* Stapf e estimativas de parâmetros genéticos para caracteres agrônômicos. **Acta Scientiarum. Agronomy**, Maringá, v. 31, n. 1, p. 17-22, jan./mar. 2009.
- BATH, V. et al. Apomixis: An enigma with potential applications. Special Section: Embriology of Flowering Plants. **Current Sci**, v. 89, n. 11, p. 1879-1893, 2005.
- BERNARDO, R; **Breeding for quantitative traits in plants**. Second Edition. Woodbury, Minnesota. Stemma Press, 2010. 390 p.
- BESPALHOK, J. C. F.; GUERRA, E. P.; OLIVEIRA, R. Uso e conservação do germoplasma. In: BESPALHOK, J. C. F.; GUERRA, E. P.; OLIVEIRA, R. Melhoramento de plantas. 2007. Disponível em < <http://www.bespa.agrarias.ufpr.br/paginas/conteudo.htm>>. Acesso em: 10 ago. 2015.
- BOLDRINI, K. R. et al. Meiotic behavior as a selection tool in the breeding of *Brachiaria humidicola* (Poaceae). **Euphytica**, v. 182, n. 3, p. 317–324, 2011.
- BOLDRINI, K. R.; PAGLIARINI, M. S.; VALLE, C. B. do. Cell fusion and cytomixis during microsporogenesis in *Brachiaria humidicola* (Poaceae). **South African Journal of Botany**, v. 72, n.3, p. 478-481. 2006
- BOLDRINI, K. R.; PAGLIARINI, M. S.; VALLE, C. B. Meiotic behavior of a nonaploid accession endorses $x = 6$ for *Brachiaria humidicola* (Poaceae). **Genetics and Molecular Research**, v. 8, n. 4, p. 1444–1450, 2009.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. Viçosa, MG: UFV, 2013.523

- BORGES, V. et al. Associação entre caracteres e análise de trilha na seleção de progênies de meios-irmãos de *Brachiaria ruziziensis*. **Revista Ceres**, v. 58, n. 6, p. 765-772, 2011
- BOURDON, R. M. Understanding animal breeding and genetics. 1 ed. Nova York: Prentice-Hall, 1997.
- CANÇADO, L. J. et al. Caracterização da diversidade genética molecular em germoplasma de *Brachiaria* spp. Universidade Estadual de Campinas, Campinas. 2009.
- CARGNIN, A. Seleção recorrente no melhoramento genético de plantas autógamas. Embrapa Cerrados, 2007.
- CHIARI, L. et al. Estimativa da variabilidade genética em acessos de *Brachiaria humidicola* utilizando marcadores RAPD. Campo Grande: Embrapa Gado de Corte, 2007. 21 p. (**Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento**, 22).
- CHIARI, L. et al. Variabilidade genética em acessos e cultivares de quatro espécies de *Brachiaria* estimado por marcadores RAPD. Campo Grande: Embrapa Gado de Corte, 2008. 20 p. (**Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento**, 24).
- CRUZ, R. P. D.; FEDERIZZI, L. C.; MILACH, S. C. K. A apomixia no melhoramento de plantas. **Ciência rural. Santa Maria**. vol. 28, n. 1 (jan./mar. 1998), p. 155-161, 1998.
- DALL'AGNOL, M.; SCHIFINO-WITTMANN, M. Apomixia, genética e melhoramento de plantas. **Current Agricultural Science and Technology**, v. 11, n. 2, 2005.
- FALCONER, K. J. Dimensions and measures of quasi self-similar sets. **Proceedings of the American Mathematical Society**, v. 106, n. 2, p. 543-554, 1989.
- FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. Introduction to Quantitative Genetics (4th ed). **Trends in Genetics**, v. 12, n. 7, p. 280, 1996
- FEHR, W.R. **Principles of cultivar development**. Theory and techniques. New York. Macmillan, 1987. 536p.
- FIGUEIREDO, U. J. de; NUNES, J. A. R.; VALLE, C. B. D. Estimation of genetic parameters and selection of *Brachiaria humidicola* progenies using a selection index. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 12, n. 4, p. 237-244, 2012.
- GERALDI, I. O. Selección recorrente en el mejoramiento de plantas. In: Guimarães, E.P. (ed). Selección Recorrente en Arroz. Cali: Centro Internacional de Agricultura Tropical, CIAT. p. 3-11. 1997.
- GONZÁLEZ, A.M. T.; MORTON, C. M. Molecular and morphological phylogenetic analysis of *Brachiaria* and *Urochloa* (Poaceae). **Molecular Phylogenetics and Evolution**, v. 37, n. 1, p. 36-44, 2005.

GRAYBILL, F. A. Theory and application of the linear model. Massachussets: Oxburg Press, 1976. 704 p.

GRISEBACH, A. H. R. Brachiaria. **Flora rossica**, v. 4, p. 469, 1853.

GROSSNIKLAUS, U.; NOGLER, G. A.; VAN DIJK, P. J. How to avoid sex the genetic control of gametophytic apomixis. **The plant cell**, v. 13, n. 7, p. 1491-1498, 2001.

HALLAUER, A. R. Recurrent selection in maize. **Plant breeding reviews**, v. 9, p. 115-179, 1992.

HANNA, W.; BASHAW, E. C. Apomixis: its identification and use in plant breeding. **Crop Science**, v. 27, n. 6, p. 1136-1139, 1987.

INMET - INSTITUTO NACIONAL DE METEOROLOGIA. Normais Climatológicas (1961-1990). Brasília, INMET- Instituto Nacional de Meteorologia/Ministério da Agricultura e Reforma Agrária, 1992.

JANK, L. et al. The value of improved pastures to Brazilian beef production. **Crop and Pasture Science**, n. 2006, p. 2011–2012, 2014.

JUÁREZ-HERNÁNDEZ, J.; BOLAÑOS-AGUILAR, E. D. Las curvas de dilución de la proteína como alternativa para la evaluación de pastos tropicales. **Ecosistemas y Recursos Agropecuarios**, v. 23, n. 1, 2014.

JUNGMANN, L. et al. Genetic diversity and population structure analysis of the tropical pasture grass *Brachiaria humidicola* based on microsatellites, cytogenetics, morphological traits, and geographical origin. **Genome**, v. 53, n. 9, p. 698-709, 2010.

LOPES, F. C. F. et al. Composição química e digestibilidade ruminal in situ da forragem de quatro espécies do gênero *Brachiaria*. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, Belo Horizonte, v. 62, n. 4, p. 883-888, ago. 2010

MARCHIORO, V.S. et al. Herdabilidade e correlações para caracteres de panícula em populações segregantes de aveia. **Rev. Bras. Agrociência** v.9, n.4, p.323-328, out-dez. 2003

MARIN, C. M. et al. Fatores que podem influenciar a digestibilidade dos alimentos em ruminantes. **Revista Ciências Agrárias e da Saúde**, Andradina, v. 3, n. 1, p.64-68, 2003.

MATIAS, F. I. et al. Estimate of genetic parameters in *Brachiaria decumbens* hybrids. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 16, n. 2, p. 115-122, 2016.

MARTINS, A. M. Sequenciamento de DNA, montagem de novo do genoma e desenvolvimento de marcadores microssatélites, indels e SNPs para uso em análise genética de *Brachiaria ruziziensis*. 2014. 190 f. Tese (Doutorado em biologia molecular), Universidade de Brasília – UnB, Brasília, 2013

MATSUDA. Sementes – Espécies forrageiras – Gramíneas forrageiras. Disponível em: <http://www.matsuda.com.br/matsuda/Web/sementes/Default.aspx?varSegmento=Sementes&idproduto=O10102609173029&lang=pt-BR>. Acesso em: 02 nov. 2016.

MILES, J. W. et al. Brachiariagrasses. In: MOSER, L. E.; BURSON, B. L.; SOLLENBERGER, L. E. (Ed.). **Warm-season (C4) grasses**. Madison: Crop Science Society. p. 745-782. 2004

MILES, J. W.; CARDONA, C.; SOTELO, G. Recurrent selection in a synthetic brachiariagrass population improves resistance to three spittlebug species. **Crop Science**, Madison, v. 46, n. 3, p. 1088-1093, May/June 2006.

MILES, J. W.; ESCANDON, M. L. Further evidence on the inheritance of reproductive mode in Brachiaria. **Canadian journal of plant science**, v. 77, n. 1, p. 105-107, 1997.

MILES J.W.; VALLE C.B. (1996) Manipulation of apomixes in *Brachiaria* breeding. in *Brachiaria: Biology, Agronomy, and Improvement*. Centro Internacional de Agricultura Tropical, Cali, Colombia, eds Miles JW, Maass BL, do Valle CB pp 164–177.

MINSON, D. J. Forage in ruminant nutrition. San Diego: Academic Press, 1990. 483p

MITIDIARI, J. **Manual de gramíneas e leguminosas para pastos tropicais**. São Paulo: Nobel. 198 p. 1983

MONTEIRO, M. C. C.; LUCAS, E. D.; SOUTO, S. M. Estudo de seis espécies forrageiras do gênero *Brachiaria*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 9, p. 17–20, 1974.

MORRONE, O.; ZULOAGA, F. O. Revisión de las especies sudamericanas nativas e introducidas de los géneros *Brachiaria* y *Urochloa* (Poaceae: Panicoideae: Paniceae). **Darwiniana**, p. 43-109, 1992.

MRODE, R. A.; THOMPSON, R. Linear models for the prediction of animal breeding of animal breeding values. 2nd. Ed. 344p. 2005.

NETO, J.T.F; RESENDE, M.D.V. de; Aplicação da metodologia de modelos mistos (REML/BLUP) na estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos em pupunheira (*Bactris gasipaes*). **Rev. Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal - SP, v. 23, n. 2, p. 320-324, Ago. 2001

PATTERSON, H. D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrika**, p. 545-554, 1971.

PEREIRA, R. C.; DAVIDE, L. C.; TECHIO, V. H., TIMBÓ, A. L. O. Duplicação cromossômica de gramíneas forrageiras: uma alternativa para programas de melhoramento genético. **Ciência Rural**, v. 42, n. 7, p. 1278–1285, 2012.

PERRI, S.H.V.; IEMMA, A.F. Procedimento "MIXED" do SAS® para análise de modelos mistos. **Sci. agric.**, Piracicaba, v. 56, n. 4, p. 959-967, Oct. 1999.

PINTO, R. M.C., NETO, F.P.L., SOUZA JR., C. L. de. Estimativa do número apropriado de progênies S1 para a seleção recorrente em milho, Brasília. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.35, n.1, p.63-73, jan. 2000.

RAMALHO, M. A. P. et al. Aplicações da Genética Quantitativa no Melhoramento de Plantas Autógamas, Editora UFLA, Lavras, Brazil, 2012.

RAMALHO, M. A P.; ABREU, A. F. B.; SANTOS, J. B. Genetic progress in common bean after four cycles of recurrent selection. **Annual report of the bean improvement cooperative**, v. 46, p. 47-48, 2003.

REIS, R. A et al. Otimização da utilização da forragem disponível através da suplementação estratégica. In: REIS R. A.; SIQUEIRA, G. R.; BERTIPAGLIA, L. M. A.; OLIVEIRA, A. P.; MELO, G. M. P.; BERNARDES, T. F. (Ed.). Volumosos na produção de ruminantes. Jaboticabal: Funep, 2005. p. 187-238.

REIS, R. A.; TEIXEIRA, I.; SIQUEIRA, G. R. Impacto da qualidade da forragem na produção animal. In: Reunião anual da sociedade brasileira de zootecnia, 43. 2006, João Pessoa. **Anais...** João Pessoa: SBZ, 2006.

RENVOIZE, S. A.; CLAYTON, W. D.; KABUYE, C. H. S. Morfología, taxonomía y distribución natural de *Brachiaria* (Trin.) Griseb. In: MILES, J.W.; MAASS, B.L.; VALLE, C.B. (Eds.) *Brachiaria: biología, agronomía y mejoramiento*. 1.ed. Cali, Colombia: Centro Nacional de Agricultura Tropical; Campo Grande: Brasil: Embrapa Gado de Corte. p.1-17. 1998.

RESENDE, M. D. V. de. **Genética biométrica e estatística**: no melhoramento de plantas perenes. Brasília: EMBRAPA Informação Tecnológica, 2002. 975 p.

RESENDE, M. D. V. et al. Acurácia seletiva, intervalos de confiança e variâncias de ganhos genéticos associados a 22 métodos de seleção em *Pinus caribaea* var. *hondurensis*. 1995.

RESENDE, M. D. V. et al. Experimentação e análise estatística no melhoramento de forrageiras. In: RESENDE, R. M. S.; VALLE, C. B. do; JANK, L. (Org.). **Melhoramento de Forrageiras Tropicais**. Campo Grande: Embrapa. p. 195-287. 2008.

RESENDE, M. D. V. de. ; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 37, n. 3, p. 182-194. 2007.

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

REYES-PURATA A. et al. Producción de materia seca y concentración de proteína en 21 genotipos del pasto humidícola *Brachiaria humidicola* (Rendle) Schweick. Universidad y Ciencia. **Trópico Húmedo** 25: 213-224. 2009.

RIBEIRO, G.H.M.R. et al. Seleção de famílias para aparência dos tubérculos e tolerância a temperaturas elevadas em batata. **Bragantia**, v. 73, n. 4, p. 390-398, 2014.

RICCI, G. L. et al. Meiotic behavior in *Brachiaria humidicola* (Poaceae) hybrids. **Euphytica**, v. 182, n. 3, p. 355–361, 2011.

RISSO-PASCOTTO, C.; PAGLIARINI, M. S.; VALLE, C. B. do. A new basic chromosome number for the genus *Brachiaria* (Trin.) Griseb. (Poaceae: Panicoideae: Paniceae). **Genetic Resources and Crop Evolution**, Netherlands, v. 53, n. 1, p. 7-10, Feb. 2006.

SANTOS, S. A. et al. Sistema de produção de gado de corte do Pantanal. Corumbá: Embrapa Pantanal, 2005. 80 p.

SAVIDAN, Y.; CARMAN, J. G.; DRESSELHAUS, T. The flowering of apomixis: from mechanisms to genetic engineering. Cimmyt, 2001.

SEIFFERT, N. F. Gramíneas Forrageiras do gênero *Brachiaria*. **Embrapa**, v. 9, 1980.

SENDULSKY, T. **Hoehnea**, v.7 p.99-139. 1978.

SHIMOYA, A. et al. Repetibilidade de características forrageiras do capim-elefante. **Scientia Agricola**, v. 59, n. 2, p. 227-234, 2002.

SOUZA SOBRINHO, F. D. et al. Melhoramento de gramíneas forrageiras na Embrapa Gado de Leite. In: SIMPÓSIO DE FORRAGICULTURA E PASTAGENS, 7., 2009, Lavras. **Anais...** Lavras: NEFOR, 2009. p. 98-115.

STATISTICAL ANALYSIS SYSTEM INSTITUTE. **SAS/STAT user's guides**. Version 9. Cary, 2002. Software.

TIMBÓ, A. L. et al. Conteúdo de DNA nuclear e número cromossômico de genótipos de *Brachiaria* spp. **Revista Ciência Agronômica**, v. 45, n. 1, p. 62, 2014.

TRINIUS, C. B. De graminibus paniceis. Dissertatio botanica altera: 1–289. **Acad. Imp. descriptionibus**, v. 85, p. 86, 1826.

VALLE, C. B. BRS Tupi: uma nova cultivar de *B. humidicola*. 2011.

VALLE, C. B. et al. Melhoramento genético de *Brachiaria*. **Melhoramento de forrageiras tropicais**, Embrapa Gado de Corte. p. 13-53, 2008.

VALLE, C. B. DO; GLIENKE, C. 1993. Towards defining the inheritance of apomixis in *Brachiaria*. **Apomixis Newsl.** 6: 24–25

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

VALLE, C. B. do; SAVIDAN, Y.H. Genetics, cytogenetics, and reproductive biology of *Brachiaria*. In: MILES, J. W.; MAASS, B. L.; VALLE, C. B. do (Ed.). **Brachiaria: Biology, Agronomy, and Improvement**. Colombia. p. 147-163. 1996

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. Genética biométrica no fitomelhoramento. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496p.

WALD, A. Sequential tests of statistical hypotheses. **The Annals of Mathematical Statistics**, v. 16, n. 2, p. 117-186, 1945. BINGHAM, E. T. Maximizing heterozygosity in autopolyploids. In: **Polyplody**. Springer US, 1980. p. 471-489.

WEBSTER, R.D., 1987. The Australian Paniceae (Poaceae). J. Cramer, Berlin and Stuttgart, Germany, pp. 228–255.

WORTHINGTON, M. L.; MILES, J. W. Reciprocal full-sib recurrent selection and tools for accelerating genetic gain in apomictic *Brachiaria*. **Molecular Breeding of Forage and Turf**. p. 19–30, 2015

ZORZATTO, C. et al. Search of RAPD molecular marker linked to apomixis in *Brachiaria humidicola* In: **International Congress on Sexual Plant**