



JOSÉ MAURÍLIO MOREIRA DE FIGUEIREDO JÚNIOR

**ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS E SELEÇÃO
PARA MÚLTIPLAS CARACTERÍSTICAS EM SORGO PARA
FINS FORRAGEIRO**

LAVRAS - MG

2023

JOSÉ MAURÍLIO MOREIRA DE FIGUIREDO JÚNIOR

**ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS E SELEÇÃO PARA MÚLTIPLAS
CARACTERÍSTICAS EM SORGO PARA FINS FORRAGEIRO**

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

Prof. Dr. José Airton Rodrigues Nunes
Orientador
Dr. Rafael Augusto da Costa Parrella
Coorientador

LAVRAS - MG

2023

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

Figueiredo Júnior, José Maurílio Moreira de.

Estimativas de parâmetros genéticos e seleção para múltiplas características em sorgo para fins forrageiro / José Maurílio Moreira de Figueiredo Júnior. - 2023.

41 p.

Orientador(a): José Airton Rodrigues Nunes.

Coorientador(a): Rafael Augusto da Costa Parrella.

Dissertação (mestrado acadêmico) - Universidade Federal de Lavras, 2023.

Bibliografia.

1. Melhoramento genético de plantas. 2. Sorghum bicolor (L) Moench. 3. Sorgo forrageiro. I. Nunes, José Airton Rodrigues. II. Parrella, Rafael Augusto da Costa. III. Título.

JOSÉ MAURÍLIO MOREIRA DE FIGUIREDO JÚNIOR

**ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS E SELEÇÃO PARA MÚLTIPLAS
CARACTERÍSTICAS EM SORGO PARA FINS FORRAGEIRO**

**ESTIMATES OF GENETIC PARAMETERS AND SELECTION FOR MULTIPLE
TRAITS IN SORGHUM FOR FORAGE PURPOSES**

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

Aprovada em 19 de janeiro de 2023.

Prof. Dr. Márcio André Stefanelli Lara – UFLA
Profa. Dra. Flávia Maria Avelar Gonçalves – UFLA

Prof. Dr. José Airton Rodrigues Nunes
Orientador

Dr. Rafael Augusto da Costa Parrella
Coorientador

LAVRAS - MG

2023

AGRADECIMENTOS

Primeiramente gostaria de agradecer à Deus por me guiar neste passo tão importante da minha vida, o tão sonhado mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas.

Aos meus pais e meus irmãos por todo amor e por sempre me incentivarem a continuar os estudos.

A todos os meus amigos que me deram força para batalhar por este sonho, vocês fizeram a diferença nestes anos, em especial ao Artur por todos os momentos que passamos em Lavras.

A todos os meus familiares que estão sempre torcendo por mim, em especial ao tio Diquinho que nos deixou, com os corações cheios de saudade.

Ao meu orientador Dr. José Airton pela orientação, por todo tempo que se dispôs a me ajudar, e pelos conselhos que levarei para a vida.

Aos doutores pesquisadores da Embrapa Milho e Sorgo, Robert Schaffert, Cícero Beserra, José Avelino e em especial ao meu coorientador Rafael Parrella, por contribuírem com a minha formação.

Aos amigos do Galpão de Melhoramento de Sorgo por todos os ensinamentos e acolhimento.

Aos amigos do Programa em Genética e Melhoramento de Plantas, em especial ao Luis Carlos pelo acolhimento e por toda a ajuda durante o mestrado.

Aos membros da banca, a Dra. Flávia Avelar e o Dr. Márcio Lara pelas sugestões e contribuições.

À Embrapa Milho e Sorgo pela parceria e a realização do projeto.

À UFLA por todo suporte e infraestrutura que me permitiu cursar o mestrado.

Ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas pelo suporte para realização do meu curso de mestrado.

À CAPES pelo apoio concedido ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas na formação de mestres e doutores.

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

RESUMO

O sorgo é uma cultura versátil com potencial para produção de forragem, sendo uma alternativa para produção de silagem. Durante o processo de melhoramento genético de sorgo para fins forrageiro, é preciso conhecer a variação genética existente para as características de interesse, bem como o potencial *per se* dos genitores por meio de estimativas de parâmetros genéticos. O objetivo deste trabalho foi obter estimativas de parâmetros genéticos de características agrônômicas e bromatológicas em linhagens de sorgo para fins forrageiro, bem como selecionar linhagens promissoras com base em múltiplas características para obter ganhos genéticos. Foi avaliado um conjunto diverso de 100 linhagens de sorgo, compreendendo os tipos biomassa, biomassa/bmr, forrageiro, além de duplo propósito forrageiro/sacarino, oriundas da Embrapa Milho e Sorgo, em experimentos conduzidos nas safras 2020/2021 e 2021/2022 no delineamento em látice triplo 10 × 10. Os dados foram submetidos à análise via abordagem de modelos mistos. Foram estimados a variância genética, herdabilidade e acurácia seletiva na média de linhagem, correlação genética entre as características. Foram obtidas as predições dos valores genéticos das linhagens e aplicado o índice FAI-BLUP para seleção com base nas múltiplas características. Em ambas as safras, as características mensuradas foram: produtividade de massa verde (PMV), porcentagem de matéria seca (MS), produtividade de massa seca (PMS), fibra em detergente ácido (FDA), fibra em detergente neutro (FDN), celulose (CEL), hemicelulose (HEM) e lignina (LIG). Houve variação genética entre as linhagens para todas as características. A característica PMV foi altamente correlacionada à PMS. As características bromatológicas ou componentes da parede celular foram correlacionadas entre si. As linhagens selecionadas com base no índice FAI-BLUP foram: 54, 57, 56, 58, 53, 61, 4, 5, 55, 74, 60, 62, 10, 13 e 9, sendo elas as mais promissoras para uso no programa de melhoramento genético de sorgo forrageiro. Os ganhos genéticos esperados com a seleção e recombinação dessas linhagens como genitoras foram expressivos para todas as características.

Palavras-chave: *Sorghum bicolor* (L) Moench. Nervura marrom. Componentes de variância. Resposta correlacionada. Ganho de seleção.

ABSTRACT

Sorghum is a versatile crop with potential for forage production, being an alternative for silage production. The improving sorghum crop for forage purposes, it is necessary to know the genetic variation associated with target traits of interest, as well as the potential *per se* of the parents through estimates of genetic parameters. The objective of this study was to obtain estimates of genetic parameters for agronomic and bromatological traits in sorghum lines for forage purposes, as well as to select promising lines based on multiple traits and obtain genetic gains. A diverse set of 100 sorghum lines was evaluated, including biomass, biomass/bmr, forage, as well as dual-purpose forage/sweet, from Embrapa Maize and Sorghum. The experiments were conducted in the 2020/2021 and 2021/2022 crop seasons and laid out in 10×10 triple lattice design. Data were analyzed using the mixed model approach. The estimated parameters were genetic variance, heritability and selective accuracy on line-mean basis, and genetic correlation between traits. Predictions of the genetic values of the lines were obtained and the FAI-BLUP index was applied for selection based on multiple traits. The measured traits were: green mass productivity (PMV), dry matter percentage (MS), dry mass productivity (PMS), acid detergent fiber (FDA), neutral detergent fiber (FDN), cellulose (CEL), hemicellulose (HEM) and lignin (LIG). There was genetic variation among lines for all traits. The PMV trait was highly correlated to PMS. The chemical traits or cell wall components were correlated with each other. The lines selected based on the FAI-BLUP index were: 54, 57, 56, 58, 53, 61, 4, 5, 55, 74, 60, 62, 10, 13 and 9, being the most promising lines for a forage sorghum breeding program. The expected genetic gains with the selection and recombination of these selected lines as parents were significant for all traits.

Keywords: *Sorghum bicolor* (L) Moench. Brown midrib. Variance components. Correlated response. Selection gain.

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1** – Dados mensais de precipitação, temperaturas mínima e máxima e média para o período de cultivo dos experimentos de avaliação das linhagens de sorgo nas safras 2020/2021 e 2021/2022. 18
- Figura 2** – Semeadura das parcelas dos experimentos de avaliação das linhagens de sorgo. . 19
- Figura 3** – Colhedora automática Wintersteiger Cibus S utilizada para colheita dos experimentos de avaliação das linhagens de sorgo nas safras 2020/2021 e 2021/2022. 20
- Figura 1A** – Estimativas das correlações genéticas entre as características produção de massa verde (PMV, t.ha⁻¹), porcentagem de matéria seca (MS), produtividade de massa seca (PMS, t.ha⁻¹), Fibra em detergente neutro (FDN, %), Fibra em detergente ácido (FDA, %) Celulose (CEL, %), Hemicelulose (HMC, %) e Lignina (LIG, %) referente à avaliação de linhagens de sorgo nas safras 2020/2021 e 2021/2022... 38
- Figura 2A** – Biplot da análise de componentes principais (PCA) para as características produção de massa verde (PMV, t.ha⁻¹), porcentagem de matéria seca (MS), produtividade de massa seca (PMS, t.ha⁻¹), Fibra em detergente neutro (FDN, %), Fibra em detergente ácido (FDA, %) Celulose (CEL, %), Hemicelulose (HMC, %) e Lignina (LIG, %) referente à avaliação de linhagens de sorgo nas safras 2020/2021 e 2021/2022. 39
- Figura 3A** – Representação gráfica do desempenho das 15% melhores selecionadas pelo índice FAI-BLUP para as características produção de massa verde (PMV, t.ha⁻¹), porcentagem de matéria seca (MS), produtividade de massa seca (PMS, t.ha⁻¹), Fibra em detergente neutro (FDN, %), Fibra em detergente ácido (FDA, %) Celulose (CEL, %), Hemicelulose (HMC, %) e Lignina (LIG, %) referente à avaliação de linhagens de sorgo nas safras 2020/2021 e 2021/2022..... 40

LISTA DE TABELAS

- Tabela 1** – Estimativas de parâmetros genéticos e ambientais para as características produção de massa verde (PMV, t.ha⁻¹), porcentagem de matéria seca (MS), produtividade de massa seca (PMS, t.ha⁻¹), Fibra em detergente neutro (FDN, %), Fibra em detergente ácido (FDA, %) Celulose (CEL, %), Hemicelulose (HMC, %) e Lignina (LIG, %) referente à avaliação de linhagens de sorgo nas safras 2020/2021 e 2021/2022.25
- Tabela 2** – Estimativas de parâmetros genéticos e ambientais para as características produção de massa verde (PMV, t.ha⁻¹), porcentagem de matéria seca (MS), produtividade de massa seca (PMS, t.ha⁻¹), Fibra em detergente neutro (FDN, %), Fibra em detergente ácido (FDA, %) Celulose (CEL, %), Hemicelulose (HMC, %) e Lignina (LIG, %) referente à análise conjunta dos experimentos de avaliação de linhagens de sorgo nas safras 1 (2020/2021) e 2 (2021/2022).27
- Tabela 3** – BLUPs das 15% melhores linhagens selecionadas pelo índice FAI-BLUP para as características produção de massa verde (PMV, t.ha⁻¹), porcentagem de matéria seca (MS), produtividade de massa seca (PMS, t.ha⁻¹), Fibra em detergente neutro (FDN, %), Fibra em detergente ácido (FDA, %) Celulose (CEL, %), Hemicelulose (HMC, %) e Lignina (LIG, %) referente à avaliação de linhagens de sorgo nas safras 2020/2021 e 2021/2022.30
- Tabela 4** – Estimativas de ganhos esperados com a seleção das 15% melhores linhagens selecionadas pelo índice FAI-BLUP para as características produção de massa verde (PMV, t.ha⁻¹), porcentagem de matéria seca (MS), produtividade de massa seca (PMS, t.ha⁻¹), Fibra em detergente neutro (FDN, %), Fibra em detergente ácido (FDA, %) Celulose (CEL, %), Hemicelulose (HMC, %) e Lignina (LIG, %) referente à avaliação de linhagens de sorgo nas safras 2020/2021 e 2021/2022...31

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	10
2	REFERENCIAL TEÓRICO	12
2.1	Sorgo para fins forrageiros no Brasil	12
2.2	Melhoramento genético do sorgo forrageiro.....	14
2.3	Interação genótipos × ambientes.....	15
2.4	Parâmetros Genéticos	16
3	MATERIAIS E MÉTODOS.....	18
3.1	Local de condução dos experimentos.....	18
3.2	Linhagens avaliadas	18
3.3	Planejamento e manejo dos experimentos	19
3.4	Características agronômicas e bromatológicas mensuradas.....	20
3.5	Análise estatística dos dados.....	21
4	RESULTADOS E DISCUSSÃO	24
5	CONCLUSÃO	32
	REFERÊNCIAS	33
	ANEXOS	38

1 INTRODUÇÃO

De acordo com dados da Associação Brasileira das Indústrias Exportadoras de Carne - ABIEC, o Brasil detém o maior rebanho de gado no mundo, com cerca de 190 milhões de cabeça, e é líder nas exportações de carne (ABIEC, 2021). Este contexto resulta em uma demanda expressiva por alimentos volumosos para atender a cadeia produtiva de carne ao longo do ano, além de demandar que os alimentos volumosos sejam armazenados durante todo o ano.

A conservação de alimentos na forma de silagem auxilia estrategicamente a produção animal suprindo os períodos de seca em que a quantidade e valor nutritivo adequados de volumoso fornecido aos animais está em baixa. Dentre as culturas possíveis, o milho (*Zea mays* L.) é amplamente utilizado na produção de forragem por apresentar características agronômicas e bromatológicas que favorecem a produção de forragem de alta quantidade e qualidade nutricional, o que resulta em alto ganho animal. No entanto, culturas alternativas são necessárias para abastecer a cadeia produtiva, evitando assim a dependência de uma cultura específica com valor nutricional adequados e boas produtividades, além de que há culturas que são mais adaptadas às diversas condições ambientais nas diferentes regiões do país (ROSSI et al., 2015).

Neste contexto, o sorgo forrageiro (*Sorghum bicolor* (L.) Moench) é uma alternativa de ótima qualidade para suprir a demanda de matéria-prima para a produção de silagem. Ele apresenta características agronômicas e bromatológicas favoráveis para uma adequada ensilagem, semelhantes às do milho, tais como alta produção de massa verde e seca, elevada concentração de carboidratos solúveis que conferem uma boa qualidade de fermentação e resulta em uma silagem de alto valor nutritivo com alto ganho de produção animal (PARRELLA et al., 2014). Adicionalmente, a cultura do sorgo possui manejo fitotécnico bem definido, como cultivo totalmente mecanizável, plantio por sementes e boa sanidade frente às principais pragas e doenças que atingem a cultura e é adaptada às diferentes regiões e condições climáticas (RIBAS, 2014; OLIVEIRA et al., 2019).

No desenvolvimento de uma cultivar, os programas de melhoramento utilizam de métodos de melhoramento até chegar em uma cultivar que será lançada no mercado. Durante este processo, é importante conhecer o potencial *per se* dos genótipos que compõem as populações do programa que poderão ser utilizados como genitores ou até mesmo serem lançados no mercado (GOMES et al., 2020). Para isso, é necessário estimar parâmetros genéticos das principais características alvo do melhoramento, tais como componentes de

variância, herdabilidade e correlação. Além de parâmetros que forneçam informações acerca da precisão na seleção, como a acurácia seletiva, permitindo ao melhorista a tomada de decisão para fins de seleção (RAMALHO et al., 2012; RESENDE; ALVES, 2020).

As características alvo dos programas de melhoramento para fins forrageiros estão relacionadas à produção de biomassa, como produtividade de massa verde e seca, e à qualidade da forragem como o teor de fibras que refletem a qualidade da forragem (CUNHA; LIMA, 2010; RODRIGUES et al., 2021). A seleção de linhagens com base nestas múltiplas características agronômicas (e.g. produção de biomassa) e bromatológicas (e.g. componentes da parede celular, como teor de celulose, hemicelulose e lignina), deve levar em consideração as correlações existentes, permitindo antever o impacto e a aplicabilidade da seleção indireta, bem como possíveis aspectos desafiadores do processo de seleção de genótipos superiores para se obter ganhos a depender como as características podem estar correlacionadas (RAMALHO et al., 2012).

Uma estratégia frequentemente empregada na seleção simultânea de características é o índice de seleção, devido a sua praticidade de realizar o ranqueamento dos genótipos com base nos valores obtidos para esta nova variável. Há vários índices de seleção sugeridos na literatura (CRUZ; CARNEIRO, 2003; CRUZ et al., 2012), tendo sido alguns empregados na seleção de genótipos em sorgo (FRANÇA et al., 2016; OLIVEIRA et al., 2019 e BOTELHO et al., 2021). Dentre os índices de seleção, destaca-se o índice FAI-BLUP (*factor analysis and genotype-ideotype distance*), proposto por Rocha et al. (2017), por seus aspectos vantajosos ao considerar o inter-relacionamento das características e permitir a delimitação da seleção com base em ideótipos.

Diante do exposto, o objetivo do presente trabalho foi obter estimativas de parâmetros genéticos de características agronômicas e bromatológicas em linhagens de sorgo para fins forrageiro, bem como selecionar linhagens promissoras com base em múltiplas características e obter ganhos genéticos com a seleção.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Sorgo para fins forrageiros no Brasil

O sorgo historicamente é cultivado concomitantemente com o milho como fonte de alimento aos animais ruminantes, seja na forma de volumoso (planta inteira) ou grãos. Na primeira metade do século XX há relatos de sorgo para alimentação de bovinos nas regiões de divisa dos países platinos (Argentina, Paraguai e Uruguai) e no final dos anos de 1930 na forma de fenação, uma variedade de sorgo denominada “grahoma” introduzida no estado de Pernambuco (RIBAS, 2014). Posteriormente, na década de 60, é que comercialmente começam as pesquisas com sorgo forrageiro por vários institutos de pesquisa espalhados por todo o país (RODRIGUES et al., 2021).

Atualmente, a principal utilização no Brasil é na forma de volumoso, por meio de ensilagem, fenação e usado em pastejo, sendo os dois primeiros os mais frequentes. Para a produção de volumoso o sorgo forrageiro é o tipo mais adequado, pois possui alta produção de massa verde e seca e a proporção de grãos na massa total é considerada alta, além de apresentar fibras com alta digestibilidade (PARRELLA et al., 2014; VERIATO et al., 2018).

O sorgo e o milho são as culturas mais utilizadas para a produção de silagem, elas apresentam atributos agronômicos que resultam em silagem de alta qualidade, a fermentação acontece de forma natural, sem a necessidade de aditivos. A qualidade da silagem pode variar de acordo com o genótipo, e por diferenças no manejo da cultura e no processo de ensilagem (RODRIGUES et al., 2021).

A porcentagem de matéria seca no momento da ensilagem é um fator limitante e está diretamente relacionado com a qualidade de fermentação dentro do silo. De acordo com Marafon et al. (2015) o valor ideal é entre 30% e 35%. Já Rodrigues et al. 2021 classificam valores de porcentagem de matéria seca de muito boa (35% a 30%), boa (30% a 25%), média (25% a 20%) e ruim (<20%). Portanto, valores fora desta faixa causam sérios prejuízos à qualidade da silagem, interferindo diretamente na fermentação dentro do silo, o que compromete o valor nutritivo da silagem.

A porção de fibras está diretamente ligada à digestibilidade da forragem. De acordo com Rossi et al. (2015) e Rodrigues et al. (2021) os parâmetros de qualidade da forragem de milho e sorgo são semelhantes. No entanto, os níveis de fibras em detergente neutro e ácido, celulose, hemicelulose e lignina são limitantes na cultura do sorgo em relação à níveis mais adequados na planta de milho. Neste sentido, os genótipos de sorgo forrageiro devem

apresentar valores ótimos de fibra em detergente neutro (<55%), fibra em detergente ácido (<40%) e lignina (<6%) (RODRIGUES et al., 2021).

O ponto ideal de colheita do sorgo para ensilagem é quando os grãos se encontram em estágio leitoso-pastoso, em que neste estágio apresenta boas produtividades e a proporção de grãos na massa total é considerada boa. A participação do grão na massa total é o que irá garantir uma boa fermentação no silo, além de aumentar a digestibilidade e o consumo de matéria seca, resultando em maior produção animal (PARRELLA et al., 2014; BARRETO et al., 2020).

Outros tipos de sorgo também são utilizados para a produção de silagem, como é o exemplo dos tipos biomassa e sacarino. O sorgo sacarino é utilizado para produção de etanol por apresentar caldo no colmo rico em açúcares de fácil fermentação (glicose e frutose) e por apresentar altas produtividades. Já o sorgo biomassa tem a finalidade de queima direta em caldeira para cogeração de energia elétrica e etanol de segunda geração por apresentar colmo seco e alta produção de biomassa. Estes tipos de sorgo podem ser sensíveis e insensíveis ao fotoperíodo. Os sensíveis só florescem quando o comprimento do dia é inferior a 12 horas e 20 minutos, que quando plantados em outubro ou novembro tem seu ciclo aumentado, ao passo que os insensíveis florescem independente do comprimento do dia (ROONEY; AYDIN, 1999). Neste sentido, a sensibilidade ao fotoperíodo permite acúmulo de biomassa, resultando em boas produtividades.

O sorgo sacarino tradicionalmente já é usado pelos agricultores para silagem por apresentar açúcares no colmo. Acredita-se que há uma melhor fermentação dentro do silo. Behling Neto et al. (2017) avaliando sorgo sacarino para silagem ressalta que, por este tipo de sorgo conter açúcares fermentescíveis no colmo podem apresentar produção de etanol dentro do silo comprometendo o valor nutritivo da silagem. Carvalho et al. (2020) avaliando sorgo sacarino para silagem comentam que o este tipo de sorgo pode ser recomendado como volumoso em sistemas de produção intensivos, pois sorgo sacarino apresenta boas digestibilidades de matéria seca. Neste contexto, a presença de açúcares no colmo pode resultar em silagem de boa qualidade, desde que a cultivar utilizada tenha níveis adequados de açúcares no colmo e boa relação de grãos na massa.

O sorgo do tipo biomassa é caracterizado por possuir colmo seco e apresentar altas produtividades, o que o torna atrativo para a produção de silagem pelos produtores por apresentar rendimento de biomassa superior ao milho e ao sorgo forrageiro. No entanto, este tipo de sorgo possui baixa relação de grãos na massa total, além de possuírem teores altos de

fibras (PARRELLA et al., 2021; RODRIGUES et al., 2021). De acordo Paziani et al. (2019) a proporção de grãos na massa total é fundamental para diluir os teores de fibra e aumentar o teor de matéria seca devido a maior participação de amido. Queiroz et al., 2022 avaliando a substituição de sorgo forrageiro por sorgo biomassa (cultivar BRS716) não encontraram diferenças na digestibilidade de matéria seca entre os tipos de sorgo, evidenciando o potencial do sorgo biomassa para silagem. Neste sentido, genótipos de sorgo biomassa podem ser utilizados para a produção de silagem.

A lignina está correlacionada negativamente com a digestibilidade da matéria seca da silagem (ROSSI et al., 2015). Na Embrapa Milho e Sorgo estão sendo desenvolvidos genótipos com menor teor de lignina por meio de mutantes com genes *bmr*. A denominação *bmr* é um acrônimo de brown-midrib, fenótipo condicionado por um alelo mutante do gene *BMR* de efeito pleiotrópico caracterizado pela concentração de pigmentos amarronzados na nervura central das folhas e colmos e pela redução do teor de lignina (RODRIGUES et al., 2021; PARRELLA et al., 2018). Neste sentido, genótipos portadores do gene *bmr* são interessantes de serem utilizados no desenvolvimento de novas cultivares de sorgo forrageiro.

2.2 Melhoramento genético do sorgo forrageiro

O sorgo possui flores completas dispostas ao longo da panícula, é uma planta autógama, com taxa de fecundação cruzada de até 10%. Apresenta pouca depressão por endogamia quando se faz uso dos métodos de melhoramento para obtenção de linhas puras. Além disso, o sorgo pode apresentar vigor híbrido quando é submetido à polinização cruzada permitindo a obtenção de híbridos (VON PINHO et al., 2014).

O sorgo possui macho-esterilidade genético-citoplasmática natural, possibilitando a produção de sementes híbridas em escala comercial. Segundo Menezes et al. (2019) a esterilidade genético-citoplasmática é resultado da combinação do citoplasma *Milo* e do gene *Kafir* presente no núcleo. Sendo assim, os descendentes apresentam similaridade no citoplasma, mas podem ser estéreis ou férteis dependendo dos genes nucleares do parental utilizado como doador de pólen (OLIVEIRA et al., 2021).

A fertilidade do citoplasma é controlada pelo gene denominado *Rf*, apresentando três diferentes linhagens com diferenças na fertilidade citoplasmática, sendo elas linhagem A (macho-estéril), linhagem B (macho-fértil) e linhagem R (macho-fértil). A linhagem A apresenta citoplasma estéril com seus alelos nucleares em homozigose na forma recessiva

(rfrf). Ao passo que, a linhagem B apresenta citoplasma fértil e com seus alelos nucleares também em homozigose na forma recessiva (rfrf), sendo que essas duas linhagens são isogênicas com diferença apenas na fertilidade. A linhagem R possui citoplasma fértil com pelo menos um alelo nuclear na forma dominante (RfRf ou Rfrf) (PARRELLA et al., 2016; MENEZES et al., 2019; OLIVEIRA et al., 2021).

A produção de sementes em escala comercial para sorgo é facilitada pelo sistema de macho-esterilidade genético-citoplasmática, permitindo a produção de híbridos por meio do cruzamento de uma linhagem A (macho-estéril) com uma linhagem R (restauradora). Para a multiplicação da linhagem A é realizado o cruzamento desta com uma linhagem B (mantenedora), o resultado desse cruzamento é a própria linhagem A, ou seja, a linhagem B não restaura a fertilidade da linhagem A. As linhagens B e R são multiplicadas por autofecundação (SCHAFFERT et al., 2016; MENEZES et al., 2019; OLIVEIRA et al., 2021).

2.3 Interação genótipos × ambientes

Novas cultivares melhoradas sempre são lançadas a fim de atender exigências de mercado tais como é o exemplo de cultivares que apresentem altas produtividades aliado a resistência a estresses abióticos e bióticos. Para isso, a recomendação de uma determinada cultivar é de extrema importância dando segurança aos produtores. Segundo Resende et al. (2021) uma cultivar pode apresentar padrão de resposta diferente distinto em diferentes ambientes, apresentando em determinado ambiente bons resultados, ao passo que em outro esse resultado pode não ser tão satisfatório. O estudo da interação genótipos × ambientes é de extrema importância dentro dos programas de melhoramento, pois auxiliam a identificar o padrão de resposta dos genótipos melhorados pelo programa em diferentes ambientes.

Segundo Ramalho et al. (2012) a definição de fenótipo é dada pela interação do genótipo com o ambiente que ele se encontra, podendo assim o ambiente moldar a expressão fenotípica que a planta irá expressar. Desse modo, quando se deseja avaliar o fenótipo de uma determinada característica em um experimento deve se utilizar de técnicas para reduzir os efeitos ambientais de modo que as condições experimentais sejam uniformes e que os efeitos ambientais sejam os mínimos possíveis. A função que mede a expressão fenotípica pode ser calculada pela seguinte equação:

$$F = G + A \quad (1)$$

A resposta do genótipo visto as mudanças do ambiente foi definido por Ramalho et al. (2012) como previsíveis e imprevisíveis. As mudanças previsíveis incluem todos os fatores que são decorrentes do ambiente como os fatores climáticos e de fatores de solo, além dos fatores que tem um comportamento sistêmico como o comprimento do dia. Ao passo que, os fatores imprevisíveis são aqueles que não funcionam de forma sistêmica como a distribuição de pluviosidade e de temperatura.

A interação pode ser considerada simples ou complexa. Em linhas gerais a interação simples apresenta um cenário ideal nos programas de melhoramento, pois o genótipo tem resposta superior com a melhoria do ambiente e vice-versa, no entanto, não é o que geralmente acontece. Para a interação complexa há alteração no padrão de resposta dos genótipos nos diferentes ambientes, de forma que não existe uma associação no desempenho dos genótipos nos diferentes ambientes (RAMALHO et al., 2012).

Para Ramalho et al. (2012) quando o fenótipo é avaliado em mais ambientes (que pode ser diferentes locais e safras) ele pode então ser influenciado não só pelo genótipo e pelo ambiente, mas também pela relação entre esses atributos. Essa relação é a interação genótipos \times ambientes, ela é resultado da variação da resposta de cada genótipo nos diferentes ambientes em que o fenótipo está sendo avaliado refletindo nas diferentes respostas dos genótipos frente às mudanças do ambiente, o fenótipo então passa a ter um novo atributo, como apresentado a seguir:

$$F = G + A + G \times A \quad (2)$$

2.4 Parâmetros Genéticos

Os programas de melhoramento de sorgo forrageiro têm interesse em características de importância para silagem de boa qualidade que na sua grande maioria são quantitativas, ou seja, são controlados por muitos genes e são muito influenciados pelo ambiente, como é o exemplo das produtividades de matéria verde e seca (CUNHA; LIMA, 2010). Desse modo, para selecionar genótipos que serão utilizadas no processo de melhoramento é necessário estimar os efeitos genéticos e ambientais destas características. Permitindo assim, identificar a ação dos genes envolvidos e explorar a variabilidade existente.

Para tal, um método bastante utilizado é a abordagem dos quadrados médios da análise de variância igualando a suas respectivas esperanças matemáticas, de acordo com um modelo estatístico pré-estabelecido. Outro método, que também vem sendo muito utilizado pelos

programas de melhoramento é o de modelos mistos via RELM/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não viesada). Este método permite que os parâmetros sejam estimados mesmo com dados desbalanceados e é possível incluir informações na composição do modelo, levando maior acurácia na estimação dos parâmetros (PINHEIRO et al., 2013; ALMEIDA FILHO et al., 2016).

A variância fenotípica é o resultado do somatório da variância genética e ambiental. A variância genética é a composição das variâncias aditiva, de dominância e epistática, que representa as ações gênicas envolvidas na expressão de um determinado caráter. Quando o objetivo do melhorista é selecionar genótipos superiores a variância aditiva é o componente da variância genética mais importante, visto que ela representa a contribuição média dos alelos dos genitores que será herdado na próxima geração (BORÉM; MIRANDA, 2013).

A partir das estimativas das variâncias é possível a obtenção da herdabilidade, ela representa o quanto da variância fenotípica de um determinado caráter é passado para as próximas gerações, ou seja, ela representa o quanto da variação fenotípica é devido a causas genéticas. Os valores de herdabilidade podem variar entre 0 e 1, sendo que, quanto mais próximos de 1 indica que a variabilidade fenotípica do caráter é devido aos efeitos do genéticos e não de efeitos do ambiente, ao passo que quanto mais próximo de 0 indica que a variabilidade fenotípica do caráter é devido aos efeitos ambientais. Neste caso, não há correlação entre o valor fenotípico e genotípico, sendo assim a seleção para determinado caráter não é viável (BORÉM; MIRANDA, 2013).

A correlação entre duas características permite ao melhorista selecionar genótipos superiores por meio da associação entre eles. Podendo variar de -1 a +1, sendo que quanto mais próxima de -1 ou +1 maior é a associação entre as características. A correlação positiva indica que as características variam em uma mesma direção, ao passo que, a correlação negativa também varia, mas em direção oposta. Quando o valor for zero implica que não existe associação entre as características (RAMALHO et al., 2012).

Para se obter estimativas de parâmetros genéticos é necessário que os experimentos sejam bem conduzidos, de forma que se tenha uma boa precisão experimental. Resende; Duarte, (2007) com o intuito de avaliar a precisão de seleção propuseram a acurácia seletiva como indicador de boa precisão experimental. Os valores podem variar de 0 a 1, sendo que, segundo os autores, valores acima de 0,90 são ideais para praticar seleção e obter ganhos genéticos.

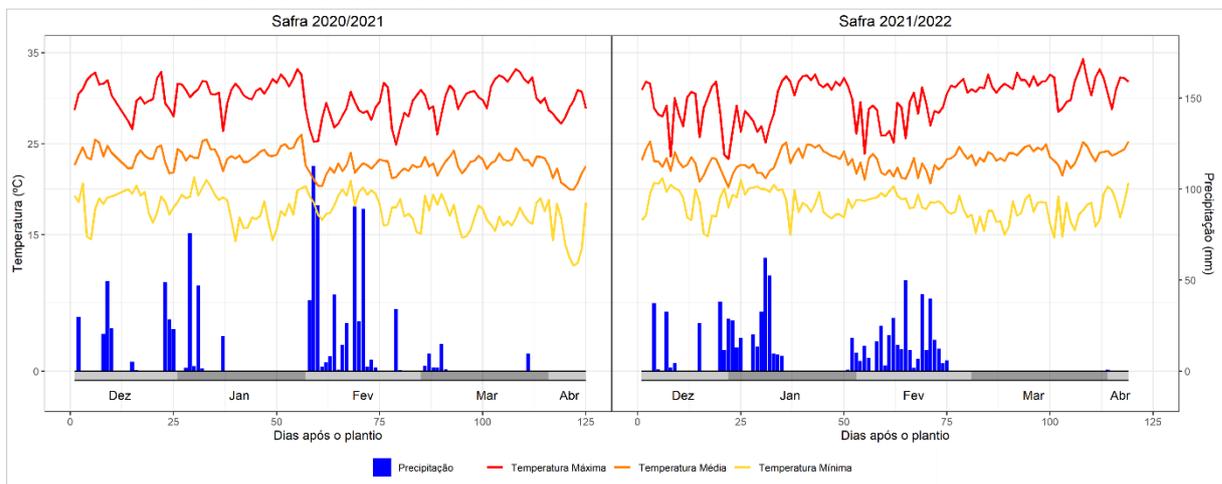
3 MATERIAIS E MÉTODOS

3.1 Local de condução dos experimentos

Os experimentos foram conduzidos nas safras 2020/2021 e 2021/2022 na área experimental denominada de Vicente – Cordão 5, pertencente ao Núcleo de Recursos Genéticos e de Cultivares na Embrapa Milho e Sorgo, localizada em Sete Lagoas – MG, situada a 767 m de altitude, 19°27'57" de latitude Sul e 44°14'49" de longitude Oeste. A temperatura média anual é de aproximadamente 23°C, precipitação média de 1.400 mm. O clima é classificado na escala de Köppen como tropical de altitude (Cwa). O tipo de solo é o latossolo vermelho.

Os dados climáticos diários da precipitação e das temperaturas mínima e máxima nos períodos de condução dos experimentos (da semeadura à colheita) em ambas as safras estão apresentados na Figura 1.

Figura 1 – Dados diários de precipitação, temperaturas mínima e máxima e média para o período de cultivo dos experimentos de avaliação das linhagens de sorgo nas safras 2020/2021 e 2021/2022.



Fonte: INMET (2022).

3.2 Linhagens avaliadas

Foram avaliadas 100 linhagens com diferentes tipos de sorgo com potencial forrageiro: biomassa, biomassa/bmr, frageiro e dupla aptidão (forrageiro/sacarino – cultivar BRS Ponta Negra que apresenta caldo no colmo com concentração de açúcares, à semelhança do sorgo do tipo sacarino). As linhagens foram codificadas de 1 a 100, sendo as linhagens

com códigos de 1 a 12 do tipo biomassa/bmr; códigos 13 a 52 do tipo biomassa; código 63 com dupla aptidão forrageiro/sacarino; e aquelas com os códigos restantes do tipo forrageiro.

3.3 Planejamento e manejo dos experimentos

Os experimentos foram instalados em área experimental sob plantio direto. Na pré-semeadura, o preparo da área consistiu na dessecação das plantas daninhas com os herbicidas 2-4-D NORTOX® e Round Up® conforme indicação dos fabricantes, e posterior roçagem da área utilizando o equipamento trincha. A sulcagem, semeadura e adubação de plantio foi realizada por meio da semeadora de três linhas (Figura 2). Foi aplicado 420 kg.ha^{-1} do fertilizante NPK na formulação 8:28:16. Após 20 dias da emergência das plantas, foi feito o desbaste manual para adequação da população inicial ideal de $140.000 \text{ plantas.ha}^{-1}$, perfazendo 10 plantas por metro linear. A adubação de cobertura foi efetuada após 30 dias da semeadura com 250 kg.ha^{-1} de ureia. O controle de plantas daninhas foi realizado com aplicação de herbicida a base de Atrazina® na dose de $3,0 \text{ kg.ha}^{-1}$ do ingrediente ativo.

Figura 2 – Semeadura das parcelas dos experimentos de avaliação das linhagens de sorgo.



Fonte: Do autor (2021).

O delineamento experimental empregado foi o de blocos incompletos do tipo látice quadrado 10×10 com três repetições. As parcelas foram compostas por duas linhas de 5,0 m, espaçadas entre 0,70 m entre linhas totalizando uma área útil de $7,0 \text{ m}^2$, com 10 plantas por metro linear, ajustado após desbaste manual anteriormente mencionado.

Na safra 2020/2021, o experimento foi semeado no dia 09 de dezembro de 2020 e colhido no dia 23 de abril de 2021, ou seja, após 135 dias, enquanto na safra 2021/2022, a semeadura foi realizada no dia 10 de dezembro de 2021 e colhido no dia 07 de abril de 2022

(117 dias). Para ambas as safras, a colheita foi realizada com auxílio de colhedora Wintersteiger Cibus S (Figura 3), que tritura, pesa e homogeneiza as plantas inteiras das parcelas.

Figura 3 – Colhedora automática Wintersteiger Cibus S utilizada para colheita dos experimentos de avaliação das linhagens de sorgo nas safras 2020/2021 e 2021/2022.



Fonte: Rafael Parrella (2022).

3.4 Características agronômicas e bromatológicas mensuradas

As características agronômicas mensuradas em ambas as safras foram:

- a) Produtividade de massa verde (PMV): as plantas de cada parcelas foram colhidas, trituradas e pesadas com auxílio de colhedora mecânica. A massa da biomassa verde da parcela foi medida em quilograma e, posteriormente, convertida para toneladas por hectare ($t \cdot ha^{-1}$);
- b) Porcentagem de massa seca (MS): coletou-se uma amostra de cerca de 500 gramas da forragem triturada, anotando-se a massa inicial (MI). Na sequência, a amostra passou por um processo de pré-secagem em estufa de ventilação forçada a $65^{\circ}C$ por 72 horas e, em seguida, mantida à temperatura ambiente por duas horas, anotando-se a massa final da amostra seca em estufa (MF). O cálculo da MS foi obtido a partir da seguinte expressão:

$$MS = [(MI - MF)/MI] \times 100 \quad (3)$$

- c) Produtividade de massa seca (PMS): Estimada pelo produto dos valores do PMV e MS dividindo-se por 100, sendo expresso em toneladas por hectare ($t.ha^{-1}$), conforme expressão:

$$PMS = PMV \times MS/100 \quad (4)$$

As características bromatológicas foram mensuradas em ambas as safras no Laboratório de Análises Químicas de Plantas da Embrapa Milho e Sorgo utilizando-se o equipamento de espectrometria de infravermelho próximo (NIR), que tem como base valores de referência para as características bromatológicas dos componentes da parede celular. Para isso, foram utilizadas amostras de parcelas previamente secas em estufa, que foram então moídas em peneira de 1,0 mm (Restsh SM300) e colocadas em estufa a 105°C até atingir peso constante. Foram mensuradas as seguintes características bromatológicas relacionadas com a composição da parede celular (expresso em porcentagem): fibra em detergente neutro (FDN), fibra em detergente ácido (FDA), celulose (CEL), hemicelulose (HMC) e lignina (LIG).

3.5 Análise estatística dos dados

Os dados foram analisados usando a abordagem de modelos lineares mistos de Henderson (MRODE; THOMPSON, 2014; RESENDE 2002). Os componentes da variância foram estimados pelo método da máxima verossimilhança residual, sendo a significância verificada pelo teste da razão de verossimilhança à 5% de probabilidade. Foram obtidas estimativas BLUE (*best linear unbiased estimator*) dos efeitos fixos e as predições BLUP (*best linear unbiased predictor*) dos efeitos aleatórios dos modelos estatísticos adotados.

As análises individuais por safra foram realizadas usando o pacote R lme4 (BATES et al., 2015) no software R (R CORE TEAM 2022) de acordo com o seguinte modelo estatístico:

$$y = 1\mu + X_r\beta_r + Z_bu_b + Z_gu_g + e \quad (5)$$

em que:

y : vetor de dados de cada safra;

μ : constante associada aos dados;

β_r : vetor dos efeitos de repetições;

u_b : vetor dos efeitos de blocos dentro das repetições, sendo $u_b \sim N(0, I_b\sigma_b^2)$. I_b é uma matriz identidade de ordem b , sendo b o número de blocos e σ_b^2 é a componente da variância associada ao efeito de blocos dentro de repetições;

u_g : vetor dos efeitos de linhagens, sendo $u_g \sim N(0, I_g \sigma_g^2)$. I_g é uma matriz identidade de ordem g , sendo que g é o número de linhagens e σ_g^2 é a componente da variância associada ao efeito de linhagens;

e : vetor de erros, sendo $e \sim N(0, I_n \sigma_e^2)$. I_n é uma matriz identidade de ordem n , sendo n o número de dados úteis e σ_e^2 é a componente da variância associada ao erro experimental;

$1, X_r, Z_b, Z_g$: vetor de 1's de ordem n , matrizes de delineamento ou de incidência dos efeitos β_r, u_b, u_g , respectivamente.

As análises conjuntas ou multisafra foram realizadas usando o pacote R sommer (COVARRUBIAS-PAZARAN, 2016, 2018) de acordo com o seguinte modelo estatístico:

$$y = 1\mu + X_s\beta_s + X_r\beta_r + Z_b u_b + Z_g u_g + e \quad (6)$$

em que:

y : vetor de dados das safras;

μ : constante associada aos dados;

β_s : vetor dos efeitos de safras;

β_r : vetor dos efeitos de repetições dentro de safras;

u_b : vetor dos efeitos de blocos dentro das repetições nas safras, sendo $u_b \sim N(0, I_b \sigma_b^2)$. I_b é uma matriz identidade de ordem b , sendo b o número de blocos e σ_b^2 é a componente da variância associada ao efeito de blocos dentro de repetições nas safras;

u_g : vetor dos efeitos de linhagens dentro de cada safra, sendo $u_g \sim N(0, \Sigma_g)$. Σ_g é uma matriz de variâncias-covariâncias não-estruturada associada ao efeito das linhagens dentro das safras expressa por:

$$\Sigma_g = \begin{bmatrix} \sigma_{g1}^2 & \sigma_{g12} \\ \sigma_{g12} & \sigma_{g2}^2 \end{bmatrix} \quad (7)$$

sendo que $\sigma_{g1}^2, \sigma_{g2}^2$ são as variâncias de linhagens nas safras 1 (2020/2021) e 2 (2021/2022), respectivamente, e σ_{g12} a covariância genética de linhagens entre as safras 1 e 2.

e : vetor de erros, sendo $e \sim N(0, D_e)$. D_e é uma matriz diagonal expressando heterogeneidade de variâncias dos erros ou residuais nas duas safras dada por $D_e = \bigoplus_{i=1}^2 \sigma_{e_i}^2$, sendo \bigoplus a soma direta de matrizes e $\sigma_{e_i}^2$ a variância do erro em cada safra i .

A partir das análises individuais e conjuntas foram estimados adicionalmente os seguintes parâmetros:

- a) Acurácia seletiva na média de linhagem ($r_{\hat{g}g}$) por safra, a partir do seguinte estimador (RESENDE; DUARTE 2007):

$$r_{\hat{g}g} = \sqrt{1 - \frac{PEV}{\hat{\sigma}_g^2}} \quad (8)$$

em que: PEV é a variância média do erro de predição associada ao BLUP de linhagem;

- b) Coeficiente de variação experimental (CV_e) por safra, a partir do seguinte estimador (PIMENTEL-GOMES 2000):

$$CV_e = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_e^2}}{\bar{y}} \quad (9)$$

em que: \bar{y} é a média geral do experimento em cada safra;

- c) Herdabilidade generalizada (h_L^2) de Cullis et al. (2006) na média de linhagem por safra, dado por:

$$h_L^2 = 1 - \left[\frac{v_{BLUP}}{2 \times \hat{\sigma}_g^2} \right] \quad (10)$$

em que: v_{BLUP} é a variância média do erro de predição da diferença entre BLUPs de duas linhagens;

- d) Correlação genética entre safras (r_B), dada por:

$$r_B = \frac{\sigma_{g12}}{\sqrt{\sigma_{g1}^2 \times \sigma_{g2}^2}} \quad (11)$$

- e) Correlações genéticas entre os pares de características t e t' ($r_{g(t,t')}$) a partir das predições BLUP das linhagens na média das safras.

Foram estimadas as partes parte simples e complexa referentes à variância da interação genótipos por ambientes ($\hat{\sigma}_{ga}^2$) de acordo com a seguinte expressão de Robertson (1959):

$$\hat{\sigma}_{ga}^2 = \frac{1}{2} (\hat{\sigma}_{g1} - \hat{\sigma}_{g2})^2 + (1 - r_B) \hat{\sigma}_1 \hat{\sigma}_2 \quad (12)$$

em que: $\frac{1}{2} (\hat{\sigma}_{g1} - \hat{\sigma}_{g2})^2$ é a parte simples da interação linhagens \times safras; $(1 - r_B) \hat{\sigma}_1 \hat{\sigma}_2$ é a parte complexa da interação linhagens \times safras; $\hat{\sigma}_1$ e $\hat{\sigma}_2$ referem-se aos desvios-padrões genéticos de linhagens nas safras 1 e 2.

A partir das predições BLUP das linhagens na média das safras para todas as características mensuradas foi realizada análise de componentes principais usando a função `prcomp` do pacote `stats` (R CORE TEAM 2022). Adicionalmente foi gerado o biplot usando o pacote `factoextra` (KASSAMBARA; MUNDT, 2020).

A seleção das 15% melhores linhagens para fins forrageiro com base nas múltiplas características agrônômicas e bromatológicas foi realizada utilizando o índice FAI-BLUP (*factor analysis and genotype-ideotype distance*), com os BLUPs das linhagens, conforme proposto por Rocha et al. (2017) e com o auxílio do pacote R metan (OLIVOTTO; LÚCIO, 2020). O ideótipo favorável obtido foi no sentido de aumentar as características PMV, MS, PMS e reduzir as características FDN, FDA, CEL, HMC, LIG. Por outro lado, o ideótipo desfavorável foi no sentido contrário, ou seja, reduzir PMV, MS, PMS e aumentar os teores dos componentes da parede celular FDN, FDA, CEL, HMC, LIG.

O ganho genético esperado com a seleção pelo índice FAI-BLUP, $GS(\%)$, foi estimado com base nos BLUPs das linhagens selecionadas pela seguinte expressão:

$$GS(\%) = \frac{\overline{BLUPS}_t}{\bar{y}_t} \times 100 \quad (13)$$

em que: \overline{BLUPS}_t é a média dos BLUPs das linhagens selecionadas pelo índice FAI-BLUP de acordo com a fração de seleção de 15% para a característica t ; \bar{y}_t é a média fenotípica geral da característica t .

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

A acurácia seletiva ($r_{\hat{g}g}$) na safra 2020/2021 variou entre 0,89 (CEL) e 0,95 (MS), enquanto na safra 2021/2022 a acurácia variou entre 0,74 (HMC) e 0,97 (PMV). O coeficiente de variação experimental (CVe) variou de 4% (FDA e CEL) a 26% (PMS) na safra 2020/2021, ao passo que na safra 2021/2022 variou de 3% (FDN) a 16% (PMS) (Tabela 1).

No que se refere ao CVe, as características relacionadas a qualidade da biomassa de sorgo apresentaram CVe mais baixos em comparação com as características de produção de biomassa. Isto decorre devido a maior influência de fatores ambientais na expressão das características de produção. Contudo, na avaliação de genótipos para fins de seleção é ideal que a precisão experimental leve também em consideração a variação de natureza genética (RESENDE; DUARTE, 2007), além da variação residual e do número de repetições. Neste sentido, a $r_{\hat{g}g}$ é o parâmetro mais adequado, pois contempla todos estes quesitos, diferentemente do CVe que considera apenas a variação residual em função da média geral do experimento. No presente trabalho, as estimativas da $r_{\hat{g}g}$ são consideradas muito altas para todas as características em ambas as safras com valores próximos ou superiores a 0,9, exceto para HMC na safra 2021/2022 que é considerada alta (0,74). Estes resultados das estimativas

da acurácia seletiva indicam cenário favorável para seleção, visto que as variâncias genéticas foram significativas (Tabela 1).

Tabela 1 – Estimativas de parâmetros genéticos e ambientais para as características produção de massa verde (PMV, t.ha⁻¹), porcentagem de matéria seca (MS), produtividade de massa seca (PMS, t.ha⁻¹), Fibra em detergente neutro (FDN, %), Fibra em detergente ácido (FDA, %) Celulose (CEL, %), Hemicelulose (HMC, %) e Lignina (LIG, %) referente à avaliação de linhagens de sorgo nas safras 2020/2021 e 2021/2022.

Parâmetros	PMV	MS	PMS	FDN	FDA	CEL	HMC	LIG
Safra 2020/2021								
σ_g^2	1098,44*	47,84*	86,74*	9,49*	4,67*	2,32*	1,20*	0,60*
σ_e^2	366,34	13,42	36,68	5,04	2,60	1,55	0,73	0,27
h_g^2 (%)	90	91	87	84	84	81	83	86
r_{gg}	0,94	0,95	0,93	0,91	0,91	0,89	0,90	0,92
Média	77	32	23	67	42	36	25	6
CV_e (%)	25	11	26	3	4	4	3	8
Safra 2021/2022								
σ_g^2	672,95*	13,84*	43,09*	7,49*	9,31*	6,61*	0,64*	0,38*
σ_e^2	77,96	7,67	9,88	3,65	3,14	2,33	1,44	0,19
h_g^2 (%)	96	83	92	85	89	89	55	84
r_{gg}	0,97	0,91	0,96	0,92	0,94	0,94	0,74	0,91
Média	71	28	20	67	34	30	32	5
CV_e (%)	12	10	16	3	5	5	4	9

*Significativo a 5% de probabilidade pelo teste de razão de verossimilhança; σ_g^2 : variância genética de linhagens, σ_e^2 : variância residual; h_g^2 : herdabilidade generalizada de Cullis et al., (2006) na média de linhagem por safra; r_{gg} : acurácia seletiva e CV_e : coeficiente de variação experimental. Fonte: Do autor (2023).

Oliveira et al. (2019) avaliando linhagens e híbridos de sorgo biomassa em Sete Lagoas obtiveram valores de acurácia acima de 0,9 para as características agrônômicas e bromatológicas, exceto para HMC (0,77). Estes resultados são semelhantes aos obtidos no presente trabalho com destaque para HMC. Oliveira et al. (2019) comentam ainda que a hemicelulose é aferida por meio de outras características, o que pode culminar em erros na mensuração.

Pelo teste de razão de verossimilhança foi constatado significância ($P < 0,05$) para as estimativas da variância genética (σ_g^2) para todas as características em ambas as safras, indicando a existência de variabilidade entre as linhagens (Tabela 1). Cunha e Lima (2010) também observaram variação genética em sorgo forrageiro quanto a variadas características

agronômicos e bromatológicos. A existência de variação genética também tem sido reportada na avaliação de genótipos de outros tipos de sorgo, como sacarino (FRANÇA et al., 2015, BOTELHO et al., 2021, PEREIRA et al., 2022) e biomassa (OLIVEIRA et al., 2019), e é fundamental em programas de melhoramento, pois é possível obter ganhos com a seleção visto que a frequência dos alelos favoráveis pode ser aumentada. Vale ainda destacar que no presente trabalho foi avaliado um conjunto diverso de linhagens de sorgo de diferentes tipos, ou seja, 40 do tipo biomassa, 12 biomassa/bmr, 1 com duplo propósito (sacarino/forageiro) e 47 do tipo forrageiro, o que contribuiu para ampliar a variação genética observada.

A partir das estimativas dos componentes de variâncias associados às linhagens e ao erro, é possível obter as estimativas da herdabilidade na média de linhagens (h_g^2), que reflete a confiabilidade para praticar seleção. Na safra 2020/2021, a h_g^2 variou entre 81% e 91% para CEL e MS, respectivamente, ao passo que na safra 2021/2022 variou entre 55% e 96% para HMC e PMV, respectivamente (Tabela 1). Estes valores de h_g^2 indicam que a maior parte da variação fenotípica observada é devido a causas genéticas. Para HMC, a h_g^2 variou de forma expressiva na safra 2020/2021 (83%) para 2021/2022 (55%), o que pode ter sido ocasionado pela interação linhagens x safras.

Na análise conjunta das safras (Tabela 2), observou-se que o efeito de safra foi significativo para todas as características, exceto para FDN. As médias na safra 2020/2021 das características PMV, MS, PMS, FDA, LIG e CEL foram superiores a safra 2021/2022, o que deve estar associado à colheita, em que na safra 2020/2021 foi realizada mais tardiamente (135 dias), relativo à safra 2021/2022 (117 dias). Algumas linhagens testadas são sensíveis ao fotoperíodo, especialmente aquelas do tipo biomassa e, portanto, ao realizar a colheita tardia tiveram maior acúmulo de biomassa, devido a maior extensão do período vegetativo. Por outro lado, as linhagens insensíveis ao fotoperíodo testadas tiveram maior teor de matéria seca devido ao processo de senescência e redução da umidade.

Houve heterogeneidade das variâncias residuais ($P < 0,05$) das safras para todas as características, com exceção de FDA, indicando que a precisão experimental foi diferente nas safras avaliadas. Em geral, a precisão na safra 2021/2022 foi maior, especialmente no que se refere às características de produção de biomassa. Observou-se também heterogeneidade das variâncias genéticas das duas safras para quase todas as características, exceto FDN e HMC, o que indica já a existência do efeito da interação linhagens x safras do tipo simples.

Para as características PMV, MS e PMS, houve predominância da parte simples da interação linhagens x safra de indicando que não houve expressiva mudança de ranqueamento

das linhagens nas safras avaliadas. Já para FDN, FDA, CEL, HMC e LIG a porcentagem de parte complexa foi acima de 78% mostrando que para essas características houve mudança de ranqueamento das linhagens nas safras avaliadas (Tabela 2).

Tabela 2 – Estimativas de parâmetros genéticos e ambientais para as características produção de massa verde (PMV, t.ha⁻¹), porcentagem de matéria seca (MS), produtividade de massa seca (PMS, t.ha⁻¹), Fibra em detergente neutro (FDN, %), Fibra em detergente ácido (FDA, %) Celulose (CEL, %), Hemicelulose (HMC, %) e Lignina (LIG, %) referente à análise conjunta dos experimentos de avaliação de linhagens de sorgo nas safras 1 (2020/2021) e 2 (2021/2022).

Parâmetros	PMV	MS	PMS	FDN	FDA	CEL	HMC	LIG
$\sigma_{g_1}^2$	1126,68*	47,56*	88,68*	9,34*	4,65*	2,35*	1,2*	0,59*
$\sigma_{g_{12}}$	869,08*	22,77*	61,96*	6,73*	4,07*	2,01*	0,12 ^{ns}	0,43*
$\sigma_{g_2}^2$	672,62*	13,84*	43,24*	7,67*	9,38*	6,6*	0,67*	0,39*
$\sigma_{e_1}^2$	358,75	13,48	35,95	5,04	2,61	1,58	0,72	0,28
$\sigma_{e_2}^2$	77,91	7,85	9,90	3,71	3,18	2,30	1,47	0,20
r_B	1,00*	0,89*	1,00*	0,80*	0,62*	0,51*	0,14 ^{ns}	0,90*
σ_{ga}^2	25,93	7,94	3,78	1,75	2,90	2,47	0,80	0,06
% simples	100	64	100	3	14	22	5	20
% complexa	0	36	0	97	86	78	95	80
Média	75	30	22	67	38	33	29	6

*.^{ns} Significativo e não significativo a 5% de probabilidade pelo teste de razão de verossimilhança. $\sigma_{g_1}^2$, $\sigma_{g_2}^2$: variância genética de linhagens nas safras 1 (2020/2021) e 2 (2021/2022); $\sigma_{g_{12}}$: covariância genética entre safras; $\sigma_{e_1}^2$, $\sigma_{e_2}^2$: variância residual nas safras 1 (2020/2021) e 2 (2021/2022); e r_B : correlação genética entre safras. Fonte: Do autor (2023).

A correlação genética entre as safras (r_B) foi não nula ($P < 0,05$) para todas as características, exceto para HMC. Pelos valores desta correlação, evidenciou-se maior participação da interação linhagens x safras do tipo complexa para as características HMC, CEL e FDA. As demais características apresentaram estimativas elevadas da correlação ($> 0,8$) indicando uma predominância da interação do tipo simples, na qual o ranqueamento das linhagens não é fortemente alterado nas duas safras. A interação genótipos x ambientes é frequentemente relatada em sorgo, como em sorgo sacarino (FIGUEIREDO et al., 2015; PEREIRA et al., 2022) e sorgo biomassa (OLIVEIRA et al., 2020; CASTRO et al., 2022). Oliveira et al. (2020) avaliando híbridos de sorgo biomassa em cinco safras (2013/2014 a 2017/2018) também observaram correlação genética não nula e elevadas entre safras para PMS. Destas correlações genéticas entre safras avaliadas por estes autores 65% possuem valores acima de 0,6, indicando predominância de interação genótipos x ambientes do tipo simples entre safras.

Para a seleção de linhagens superiores de sorgo deve-se levar em conta características relacionadas com a produção da biomassa e bromatológicas relacionadas à composição da parede celular. Desta forma, o entendimento acerca da correlação entre as características se faz necessário, pois poderá impactar nos ganhos com a seleção. As estimativas das correlações estão apresentadas na Figura 1A (diagonal superior), bem como os gráficos de dispersão par a par das características (diagonal inferior) e a distribuição de cada característica (diagonal principal). De acordo com a classificação de Resende e Alves (2020), as correlações significativas podem ser consideradas altas ($r > 0,66$), médias ($0,34 < r < 0,66$) e baixas ($r < 0,34$).

A correlação genética entre PMV e PMS foi positiva e de alta magnitude (0,95). Este resultado é também reportado em trabalhos com sorgo forrageiro (CUNHA; LIMA (2010), e biomassa (CASTRO et al., 2015, OLIVEIRA et al., 2020). Do ponto de vista prático, há, portanto, a possibilidade de realizar a seleção indireta para PMS com base na característica PMV, dando agilidade a seleção com economia de recursos e tempo.

Ainda para PMV, observou-se correlação negativa mediana com MS (-0,52), indicando que, em geral, com o aumento da produtividade de massa verde ocorreu redução na porcentagem de matéria seca. Este resultado era esperado, visto que a colheita não foi realizada quando os teores de matéria seca estavam na faixa ideal de colheita. Nesta condição de colheita, as linhagens insensíveis ao fotoperíodo apresentaram maior MS, enquanto as linhagens sensíveis ao fotoperíodo acumularam maior biomassa verde e menor MS.

Em relação à PMV e as características bromatológicas relacionadas com a composição da parede celular, observou-se correlação negativa e significativa classificada como média para HMC (-0,66), e baixa para LIG (-0,30) e FDN (-0,27), e para FDA e CEL não houve correlação. Estes resultados mostram que o constituinte da parede celular que teve maior associação com PMV foi a hemicelulose, indicando que a proporção de HMC é reduzida com o aumento de PMV. Em linhas gerais, os constituintes da parede celular são pouco influenciados pela produtividade de massa verde. Rossi et al. (2015) e Ferreira (2001), comentam que os teores de FDN e FDA de planta total em sorgo forrageiro estabilizam ou podem decrescer a partir do estágio de grão leitoso e são dependentes da quantidade de grãos na massa total e da relação folha/caule. Os padrões das correlações entre a PMS e as demais características foram similares ao observado para PMV.

As correlações entre MS e as características bromatológicas foram, em geral, positivas e medianas (Figura 1A). As correlações entre os componentes da parede celular foram

positivas e de média a alta magnitudes. As características FDN, FDA e CEL apresentaram correções acima de 0,9. O teor de lignina também apresentou correlações elevadas (acima de 0,65) com os demais componentes da parede celular. Elevadas frações fibrosas da planta são indesejáveis, pois se correlacionam negativamente com a digestibilidade da matéria seca (ROSSI et al., 2015). Além disso, segundo Paziani et al. (2019) quando se eleva a proporção de grãos na massa seca total, os teores de FDN e FDA são diluídos, aumentando a digestibilidade da matéria seca devido à maior participação de amido. É importante destacar que linhagens com altos valores de PMV e PMS tendem a ter menor relação massa total/panícula, interferindo na digestibilidade da matéria seca pelos ruminantes. Neste sentido, é importante selecionar linhagens com altos teores de PMV e PMS e que tenham alta participação de grãos, o que de forma indireta pode-se selecionar por menores valores de FDN e FDA.

Pela Figura 2A, ratifica-se as correlações anteriormente mencionadas entre as características a partir dos cossenos dos ângulos formados entre os vetores, em que ângulos agudos de menor magnitude retratam correlações positivas e elevadas, ao passo que ângulos retos retratam correlação nula e ângulos obtusos e de elevada magnitude retratam correlações negativas e altas. Além disso, pela Figura 2A, pode-se destacar os diferentes perfis das linhagens de sorgo avaliadas. Observa-se a formação de grupos com destaque para as linhagens de sorgo do tipo biomassa que associaram elevados valores de PMV e PMS e baixos teores de MS e HMC, enquanto as demais linhagens do tipo biomassa/bmr, forrageiro e sacarino em geral caracterizaram-se pelos elevados teores de MS e HMC. Também é possível observar linhagens do tipo forrageiro com perfil para alta produção de biomassa e baixos teores para os componentes da parede celular.

A estratégia empregada para seleção das 15% melhores linhagens foi o índice FAI-BLUP, elegendo-se como ideótipo linhagens com elevada produção de biomassa e baixos teores para as características bromatológicas mensuradas. Pelo índice, as linhagens selecionadas na ordem foram: 54, 57, 56, 58, 53, 61, 4, 5, 55, 74, 60, 62, 10, 13 e 9, sendo a linhagem 13 do tipo biomassa, 4, 5, 9 e 10 biomassa/ bmr e as demais do tipo forrageiro (Tabela 3 e Figura 3A).

Na Tabela 3 e Figura 3A estão apresentados os perfis detalhados para as características mensuradas das linhagens selecionadas. A linhagem 13 do tipo biomassa caracterizou-se pela elevada produção de biomassa seca e teores dos componentes da parede celular acima da média das linhagens selecionadas. As linhagens do tipo biomassa/bmr apresentaram perfis

distintos, sendo a linhagem 5 com perfil similar à linhagem do tipo biomassa, enquanto as linhagens 4, 9 e 10 apresentaram PMV e PMS abaixo da média. Destaca-se, ainda, que as linhagens 9 e 10 apresentaram teores de MS, FDN, FDA, CEL e HMC acima da média. Para as linhagens do tipo forrageiro selecionadas, destacam-se a 54, 56 e 57 e 58, as quais caracterizaram-se pelos altos valores de PMV e PMS e teores de MS e dos componentes da parede celular abaixo da média.

Tabela 3 – BLUPs das 15% melhores linhagens selecionadas pelo índice FAI-BLUP para as características produção de massa verde (PMV, t.ha⁻¹), porcentagem de matéria seca (MS), produtividade de massa seca (PMS, t.ha⁻¹), Fibra em detergente neutro (FDN, %), Fibra em detergente ácido (FDA, %) Celulose (CEL, %), Hemicelulose (HMC, %) e Lignina (LIG, %) referente à avaliação de linhagens de sorgo nas safras 2020/2021 e 2021/2022.

Rank	Linhagem	PMV	MS	PMS	FDN	FDA	CEL	HMC	LIG
1	54	115.92	22	23.96	60	34	29	27	4
2	57	119.91	23	26.75	58	31	28	27	4
3	56	97.42	25	24.38	58	31	28	27	4
4	58	130.40	23	31.22	61	34	29	27	4
5	53	112.18	23	25.30	62	34	29	28	5
6	61	80.37	31	25.26	62	35	30	28	4
7	4	68.67	25	16.60	62	34	30	28	4
8	5	87.35	29	25.51	63	36	31	28	5
9	55	68.12	23	14.86	61	32	28	28	5
10	74	95.77	27	25.84	64	35	30	29	5
11	60	83.57	26	20.80	65	37	33	28	5
12	62	66.63	23	14.98	60	32	27	28	5
13	10	65.39	31	19.44	65	36	32	28	4
14	13	97.55	29	27.88	65	37	32	28	5
15	9	66.90	29	19.64	65	36	32	29	4
Média		90.41	26	22.83	62	34	30	28	4

Fonte: Do autor (2023).

Os ganhos genéticos esperados com a seleção das 15% melhores linhagens foram da ordem de 20% para PMV, 5% para PMS e -14% para MS. As estimativas de ganhos genéticos para os componentes da parede celular foram negativos variando de 3% (HMC) a 20% (LIG) (Tabela 4). Desta forma, o direcionamento da seleção para o ideótipo desejado resultou em ganhos positivos para as características agrônômicas de rendimento de biomassa e redução de MS e dos componentes da parede celular. Estes resultados corroboraram as vantagens reportadas por Rocha et al. (2017) relativo ao índice FAI-BLUP, quais sejam possibilitar a

seleção para múltiplas características com base em ideótipos, mitigar a influência da multicolinearidade e conduzir a ganhos nos sentidos desejados para todas as características.

Tabela 4 – Estimativas de ganhos esperados com a seleção das 15% melhores linhagens selecionadas pelo índice FAI-BLUP para as características produção de massa verde (PMV, t.ha⁻¹), porcentagem de matéria seca (MS), produtividade de massa seca (PMS, t.ha⁻¹), Fibra em detergente neutro (FDN, %), Fibra em detergente ácido (FDA, %) Celulose (CEL, %), Hemicelulose (HMC, %) e Lignina (LIG, %) referente à avaliação de linhagens de sorgo nas safras 2020/2021 e 2021/2022.

Características	GS	%
PMV	14,95	19,82
MS	-4,20	-13,99
PMS	1,09	5,00
FDN	-4,96	-7,41
FDA	-4,02	-10,52
CEL	-2,85	-8,72
HMC	-0,91	-3,16
LIG	-1,12	-20,25

Fonte: Do autor (2023).

5 CONCLUSÃO

A variância genética foi expressiva para todas as características agronômicas e bromatológicas avaliadas no conjunto diverso de linhagens de sorgo do tipo biomassa, biomassa/bmr, forrageiro e sacarino/forrageiro.

As linhagens selecionadas com base no índice de seleção foram: a linhagem 13 do tipo biomassa, 4, 5, 9 e 10 do tipo biomassa/bmr e as 54, 57, 56, 58, 53, 61, 55, 74, 60 e 62 do tipo forrageiro.

A seleção com base em múltiplas características resultou em ganhos genéticos satisfatórios nos sentidos desejados para todas as características agronômicas e bromatológicas.

REFERÊNCIAS

- ALMEIDA FILHO, J. E.; TARDIN, F. D.; GUIMARÃES, J. F. R.; RESENDE, M. D. V.; SILVA, F. F.; SIMEONE, M. L.; MENEZES, C. B.; QUEIROZ, V. A. V. Multi-trait BLUP model indicates sorghum hybrids with genetic potential for agronomic and nutritional traits. **Genetics and Molecular Research**, v. 15, n. 1, p. 1–9, 2016. doi: 10.4238/gmr.15017071.
- ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DAS INDÚSTRIAS EXPORTADORAS DE CARNE - ABIEC. Beef Report: perfil da pecuária no Brasil. São Paulo, 2021. 60 p. Disponível em: <https://www.abiec.com.br/publicacoes/beef-report-2021/>. Acesso em: 05 jan. 2023.
- BARRETO, H. F. M.; SOUZA, C. M. S. de; RODRIGUES, B. N.; RODRIGUES TERCEIRO, F. da C.; SOARES, M. M. de F.; JESUS, P. P. C. de. PADRÃO DE QUALIDADE DA SILAGEM DE SORGO (*Sorghum bicolor* L. Moench) ASSOCIADO AO NEEM (*Azadirachta indica*). **Holos**, v. 6, p. 1–16, 2020. doi: 10.15628/holos.2020.10073.
- BATES, D.; MÄCHLER, M.; BOLKER, B. M.; WALKER, S. C. Fitting linear mixed-effects models using lme4. **Journal of Statistical Software**, v. 67, n. 1, 1 out. 2015. doi: 10.18637/jss.v067.i01.
- BEHLING NETO, A. B.; DOS REIS, R. H. P.; CABRAL, L. D. S.; DE ABREU, J. G.; DE PAULA SOUSA, D.; PEDREIRA, B. C.; MOMBACH, M. A.; BALBINOT, E.; DE CARVALHO, P.; DA SILVA CARVALHO, A. P. Fermentation characteristics of different purposes sorghum silage. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 38, n. 4, p. 2607–2618, 2017. doi: 10.5433/1679-0359.2017v38n4Supl1p2607.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. Melhoria de plantas. (2013) 6. ed. **Viçosa: UFV**.
- BOTELHO, T T.; SHERMA DA, P.; LEITE, S.; AUGUSTO DA COSTA PARRELLA, R.; AIRTON, J.; NUNES, R. Strategies for multi-trait selection of sweet sorghum progenies ARTICLE. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 21, n. 4, p. 388221410, 2021. doi: 10.1590/1984.
- CARVALHO, A. P. S.; NETO, A. B.; DE MORAES, K. N. C.; DA SILVA CABRAL, L.; DE ABREU, J. G.; DE PAULA SOUSA, D.; DOS REIS, R. H. P.; CABRAL, C. E. A. Chemical composition, kinetics of degradation, and digestibility of forage of different purpose sorghum cultivars. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 41, n. 2, p. 607–620, 2020. doi: 10.5433/1679-0359.2020v41n2p607.
- CASTRO, F. M. R.; BRUZI, A. T.; RODRIGUES NUNES, J. A.; COSTA PARRELLA, R. A.; ROMEIRO LOMBARDI, G. M.; BRANT ALBUQUERQUE, C. J.; LOPES, M. Agronomic and Energetic Potential of Biomass Sorghum Genotypes. **American Journal of Plant Sciences**, v. 06, n. 11, p. 1862–1873, 2015. doi: 10.4236/ajps.2015.611187.
- CASTRO, F. M. R., LOMBARDI, G. M. R., NUNES, J. A. R., DA COSTA PARRELLA, R. A., & BRUZI, A. T. Accumulation of biomass and lignocellulosic compounds in photoperiod-sensitive biomass sorghum genotypes. **Biomass and Bioenergy**, v.158, mar, 2022 doi.org/10.1016/j.biombioe.2022.106344

COVARRUBIAS-PAZARAN G. 2016. Genome assisted prediction of quantitative traits using the R package sommer. *PLoS ONE* 11(6):1-15.

COVARRUBIAS-PAZARAN G. 2018. Software update: Moving the R package sommer to multivariate mixed models for genome-assisted prediction. doi: <https://doi.org/10.1101/354639>

CRUZ, C.D. e CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Volume II.** Viçosa, MG. Editora UFV, 2003. 585p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.**V. 1. Viçosa: UFV, 2012. 4 Ed. 514 p.

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

CUNHA, E. E.; LIMA, J. M. P. de. Caracterização de genótipos e estimativa de parâmetros genéticos de características produtivas de sorgo forrageiro. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 39, n. 4, p. 701–706, 2010. doi: 10.1590/s1516-35982010000400002.

FERREIRA, J. J. Características qualitativas e produtivas da planta inteira de milho e sorgo para silagem. In: CRUZ, J. C.; PEREIRA FILHO, I. A.; RODRIGUES, J. A. S.; FERREIRA, J. J. **Produção e utilização de silagem de milho e sorgo.** Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2001, cap.: 15. P. 383-401;

FIGUEIREDO, U. J.; NUNES, J. A. R.; PARRELLA, R. A. C.; SOUZA, E. D.; DA SILVA, A. R.; EMYGDIO, B. M.; MACHADO, J. R. A.; TARDIN, F. D. Adaptability and stability of genotypes of sweet sorghum by GGEBiplot and Toler methods. **Genetics and Molecular Research**, v. 14, n. 3, p. 11211–11221, 22 set. 2015. doi: 10.4238/2015.September.22.15.

FRANÇA, A. E. D. D., PARRELLA, R. A. D. C., SOUZA, V. F. D., BASTOS, G. Q., NUNES, J. A. R., & SCHAFFERT, R. E. Seleção simultânea em progênies de sorgo-sacarino por meio de índices de seleção. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 51, n. 10, p. 1737–1743, 2016. doi: 10.1590/S0100-204X2016001000005.

GOMES, L. R. D. R.; DE MENEZES, C. B.; SIMON, G. A.; DA SILVA, A. G.; BRAZ, A. J. B. P. Combining ability of grain sorghum inbred lines grown during off-season. **Revista Caatinga**, v. 33, n. 4, p. 888–897, 2020. doi: 10.1590/1983-21252020v33n403rc.

KASSAMBARA A, MUNDT F (2020). *_factoextra: Extract and Visualize the Results of Multivariate Data Analyses_*. R package version 1.0.7, <<https://CRAN.R-project.org/package=factoextra>>.

MARAFON, F.; NEUMANN, M.; RIBAS, T. M. B.; REINEHR, L. L.; POCZYNEK, M.; BUENO, A. V. I.; FIANCO, B. Analysis of effect of harvest corn plant in different stages of reproductive and processing of grain on the quality of silage. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 36, n. 5, p. 3257–3268, 2015. doi: 10.5433/1679-0359.2015v36n5p3257.

MENEZES, C. B. de; OLIVEIRA, I. C. M.; RODRIGUES, J. A. S.; PARRELLA, R. A. da

C.; SCHAFFERT, R. E. Uso da macho-esterilidade no melhoramento genético de sorgo. **Embrapa Milho e Sorgo-Circular Técnica (INFOTECA-E)**, v. 255, n. 1679–1150, p. 1–16, 2019.

MRODE, R. A. THOMPSON, R. Linear models for the prediction of animal breeding values. 3ª edição. **Cambridge: CABI Publishing**, 2014. 360 p.

OLIVEIRA, I. C. M.; MARÇAL, T. D. S.; BERNARDINO, K. D. C.; RIBEIRO, P. C. D. O.; PARRELLA, R. A. D. C.; CARNEIRO, P. C. S.; SCHAFFERT, R. E.; CARNEIRO, J. E. D. S. Combining ability of biomass sorghum lines for agroindustrial characters and multitrait selection of photosensitive hybrids for energy cogeneration. **Crop Science**, v. 59, n. 4, p. 1554–1566, 2019. doi: 10.2135/cropsci2018.11.0693.

OLIVEIRA, I. C. M.; GUILHEN, J. H. S.; RIBEIRO, P. C. de O.; GEZAN, S. A.; SCHAFFERT, R. E.; SIMEONE, M. L. F.; DAMASCENO, C. M. B.; CARNEIRO, J. E. de S.; CARNEIRO, P. C. S.; PARRELLA, R. A. da C.; PASTINA, M. M. Genotype-by-environment interaction and yield stability analysis of biomass sorghum hybrids using factor analytic models and environmental covariates. **Field Crops Research**, v. 257, 15 out. 2020. doi: 10.1016/j.fcr.2020.107929.

OLIVEIRA, I. C. M.; MENEZES, C. B.; PARRELLA, R. A. C.; SCHAFFERT, R. E. Uso da macho-esterilidade no melhoramento de sorgo. In: MENEZES, C. B. **Melhoramento genético de sorgo**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2021, cap.: 4. p. 115-144;

OLIVOTO, T.; LÚCIO, A. D. C. metan: An R package for multi-environment trial analysis. **Methods in Ecology and Evolution**, v. 11, n. 6, p. 783–789, 2020. doi: 10.1111/2041-210X.13384.

PARRELLA, R. A. C.; MENEZES, C. B.; RODRIGUES, J. A. S.; TARDIN, F. D.; PARRELLA, N. N. L. D. & SCHAFFERT, R. E. Cultivares. In: BOREM, B.; PIMENTEL, L. D.; PARRELLA, R. A. C. **Sorgo: do plantio à colheita**. Viçosa: UFV, 2014. cap.: 7. p. 169-187;

PARRELLA, R. A. da C.; SCHAFFERT, R. E.; LEITE, P. S. da S.; NUNES, J. A. R.; MENEZES, C. B. de; RODRIGUES, J. A. S.; PARRELLA, N. N. L. D. Desenvolvimento de Populações de Sorgo Sacarino de Cruzamento ao Acaso para Seleção Recorrente Intrapopulacional. **Embrapa Milho e Sorgo**, p. 8, 2016.

PARRELLA, R. A. da C.; SCHAFFERT, R. E.; MAGALHÃES, J. V.; MENEZES, C. B.; SILVA, M. J.; LACERDA, V. A. Desenvolvimento de linhagens de sorgo biomassa com nervura marrom e tolerantes ao alumínio. **Embrapa Milho e Sorgo**, p. 19, 2018.

PARRELLA, R. A. C.; SIMEONE, M. L. F.; PARRELLA, N. N. L. D.; SCHAFFERT, R. E. Cultivares de sorgo para produção de bioenergia. In: MENEZES, C. B. **Melhoramento genético de sorgo**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2021, cap.: 10. p. 278-292;

PAZIANI, S. D. F., DUARTE, A. P., NUSSIO, L. G., DE FREITAS, R. S., GALLO, P. B., & MATEUS, G. P. Correlações entre variáveis quantitativas e qualitativas de milho e de sorgo para silagem. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, 18(3), 2019. 408-416.

PEREIRA, D. A., PARRELLA, R. A. D. C., OLIVEIRA, C. R. S. D., & NUNES, J. A. R. Agroindustrial performance and heterosis in sweet sorghum using male-sterile lines with high stem sugar content. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, 22 (3) 2022. doi.org/10.1590/1984-70332022v22n3a28

PIMENTEL GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. 14^a ed. Piracicaba: Livraria Nobel, 2000.

PINHEIRO, L. C. de M.; GOD, P. I. V. G.; FARIA, V. R.; OLIVEIRA, A. G.; HASUI, A. A.; PINTO, E. H. G.; ARRUDA, K. M. A.; PIOVESAN, N. D.; MOREIRA, M. A. Parentesco na seleção para produtividade e teores de óleo e proteína em soja via modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 48, n. 9, p. 1246–1253, 2013. doi: 10.1590/S0100-204X2013000900008.

QUEIROZ, F. E.; ROCHA, V. R.; MONÇÃO, F. P.; RIGUEIRA, J. P. S.; VIEIRA E SILVA, F.; ALENCAR, A. M. S.; CORDEIRO, M. W. S.; GOMES, V. M.; DA CUNHA SIQUEIRA CARVALHO, C.; DA COSTA, M. D. Effect of replacement of forage sorghum silage with biomass sorghum silage in diets for dairy heifers. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 43, n. 1, p. 121–139, 2022. doi: 10.5433/1679-0359.2022v43n1p121.

R CORE TEAM. **R: A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria, 2018. Disponível em: < <https://www.R-project.org/> >

RAMALHO, M. A. P., ABREU, A. D. F., SANTOS, J. D., & NUNES, J. A. R. (2012). Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas. **Lavras: UFLA**.

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

RESENDE, M. D. V. de; DUARTE, J. B. Precisão E Controle De Qualidade Em Experimentos De Avaliação De Cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical (Agricultural Research in the Tropics)**, v. 37, n. 3, p. 182–194, 2007.

RESENDE, M. D. V., & ALVES, R. S. Linear, generalized, hierarchical, Bayesian and random regression mixed models in genetics/genomics in plant breeding. **Functional Plant Breeding Journal**, v. 2, n. 2, p. 1–31, 16 out. 2020. doi:10.35418/2526-4117/v2n2a1.

RESENDE, R. T.; PIEPHO, H. P.; ROSA, G. J. M.; SILVA-JUNIOR, O. B.; E SILVA, F. F.; DE RESENDE, M. D. V.; GRATTAPAGLIA, D. Enviromics in breeding: applications and perspectives on envirotypic-assisted selection. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 134, n. 1, p. 95–112, 2021. doi:10.1007/s00122-020-03684-z.

RIBAS, P. M. Origem e importância econômica. In: BOREM, B.; PIMENTEL, L. D.; PARRELLA, R. A. C. **Sorgo: do plantio à colheita**. Viçosa: UFV, 2014. cap.: 1. p. 37-57;

ROBERTSON, A. **Experimental design on the measurement of heritabilities and genetic correlations. Biometrical genetics**. New York: Pergamon Press, 1959. 186 p.

ROCHA, J. R. do A. S. de C.; MACHADO, J. C.; CARNEIRO, P. C. S. Multitrait index

based on factor analysis and ideotype-design: proposal and application on elephant grass breeding for bioenergy. **GCB Bioenergy**, v. 10, n. 1, p. 52–60, 2017.

RODRIGUES, J. A. S.; JULIO, B. H. M.; MENEZES, C. B. M. Melhoria genética de sorgo forrageiro. In: MENEZES, C. B. **Melhoramento genético de sorgo**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2021, cap.: 9. p. 241-277;

ROONEY W.; AYDIN S. The genetic control of a photoperiod sensitive response in *Sorghum bicolor* (L.) Moench. **Crop Science**, v. 39, p. 397-400. 1999.

ROSSI, E. S.; NEUMANN, M.; CARLETTI, R.; POSSATTO JUNIOR, O.; FARIA, M. V. Genetic improvement and quality parameters of sorghum silage (*Sorghum bicolor* L. Moench) in relation to maize silage (*Zea mays* L.). **Revista Brasileira de Tecnologia Aplicada nas Ciências Agrárias**, v. 8, 2015. doi:10.5935/paet.v8.n1.11.

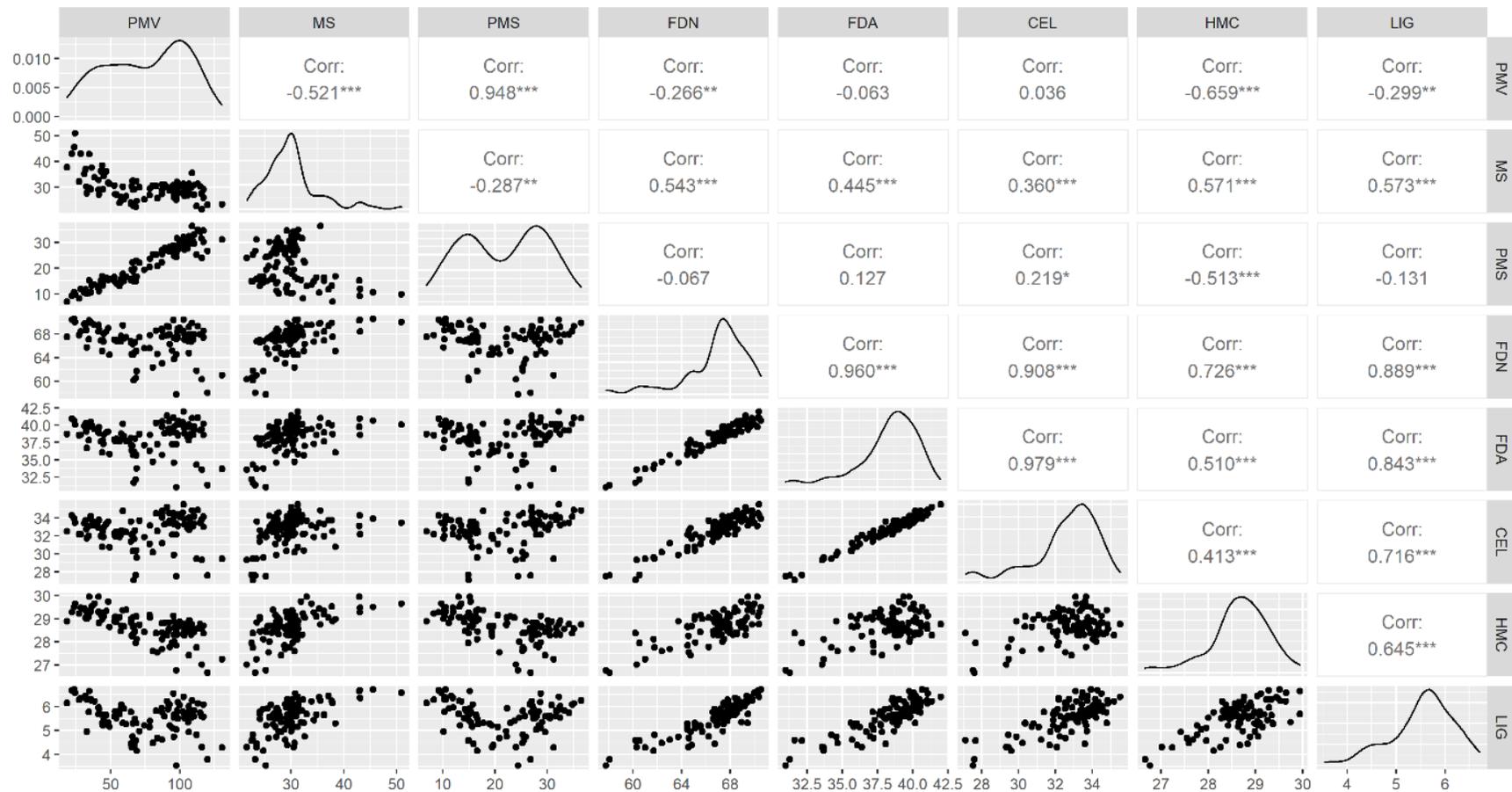
SCHAFFERT, R. E.; RODRIGUES, J. A. S.; PARRELLA, R. A. da C.; MENEZES, C. B. de. Síntese e Melhoramento de Populações de Intercruzamento para Aumentar Recombinação Genética e Facilitar Seleção Recorrente em Sorgo (*Sorghum bicolor* (L.) Moench). **Embrapa Milho e Sorgo**, 2016.

VERIATO, F. T.; PIRES, D. A. de A.; TOLENTINO, D. C.; ALVES, D. D.; JAYME, D. G.; MOURA, M. M. A. Fermentation characteristics and nutritive values of sorghum silages. **Acta Scientiarum - Animal Sciences**, v. 40, n. 1, p. e34458, 1 abr. 2018. doi:10.4025/actascianimsci.v40i1.34458. Acesso em: 20 jun. 2021.

VON FILHO, R. G.; FIORINI, I. V. A.; SANTOS, A. O. Botânica. In: BOREM, B.; PIMENTEL, L. D.; PARRELLA, R. A. C. **Sorgo: do plantio à colheita**. Viçosa: UFV, 2014. cap.: 2. p. 37-57.

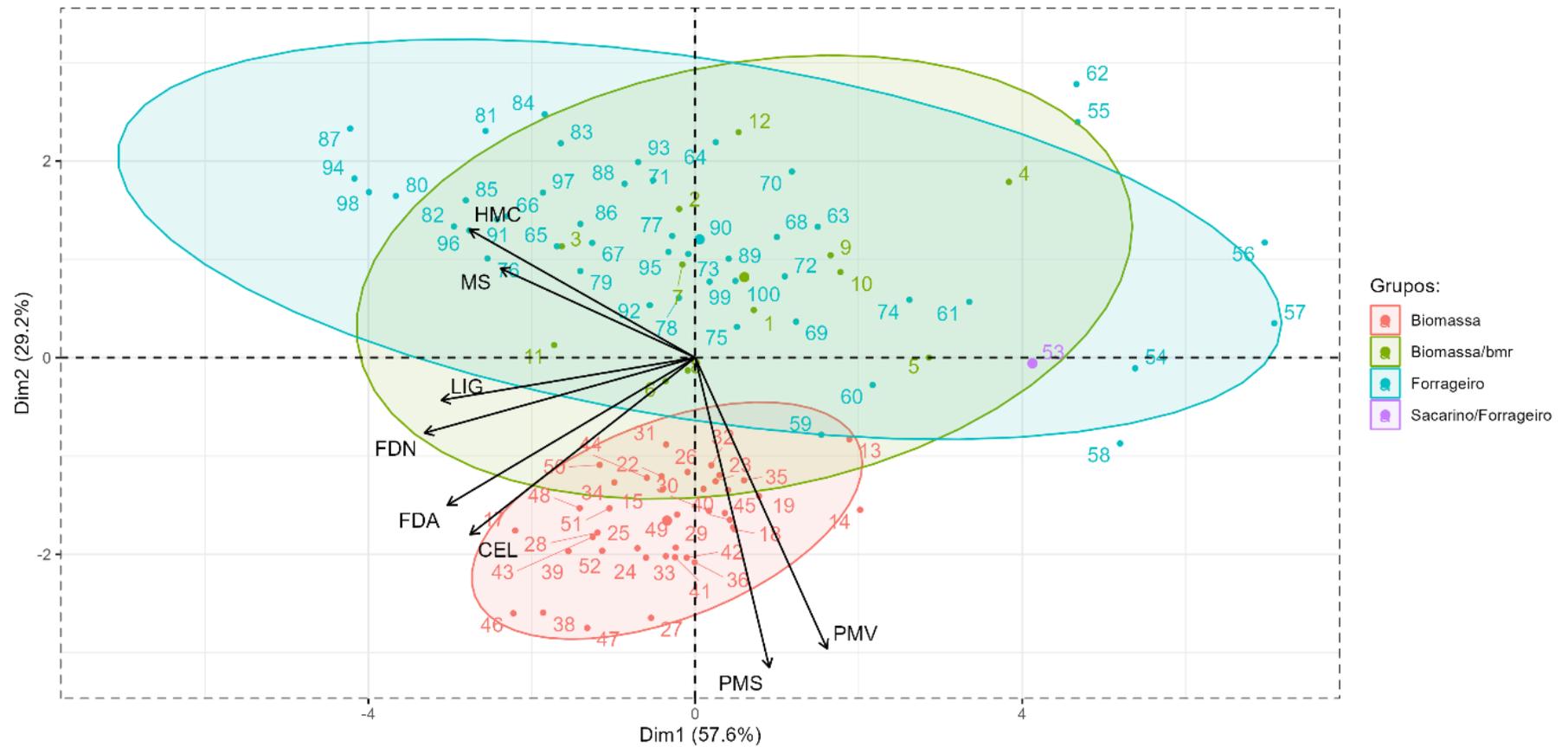
ANEXOS

Figura 1A – Estimativas das correlações genéticas entre as características produção de massa verde (PMV, t.ha⁻¹), porcentagem de matéria seca (MS), produtividade de massa seca (PMS, t.ha⁻¹), Fibra em detergente neutro (FDN, %), Fibra em detergente ácido (FDA, %) Celulose (CEL, %), Hemicelulose (HMC, %) e Lignina (LIG, %) referente à avaliação de linhagens de sorgo nas safras 2020/2021 e 2021/2022.



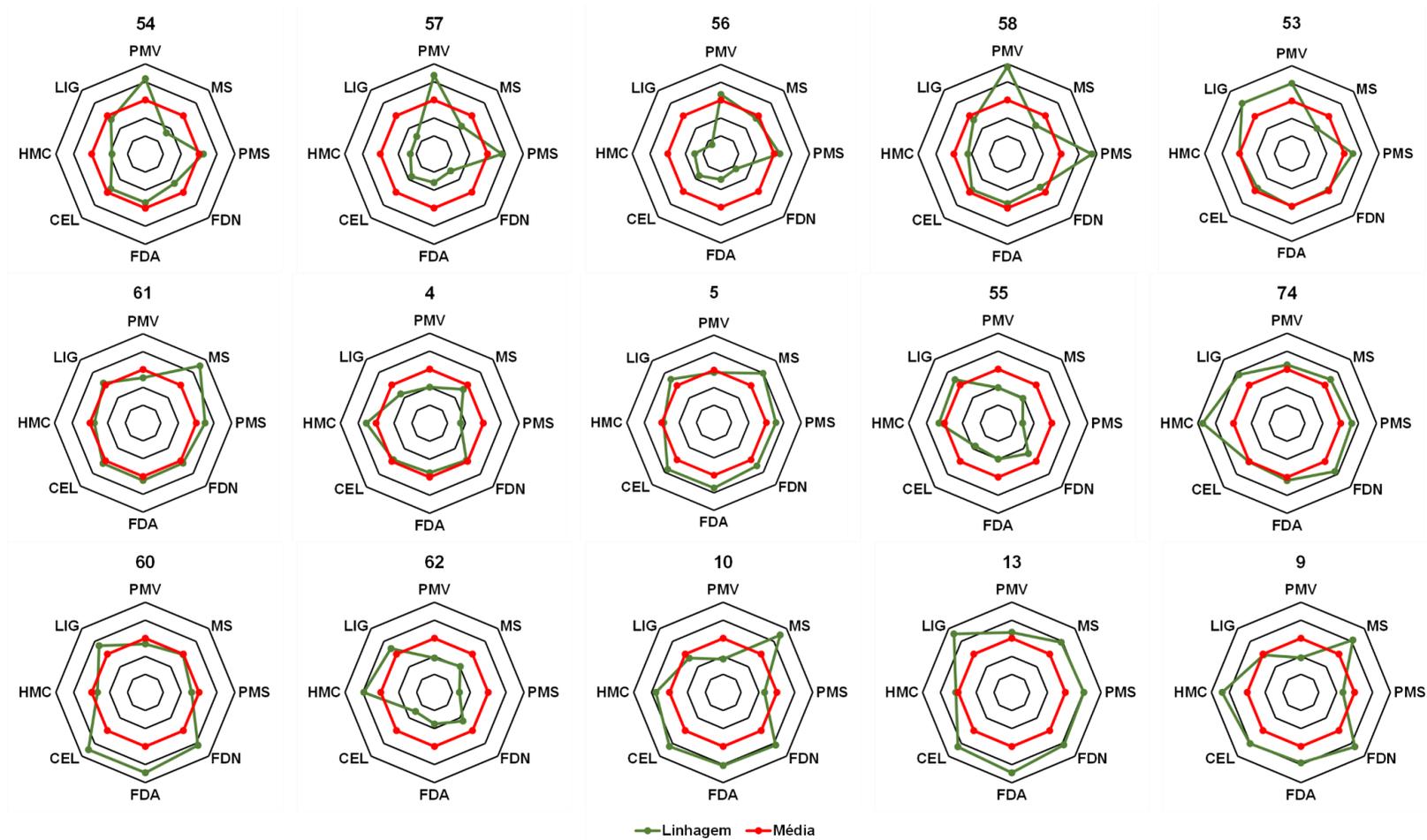
Fonte: Do autor (2023).

Figura 2A – Biplot da análise de componentes principais (PCA) para as características produção de massa verde (PMV, t.ha⁻¹), porcentagem de matéria seca (MS), produtividade de massa seca (PMS, t.ha⁻¹), Fibra em detergente neutro (FDN, %), Fibra em detergente ácido (FDA, %) Celulose (CEL, %), Hemicelulose (HMC, %) e Lignina (LIG, %) referente à avaliação de linhagens de sorgo nas safras 2020/2021 e 2021/2022.



Fonte: Do autor (2023).

Figura 3A – Representação gráfica do desempenho das 15% melhores selecionadas pelo índice FAI-BLUP para as características produção de massa verde (PMV, t.ha⁻¹), porcentagem de matéria seca (MS), produtividade de massa seca (PMS, t.ha⁻¹), Fibra em detergente neutro (FDN, %), Fibra em detergente ácido (FDA, %) Celulose (CEL, %), Hemicelulose (HMC, %) e Lignina (LIG, %) referente à avaliação de linhagens de sorgo nas safras 2020/2021 e 2021/2022.



Fonte: Do autor (2023).