



HUGO JUNQUEIRA EMATNE

**SELEÇÃO DE GENITORES E HÍBRIDOS DE
PANICUM MAXIMUM PELA ABORDAGEM DE
MODELOS MISTOS**

**LAVRAS – MG
2016**

HUGO JUNQUEIRA EMATNE

**SELEÇÃO DE GENITORES E HÍBRIDOS DE *PANICUM MAXIMUM*
PELA ABORDAGEM DE MODELOS MISTOS**

Tese 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 a obtenção do título de Doutor.

Orientador

Dr. José Airton Rodrigues Nunes

Orientadora

Dra. Liana Jank

**LAVRAS – MG
2016**

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

Ematne, Hugo Junqueira.

Seleção de genitores e híbridos de *Panicum maximum* pela
abordagem de modelos mistos / Hugo Junqueira Ematne. – Lavras:
UFLA, 2016.

88 p.

Tese (doutorado) – Universidade Federal de Lavras, 2016.

Orientador(a): José Airton Rodrigues Nunes.

Bibliografia.

1. *Panicum maximum*. 2. Seleção Recorrente. 3. Melhoramento
genético. I. Universidade Federal de Lavras. II. Título.

HUGO JUNQUEIRA EMATNE

**SELEÇÃO DE GENITORES E HÍBRIDOS DE *PANICUM MAXIMUM*
PELA ABORDAGEM DE MODELOS MISTOS**

Tese 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 a obtenção do título de Doutor.

APROVADA em 14 de abril de 2016.

Dr. Mateus Figueiredo Santos EMBRAPA

Dr. Juarez Campolina Machado EMBRAPA

Dr. Marcio Balestre UFLA

Dr. José Airton Rodrigues Nunes

Orientador

Dra. Liana Jank

Orientadora

**LAVRAS – MG
2016**

OFEREÇO

Aos meus avós, em memória, Samuel e Lurdes, e aos pais, Naylor e Agda.

A minha esposa, Michelle, minhas irmãs, Marcela, Paula, Gisele e aos meus recém-chegados sobrinhos, Davi e Felipe.

DEDICO

AGRADECIMENTOS

A Deus e à Universidade Federal de Lavras, ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, e à Universidade da Florida, pela minha formação profissional e pessoal.

Ao CNPq e a Capes, pela concessão da bolsa de estudos do doutorado, e doutorado sanduíche.

À Embrapa Gado de Corte, pela oportunidade de realizar este trabalho; à Associação para o Fomento à Pesquisa de Melhoramento de Forrageiras Tropicais (UNIPASTO), pelo auxílio financeiro na execução deste trabalho.

Aos meus pais, pela educação, pela confiança e pela sabedoria. As minhas irmãs Marcela, Paula e Gisele pelo carinho, pelo apoio e pela torcida.

A minha esposa, Michelle, pelo amor durante toda a jornada para o êxito deste trabalho, pelos conselhos, pela dedicação e pelo apoio.

Aos meus familiares e cunhados, Patrick, José Antônio e Constantino, pela torcida e pelo apoio.

Ao meu orientador, professor José Airton Rodrigues Nunes, pelo exemplo de pessoa e profissional, pela atenção na orientação, pelos incentivos, pelo vasto conhecimento transmitido, pela confiança, amizade construída e bom relacionamento.

À pesquisadora Dra. Liana Jank, pela oportunidade de trabalhar com melhoramento de *P. maximum*, pela confiança depositada, pela dedicação e ajuda em tornar este trabalho possível.

Ao professor Patricio Munoz, pela orientação na experiência internacional.

Ao pesquisador Dr. Mateus Santos e Dr. Juarez Campolina, pelas significativas contribuições na banca de defesa.

Ao professor Marcio Balestre, pela amizade e pelas significativas contribuições na banca de defesa.

A todos os pesquisadores da equipe de melhoramento de forrageiras da Embrapa Gado de Corte, pelo bom convívio e conhecimentos transmitidos, Dra. Cacilda, Dr. Sanzio, Dra. Lucimara, Dra. Karen, Dra. Letícia e Dra. Mateus. Ao Silvano Calixto, pela disponibilidade, pelo excelente trabalho técnico de campo, exemplo de profissionalismo e empenho para o sucesso de toda a pesquisa desenvolvida neste trabalho, meus sinceros agradecimentos.

Ao Ramão Mariano, pelo auxílio em todas as etapas experimentais. À técnica de laboratório, Sandra, pela convivência e assistência nas atividades do Laboratório de Citogenética.

Aos funcionários de campo da Embrapa Gado de Corte, e à equipe da Unipasto.

Aos bolsistas e estagiários da equipe de melhoramento de forrageiras, Geovani, Rogério, Lucas, Celina, Antônio, Ariane, Luana, Gêssica e Claudinei, obrigado pela força e amizade. A todos os colegas de pós-graduação, e amigos do GEN.

A todos os professores do Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, pelos ensinamentos transmitidos.

Aos funcionários do Departamento de Biologia, em especial a secretária Lilian.

Aos colegas de república no Brasil, Allan, Ulisses e Danilo, e nos Estados Unidos, Diego.

A equipe do Forage Breeding and Genomics Lab., da University of Florida - EUA, Yolanda, Dr. Quesenberry, Esteban, Felipe, Lin, Mateus, Bassegio, Rodrigo, Mateus, Elai, Alex, Norma e Fernando, pela atenção e pelo excelente convívio.

RESUMO GERAL

No presente trabalho objetivou-se: i) estimar valores genéticos de genitores sexuais de *P. maximum* com base na sua avaliação em teste clonal e por meio do teste de progênies, abordando modelos com e sem informação de parentesco ii) avaliar e selecionar híbridos sexuais de *P. maximum* considerando e não considerando na modelagem as informações da avaliação dos genitores em teste clonal e obter estimativas dos ganhos genéticos com a seleção quanto aos principais caracteres-alvo de melhoramento. Para realização deste trabalho, utilizou-se 20 genitores sexuais de *P. maximum*, sendo esses, plantas selecionadas pelo programa de melhoramento da Embrapa Gado de Corte. Essas plantas foram utilizadas em um campo de policruzamento para obtenção de progênies de meios-irmãos (PMI) de cada planta. Os 20 genitores sexuais foram avaliados em teste clonal no delineamento de blocos completos com duas repetições e as PMI no delineamento de blocos completos com seis repetições, utilizando-se como testemunhas as cultivares Mombaça e Tanzânia em ambos os experimentos. Avaliou-se caracteres agronômicos sob quatro cortes e de valor nutritivo sob dois cortes. As análises estatísticas-genéticas foram realizadas pela abordagem de modelos mistos sob diferentes modelos. Em ambos os experimentos as acurácias seletivas indicaram boa confiabilidade experimental. No artigo “i” o modelo contemplando a informação de parentesco na ploidia da espécie (tetraploide) proporcionou as melhores estimativas em relação aos parâmetros genéticos e ganhos estimados com a seleção dos 10 melhores genitores. Entretanto, as três abordagens usadas, apresentaram alto índice de coincidência na seleção dos melhores genitores. No artigo “ii” a população segregante (PMI) apresentou variabilidade genética a ser explorada, e a seleção dos 30 melhores híbridos proporcionou elevados ganhos genéticos para as características agronômicas.

Palavras-chave: *Panicum maximum*. Seleção Recorrente. Melhoramento genético.

GENERAL ABSTRACT

In the present work aimed to: i) to estimate breeding values of sexual progenitors of *P. maximum* based on their assessment in clonal test and by means of progeny test, addressing models with and without parent information. ii) to evaluate and select sexual hybrid of *P. maximum* considering and not the modeling of the progenitors assessment information in a clonal test and to obtain estimates of genetic gains with selection as the main character target for improvement. For this work, it was used 20 sexual progenitors of *P. maximum*, and these plants selected by the breeding program of Embrapa Beef Cattle. These plants were used in a polycross field to obtain progenies of half-sibs (PHS) of each plant. Twenty sexual progenitors in a clonal test in complete block design with two repetitions and PHS in complete block design with six repetitions, using as control *Mombaça* and *Tanzânia* cultivars in both experiments were assessed. It was evaluated agronomic characteristics under four cuts and nutritional value in two cuts. The statistics-genetic analyzes were performed by the approach of mixed models under different models. In both experiments the selective accuracies indicated good experimental reliability. In the article "i" model contemplating the parent information on ploidy of the species (tetraploid) provided the best estimates regarding to genetic parameters and estimates gains with selection of the 10 best progenitors. However, the three approaches used, have a high coincidence rate in the selection of the best progenitors. In the article "ii" the segregating population (PHS) showed genetic variability to be exploited, and the selection of the 30 best hybrids provided high genetic gains for agronomic characteristics.

Keywords: *Panicum maximum*. Recurrent selection. Genetical breeding.

SUMÁRIO

	PRIMEIRA PARTE	10
1	INTRODUÇÃO GERAL	10
2	REFERENCIAL TEÓRICO	13
2.1	Importância das gramíneas tropicais no Brasil	13
2.2	<i>Panicum maximum</i> – caracterização botânica e centro de origem e diversidade	14
2.3	Melhoramento genético de <i>P. maximum</i>	16
2.4	Seleção Recorrente	21
2.5	Procedimento ótimo de seleção e estimação de componentes de variância - REML/BLUP	24
3	CONCLUSÕES	26
	REFERÊNCIAS	27
	SEGUNDA PARTE	32
	ARTIGO 1 Seleção de genitores sexuais de <i>Panicum maximum</i> pela abordagem de modelos mistos com e sem <i>pedigree</i>	32
	ARTIGO 2 Seleção de híbridos de <i>Panicum maximum</i> pelas abordagens de modelos mistos	58

PRIMEIRA PARTE

1 INTRODUÇÃO GERAL

O Brasil se consagrou, desde 2004, como o maior exportador de carne bovina no mundo e segundo maior produtor, tendo nas forrageiras tropicais a base alimentar de sua pecuária (ANUÁRIO DA PECUÁRIA BRASILEIRA - ANUALPEC, 2013). Estima-se que a área nacional de pastagens cultivadas seja de 116 milhões de hectares e a de pastagens nativas, de 74 milhões de hectares (ANUALPEC, 2008), o que representa aproximadamente 22% do território nacional. Esse cenário traz sérios riscos para o sistema, uma vez que mais de 80% dessas áreas encontram-se estabelecidas com no máximo 10 cultivares apomíticas (reprodução clonal) (JANK et al., 2014; VALLE; JANK; RESENDE, 2009). Esse risco se deve, principalmente, ao monocultivo das cultivares apomíticas, que exercem grande pressão de seleção em pragas e doença, tendo como exemplo a cigarrinha-das-pastagens na cv. Basilisk, a morte súbita na cv. Marandu, e a ocorrência do fungo *Bipolaris maydis* na cv. Tanzânia.

Nesse cenário, a diversificação das pastagens é uma forma de atenuar os problemas provenientes do monocultivo. O melhoramento genético de forrageiras tropicais e o lançamento de novas cultivares surgem como alternativas para a diversificação das pastagens brasileiras (JANK; VALLE; RESENDE, 2011). Entre as forrageiras tropicais, *Panicum maximum* se destaca como uma das principais no mercado, por ser essa, a espécie forrageira, propagada por sementes, com maior potencial produtivo e com capacidade de se adaptar a vários tipos de solo e biomas (JANK et al., 2008).

A Embrapa Gado de Corte iniciou suas atividades de melhoramento com *P. maximum* na década de 1980, quando recebeu do *Institut Français* de

Recherche Scientifique pour le Développement en Coopération (ORSTOM) a sua coleção de *P. maximum* composta por 426 acessos apomíticos e 417 plantas sexuais tetraploides (SAVIDAN et al., 1985). A coleção foi caracterizada e avaliada, demonstrando grande variabilidade genética, permitindo o lançamento de quatro cultivares (Tanzânia, Mombaça, Massai e BRS Zuri).

Após 30 anos de programa de melhoramento de *P. maximum* na Embrapa Gado de Corte, centenas de híbridos sexuais e apomíticos foram gerados e avaliados. Tendo o programa como prioridade, a avaliação de populações segregantes, oriunda de cruzamentos biparentais, assim como, a contínua avaliação da coleção. Em 2012, a Embrapa Gado de Corte inicia um programa de Seleção Recorrente (SR) intrapopulacional em uma população sexual de *P. maximum*, com objetivo de melhorar a média *per se* da população. Na literatura são escassos os relatos de programa de SR em *P. maximum*.

Em outras espécies forrageiras como *B. ruziziensis*, *B. decumbens*, *B. humidicola* e *Setaria sphacelata* existem relatos de sucesso com a SR (BARRIOS et al., 2013; FIGUEIREDO; NUNES; VALLE, 2012; JANK et al., 2002; MATEUS et al., 2013, 2015; SOUZA SOBRINHO et al., 2009). Em estudo recente, o CIAT (Centro Internacional de Agricultura Tropical - Colômbia), iniciou um programa de SR com objetivo de selecionar genótipos para resistência a cigarrinhas típicas das pastagens na Colômbia. Nesse estudo, Miles, Cardona e Sotelo (2006) reduziram em 87% o nível de sobrevivência de ninfas da espécie *Aeneolamia varia* em cinco ciclos de seleção, em uma população sexual interespecífica de *B. brizantha*, *B. decumbense* e *B. ruziziensis*.

O sucesso de um programa de SR exige grande habilidade e conhecimento da equipe envolvida, haja vista que o programa vislumbra resultados a longo prazo e erros iniciais na obtenção das populações-base podem comprometer o sucesso. Sobretudo se as populações segregantes obtidas não gerarem progênes superiores às pré-existentes, acarretando em perda de tempo e

recursos financeiros. Na literatura existem alguns métodos consagrados para obter informações a respeito dos genitores que se pretende usar para formação da população-base, como o emprego de medidas de divergência genética, emprego do coeficiente de parentesco e emprego de médias. Também pode-se usar o desempenho das progênes como medida para testar os genitores, como os cruzamentos dialélicos e teste de progênes.

Além disso, *P. maximum* tem uma carência de informações sobre parâmetros genéticos das populações que estão sendo usadas para o melhoramento. A obtenção desses parâmetros genéticos auxilia a tomada de decisão em um programa de SR, assim como a predição de futuros ganhos com o melhoramento. Sendo imprescindível a obtenção de informações básicas como herdabilidade, correlações genéticas entre os caracteres e entre os cortes, porém informações dessa natureza são escassas à espécie (JANK et al., 2008; RESENDE et al., 2008).

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Importância das gramíneas tropicais no Brasil

O Brasil é o maior exportador e o segundo maior produtor mundial de carne bovina desde 2004, perdendo apenas para os Estados Unidos da América (INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA - IBGE, 2013). O país possui um reduzido custo de produção e tem seu rebanho criado, principalmente, a pasto de forma extensiva. Nos dois últimos anos o país registrou recordes de produção acompanhados por boas remunerações, estimulando o abate de matrizes e redução do rebanho nacional de 217 milhões de animais em 2012, para 208,3 milhões em 2015. Atualmente, a pecuária de corte representa 12% do Produto Interno Bruto (PIB) do agronegócio nacional (ANUALPEC, 2015).

A produção da pecuária brasileira tem como base alimentar as gramíneas utilizadas em sistemas de pastejo extensivo. A estimativa da área nacional total de pastagens é de 190 milhões de hectares, dividida em 116 milhões de hectares de pastagens cultivadas e 74 milhões de hectares de pastagens nativas (ANUALPEC, 2008). As espécies forrageiras mais utilizadas são *Panicum maximum*, *Brachiaria brizantha*, *Brachiaria decumbens*, *Brachiaria ruziziensis* e *Brachiaria humidicola*, que representam 90% do volume de sementes comercializadas no Brasil (SOUZA SOBRINHO et al., 2009; VALLE; JANK; RESENDE, 2009). Essas espécies, além de serem as mais comercializadas e plantadas, contribuem para caracterizar o Brasil como maior exportador de sementes forrageiras tropicais (JANK et al., 2014).

A introdução dessas gramíneas africanas no Brasil, junto ao melhoramento genético e desenvolvimento de cultivares melhoradas com alto potencial produtivo, e boas práticas de manejo, permitiram que o Brasil

aumentasse sua taxa de lotação por unidade animal (UA) em 1,6% ao ano, no período de 1996 a 2015 (ANUALPEC, 2013, 2015). Sem dúvida, o grande sucesso dessas espécies é devido à sua ampla adaptabilidade a uma gama de ambientes nos quais são utilizadas no Brasil nos mais variados biomas e aos esforços no âmbito do melhoramento genético (JANK; VALLE; RESENDE, 2011).

2.2 *Panicum maximum* – caracterização botânica e centro de origem e diversidade

O gênero *Panicum* pertence à família *Poaceae*, subfamília *Panicoideae*. Estima-se que o gênero apresenta mais de 500 espécies, distribuídas em regiões tropicais e subtropicais em vários países, principalmente do continente Africano. Entre as espécies economicamente importantes destacam-se *P. miliaceum* L., *P. virgatum* L., *P. prupurascens* Raddi e *P. maximum* Jacq., sendo esta última a mais importante (JANK et al., 2008; WARMKE, 1951).

Dentro da espécie *P. maximum* o número de cromossomos encontrado é variável, sendo $2n=32$ o mais comum, caracterizando-se como autotetraploide (SAVIDAN, 1980). A maioria das espécies do gênero *Panicum* apresenta número básico de $x=9$, mas *P. maximum* apresenta $x=8$. A espécie se reproduz por apomixia apospórica, sendo um modo de reprodução vegetativo via semente. Na aposporia, o saco embrionário não reduzido é originado de células somáticas do óvulo (nucleo ou tegumento), chamadas de células iniciais apospóricas. Uma ou mais células iniciais apospóricas se diferenciam e não passam por meiose, entram em mitose, originando um saco embrionário não reduzido (JANK et al., 2008; SAVIDAN, 2000).

Na natureza foram encontradas plantas diploides de *P. maximum* com $2n=16$ e reprodução por via sexual. Plantas diploides e com reprodução

apomítica ainda não foram registradas, indicando que a apomixia deve ocorrer apenas em plantas poliploides para o gênero *P. maximum* (JANK et al., 2008; SAVIDAN, 2000). A geração de híbridos em *P. maximum* somente é possível com a identificação de plantas sexuais com a mesma ploidia das plantas apomíticas.

Em estudos básicos, Savidan (1975, 1982) estudou a herança da apomixia, chegando à conclusão que o controle genético é devido a um único gene dominante ou um bloco gênico, e que o cruzamento entre um genitor apomítico e um sexual, resulta em uma segregação de 1:1 (apomítico:sexual). Nesse modelo de herança proposto, o gene “A” confere a apomixia, tendo a seguinte constituição genotípica: Aaaa, enquanto as plantas sexuais apresentam a constituição genotípica: aaaa, com a apomixia sendo dominante sobre a sexualidade.

A espécie *P. maximum* é encontrada em quase toda a extensão do continente africano, principalmente em margens florestais, sob sombreamento ralo, desde o nível do mar até altitudes de 1800 metros, tendo como centro de diversidade genética a África do Leste, mais especificamente os países Quênia e Tanzânia (COMBES; PERNÈS, 1970).

No continente americano, presume-se que *P. maximum* tenha chegado a partir do século XVII, da costa oeste da África às ilhas do Caribe (PARSONS, 1972). No Brasil, sua introdução ocorreu na época da escravatura, trazida por escravos que dormiam em camas feitas por essa gramínea nos navios (CHASE, 1944). A adaptação foi tão boa, que hoje é considerado por muitos como sendo nativo, entretanto, a variabilidade introduzida foi baixa, acarretando em uma cultura extremamente homogênea, apesar das grandes extensões de *P. maximum* no território nacional (SAVIDAN et al., 1989).

A Embrapa Gado de Corte situada em Campo Grande – Mato Grosso do Sul, recebeu em 1982 do *Institut Français de Recherche Scientifique pour le*

Développement en Coopération (ORSTOM) a coleção de *P. maximum* composta por 426 acessos apomíticos tetraploides e 417 plantas sexuais (SAVIDAN et al., 1985).

A área ocupada pela espécie no Brasil responde por aproximadamente 20% de toda a área de pastagens cultivadas (por volta de 20 milhões de hectares) suprimindo 30% do mercado de sementes forrageiras (MARTUSCELLO et al., 2007).

2.3 Melhoramento genético de *P. maximum*

Panicum maximum é a espécie forrageira, propagada por sementes, mais produtiva do mercado brasileiro. Apresenta excelente qualidade nutricional, se adapta a diferentes tipos de solo e biomas, porém é mais exigente em fertilidade de solo, quando comparada com espécies do gênero *Brachiaria*. A espécie tem sido responsável por grande parte da engorda de bovinos no Brasil e em vários países latino-americanos, sobretudo em sistemas mais intensivos, devido a sua alta produtividade por área, aliada à alta qualidade de forragem, reprodução tanto por muda como por semente, boa resistência ao pisoteio, excelente aceitabilidade e digestibilidade (JANK et al., 2008, 2014).

O melhoramento dessa espécie e demais gramíneas forrageiras tropicais, encontra-se em estágios iniciais de desenvolvimento, sendo estimulados recentemente pelo forte interesse comercial. Porém, há dificuldade em coletar germoplasma de todos os gêneros de gramíneas forrageiras tropicais existentes na natureza, uma vez que o centro de origem é a África, e esse continente vive em constante instabilidade política, o que dificulta a coleta em seu habitat natural. *Panicum maximum* foi a primeira gramínea forrageira tropical a ser coletada, no final da década de 1960, posteriormente *Brachiaria* ssp. foi a segunda, na década de 1980. Portanto, passaram-se poucos anos desde as coletas

e a disponibilização dos Bancos Ativos de Germoplasma (BAG) para iniciar o melhoramento propriamente dito. Por esse motivo, as gramíneas tropicais, encontram-se em fases iniciais de domesticação e melhoramento (EUCLIDES et al., 2010; JANK et al., 2008).

As atividades de melhoramento em *P. maximum* foram intensificadas no início da década de 1980, coincidindo com a chegada da coleção de *P. maximum* na Embrapa Gado de Corte, fruto de um convênio-cooperação com o ORSTOM. As fases iniciais foram estudos básicos para caracterizar os acessos recebidos e seus respectivos comportamentos em território nacional, por meio de avaliações agronômicas e morfológicas.

A caracterização da coleção de *P. maximum* do ORSTOM na Embrapa Gado de Corte demonstrou grande variabilidade, possibilitando a partir das avaliações, selecionar 25 acessos, que foram testados de 1988 a 1990 em sete estados brasileiros. Ao final das avaliações, lançou-se a cultivar Tanzânia em 1990, contribuindo para um ganho de 24% no peso por animal e 38% por área em relação a cultivar padrão da época (cv. Colômbio) (EUCLIDES et al., 1993). Em 1993 lançou-se a cultivar Mombaça, que resultou em um ganho de 28% em peso por área em relação à cv. Tanzânia (EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA EM AGROPECUÁRIA - EMBRAPA, 1993). Em 2000 a EMBRAPA lançou a cv. Massai, menos produtiva que as duas anteriores, porém destacando-se pelo alto índice de perfilhamento, persistência em solos com baixos teores de fósforo e apresentando porte reduzido (EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA EM AGROPECUÁRIA - EMBRAPA GADO DE CORTE, 2001). Já em 2014, foi lançada a cv. BRS Zuri, que somada às três anteriores possibilita diversificar ainda mais as pastagens brasileiras, com um incremento em produtividade por área e qualidade de forragem. A cv. BRS Zuri proporcionou melhores resultados em relação às cultivares Mombaça e Tanzânia para produtividade animal por hectare, além de associar boa tolerância à

cigarrinha das pastagens e ao fungo *Bipolaris maydis*, causador da mancha foliar (EMBRAPA, 2014).

Em síntese, os programas de melhoramento de gramíneas forrageiras tropicas buscam, nas fases iniciais, a seleção de progênies ou acessos que apresentem alta produtividade de matéria seca total, de matéria seca foliar, com boa porcentagem de folhas, alta porcentagem de rebrota após o corte, aliados à qualidade da forragem aferida a partir de caracteres relacionados ao valor nutritivo. Paralelamente são avaliadas resistência a pragas, a doenças, e à produção de sementes (VALLE et al., 2008). No entanto, caracteres de valor nutritivo, como porcentagem de folhas associam-se negativamente com caracteres de produtividade, como matéria seca total e foliar (BASSO et al., 2009; FIGUEIREDO; NUNES; VALLE, 2012; SIMEÃO et al., 2016), dificultando assim, a seleção do ideótipo de planta almejado.

O programa de melhoramento de *P. maximum* da Embrapa Gado de Corte tem intensificado as avaliações dos acessos do BAG e de populações segregantes, obtidas a partir dos cruzamentos dirigidos entre parentais sexuais e acessos apomíticos pré-selecionados. Recentemente, o programa adotou a estratégia do uso da Seleção Recorrente (SR). A estratégia da SR consiste em melhorar a população sexual por ciclos de seleção recorrente e as plantas sexuais selecionadas são utilizadas para hibridização com acessos ou híbridos apomíticos superiores. Na geração obtida entre plantas sexuais e apomíticas ocorre uma descendência com metade dos indivíduos apomíticos e a outra metade sexual, assim as plantas apomíticas selecionadas podem ser avançadas para seleção de novas cultivares e as plantas sexuais podem ser utilizadas para contribuir no melhoramento da população sexual.

As populações geradas via SR ou via cruzamentos diferenciados ou mesmo alguns acessos do BAG são avaliados em distintas etapas, até o lançamento de uma cultivar, como segue: Etapa 1 - são avaliados de 100 a 200

genótipos em experimentos com repetição em um local; Etapa 2 - Os selecionados vão para ensaios regionais, geralmente de 20 a 25 genótipos, avaliados em parcelas maiores sob corte. Essa etapa também é denominada de Ensaio de Valor Cultivo e Uso (VCU) sob corte, exigido pelo Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA) em, no mínimo, um local por bioma, avaliado por dois anos consecutivos; Etapa 3 - denominada de VCU sob pastejo, é o ensaio também requerido pelo MAPA, que exige que seja avaliado em, no mínimo, um local por bioma, por dois anos. Nessa fase são avaliados de um a três genótipos, mensurando-se o desempenho animal (JANK et al., 2014). Do início dos cruzamentos à conclusão de todas essas fases, não ocorrendo imprevistos, leva-se, no mínimo, dez anos para liberar uma nova cultivar de *P. maximum* no mercado.

Como a espécie *P. maximum* encontra-se em processo inicial de melhoramento, em relação às demais culturas agrícolas, precisa-se de informações básicas para nortear caminhos a serem adotados como estratégia de melhoramento, buscando racionalizar recursos financeiros e humanos e consequentemente reduzir o tempo gasto para o lançamento de uma nova cultivar. Nesse sentido, faz-se necessário ter informações sobre parâmetros genéticos das populações que estão sendo usadas para o melhoramento. Isso porque os parâmetros genéticos irão auxiliar na tomada de decisão, assim como a predição de futuros ganhos com o melhoramento. Sendo imprescindíveis informações como herdabilidade, correlações genéticas entre os caracteres-alvo e as correlações genéticas entre os cortes, porém essas informações são escassas na literatura para a espécie (RESENDE et al., 2008).

Jank et al. (2003) avaliaram 25 acessos de *P. maximum* sob duas condições de adubação. Os autores obtiveram estimativas de herdabilidade no sentido amplo, variando de 0,44 e 0,38 para característica matéria seca total de folha (MSF) sob condição adubada e não adubada, respectivamente. Resende et

al. (2004) avaliaram 79 híbridos de *P. maximum*, obtendo estimativas de herdabilidade no sentido amplo de 0,47; 0,62 e 0,68, e no sentido restrito de 0,15; 0,20 e 0,21 quando avaliou os híbridos por um, dois e três anos respectivamente, para o caráter MSF. Os autores concluíram que essa diferença entre as herdabilidades no sentido amplo e restrito indica a presença de efeitos de dominância. Assim, estratégias de melhoramento que exploram a heterose devem ser preferidas. Como sugestão, Resende et al. (2004) indicam a seleção recorrente recíproca com suas devidas ponderações para a espécie. Braz et al. (2013) encontraram estimativas de herdabilidade no sentido amplo por corte, variando de 0,14 (% de folha) a 0,22 (altura de planta) para caracteres agronômicos.

Cuidados devem ser adotados na estimação de parâmetros genéticos para obtenção de estimativas fidedignas, e para isso, faz-se necessário obter dados fenotípicos oriundos de bons experimentos, ou seja, de experimentos acurados. Em se tratando de plantas perenes ou semiperenes, faz-se necessário tomar medidas repetidas, ou seja, várias colheitas em uma mesma parcela, o que irá auxiliar numa predição mais autêntica do valor genético do indivíduo (RESENDE et al., 2008).

Assim, outra resposta que os programas de melhoramento de forrageiras tropicas buscam, é acerca do número mínimo de cortes a serem realizados que proporciona uma seleção com confiabilidade. Nesse sentido, Martuscello et al. (2007) avaliando progênies de *P. maximum* utilizaram quatro métodos de estimação do coeficiente de repetibilidade, para as características MSF, porcentagem de folha (%F) e produção de matéria verde (PMV). Os autores observaram que cinco cortes seriam suficientes para predizer com boa confiabilidade (acima de 80%) o comportamento dos genótipos avaliados. Na mesma linha de trabalho, Braz et al. (2015) verificaram que seis colheitas são

suficientes para se ter boa precisão na seleção para MSF, %F, incidência de *B. maydis* e altura de planta.

2.4 Seleção Recorrente

Seleção recorrente é qualquer processo cíclico de melhoramento que envolve a obtenção de progênies, avaliação e recombinação das melhores (RAMALHO et al., 2012). O que se almeja na seleção recorrente é o acúmulo de vantagens, ou seja, aumentar a frequência dos alelos de interesse para as características desejadas na população. Assim, em ciclos subsequentes serão aumentadas as oportunidades de se obter com maior frequência, progênies que atendam aos padrões desejados, preservando a variabilidade genética para ganhos futuros com a seleção. Para isso, é necessário ter uma população com variabilidade genética e uma estratégia de seleção e recombinação que permita a obtenção de ganhos genéticos, sem exaurir a variabilidade (HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010).

Um bom argumento sobre a eficiência da seleção recorrente foi apresentado por Bernardo (2010). O autor utilizou as informações da seleção para teor de óleo e proteína no milho iniciado em 1896 em Illinois. Após 90 ciclos seletivos, o ganho para óleo foi de 22 desvios aditivos e para proteína de 26. Segundo Bernardo (2010), esse ganho foi obtido nos 90 ciclos, após analisar 7.000 espigas de milho. Se essas mesmas 7.000 espigas tivessem sido avaliadas no ciclo zero e a melhor espiga sendo selecionada, o ganho com a seleção seria de apenas 3,6 desvios aditivos em relação à média do ciclo zero.

A seleção recorrente pode ser praticada sobre a população em melhoramento (melhoramento intrapopulacional) ou o melhoramento de uma população em função de outra(s) (melhoramento interpopulacional). Entre os métodos de condução de populações segregantes os mais comuns são: seleção

fenotípica ou massal e seleção de famílias. Na seleção de famílias tem-se: seleção de famílias de meios-irmãos, famílias de irmãos completos, seleção de famílias S_1 ou S_2 e seleção combinada (seleção entre e dentro). Entre esses métodos de condução, várias estratégias têm sido utilizadas pelos pesquisadores em cada uma das três etapas básicas de um programa de seleção recorrente (obtenção de progênes, avaliação, seleção e recombinação para obtenção do ciclo seguinte). Quando trata-se de forrageiras tropicais e com o gene da apomixia, adaptações são necessárias para condução das populações segregantes e dos cruzamentos em populações mistas (melhoramento interpopulacional).

No Brasil, o melhoramento de forrageiras tropicais tem sido intenso nas últimas três décadas e recentemente com o uso da seleção recorrente. Em *B. ruziziensis*, única espécie diploide e sexual do gênero, Souza Sobrinho et al. (2009) observaram a existência de variabilidade para caracteres de produtividade e qualidade da forragem após um ciclo de seleção recorrente. Os autores constataram que a média da população foi superior em relação à média de quatro cultivares comerciais. Também observaram clones com baixo nível de sobrevivência de ninfas de cigarrinha das pastagens (*Deois schach* e *Mahanarva spectabilis*), igualmente a média das testemunhas, no qual se inclui a *B. brizantha* (cv. Marandu) usada como referência à resistência a esses insetos. Isso mostra o grande potencial de acúmulo de alelos para resistência às cigarrinhas típicas das pastagens dentro de um programa de seleção recorrente em *B. ruziziensis*, espécie tida como altamente suscetível.

Outro exemplo de sucesso com a seleção recorrente foi a seleção realizada para resistência a cigarrinhas típicas das pastagens na Colômbia. Nesse estudo, Miles, Cardona e Sotelo (2006) reduziram em 87% o nível de sobrevivência de ninfas da espécie *Aeneolamia varia* em quatro ciclos de seleção, em uma população sexual intraespecífica de *B. brizantha*, *B. decumbens* e *B. ruziziensis*. Na Florida três ciclos de seleção recorrente em *Setaria*

spkacelata aumentaram a porcentagem de plantas sobreviventes à geadas e ao frio de 6% a 27% (JANK et al., 2002).

Em 2010, iniciou-se o programa de melhoramento de *B. decumbens* na Embrapa Gado de Corte em seleção recorrente recíproca, com a geração de uma população-base de 457 híbridos. Desses híbridos, realizou-se uma seleção visual para vigor, selecionando 324 híbridos, que foram avaliados para caracteres agrônômicos e resistência a cigarrinhas-das-pastagens (BARRIOS et al., 2013; MATEUS et al., 2015). Da população preliminarmente selecionada, identificaram híbridos mais resistentes à cigarrinha das pastagens e também mais produtivos que a principal cultivar dessa espécie, a cv. Basilisk (MATEUS et al., 2013; MENDONÇA et al., 2013).

Em espécies forrageiras de clima temperado, o emprego da seleção recorrente tem sido usado com o intuito de melhorar caracteres de valor nutritivo. Em dois ciclos de seleção recorrente para redução na concentração de fibra em detergente neutro em *Bromus inermis* Leyss houve uma redução de 6,8 g Kg⁻¹ ciclo⁻¹, sendo mais eficiente quando as plantas foram avaliadas no estágio vegetativo do que no reprodutivo (CASLER, 2001).

Essas várias atividades realizadas no melhoramento genético de espécies forrageiras contribuem para o conhecimento dos métodos e, por conseguinte, para aumentar a eficiência de um programa de melhoramento, cujo objetivo é a liberação de cultivares superiores (VALLE; JANK; RESENDE, 2009). Mas, para que tudo isso se concretize, uma equipe multidisciplinar, com profissionais da área de entomologia, fitopatologia, biotecnologia, sementes, fertilidade, manejo do pastejo e transferência de tecnologia, devem trabalhar em sintonia para obter o sucesso, e assim ocorrer a liberação de uma cultivar no menor espaço de tempo (JANK et al., 2014).

2.5 Procedimento ótimo de seleção e estimação de componentes de variância - REML/BLUP

O sucesso de um programa de melhoramento genético está na capacidade do grupo de pesquisadores envolvidos em delinear eficientes estratégias para obtenção de boas populações segregantes, que associem médias altas para os caracteres-alvo e variabilidade para ser explorada. Ter objetivos claros a serem alcançados, delinear e fazer a condução de bons experimentos tanto a campo quanto laboratoriais. Para tanto, é necessário ter a percepção de que a avaliação de genótipos em experimentos a campo tem dois objetivos principais que são: (1) fazer inferências sobre os valores genotípicos e concomitante estimação de parâmetros genéticos para assim fazer inferências sobre uma determinada população; (2) ordenar os genótipos com base nos seus valores genotípicos que estão livres dos efeitos ambientais (RESENDE, 2007).

No melhoramento de plantas, o procedimento ANOVA (análise de variância) e análise de regressão foram, durante muito tempo, os principais alicerces da modelagem estatística. Entretanto, essas técnicas têm limitações para lidar com dados desbalanceados, e não permite, em geral, a inclusão de parentesco entre os indivíduos ou informações adicionais na modelagem. Nesse caso o procedimento ótimo de avaliação genotípica e estimação de parâmetros genéticos refere-se ao BLUP - *Best Linear Unbiased Predictor* (melhor preditor linear não tendencioso) via REML (máxima verossimilhança restrita), uma vez que esse procedimento lida naturalmente com o desbalanceamento nos dados e permite a inclusão de informações genealógicas na modelagem, conduzindo a estimativas e predições mais acuradas (BERNARDO, 2010; RESENDE, 2007).

O procedimento BLUP foi formalmente apresentado por Henderson em 1973, mas, foi concebido por volta de 1949 pelo próprio autor (RESENDE, 2007). No início, o procedimento teve algumas restrições, sendo amplamente

difundido a partir da década de 1970, sobretudo pelo advento das facilidades computacionais, e avanços dos *softwares* estatísticos que trazem algoritmos robustos. Assim, o procedimento REML/BLUP começou a ter destaque (BERNARDO, 2010; RESENDE, 2002), tanto no melhoramento animal como no melhoramento florestal, devido principalmente ao forte desbalanceamento dos dados e, pela possibilidade de selecionar diretamente os indivíduos, com a adição de informações sobre o parentesco entre eles no modelo, o que tem proporcionado uma maior eficiência no processo seletivo (PIEPHO et al., 2008; RESENDE, 2002).

Em plantas forrageiras, a utilização da análise de modelos mistos pelo REML/BLUP tem sido mais frequente (FIGUEIREDO; NUNES; VALLE, 2012; RESENDE; CASLER; RESENDE, 2013; RESENDE et al., 2004; SIMEÃO et al., 2016), uma vez que o método permite o uso simultâneo de várias fontes de informações, como as advindas de vários experimentos instalados em um ou mais locais, avaliados em uma ou mais colheitas. Permite também o uso de informações de *pedigree* considerando o nível de ploidia da espécie envolvida, além de possibilitar a predição dos genitores na matriz genealógica com base na performance da descendência avaliada no experimento, além de conduzir a predições mais acuradas, minimizando o erro quadrático médio (PIEPHO et al., 2008; RESENDE, 2002; RESENDE et al., 2008).

3 CONCLUSÕES

O Brasil é o maior exportador e segundo maior produtor de carne bovina do mundo, tendo nas forrageiras tropicais a base da alimentação do seu rebanho. Entre as forrageiras tropicas propagadas por semente, *Panicum maximum*, se destaca como a de maior produtividade do mercado brasileiro.

O melhoramento de forrageiras tropicais via seleção recorrente é uma estratégia eficiente em aumentar a expressão de caracteres quantitativos como produção de matéria seca foliar entre outros de interesse.

O procedimento BLUP - *Best Linear Unbiased Predictor* (melhor preditor linear não tendencioso) via REML (máxima verossimilhança restrita) tem sido usado com maior frequência no melhoramento de forrageiras tropicas, possibilitando bons avanços genéticos.

REFERÊNCIAS

- ANUÁRIO DA PECUÁRIA BRASILEIRA. São Paulo: FNP, 2008. 380 p.
- ANUÁRIO DA PECUÁRIA BRASILEIRA. Santa Cruz do Sul: Gazeta, 2013. 128 p.
- ANUÁRIO DA PECUÁRIA BRASILEIRA. Santa Cruz do Sul: Gazeta, 2015. 64 p.
- BARRIOS, S. C. L. et al. Reciprocal recurrent selection in the breeding of *Brachiaria decumbens*. **Tropical Grasslands - Forrajes Tropicales**, Brisbane, v. 1, p. 52–54, 2013.
- BASSO, K. C. et al. Avaliação de acessos de *Brachiaria brizantha* Stapf e estimativas de parâmetros genéticos para caracteres agronômicos. **Acta Scientiarum. Agronomy**, Maringá, v. 31, n. 1, p. 17-22, jan./mar. 2009.
- BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. Woodbury: Stemma, 2010. 400 p.
- BRAZ, T. G. S. et al. Genetic parameters of agronomic characters in *Panicum maximum* hybrids. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 42, n. 4, p. 231–237, 2013.
- BRAZ, T. G. S. et al. Repeatability of agronomic traits in *Panicum maximum* (Jacq.) hybrids. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 14, n. 4, p. 19282-19294, 2015.
- CASLER, M. D. Breeding forage crops for increased nutritional value. **Advances in Agronomy**, San Diego, v. 71, n. 1, p. 51-107, 2001.
- CHASE, A. Grasses of Brazil and Venezuela. **Agriculture in the Americas**, Washington, v. 4, p. 123-126, 1944.
- COMBES, D.; PERNÈS, J. Variations dans le nombres chromosomiques du *Panicum maximum* Jacq. en relation avec le mode de reproduction. **Cahiers Recherche Academie Des Sciences Série D**, Paris, v. 270, p. 782-785, 1970.
- EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA EM AGROPECUÁRIA. **BRS Zuri**. Campo Grande, 2014. 1 Folder.

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA EM AGROPECUÁRIA. Mombaça. Campo Grande, 1993. 1 Folder.

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA EM AGROPECUÁRIA - GADO DE CORTE. **Capim-massai (*Panicum maximum* cv. Massai)**: alternativa para diversificação de pastagens. Campo Grande, 2001. 5 p. (Comunicado Técnico, 69).

EUCLIDES, V. P. B. et al. Brazilian scientific progress in pasture research during the first decade of XXI century. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 39, p. 151–168, 2010. Special Suppl.

EUCLIDES, V. P. B. et al. Evaluation of *Panicum maximum* cultivars under grazing. In: INTERNATIONAL GRASSLAND CONGRESS 17., 1993, Palmerston North. **Proceedings...** Palmerston North: New Zealand Grassland Association, 1993. p. 1999.

FIGUEIREDO, U. J.; NUNES, J. A. R.; VALLE, C. B. Estimation of genetic parameters and selection of *Brachiaria humidicola* progenies using a selection index. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, MG, v. 12, n. 4, p. 237–244, 2012.

HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. Ames: Iowa State University, 2010. 663 p.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. **Indicadores IBGE**: estatística da produção pecuária. Rio de Janeiro, 2013. 49 p.

JANK, L. et al. Melhoramento Genético de *Panicum maximum* Jacq. In: RESENDE, R. M. S.; VALLE, C. B.; JANK, L. (Ed.). **Melhoramento de forrageiras tropicais**. Campo Grande: Embrapa Gado de Corte, 2008. p. 55-87.

JANK, L. et al. Selection in setaria sphacelata for winter survival. **Journal Of Agricultural Research**, Nova Zelandia, v. 45, n. 2, p. 273-281, 2002.

JANK, L. et al. The value of improved pastures to Brazilian beef production. **Crop and Pasture Science**, Victoria, v. 65, p. 1132-1137, 2014.

JANK, L. et al. Utilização de índices de seleção no melhoramento de *Panicum maximum* Jacq. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS, 2., 2003, Porto Seguro. **Anais...** Porto Seguro: Sociedade Brasileira de Melhoramento de Plantas, 2003. 7 p. 1 CD-ROM.

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

MARTUSCELLO, J. A. et al. Repetibilidade de caracteres agronômicos em *Panicum maximum* Jacq. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 36, n. 6, p. 1975-1981, nov./dez. 2007.

MATEUS, R. G. et al. Agronomic evaluation of 324 intraspecific hybrids of *Brachiaria decumbens* in Brazil. **Tropical Grasslands - Forrajes Tropicales**, Brisbane, v. 1, p. 99-100, 2013.

MATEUS, R. G. et al. Genetic parameters and selection of *Brachiaria decumbens* hybrids for agronomic traits and resistance to spittlebugs. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, MG, v. 15, p. 227-234, 2015.

MENDONÇA, S. A. et al. Agronomic and nutritional evaluation of intraspecific crosses in *Brachiaria decumbens*. **Tropical Grasslands - Forrajes Tropicales**, Brisbane, v. 1, p. 103-105, 2013.

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

PARSONS, J. J. Spread of African pasture grasses in the American Tropics. **Journal Range Management**, Denver, v. 25, p. 12-17, 1972.

PIEPHO, H. P. et al. BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. **Euphytica**, Wageningen, v. 161, n. 1/2, p. 209-228, May 2008.

RAMALHO, M. A. P. et al. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: UFLA, 2012. 522 p.

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

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

RESENDE, M. D. V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 362 p.

RESENDE, R. M. S.; CASLER, M. D.; RESENDE, M. D. V. Selection methods in forage breeding: a quantitative appraisal. **Crop Science**, Madison, v. 53, p. 143-156, Sept./Oct. 2013.

RESENDE, R. M. S. et al. Biometrical analysis and selection of tetraploid progenies of *Panicum maximum* Jacq. using mixed model methodology. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 39, n. 4, p. 335-341, 2004.

SAVIDAN, Y. H. Apomixis: genetics and breeding. **Plant Breeding Reviews**, Westpoint, v. 18, p. 10-86, 2000.

SAVIDAN, Y. H. Chromosomal and embryological analyses in sexual versus apomitic hybrids of *Panicum maximum* Jacq. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 57, p. 153-156, 1980.

SAVIDAN, Y. H. et al. Breeding *Panicum maximum* in Brazil: genetic resources, modes of reproduction and breeding procedures. **Euphytica**, Wageningen, v. 41, p. 107-112, 1989.

SAVIDAN, Y. H. et al. Preliminary evaluation in *Panicum maximum* germplasm in Brazil: an international agronomy research program. In: INTERNATIONAL GRASSLAND CONGRESS, 1., 1985, Kyoto. **Proceedings...** Nagoya: The Japanese Society of Grassland Science, 1985. p. 117-118.

SAVIDAN, Y. H. Hérité de l'apomixie. Contribution à l'étude de l'hérité de l'apomixie sur *Panicum maximum* (analyse des sacs embryonnaires). **Cahiers ORSTOM**, Paris, v. 10, n. 2, p. 91-95, 1975.

SAVIDAN, Y. H. **Nature et hérité de l'apomixie chez *Panicum maximum* Jacq.** Paris: ORSTOM, 1982. 159 p.

SIMEÃO, R. et al. Genetic evaluation and selection index in tetraploid *Brachiaria ruziziensis*. **Plant Breeding Reviews**, Westport, v. 135, n. 2, p. 243-256, 2016.

SOUZA SOBRINHO, F. et al. de 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.

VALLE, C. B. et al. Melhoramento genético de *Brachiaria*. In: RESENDE, R. M. S.; VALLE, C. B.; JANK, L. (Org.). **Melhoramento de forrageiras tropicais**. Campo Grande: Embrapa Gado de Corte, 2008. p. 13–53.

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

WARMKE, H. E. Cytotaxonomic investigations of some varieties of *Panicum maximum* and *P. purpurascens* in Puerto Rico. **Agronomy Journal**, Madison, v. 43, p. 143-149, 1951.

SEGUNDA PARTE

ARTIGO 1

**Seleção de genitores sexuais de *Panicum maximum* pela abordagem de
modelos mistos com e sem *pedigree***

Artigo redigido conforme normas NBR6022 da ABNT

Seleção de genitores sexuais de *Panicum maximum* pela abordagem de modelos mistos com e sem *pedigree*

Hugo Junqueira Ematne^{1, *}, José Airton Rodrigues Nunes¹, Liana Jank², Mateus Santos Figueiredo Santos²

^{1, *} Departamento de Biologia, Cx. Postal 3037, Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG. E-mail: so_hugo85@yahoo.com.br, jarnunes@dbi.ufla.br

² Embrapa Gado de Corte, Campo Grande, MS. E-mail: liana.jank@embrapa.br, mateus.santos@embrapa.br

RESUMO

No presente trabalho objetivou-se estimar parâmetros genéticos de 20 genitores sexuais de *Panicum maximum*, usados na formação da população fundadora do programa de seleção recorrente intrapopulacional da Embrapa Gado de Corte e comparar diferentes abordagens estatísticas na estimação desse parâmetro, considerando ou não o uso da informação de parentesco genético. Para isso, avaliou-se 20 genitores sexuais de *P. maximum*, em delineamento de blocos completos com duas repetições, utilizando-se como testemunhas as cultivares Mombaça e Tanzânia. Paralelamente foram avaliados 30 híbridos de cada genitor (teste de progênie de meios-irmãos) no delineamento de blocos completos com seis repetições e mesmas testemunhas. Avaliou-se caracteres agronômicos sob quatro cortes e de valor nutritivo sob dois cortes. As análises estatísticas-genéticas foram realizadas pela abordagem de modelos mistos sob diferentes modelos. Modelo 1, avaliação dos genitores em teste clonal sem informação de parentesco; Modelo 2, avaliação dos genitores em teste clonal com informação de parentesco tetraploide; Modelo 3, avaliação do teste de progênie de meios-irmãos com parentesco tetraploide. As acurácias seletivas indicaram boa confiabilidade experimental. O modelo 3 foi o que proporcionou as melhores estimativas em relação aos parâmetros genéticos e ganhos estimados com a seleção dos 10 melhores genitores. Entretanto, os três modelos apresentaram alto índice de coincidência na seleção dos melhores genitores.

Palavras-chave: *Panicum maximum*. Seleção recorrente. Melhoramento genético.

1 INTRODUÇÃO

Em forrageiras tropicais com reprodução por apomixia, como *Panicum maximum*, *Brachiaria brizantha*, *Brachiaria decumbens*, *Brachiaria humidicola*, entre outras forrageiras, cruzamentos dirigidos são possíveis apenas com fontes sexuais. Entretanto, as fontes sexuais encontradas na natureza diferem quanto à ploidia das plantas apomíticas, o que dificulta a realização de cruzamentos. Especificamente em *P. maximum*, plantas sexuais diploides foram encontradas na natureza e posteriormente foram duplicadas em laboratório, viabilizando cruzamentos dirigidos com plantas apomíticas tetraploides (JANK et al., 2008, 2014; VALLE; JANK; RESENDE, 2009). Essa primeira fase de obtenção de plantas sexuais com ploidia compatível com as apomíticas se deu na década de 1970 na Costa do Marfim (JANK et al., 2008). Em 1982, a Embrapa Gado de Corte recebeu do *Institut Français de Recherche Scientifique pour le Développement en Coopération* (ORSTOM) sua coleção de *P. maximum*, composta de 426 acessos apomíticos e 417 plantas sexuais (SAVIDAN et al., 1989).

Com a chegada da coleção de *P. maximum* na Embrapa Gado de Corte, iniciou-se o programa de melhoramento para essa espécie no Brasil. No período de 1982 a 2015, a Embrapa já lançou cinco cultivares (Tanzânia, Mombaça, Massai, BRS Zuri e BRS Tamani) no mercado e muitos acessos e híbridos foram e têm sido avaliados com o objetivo de obtenção de novas cultivares. Em 2012, o programa de melhoramento de *P. maximum* da Embrapa inicia um programa de seleção recorrente (SR) em uma população sexual, com a finalidade de melhorar os genitores sexuais, para que estes possam ser usados em futuros cruzamentos, principalmente com genótipos apomíticos superiores (JANK et al., 2008; RESENDE et al., 2004). A população fundadora do programa de SR de *P.*

maximum da Embrapa Gado de Corte foi composta por 20 genitoras sexuais, selecionadas por seu mérito ao longo de 30 anos do programa de melhoramento.

A escolha de uma população fundadora para iniciar um programa de SR não é uma tarefa das mais fáceis, porque o programa dispõe de várias plantas sexuais, e o que se deseja é ter uma população que associe média alta para os caracteres de interesse e variabilidade genética, ou seja, a população tem que ser adaptada e os indivíduos complementares (RAMALHO et al., 2012). O sucesso de um programa de SR irá exigir grande habilidade e conhecimento da equipe envolvida, haja vista que o programa vislumbra resultados a longo prazo e erros iniciais na obtenção das populações-base podem comprometer o sucesso do programa. Sobretudo se as populações segregantes obtidas não gerarem progênie ou híbridos superiores.

Na literatura há métodos consolidados para obtenção de informações do valor genético ou “*breeding value*” dos genitores que se pretende usar para formação da população-base. Entre os métodos, o mais utilizado pelos melhoristas tem sido combinar as informações advindas das avaliações desses potenciais genitores *per se* e de medidas de divergência genética ou de parentesco, quando disponíveis. Outra estratégia para escolha de genitores consiste na sua avaliação em combinação (teste de progênie ou híbridos), como em delineamentos de cruzamentos do tipo dialelos ou policruzamento (FALCONER; MACKAY, 1996; RAMALHO et al., 2012). Entre esses, o teste de progênie de meios-irmãos tem sido um método de seleção amplamente aplicado no melhoramento animal e, mais recente, no melhoramento de culturas perenes em que os genitores femininos ou masculinos são selecionados com base no comportamento de seus descendentes (progênie de meios-irmãos) (FALCONER; MACKAY, 1996; RESENDE, 2002).

Em relação aos procedimentos para avaliação genotípica, estimação de parâmetros genéticos e seleção de genitores, o BLUP - *Best Linear Unbiased*

Predictor (melhor preditor linear não tendencioso) via REML (máxima verossimilhança restrita) tem sido utilizado com frequência. Esse procedimento estatístico lida naturalmente com o desbalanceamento nos dados e permite a inclusão de informações genealógicas na modelagem, conduzindo a estimativas e predições mais acuradas do valor genético das progênes ou híbridos avaliados (BERNARDO, 2010; RESENDE, 2007).

Do exposto, o presente trabalho objetiva estimar parâmetros genéticos das genitoras usadas na formação da população fundadora do programa de seleção recorrente de *P. maximum* com base na avaliação em teste clonal e por meio de teste de progênes de meios-irmãos pela abordagem de modelos mistos, abordando modelos com e sem informação de parentesco, além de comparar as abordagens estatísticas usadas para prever os parâmetros genéticos.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Local

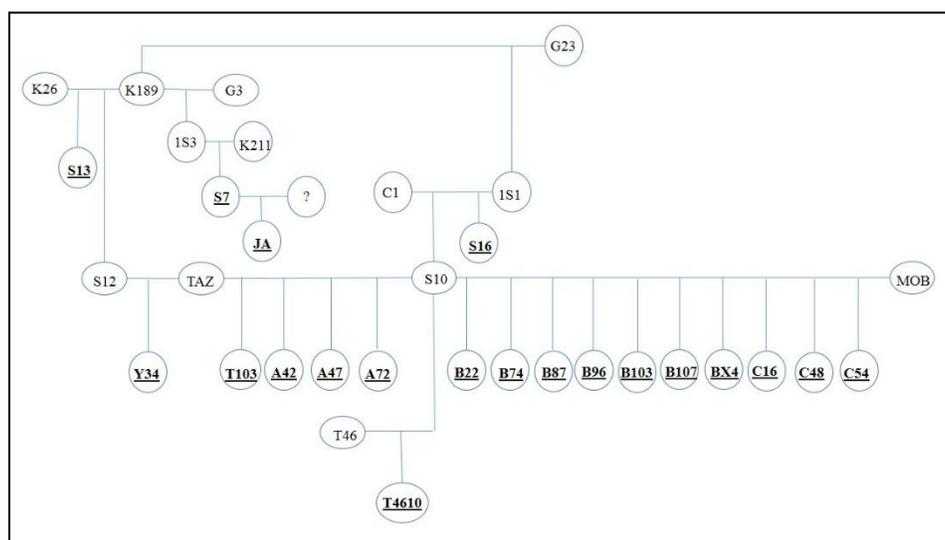
O experimento foi conduzido nos campos experimentais, no Laboratório de Processamento de Amostras de Forrageiras (LPAF) e no Laboratório de Nutrição Animal da Embrapa Gado de Corte. Essa unidade da Embrapa está localizada em Campo Grande, Mato Grosso do Sul (latitude 20°27' S, longitude 54°37' W e altitude de 530 m). O clima é classificado como do tipo tropical chuvoso, subtipo AW, segundo a classificação de Köppen, caracterizado pela ocorrência bem definida de um período seco, durante os meses mais frios do ano e um período chuvoso, durante os meses de verão. A temperatura média anual é de 23 °C. O tipo de solo da área experimental é o Latossolo Roxo Álico (EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA EM AGROPECUÁRIA - EMBRAPA, 1999).

2.2 Genitores sexuais de *P. maximum*

Na década de 1980, o programa de melhoramento genético de *P. maximum* da Embrapa Gado de Corte iniciou suas atividades com a avaliação e caracterização do Banco Ativo de Germoplasma (BAG), bem como cruzamentos específicos entre acessos apomíticos e plantas sexuais (JANK et al., 2008; VALLE; JANK; RESENDE, 2009). No decorrer dessas últimas três décadas, o programa de *P. maximum* da Embrapa Gado de Corte realizou avaliações de milhares de genótipos, sejam eles acessos ou híbridos (apomíticos ou sexuais), para características agronômicas e de valor nutritivo. Com as informações desses 30 anos de programa de melhoramento genético, em 2012, a Embrapa Gado de Corte inicia um programa de seleção recorrente (SR) intrapopulacional, na

expectativa de melhorar a média *per se* de uma população sexual, e tornar essa população a base para a realização de novos cruzamentos com genótipos apomíticos superiores. Para compor a população sexual fundadora de *P. maximum*, o programa selecionou as 20 melhores plantas sexuais obtidas no decorrer desses 30 anos de programa, que seguem assim codificadas: JA; S7; S13; S16; A42; B87; T103; T4610; A47; A72; B107; C48; C16; B22; Y34; C54; B74; B96; BX4; B103. A genealogia dessas plantas segue representada na figura 1.

Figura 1 - Pedigree dos genitores sexuais (em negrito e sublinhado) utilizados para compor a população-base do ciclo zero de seleção recorrente em *P. maximum*.



2.3 Teste clonal dos genitores sexuais

As 20 genitoras sexuais selecionadas para formação da população fundadora e as cultivares Mombaça e Tanzânia (Figura 1) foram avaliadas em experimento implantado no delineamento em blocos completos aleatorizados com duas repetições. Foram coletadas do campo as mudas uniformes quanto ao

tamanho e vigor, tanto das genitoras quanto das testemunhas, com posterior transplântio para parcelas experimentais. Cada parcela foi representada por quatro mudas, com espaçamento entre parcelas de 2,0 m e entre plantas de 1,0 m. Avaliou-se as duas plantas centrais de cada parcela.

2.4 Teste de progênies sexuais de *P. maximum*

As 20 genitoras selecionados foram inter cruzadas em blocos de policruzamento, gerando em dezembro de 2012, 20 progênies de meios-irmãos (PMI) com 30 híbridos cada, totalizando 600 híbridos sexuais.

As 20 PMI geradas do inter cruzamento das genitoras sexuais de *P. maximum* mais as cultivares Mombaça e Tanzânia foram avaliadas em teste de progênie de meios-irmãos, em experimento implantado no delineamento de blocos completos aleatorizados, com seis repetições. As parcelas foram implantadas por meio de mudas, sendo constituídas por cinco híbridos ou plantas sexuais, com espaçamento entre parcelas de 2,0 m e entre plantas de 1,0 m. As avaliações foram feitas em nível de indivíduo (planta) na parcela.

2.5 Características mensuradas

Após o estabelecimento das plantas, realizou-se um corte de uniformização em janeiro de 2013. Após uniformização, realizou-se quatro cortes consecutivos (20/02/2013, 25/03/2013, 21/10/2013 e 26/11/2013) a 25 cm do nível do solo. A cada corte, a forragem foi colhida e pesada no campo para a determinação da produção de massa verde (PMV) (g.planta^{-1} ou g.parcela^{-1}) e posteriormente amostrada. As amostras foram pesadas e seus componentes morfológicos, lâminas foliares, colmos + bainhas e forragem morta separados com posterior desidratação para determinação do peso seco e da sua participação

relativa na composição morfológica. Foram avaliadas as seguintes características agronômicas: produção de massa seca foliar (MSF – g.planta⁻¹), porcentagem de folhas (%F). A %F foi estimada por meio do quociente entre a massa seca de lâminas foliares e a soma da massa seca de lâminas e de colmos + bainhas provenientes da separação morfológica.

Após sete dias da realização do corte, foi determinada a capacidade de rebrota (REB) de cada planta, por meio de escala de notas baseada na densidade e na velocidade de rebrota (BASSO et al., 2009).

2.6 Análise estatística-genética

Os dados fenotípicos dos caracteres PMV, MSF, %F e REB foram mensurados em quatro cortes. Esses caracteres foram analisados segundo diferentes modelos estatísticos por meio da abordagem de modelos mistos de Henderson (MRODE; THOMPSON, 2005; RESENDE, 2002):

Modelo 1 – Análise dos genitores sexuais de *P. maximum* em teste clonal, sem considerar a matriz de parentesco genético aditivo.

$$y = X\beta + Z_1b + Z_2k + Z_3g + e$$

em que y é o vetor de dados fenotípicos; X é a matriz de incidência para os efeitos fixos e os Z_1 , Z_2 e Z_3 são as matrizes de incidência referente aos efeitos aleatórios; β é o vetor de efeitos fixos dos cortes, dos blocos e interação corte x blocos, estes somados a média geral; b é o vetor dos efeitos de ambiente permanente ou parcelas, em que $b \sim NMV(0, I\sigma_{bg}^2)$, sendo que I refere-se à matriz identidade e σ_{bg}^2 é o componente de variância associado aos efeitos do ambiente permanente; k é o vetor de efeitos aleatórios da interação corte x genitores, em que $k \sim NMV(0, I\sigma_{cg}^2)$ e σ_{cg}^2 é o componente de variância

associado aos efeitos da interação corte x genitores; e é o vetor de erros aleatórios, em que $e \sim NMV(0, R)$, sendo $R = I\sigma_e^2$, σ_e^2 é a variância residual; g é o vetor dos valores genotípicos dos genitores, $g \sim NMV(0, I\sigma_g^2)$ e σ_g^2 é o componente da variância genotípica.

Modelo 2 – Análise dos genitores sexuais de *P. maximum* em teste clonal, considerando a matriz de parentesco genético aditivo em nível tetraploide.

$$y = X\beta + Z_1b + Z_2k + Z_3g' + e$$

em que: g' é o vetor dos valores genéticos aditivos, $g \sim NMV(0, G)$, sendo $G = A\sigma_a^2$, em que σ_a^2 é o componente da variância genética aditiva dos genitores e A refere-se a matriz de relacionamento genético aditivo, em que a_{ij} corresponde a $2r_{ij}$. Os coeficientes de parentesco de Malecot (r_{ij}) foram calculados, conforme descrito por Kempthorne (1973), dado por: $F_X = \frac{1}{2k-1} kr_{A,B} + \frac{k-1}{2} F_A + F_B$. Para o caso de indivíduos tetraploides, tem-se que $k = 2$, resultando em: $r_{XX} = \frac{1}{2k} 1 + 2k - 1 F_X$ e $r_{XY} = r_{AB,Y} = \frac{1}{2} r_{AY} + r_{BY}$, em que X é filho de A e B e Y é um indivíduo qualquer com pais desconhecidos.

A matriz A foi construída a partir do *pedigree* da figura 1, referente aos 20 genitores sexuais de *P. maximum* e seus respectivos ancestrais, no ambiente R, usando o pacote desenvolvido por Peternelli et al. (2009). Os demais termos do modelo já foram definidos no modelo 1.

Modelo 3 – Análise do teste de progênes de meios-irmãos – análise dos 600 híbridos para predizer os 20 genitores sexuais de *P. maximum* considerando a matriz de relacionamento genético aditivo para espécies tetraploides, como descrito no modelo 2.

$$y' = X\beta + Z_1b + Z_2k + Z_3g'' + e$$

em que y' é o vetor de dados fenotípicos referentes aos híbridos; g'' é o vetor dos valores genéticos dos genitores, $g'' \sim NMV(0, G'')$, sendo $G'' = A\sigma_g^2$, em que σ_g^2 é o componente da variância genético e o componente da variância genético aditivo dos genitores (σ_a^2) é igual ao componente genético multiplicado por quatro ($\sigma_a^2 = 4\sigma_g^2$) e A refere-se a matriz de relacionamento genético aditivo.

Os componentes de variância foram estimados utilizando-se o método da máxima verossimilhança residual (REML) e a significância verificada pelo teste da razão de verossimilhança (LRT). A acurácia preditiva foi obtida pela seguinte equação: $r_{gg} = \sqrt{1 - \frac{PEV}{\sigma_a^2}}$ e PEV refere-se à variância do erro de predição (MRODE; THOMPSON, 2005). A herdabilidade na média de genitores foi estimada por: $h_g^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_{bg}^2 + \sigma_{cg}^2 + \sigma_e^2}$, os termos já foram definidos.

O ranqueamento dos genitores foi realizado pelo índice aditivo modificado proposto por Resende (2007): $I_j = \sum_{i=1}^n a_{ij} * w_i * \frac{1}{\sigma_{a_i}}$, em que: I_j : índice associado ao genitor j ; a_{ij} : valor genético aditivo predito (E-BLUPs) do genitor j para o caráter i ; w_i : peso econômico associado ao caráter i : $i = 0,35$ para MSF e %F, $i = 0,15$ para PMV e REB; σ_{a_i} : estimativa do desvio padrão aditivo para o caráter i . Todas as análises foram realizadas utilizando-se o *software* ASReml 3.0 (GILMOUR et al., 2009).

No intuito de avaliar a correspondência entre os 10 melhores genitores selecionados pelos diferentes modelos adotados, estimou-se o índice de coincidência, utilizando a expressão apresentada por Hamblin e Zimmermann (1986): $IC = \frac{A-C}{M-C} \times 100$; em que, C : é o número de indivíduos selecionados nas duas estratégias de seleção devido ao acaso. Assume-se que, do número de indivíduos selecionados, uma proporção igual a 5% coincida por acaso; A : é o número de indivíduos selecionados comum às duas estratégias de seleção e M : é

o número de indivíduos selecionados em uma das estratégias. O ganho estimado com a seleção dos 10 melhores genitores foi estimado pela média dos desvios BLUPs com posterior transformação para porcentagem.

Os diferentes modelos abordados para prever o valor genético ou genotípico dos genitores foram comparados por meio da acurácia preditiva e IC para as características avaliadas.

Resultados

O modelo 3 (Tabela 1), referente à avaliação das progênies de meios-irmãos usadas para prever seus genitores, considerando informações de relacionamento genético na ploidia da espécie (tetraploide), foi o que proporcionou melhores estimativas de acurácia preditiva, variando de 0,946 (%F) a 0,96 (PMV) entre os caracteres avaliados. No geral, o modelo 3 proporcionou os menores erros das estimativas obtidas, seguindo os modelos 2 e 1. A variação das estimativas de acurácia preditiva ficaram de 0,33 (modelo 1 para %F) a 0,96 (modelo 3 para PMV) entre os caracteres avaliados.

Os caracteres PMV, MSF e REB apresentaram variação genética significativa ($P < 0,05$) entre os genitores nos quatro modelos analisados, exceção para REB no modelo 3 (Tabela 1). A característica %F não apresentou variação significativa ($P < 0,05$) em nenhum modelo abordado.

A interação dos genitores nos diferentes cortes (σ_{cg}^2) ficou evidenciada nas características analisadas via modelos 1, 2 e 3 (Tabela 1), exceção se deu para PMV e MSF no modelo 3. As estimativas de herdabilidade (h_g^2) foram obtidas na média dos genitores nos três modelos abordados (Tabela 1), sendo o modelo 2 o que proporcionou as maiores estimativas: 54,2% (PMV), 43,8% (MSF), 11,5% (%F) e 44,1% (REB). No modelo 1 as estimativas de h_g^2 variaram de 2,8% (%F) a 43,6% (PMV) e no modelo 3 de 8,9% (REB) a 35,8% (PMV).

Os valores genéticos aditivos estimados (E-BLUPs) foram obtidos para cada genitor, e por meio de um índice aditivo ponderado, selecionou os 10 melhores genitores por modelo (Tabelas 2, 3 e 4). O índice de coincidência (*IC*) na seleção dos melhores genitores entre os modelos adotados também foram estimados. Os modelos 1 e 2 selecionaram as mesmas famílias (*IC*=100%), já o modelo 3 teve 68,4% de coincidência com os modelos 1 e 2. Os ganhos genéticos estimados com a seleção dos dez melhores genitores por característica foram de 11,79% para PMV, 14,01% para MSF, 0,17% para %F e 8,48% para REB no modelo 1 (Tabela 2). O modelo 3 proporcionou os menores ganhos com a seleção quando comparado com os modelos 1 e 2 (Tabela 2, 3 e 4).

Tabela 1 - Estimativas da variância genotípica (Modelo 1) e genética aditiva (Modelo 2 e 3) na média de genótipos (σ_g^2), variância de parcela (σ_{bg}^2), variância da interação corte x genótipos (σ_{cg}^2), variância dos erros aleatórios (σ_e^2), herdabilidade na média dos genitores (h_g^2 , entre parêntese – erro padrão), acurácia preditiva (r_{gg}) e repetibilidade de parcela (ρ) para caracteres agrônômicos em genitores sexuais de *Panicum maximum* sob quatro cortes.

	%F			REB		
	PMV			MSF		
	Mod-1	Mod-2	Mod-3	Mod-1	Mod-2	Mod-3
σ_g^2	156761*	617827*	315478*	4063*	14911.8*	6286.88*
σ_{bg}^2	65046.1*	228138*	273338*	1784.94*	6054.35*	4876.6*
σ_{cg}^2	86945.4*	241737*	6450.69 ^{ns}	3701.67*	11291.1*	159.655 ^{ns}
σ_e^2	51058.9	52086.1	521643	1730.86	1775.47	15679.2
h_g^2	0.436±0.12	0.542±0.122	0.358±0.192	0.36±0.121	0.438±0.129	0.282±0.158
r_{gg}	0.829	0.866	0.96	0.797	0.853	0.96
ρ	0.858	0.954	0.533	0.847	0.948	0.419
	Mod-1	Mod-2	Mod-3	Mod-1	Mod-2	Mod-3
σ_g^2	1.826 ^{ns}	16.315 ^{ns}	15.524 ^{ns}	0.173*	0.6*	0.077 ^{ns}
σ_{bg}^2	6.522*	24.433*	8.387*	0.004 ^{ns}	0 ^{ns}	0.08*
σ_{cg}^2	28.533*	76.11*	34.825*	0.154*	0.421*	0.103*
σ_e^2	27.442	25.185	80.692	0.337	0.34	0.66
h_g^2	0.028±0.087	0.115±0.163	0.122±0.173	0.259±0.099	0.441±0.13	0.089±0.121
r_{gg}	0.333	0.762	0.946	0.804	0.862	0.947
ρ	0.573	0.823	0.421	0.496	0.75	0.282

PMV, produção de massa verde (g.planta⁻¹); MSF, produção de massa seca foliar (g.planta⁻¹); %F, porcentagem de folha (%) e REB, capacidade de rebrota após o sétimo dia do corte (escala de 1 a 5). * Significativo pelo teste de razão de verossimilhança (LRT), com distribuição de $X_{(0,05;1)}^2 = 3,84$.

Tabela 2 - Estimativa das médias E-BLUPs dos genitores sexuais de *Panicum maximum* selecionados pelo modelo 1 (sem informação genealógica) em função de um índice aditivo ponderado, média dos genitores sexuais selecionados (X_{Selec}), ganho com a seleção (GS), média geral (X_{Geral}), média das testemunhas Mombaça (X_{MOB}) e Tanzânia (X_{TAZ}) para caracteres agrônômicos sob quatro cortes.

Ordem	Genitores	PMV	MSF	%F	REB
1°	B87	1822,2	343,60	82,43	3,34
2°	A42	1885,3	325,21	81,68	3,68
3°	S16	1682,5	280,53	82,06	3,76
4°	C16	1452,7	269,39	82,51	3,68
5°	BX4	1596,9	289,41	82,20	3,26
6°	B107	2128,7	318,84	81,12	3,01
7°	T103	1664,5	274,01	81,68	3,51
8°	C48	1587,9	274,60	81,77	3,09
9°	C54	1389,6	250,44	81,86	3,17
10°	T4610	1335,5	226,53	82,09	3,01
	X_{Selec}	1654,579±221,18	285,25±38,46	81,94±1,27	3,35±0,24
	GS(%)	11,79	14,01	0,17	8,48
	X_{Geral}	1479,99±221,18	250,19±38,46	81,80±1,27	3,09±0,24
	X_{MOB}	1939,4	294,91	81,28	3,00
	X_{TAZ}	1980,0	310,57	81,35	3,17

PMV, peso de massa verde (g.planta⁻¹); MSF, produção de massa seca foliar (g.planta⁻¹); %F, porcentagem de lâminas foliares (%); REB, capacidade de rebrota.

Tabela 3 - Estimativa das médias E-BLUPs dos genitores sexuais de *Panicum maximum* selecionados pelo modelo 2 (com informação genealógica - tetraploide) em função de um índice aditivo ponderado, média dos genitores sexuais selecionados (X_{Selec}), ganho com a seleção (GS), média geral (X_{Geral}), média das testemunhas Mombaça (X_{MOB}) e Tanzânia (X_{TAZ}) para caracteres agrônômicos sob quatro cortes.

Ordem	Genitores	PMV	MSF	%F	REB
1°	B87	1909,90	363,94	82,79	3,45
2°	A42	1976,50	345,22	81,35	3,81
3°	C16	1522,90	287,24	82,91	3,79
4°	S16	1760,80	298,32	81,44	3,92
5°	BX4	1673,93	307,93	82,04	3,36
6°	B107	2230,70	338,35	79,88	3,10
7°	T103	1745,20	292,29	80,91	3,64
8°	C48	1664,50	292,62	81,26	3,19
9°	C54	1456,90	267,65	81,70	3,28
10°	T4610	1394,10	241,86	81,90	3,10
	X_{Selec}	1733,54 ± 390,58	303,54 ± 63,44	81,62 ± 2,64	3,46 ± 0,39
	GS(%)	5,64	13,3	2,01	9,89
	X_{Geral}	1512,01 ± 390,58	259,27 ± 63,44	80,9 ± 2,64	3,17 ± 0,39
	X_{MOB}	2036,5	314,8	79,41	3,07
	X_{TAZ}	2070,5	328,29	79,49	3,29

PMV, peso de massa verde (g.planta⁻¹); MSF, produção de massa seca foliar (g.planta⁻¹); %F, porcentagem de lâminas foliares (%); REB, capacidade de rebrota.

Tabela 4 - Estimativa das médias E-BLUPs dos genitores sexuais de *Panicum maximum*, preditas pelas progênes de meios-irmãos, modelo 3 (com informação genealógica – tetraploide) em função de um índice aditivo ponderado, média dos genitores sexuais selecionados (X_{Selec}), ganho com a seleção (GS), média geral (X_{Geral}), média das testemunhas Mombaça (X_{MOB}) e Tanzânia (X_{TAZ}) para caracteres agrônômicos sob quatro cortes.

Ordem	Genitores	PMV	MSF	%F	REB
1°	B87	2325.00	372.78	79.38	2.29
2°	C16	2063.33	340.97	80.19	2.30
3°	A72	2115.42	330.18	79.14	2.31
4°	T103	2128.50	333.97	79.40	2.28
5°	S13	2197.67	342.84	79.11	2.27
6°	A42	2216.20	351.88	78.91	2.25
7°	S16	2089.73	326.81	79.32	2.27
8°	Y34	2057.99	326.04	79.47	2.27
9°	C54	2088.30	335.20	79.16	2.25
10°	T4610	2049.06	323.68	79.33	2.23
	X_{Selec}	2133.11± 157.5	338.43±22.29	79.33±1.27	2.27±0.08
	GS(%)	0.90	2.83	0.55	1.25
	X_{Geral}	2088.84±157.5	329.03±22.29	79.25±1.27	2.24±0.08
	X_{MOB}	2207.62	335.90	78.23	2.22
	X_{TAZ}	2299.4	350.18	77.99	2.26

PMV, peso de massa verde (g.planta⁻¹); MSF, produção de massa seca foliar (g.planta⁻¹); %F, porcentagem de lâminas foliares (%); REB, capacidade de rebrota.

Discussão

Em estudos básicos, Resende et al. (2004) avaliaram acessos e progênies de irmãos germanos em *P. maximum*, constataram a presença de heterose para a espécie e recomendaram como estratégia de melhoramento a SR recíproca, em que a população sexual deveria ser melhorada em função de uma população apomítica. Entretanto, a obtenção de genótipos apomíticos superiores não é uma tarefa das mais árduas, uma vez que ao identificarmos um genótipo superior o mesmo já está fixado, em razão do gene da apomixia não permitir que o embrião derive de uma fecundação e sim de uma aposporia seguida de uma partenogênese.

Outra estratégia, também viável, seria a SR intrapopulacional em populações sexuais, porque ao melhorarmos a média *per se* de uma população, estamos aumentando as chances de identificar genótipos superiores para serem usados em cruzamentos com plantas apomíticas. Assim, estaremos cruzando bom com bom, conforme apregoado por Bernardo (2010).

O presente trabalho teve como objetivo avaliar o valor genético da população fundadora usada para iniciar o programa de SR em plantas sexuais de *P. maximum* sob diferentes modelos estatísticos. A precisão experimental foi aferida pela acurácia preditiva, ficando acima de 70% nos três modelos adotados, o que reflete alta precisão experimental para todos os caracteres avaliados, exceto para o caráter %F no modelo 1 (RESENDE; DUARTE, 2007).

A acurácia preditiva é tanto maior quanto menor forem os desvios absolutos entre os valores genéticos paramétricos e os valores genéticos preditos, ou seja, quanto menor a variância do erro de predição mais acurado é o estimador (RESENDE; DUARTE, 2007). Nesse caso, as acurácias permitem-nos confrontar os modelos usados na estimação dos valores genéticos, sendo o modelo 3, que usa os híbridos para prever o valor genético dos genitores (teste

de progênie de meios-irmãos - PMI) o que apresentou maior confiabilidade, seguido dos modelos 2 e 3, ou seja, o modelo que não apresentou a informação de relacionamento genético teve a menor precisão. Segundo Falconer e Mackay (1996) o valor genético de um indivíduo é, por definição, o valor do indivíduo julgado pelo valor médio de sua progênie. No caso específico de PMI, o valor genético do indivíduo será duas vezes o desvio entre a média do genitor e a média da população. O desvio tem que ser dobrado, porque o genitor fornece a metade dos alelos da PMI, e a outra metade vem ao acaso da população (FALCONER; MACKAY, 1996). No presente trabalho, o teste de progênie forneceu os resultados mais acurados em relação ao valor de melhoramento dos genitores “*breeding value*”.

As estimativas de herdabilidade na média dos genitores foi de média magnitude para os caracteres PMV e MSF e de baixa magnitude para os caracteres %F e REB, exceção para REB no modelo 2. Na literatura encontramos estimativas de herdabilidade no sentido amplo, variando entre 0,3 a 0,76 para o caráter MSF e de 0,44 a 0,68 para PMV, na avaliação de acesso ou progênie de *P. maximum*, sendo estas, consideradas de média à alta magnitude (BRAZ et al., 2013; JANK et al., 2008; MARTUSCELLO et al., 2007; RESENDE et al., 2004). A população-base avaliada, apresentou variabilidade genética ($P < 0,05$) nos três modelos adotados para PMV, MSF e REB.

No geral, o modelo 2 explorou a maior variância genética aditiva, assim como os parâmetros genéticos, embora tenha apresentado menor precisão experimental em relação ao modelo 3. No caso dos resultados dos modelos 1 sem informação de *pedigree* e do 2 com informação, seguem em concordância com Resende (2002) em que a incorporação da matriz de parentesco genético aditivo é essencial na avaliação genética pelo procedimento BLUP, permitindo a obtenção de resultados mais acurados por apresentar a informação de parentes e apresenta o não vício, porque leva em consideração a correlação entre os valores

genéticos, na estimação dos efeitos fixos, ou seja, o modelo sem informação (modelo 1 no presente trabalho) via de regra é menos acurado que o modelo com informação de *pedigree*.

As estimativas de variância da interação cortes com genitores foram significativas na maioria dos casos avaliados, exceção para PMV e MSF no modelo 3. Uma interação significativa dos genótipos com os cortes é indicativo que ocorreu mudança no ranqueamento dos genitores no decorrer dos cortes avaliados, ou seja, para minimizar essa interação faz-se necessário avaliar os caracteres em maior número de cortes. A presença de interação corte com genótipos é comumente relatada em forrageiras tropicais (ASSIS et al., 2014; FIGUEIREDO; NUNES; VALLE, 2012; SOUZA SOBRINHO et al., 2010).

Em programas de SR uma das primeiras questões a surgir é quais genitores selecionar para formação da população-base. A resposta para essa pergunta não é das mais fáceis, porque ao errarmos na formação da população-base, o progresso genético pode vir a ser comprometido. Nesse caso, o presente trabalho teve como um dos objetivos, estimar o valor genético dos genitores usados para compor a população fundadora, que será usada para formar a população-base do programa de SR em plantas sexuais de *P. maximum* da Embrapa Gado de Corte. Na estimação dos valores genéticos, abordou-se dois modelos (modelos 1 e 2) que estimam o valor genético em teste *per se* e o modelo 3 que usa a descendência para predizer o valor genético do genitor. De acordo com modelo apropriado, obteve-se os valores genotípicos ou genéticos aditivos para cada um dos 20 genitores sexuais e selecionou 50% dos genitores para estimar o ganho com a seleção e o índice de coincidência (*IC*) entre os modelos na seleção dos genitores.

Em relação à seleção dos melhores genitores, os modelos 1 e 2 foram coincidentes, já o modelo 3 apresentou *IC* igual a 68,4% com os modelos 1 e 2, ou seja, o uso da informação de *pedigree* para seleção dos melhores genitores

não influenciou na seleção dos modelos 1 e 2, embora tenha influenciado na estimação dos parâmetros genéticos. Outro aspecto é em relação ao uso da descendência para estimar os melhores genitores, apresentando boa correspondência com a avaliação *per se*, ou seja, a avaliação da descendência é uma boa medida para selecionar genitores (FALCONER; MACKAY, 1996).

Esse alto índice de coincidência do teste de progênie com o desempenho *per se* em genitores sexuais de *P. maximum*, traz uma importante informação para o programa de melhoramento da Embrapa Gado de Corte na formação de futuras populações-base. O que permite inferir que para obtenção de futuras populações, uma primeira etapa seria avaliar por um ano potenciais candidatos em experimento com repetição, a fim de verificar quais são os melhores genitores, selecioná-los e só após essa etapa, inter cruzá-los para geração da população segregante.

Em relação aos ganhos genéticos estimados com a seleção dos melhores genitores, o modelos 1 e 2 foram os que proporcionaram os maiores ganhos. Os ganhos obtidos com a seleção dos 10 melhores genitores estão em concordância com a literatura específica para espécie (JANK et al., 2008; MARTUSCELLO et al., 2009; RESENDE et al., 2004).

5 CONCLUSÕES

A informação de parentesco via *pedigree* considerando a ploidia da espécie (tetraploide) proporcionou as melhores estimativas em relação aos parâmetros genéticos.

Os três modelos apresentaram alto índice de coincidência na seleção dos melhores genitores.

Agradecimentos

Os autores agradecem à Associação para o Fomento à Pesquisa de Melhoramento de Forrageiras Tropicais – UNIPASTO e à Fundação de Apoio ao Desenvolvimento do Ensino, Ciência e Tecnologia do Estado de Mato Grosso do Sul – FUNDECT, pelo auxílio financeiro na condução do projeto e ao Centro Nacional de Pesquisa em Gado de Corte – CNPGC/Embrapa, pela oportunidade de realizar este trabalho. Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico – CNPq e Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão da bolsa de estudos de doutorado e a Universidade Federal de Lavras (UFLA) por possibilitar a realização deste trabalho.

REFERÊNCIAS

- ASSIS, G. M. L. et al. Genetic divergence among *Brachiaria humidicola* (Rendle) Schweick hybrids evaluated in the Western Brazilian Amazon. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, MG, v. 14, n. 1, p. 224–231, 2014.
- BASSO, K. C. et al. Avaliação de acessos de *Brachiaria brizantha* Stapf e estimativas de parâmetros genéticos para caracteres agronômicos. **Acta Scientiarum. Agronomy**, Maringá, v. 31, n. 1, p. 17-22, jan./mar. 2009.
- BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. Woodbury: Stemma, 2010. 400 p.
- BRAZ, T. G. S. et al. Genetic parameters of agronomic characters in *Panicum maximum* hybrids. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 42, n. 4, p. 231–237, 2013.
- EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. **Sistema brasileiro de classificação de solos**. Brasília, 1999. 412 p.
- FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. London: Longman Malaysia, 1996. 463 p.
- FIGUEIREDO, U. J.; NUNES, J. A. R.; VALLE, C. B. Estimation of genetic parameters and selection of *Brachiaria humidicola* progenies using a selection index. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, MG, v. 12, n. 4, p. 237–244, 2012.
- GILMOUR, A. et al. **ASReml user guide, release 3.0**. Hemel Hempstead: VSN International, 2009. 320 p.
- JANK, L. et al. Melhoramento Genético de *Panicum maximum* Jacq. In: RESENDE, R. M. S.; VALLE, C. B.; JANK, L. (Ed.). **Melhoramento de forrageiras tropicais**. Campo Grande: Embrapa Gado de Corte, 2008. p. 55-87.
- JANK, L. et al. The value of improved pastures to Brazilian beef production. **Crop and Pasture Science**, Victoria, v. 65, p. 1132-1137, 2014.
- KEMPTHORNE, O. **An introduction to genetic statistics**. Ames: Iowa State University, 1973. 545 p.

MARTUSCELLO, J. A. et al. Among and within family selection and combined half-sib family selection in *Panicum maximum* Jacq. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 38, n. 10, p. 1870-1877, 2009.

MARTUSCELLO, J. A. et al. Repetibilidade de caracteres agronômicos em *Panicum maximum* Jacq. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 36, n. 6, p. 1975-1981, nov./dez. 2007.

MRODE, R. A.; THOMPSON, R. **Linear models for the prediction of animal breeding values**. Wallingford: CABI, 2005. 344 p.

PETERNELLI, L. A. et al. Análise dos coeficientes de endogamia e de parentesco para qualquer nível de ploidia usando o pacote estatístico R. **Bragantia**, Campinas, v. 68, n. 4, p. 849-855, 2009.

RAMALHO, M. A. P. et al. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: UFLA, 2012. 522 p.

RESENDE, M. D. V.; 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. et al. Biometrical analysis and selection of tetraploid progenies of *Panicum maximum* Jacq. using mixed model methodology. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 39, n. 4, p. 335-341, 2004.

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

RESENDE, M. D. V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 362 p.

SAVIDAN, Y. H. et al. Breeding *Panicum maximum* in Brazil: genetic resources, modes of reproduction and breeding procedures. **Euphytica**, Wageningen, v. 41, p. 107-112, 1989.

SOUZA SOBRINHO, F. et al. Repetibilidade de características agronômicas e número de cortes necessários para seleção de *Urochloa ruziziensis*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 45, n. 1, p. 579-584, 2010.

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

ARTIGO 2

Seleção de híbridos de *Panicum maximum* pelas abordagens de modelos mistos

Artigo redigido conforme normas NBR6022 da ABNT

Seleção de híbridos de *Panicum maximum* pelas abordagens de modelos mistos

Hugo Junqueira Ematne^{1, *}, José Airton Rodrigues Nunes¹, Liana Jank², Mateus Santos Figueiredo Santos²

^{1, *} Departamento de Biologia, Cx. Postal 3037, Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG. E-mail: so_hugo85@yahoo.com.br, jarnunes@dbi.ufla.br

² Embrapa Gado de Corte, Campo Grande, MS. E-mail: liana.jank@embrapa.br, mateus.santos@embrapa.br

RESUMO

O melhoramento de populações via Seleção Recorrente (SR) tem sido uma estratégia muito utilizada no melhoramento de plantas para moldar populações-base ao longo do tempo. A Embrapa Gado de Corte, com o objetivo de melhorar uma população sexual de *Panicum maximum*, inicia em 2012, um programa de SR intrapopulacional. O objetivo deste trabalho foi selecionar híbridos sexuais de *P. maximum*, obter estimativa de parâmetros genéticos e ganhos genéticos com a seleção quanto aos principais caracteres-alvo do melhoramento, considerando na avaliação informações de parentesco genético-aditivo e abordando modelos que contemplem na avaliação o teste clonal das genitoras e dos híbridos gerados a partir do bloco de policruzamento. Para isso, 600 híbridos de *P. maximum* foram avaliados em delineamento de blocos completos com seis repetições, tendo como testemunhas as cultivares Mombaça e Tanzânia (EXP.01). Paralelamente a esse experimento, também avaliou-se as 20 genitoras, em delineamento de blocos completos com duas repetições, utilizando-se as mesmas testemunhas (EXP.02). Os caracteres agronômicos foram avaliados sob quatro cortes e de valor nutritivo sob dois cortes. As análises estatísticas-genéticas foram realizadas pela abordagem de modelos mistos, usando a avaliação dos 600 híbridos (Modelo 1) e acrescentando no modelo as informações das genitoras (Modelo 2). As acurácias preditivas indicaram boa confiabilidade experimental nos dois modelos para os caracteres agronômicos e de valor nutritivo. A população avaliada, independente do modelo abordado, apresentou variabilidade genética a ser explorada entre as características, exceto para teor de lignina nas folhas. A seleção dos 30 melhores híbridos proporcionou elevadas estimativas de ganhos genéticos para os caracteres PMV (60,89 e 52,73% para os modelos 1 e 2 respectivamente), MSF (59,94 e 51,19% para os modelos 1 e 2 respectivamente) e REB (10,7 e 11,10% para os modelos 1 e 2 respectivamente), com o modelo 2 proporcionando melhores estimativas dos parâmetros genéticos.

Palavras-chave: *Panicum maximum*. Seleção recorrente. Melhoramento genético.

1 INTRODUÇÃO

O Brasil é o maior exportador e o segundo maior produtor de carne bovina desde 2004, possuindo um reduzido custo de produção por área, devido os animais terem como base alimentar as gramíneas forrageiras utilizadas em sistema de pastejo extensivo (INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA - IBGE, 2013). A estimativa da área nacional em pastagens é de 190 milhões de hectares, sendo dividida em 116 milhões de hectares de pastagens cultivadas e 74 milhões de hectares em pastagens nativas (ANUÁRIO DA PECUARIA BRASILEIRA - ANUALPEC, 2008). Entretanto, essas extensas áreas cultivadas são plantadas com poucas cultivares, que se reproduzem por apomixia (clonagem via semente), apresentando baixa variabilidade e, por conseguinte, extremamente vulneráveis geneticamente (VALLE; JANK; RESENDE, 2009).

As espécies mais utilizadas são *Panicum maximum* e *Brachiaria* ssp., que somadas representam 90% do volume de sementes comercializadas no Brasil (SOUZA SOBRINHO et al., 2009; VALLE; JANK; RESENDE, 2009). A espécie *P. maximum* ganha destaque no Brasil porque tem sido responsável por grande parte da engorda de bovinos e na produção de leite a pasto. Também é utilizada em vários países latino-americanos, sobretudo em sistemas mais intensivos, ademais apresenta alta produtividade por área, adaptação a diferentes tipos de solo e biomas, reprodução tanto por muda como por semente, boa resistência ao pisoteio, aliada à alta qualidade de forragem com excelente aceitabilidade e digestibilidade (JANK et al., 2008, 2014).

O marco do melhoramento de *P. maximum* no Brasil foi ao início da década de 1980 com a introdução da coleção representativa da variabilidade natural da espécie, coletada pela Instituição francesa ORSTOM (*Institut Français de Recherche Scientifique pour le Développement en Coopération*)

atualmente IRD e doada à EMBRAPA - Centro Nacional de Pesquisa em Gado de Corte (CNPGC) (VALLE; JANK; RESENDE, 2009). A caracterização da coleção demonstrou grande variabilidade genética, permitindo o lançamento das cultivares Tanzânia, Mombaça, Massai e BRS Zuri (EMBRAPA, 2014; VALLE; JANK; RESENDE, 2009). A intensificação do programa de melhoramento tem permitido, além da avaliação dos acessos da coleção, a obtenção de populações segregantes a partir de cruzamentos dirigidos entre parentais sexuais e acessos apomíticos pré-selecionados (JANK et al., 2008).

Com objetivo de acelerar o programa de melhoramento de *P. maximum* da Embrapa Gado de Corte, em 2012 inicia um programa de Seleção Recorrente (SR) intrapopulacional em uma população sexual de *P. maximum*. O objetivo do programa é melhorar a população sexual e aumentar as chances de selecionar plantas sexuais com alto valor genético para os caracteres-alvo de melhoramento, a fim de serem usadas em futuros cruzamentos com híbridos apomíticos superiores. A primeira etapa do programa foi a escolha da população fundadora, com posterior intercruzamento e geração da população segregante (base), sendo as etapas seguintes a avaliação, seleção e recombinação da população para obtenção do primeiro ciclo de SR, vislumbrando a cada ciclo a obtenção de genótipos superiores e identificação de plantas superiores para serem usadas em cruzamentos biparentais.

Outras espécies de forrageiras tropicais como *B. ruziziensis*, *B. decumbens* e *B. humidicola* apresentam relatos de sucesso com a SR (BARRIOS et al., 2013; FIGUEIREDO; NUNES; VALLE, 2012; MATEUS et al., 2013; 2015; SOUZA SOBRINHO et al., 2009). Um dos primeiros programas de SR em forrageiras tropicais iniciou-se no CIAT (Centro Internacional de Agricultura Tropical - Colômbia), com objetivo de selecionar genótipos para resistência a cigarrinhas típicas das pastagens na Colômbia. Nesse estudo, Miles, Cardona e Sotelo (2006) reduziram em 87% o nível de sobrevivência de ninfas da espécie

Aeneolamia varia em cinco ciclos de seleção, em uma população sexual interespecífica de *B. brizantha*, *B. decumbense* e *B. ruziziensis*.

Em relação aos procedimentos para avaliação genotípica, estimação de parâmetros genéticos e seleção de genitores, o BLUP - *Best Linear Unbiased Predictor* (melhor preditor linear não tendencioso) via REML (máxima verossimilhança restrita) tem sido utilizado com frequência. Esse procedimento estatístico lida naturalmente com o desbalanceamento nos dados e permite a inclusão de informações genealógicas na modelagem, conduzindo a estimativas e predições mais acuradas do valor genético das progênies ou híbridos avaliados (BERNARDO, 2010; RESENDE, 2007).

Nesse contexto, o presente trabalho tem por objetivos, avaliar e selecionar híbridos sexuais de *P. maximum* a partir do intercruzamento da população fundadora do programa de SR intrapopulacional em população sexual de *P. maximum*, considerando ou não informações de avaliação das genitoras em teste clonal e obter estimativas dos ganhos com a seleção quanto aos principais caracteres-alvo de melhoramento.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Local

O experimento foi conduzido nos campos experimentais, no Laboratório de Processamento de Amostras de Forrageiras (LPAF) e no Laboratório de Nutrição Animal da Embrapa Gado de Corte. Essa unidade da Embrapa está localizada em Campo Grande, Mato Grosso do Sul (latitude 20°27' S, longitude 54°37' W e altitude de 530 m). O clima é classificado como do tipo tropical chuvoso, subtipo AW, segundo a classificação de Köppen, caracterizado pela ocorrência bem definida de um período seco, durante os meses mais frios do ano e um período chuvoso, durante os meses de verão. A temperatura média anual é de 23 °C. O tipo de solo da área experimental é o Latossolo Roxo Álico (EMBRAPA, 1999).

2.2 Genitores sexuais e cruzamentos

Para compor a população sexual fundadora de *P. maximum*, o programa selecionou as 20 melhores plantas sexuais obtidas no decorrer de 30 anos de programa, que seguem assim codificadas: JA; S7; S13; S16; A42; B87; T103; T4610; A47; A72; B107; C48; C16; B22; Y34; C54; B74; B96; BX4; B103. A genealogia dessas plantas está representada na figura 1.

Esses genitores foram inter cruzados no campo experimental, adotando-se um esquema de bloco de policruzamento. O bloco de cruzamento foi instalado em fevereiro de 2012, sendo os genitores plantados por muda e espaçadas em 100 cm. Cada bloco foi representado por uma planta de um genitor e circundado por oito genitores distintos, perfazendo um total de quatro a cinco repetições por genitor, variável em função da posição no bloco de cruzamento. Ao redor do campo de policruzamento foi plantado capim-elefante

(*Pennisetum purpurem Schumacher*) a fim de fazer barreira natural e evitar possíveis contaminações com pólen de outras plantas de *P. maximum*.

Os cruzamentos ocorreram naturalmente pelo vento. Por ocasião do ponto de maturidade fisiológica, as sementes foram colhidas em plantas individuais e agrupadas dentro de suas respectivas progênes de meios-irmãos e armazenadas.

2.3 Descrição e condução do experimento

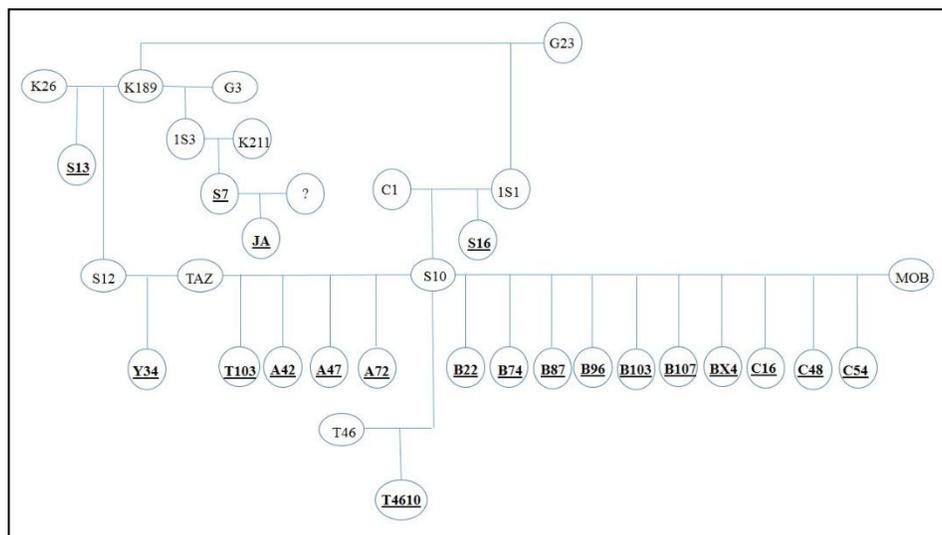
As sementes híbridas geradas no bloco de policruzamento foram germinadas em bandejas de isopor e transplantadas para sacos plásticos em outubro de 2012. Em dezembro de 2012, 30 plantas (híbridos) de cada uma das 20 genitoras compuseram as 20 PMI, que foram transplantadas em experimento por meio de mudas. O delineamento adotado foi o de blocos completos com seis repetições mais as cultivares Mombaça e Tanzânia como testemunhas. A parcela útil foi constituída de cinco plantas. O espaçamento entre parcelas foi de 2,0 m e entre plantas de 1,0 m e as avaliações realizadas em nível de planta. Esse experimento foi denominado de EXP.01.

Paralelamente a esse experimento, foram avaliadas as 20 genitoras sexuais em teste clonal, em experimento, implantado em blocos completos com duas repetições. As parcelas foram plantadas por meio de mudas coletadas do campo de policruzamento, cada parcela foi composta de quatro mudas, respeitando espaçamento entre parcelas de 2,0 m e entre plantas de 1,0 m. Apenas as duas plantas centrais foram avaliadas, sendo mensuradas em nível de parcela. Esse experimento foi denominado de EXP.02.

Após o estabelecimento das plantas foi realizado um corte de uniformização em janeiro de 2013. Após isso foram realizados quatro cortes consecutivos (20/02/2013, 25/03/2013, 21/10/2013 (corte da seca) e 26/11/2013)

a 25 cm do nível do solo. A cada corte, a forragem colhida por planta no EXP.01 e em nível de parcela no EXP.02, foi pesada para a determinação da produção de matéria verde (PMV – g) e posteriormente amostrada no laboratório de processamento de amostras forrageiras. Nas amostras, realizou-se a separação dos componentes morfológicos, lâminas foliares, colmos + bainhas e forragem morta, que depois foram desidratados para determinação do peso seco e da sua participação relativa na composição morfológica das amostras. Foram mensuradas as seguintes características agronômicas: produção de massa seca foliar (MSF – g), porcentagem de folhas (%F). A %F foi estimada por meio do quociente entre a massa seca de lâminas foliares e a soma da massa seca de lâminas e de colmos + bainhas provenientes da separação morfológica. Após sete dias da realização do corte foi determinada a capacidade de rebrota (REB) de cada planta, por meio de escala de notas baseada na densidade e na velocidade de rebrota (BASSO et al., 2009).

Figura 1 - Pedigree dos genitores (em negrito) utilizados para compor a população-base do ciclo zero de seleção recorrente em *P. maximum*.



Nos cortes 1 (20/02/2013) e 3 (21/10/2013), após separação morfológica e desidratação, as amostras de lâminas foliares foram moídas em moinho com peneira de 1,0 mm. Essas amostras moídas foram quantificadas no “*near-infrared re flectance spectroscopy*” (NIRS) para a mensuração dos teores de proteína bruta de folha (PB, %), fibra em detergente neutro de folha (FDN, %), digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica de folha (DIVMO, %) e teor de lignina nas folhas (LIG, %) (MARTEN; SHENK; BARTON, 1985).

2.4 Análise estatística-genética

Os dados fenotípicos dos caracteres PMV, MSF, %F, REB, PB, FDN, DIVMO e LIG foram analisados considerando a estrutura de delineamento experimental e esquema de cruzamento por meio da abordagem de modelos mistos de Henderson, de acordo com os seguintes modelos estatísticos (MRODE; THOMPSON, 2005; RESENDE, 2002):

Modelo 1 – Análise da avaliação das progênes de meios-irmãos (EXP.01)

$$Y = X\beta + Z_1b + Z_2c + Z_3a + e$$

em que Y é o vetor de dados fenotípicos; X é a matriz de incidência para os efeitos fixos e os Z são as matrizes de incidência referentes aos efeitos aleatórios; β é o vetor de efeitos fixos de corte, de bloco e suas interações, somados à média geral; b é o vetor dos efeitos de ambiente permanente ou parcelas, em que $b \sim NMV(0, I\sigma_{bg}^2)$, sendo que I refere-se à matriz identidade e σ_{bg}^2 é o componente de variância associado aos efeitos do ambiente permanente; c é o vetor de efeitos aleatórios da interação cortes x genótipos, em que $c \sim NMV(0, I\sigma_{cg}^2)$ e σ_{cg}^2 é o componente de variância associado aos efeitos da interação corte x genótipos; e é o vetor de erros aleatórios, em que $e \sim NMV(0,$

$I\sigma_e^2R$) e σ_e^2 é a variância residual; a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais dos híbridos, $a \sim NMV(0, G)$, sendo $G = A\sigma_a^2$, em que σ_a^2 é o componente da variância genético aditivo e A refere-se a matriz de relacionamento genético aditivo, estimada pela expressão descrita em Kempthorne (1973), considerando a estrutura de progênies de meios-irmãos obtidos pelo *pedigree* apresentado na figura 1 e a ploidia da espécie (autotetraploide). A matriz A foi obtida no ambiente R usando o pacote desenvolvido por Peternelli et al. (2009).

Os componentes de variância foram estimados utilizando-se o método da máxima verossimilhança restrita (REML) e a significância verificada pelo teste da razão de verossimilhança (LRT). A acurácia preditiva foi estimada

por: $r_{gg} = \frac{1}{1 + \frac{PEV}{\sigma_a^2}}$, em que PEV refere-se a variância do erro de predição

(MRODE; THOMPSON, 2005). A herdabilidade restrita foi estimada por:

$h_r^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_{bg}^2 + \sigma_{cg}^2 + \sigma_e^2}$, os termos já foram definidos. As correlações genéticas

aditivas entre as características foram estimadas de acordo com Falconer e

Mackay (1996): $r_{x,y} = \frac{COV_{a(x,y)}}{\sigma_{ax}\sigma_{ay}}$, em que $COV_{a(x,y)}$, é a covariância genética

aditiva entre os caracteres x e y e σ_{ax} e σ_{ay} são os desvios padrões genéticos aditivos para x e y , respectivamente. A correlação genética média entre os cortes

foi estimada pela média das correlações de Pearson entre as predições E-BLUP de cada corte para cada característica. O ranqueamento dos híbridos foi realizado

pelo índice aditivo modificado descrito em Resende (2007): $I_j = \frac{1}{\sigma_{g_i}} \sum_{i=1}^n g_{ij} * w_i$, em que: I_j : índice associado aos híbridos j ; g_{ij} : valores genéticos

aditivos preditos (BLUPS) da planta j para o caráter i ; w_i : peso econômico associado ao caráter i ; σ_{g_i} : estimativa do desvio padrão aditivo para o caráter i .

Os caracteres PMV, MSF, %F, REB, PB, FDN, DIVMO e LIG fizeram parte do

índice aditivo, apresentando os seguintes pesos econômicos: 13, 25, 25, 13, 7, 7, 7 e 7% respectivamente. Através do índice aditivo ponderado, selecionou-se os 30 melhores híbridos e estimou-se o ganho realizado com a seleção para cada característica.

Modelo 2 – Análise da avaliação das progênies de meios-irmãos concatenando a avaliação das genitoras em teste clonal (EXP.01 e EXP.02)

$$Y = X\beta + Z_1b + Z_2c + Z_3a + e$$

O modelo estatístico adotado foi semelhante ao apresentado anteriormente, porém foi adicionado um efeito fixo de experimento em β e um efeito aleatório em a referente às genitoras sexuais. Os demais termos seguem como descritos no modelo 1.

3 RESULTADOS

A precisão experimental foi mensurada pelas estimativas da acurácia preditiva (Tabela 1). Para todas as características analisadas, observa-se que o modelo 2, o qual envolve na análise os híbridos e seus genitores, apresentou valores mais elevados de acurácia preditiva. Os valores de acurácia variaram de 0,73 (FDN) a 0,95 (PMV e MSF) no modelo 2 e de 0,73 (FDN) a 0,94 (PMV e MSF) no modelo 1.

A variabilidade genética entre os híbridos foi estimada considerando o coeficiente de parentesco entre os genitores e os híbridos, levando em consideração a ploidia da espécie (tetraploide). Pela tabela 1, observa-se variação genética significativa ($P < 0,05$) para a quase totalidade das características analisadas, exceção para FDN nos dois modelos abordados. Observa-se também que o modelo 2 explorou melhor a variação genética aditiva para os caracteres agronômicos (PMV, MSF, %F e REB) e o modelo 1 para os caracteres de valor nutritivo (PB, FDN, DIVMO e LIG).

Os modelos 1 e 2 resultaram em estimativas muito próximas de herdabilidade no sentido restrito (h_r^2), variando de 5 (FDN) a 76% (MSF) no modelo 1 e de 6 (FDN) a 75% (PMV e MSF) no modelo 2. O erro padrão associado a cada uma das estimativas da herdabilidades também foi estimado, sendo esses de baixa magnitude em relação as próprias estimativas, exceção para FDN.

Tabela 1 - Estimativas da variância aditiva (σ_a^2), variância de parcela (σ_{bg}^2), variância da interação corte x genótipos (σ_{cg}^2), variância dos erros aleatórios (σ_e^2), herdabilidade no sentido restrito (h_r^2 , entre parêntese – erro padrão), acurácia preditiva (r_{aa}), média das correlações genética entre os cortes (r_c), média das testemunhas Tanzânia e Mombaça (X_{TAZ} e X_{MOB}) e média geral do experimento, avaliados para caracteres agrônômicos sob quatro cortes e de valor nutritivo sob dois cortes em híbridos sexuais de *P. maximum* (modelo 1). Os valores entre colchetes referem-se à avaliação dos híbridos de *P. maximum* considerando a avaliação das suas genitoras em teste clonal (modelo 2). (Continua)

	PMV	LTR	MSF	LTR	%F	LTR	REB	LTR
σ_a^2	998338*[1010080*]	922,1[961,6]	28301,7*[28618,6*]	847,7[880,9]	28,8*[29,4*]	38,4[41,12]	0,4*[0,41*]	109,3[113,0]
σ_{bg}^2	54695,3*[50498*]	70,9[66,7]	811,3*[827,8*]	23[57,4]	1,4[1,4*]	2,8 [205,1]	0,02*[0,03*]	12,7[127,4]
σ_{cg}^2	76935,1*[100068*]	38,8[79,4]	1661,1*[2341,7*]	31,4 [27,7]	81,4*[79,3]	169,9 [3,18]	0,76*[0,67*]	103,6[15,4]
σ_e^2	199810[183841]		6552,8[6123,2]		44,96[45]		0,26[0,3]	
h_r^2	0,75 \pm 0,02[0,75 \pm 0,02]		0,76 \pm 0,02[0,75 \pm 0,02]		0,18 \pm 0,03[0,19 \pm 0,03]		0,28 \pm 0,03[0,29 \pm 0,03]	
r_{aa}	0,94[0,95]		0,94[0,95]		0,82[0,83]		0,86[0,87]	
r_c	0,58[0,60]		0,49[0,57]		0,08[0,32]		0,22[0,22]	
X_{TAZ}	2518,9[2548,5]		382,4[387,3]		77,3[77,14]		2,3[2,26]	
X_{MOB}	2360,4[2423,7]		356,6[363,9]		77,9[77,5]		2,2[2,2]	
X_{Geral}	2113,5[2124,9]		338,8[340,9]		80,5[80,2]		2,3[2,2]	

Tabela 1 - Estimativas da variância aditiva (σ_a^2), variância de parcela (σ_{bg}^2), variância da interação corte x genótipos (σ_{cg}^2), variância dos erros aleatórios (σ_e^2), herdabilidade no sentido restrito (h_r^2 , entre parêntese – erro padrão), acurácia preditiva (r_{aa}), média das correlações genética entre os cortes (r_c), média das testemunhas Tanzânia e Mombaça (X_{TAZ} e X_{MOB}) e média geral do experimento, avaliados para caracteres agrônômicos sob quatro cortes e de valor nutritivo sob dois cortes em híbridos sexuais de *P. maximum* (modelo 1). Os valores entre colchetes referem-se à avaliação dos híbridos de *P. maximum* considerando a avaliação das suas genitoras em teste clonal (modelo 2). (Conclusão)

	PB	LTR	FDN	LTR	DIVMO	LTR	LIG	LTR
σ_a^2	0,72*[0,66*]	18,78[16,1]	0,35 ^{ns} [0,42 ^{ns}]	0,4 [0,58]	8,15*[7,8*]	23,7 [22,6]	0,04*[0,03*]	7,5 [7,3]
σ_{bg}^2	0,34*[0,33*]	75,7[21,2]	0,53*[0,48*]	27,5 [22,8]	3*[2,93*]	65,2[11,4]	0,01*[0,01*]	26,7[5,3]
σ_{cg}^2	0,42*[0,42*]	17,4 [79,5]	2,15*[2,48*]	17,8 [28,4]	4,7*[4,41*]	10,3 [67,6]	0,01[0,01*]	3,5 [26,0]
σ_e^2	1,03[1,05]		4,09[3,82]		10,32[10,48]		0,11[0,1]	
h_r^2	0,29 ^{±0,06} [0,27 ^{±0,06}]		0,05 ^{±0,08} [0,06 ^{±0,07}]		0,31 ^{±0,06} [0,30 ^{±0,06}]		0,21 ^{±0,07} [0,21 ^{±0,07}]	
r_{aa}	0,81[0,81]		0,73[0,73]		0,81[0,81]		0,78[0,79]	
r_c	0,32[0,76]		-0,05[0,61]		0,14[0,67]		0,40[0,84]	
X_{TAZ}	14,8[14,8]		73,9[74]		60,5[60,5]		3,2[3,2]	
X_{MOB}	15,0[15,03]		73,8[73,8]		60,4[60,5]		3,1[3,15]	
X_{Geral}	15,3[15,3]		74[74,03]		62,3[62,3]		3,15[3,16]	

PMV, produção de massa verde (g.planta⁻¹); MSF, produção de massa seca foliar (g.planta⁻¹); %F, porcentagem de folha (%); REB, capacidade de rebrota após o sétimo dia do corte (escala de 1 a 5); PB, proteína bruta de folha (%); FDN, teor de fibra em detergente neutro avaliado nas folhas (%); DIVMO, digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica nas folhas (%); LIG, lignina nas folhas (%). * Significativo pelo teste de razão de verossimilhança (LRT), com distribuição de $X_{(0,05;1)}^2 = 3,84$.

As correlações genéticas entre os cortes (r_c) foram divergentes em relação aos dois modelos abordados, com o modelo 2 apresentando melhores estimativas (Tabela 1). Os caracteres PMV e MSF apresentaram estimativas intermediárias de correlação entre os cortes nos dois modelos (0,58 e 0,49 no modelo 1 e 0,60 e 0,57 no modelo 2 para PMV e MSF, respectivamente). Já os caracteres de valor nutritivo apresentaram estimativas elevadas de correlação no modelo 2 e de intermediária à baixa no modelo 1. As correlações oscilantes entre os cortes podem ser verificados na figura 2, que representa as médias E-BLUPs para cada característica, por corte, via representação Box-plot. Essa representação gráfica mostra que a variabilidade explorada entre os cortes e entre as características foram diferentes ao longo do tempo.

As estimativas de correlações genéticas entre as características analisadas foram concordantes em magnitude e direção para ambos os modelos (Tabela 2). Considerando uma das principais características agrônômicas para seleção de genótipos de *P. maximum*, que é MSF (JANK et al., 1995), observa-se que esta apresentou correlação genética elevada e positiva com PMV (0,95) e moderada com REB (0,52). Os pares de características que apresentaram alta correlação genética em mesmo sentido foram: PMV-REB (0,52), MSF-REB (0,61), PB-DIGV (0,63) e em sentido contrário: PMV-%F (-0,37), PB-LIG (-0,40), LIG-DIGV (-0,46).

Os valores genéticos aditivos (E-BLUPs) foram preditos e acrescidos da média geral (Médias E-BLUP) tanto para o modelo 1 como o modelo 2 (Tabelas 3 e 4). Com os E-BLUPs por característica e por modelo, realizou-se a seleção dos 30 melhores híbridos por meio de um índice aditivo ponderado, praticando-se uma intensidade de seleção proporcional a 5%. Observa-se nas tabelas 3 e 4 que os dois modelos abordados proporcionaram ganhos similares com a seleção. Esses ganhos foram de 60,89; 59,94 e 10,7% para os caracteres PMV, MSF e REB, respectivamente para o modelo 1 e 52,73; 51,19 e 11,1% para o modelo 2.

Na quase totalidade das características avaliadas, a média dos híbridos selecionados, superou a média das testemunhas avaliadas (Tabela 1, 3 e 4).

Tabela 2 - Estimativas de correlações genéticas entre caracteres agrônômicos e de valor nutritivo, avaliados em híbridos e genitoras sexuais de *Panicum maximum*. Valores acima da diagonal referem-se as estimativas obtidas pelo modelo 1 e abaixo da diagonal ao modelo 2.

	PMV	MSF	%F	REB	PB	FDN	DIGV	LIG
PMV		0.94*	-0.37*	0.51*	-0.22*	-0.01	-0.27*	0.25*
MSF	0.95*		-0.19*	0.60*	-0.25*	0.01	-0.27*	0.24*
%F	-0.36*	-0.18*		0.17*	0.02	0.10	0.05	-0.02
REB	0.52*	0.61*	0.18*		-0.09	0.02	-0.10	0.22*
PB	-0.21*	-0.25*	0.00	-0.11		-0.31*	0.63*	-0.42*
FDN	-0.02	0.00	0.10	0.06	-0.26*		-0.26*	0.26*
DIGV	-0.24*	-0.25*	0.05	-0.10	0.59*	-0.20*		-0.46*
LIG	0.23*	0.23*	0.01	0.24*	-0.40*	0.21*	-0.41*	

PMV, produção de massa verde (g.planta⁻¹); MSF, produção de massa seca foliar (g.planta⁻¹); %F, porcentagem de folha (%); REB, capacidade de rebrota após o sétimo dia do corte (escala de 1 a 5); PB, proteína bruta de folha (%); FDN, teor de fibra em detergente neutro avaliado nas folhas (%); DIGV, digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica nas folhas (%); LIG, lignina nas folhas (%). * Significativo pelo teste-t a 5%.

Os cinco melhores híbridos selecionadas em ordem decrescente no modelo 1 foram, H-25, H-236, H-238, H-47 e H-54 (Tabela 3), no modelo 2 foram os mesmos, porém com alteração no ranqueamento (H-236, H-25, H-238, H-47 e H-54) (Tabela 4). Esses cinco melhores híbridos ranqueados pelo índice aditivo vieram das genitoras A42, A72 e B107. A tabela 5 demonstra o ordenamento das 10 melhores genitoras pelo índice aditivo, predito a partir do modelo 1 e modelo 2. Nota-se que o melhor híbrido não originou da melhor genitora (Tabelas 3 e 4), porém 50% dos híbridos selecionadas no modelo 1 e 53% no modelo 2 provieram das cinco melhores genitoras (Tabela 5). O índice de coincidência entre os modelos 1 e 2 na seleção das 10 melhores genitoras foi de 68% e na seleção dos 30 híbridos foi de 96%.

Tabela 3 - Estimativa das médias E-BLUPs dos híbridos de *P. maximum* selecionados pelo modelo 1 pelo índice aditivo ponderado, médias dos híbridos selecionados (X_S) e ganho com a seleção (GS), para caracteres agrônômicos sob quatro cortes e de valor nutritivo sob dois cortes.

Gen	Híbridos	PMV	MSF	%F	REB	PB	FDN	DIVM	LIG
A42	H-25	3251	553,2	80,44	2,62	14,94	74,1	62,18	3.12
A42	H-236	3395	527,7	79,63	2,24	15,13	74,01	61,38	3.19
A42	H-238	3178	479,6	78,71	2,37	15,17	74,14	61,4	3.19
A72	H-47	3679	502,7	77,21	2,66	15,54	73,92	63,51	3.13
B107	H-54	3391	505,5	77,05	2,56	15,17	74,04	61,56	3.14
B107	H-55	3326	475,9	77,65	2,3	15,1	74,05	61,28	3.18
B107	H-286	3403	481,1	76,29	2,42	15,48	74,13	61,37	3.15
B107	H-289	3663	553,1	77,15	2,03	15,23	74,05	61,35	3.16
B107	H-344	3227	504,5	80,45	2,35	15,11	74,05	60,62	3.15
B22	H-142	3377	591,3	82,72	2,97	15,13	73,99	61,43	3.17
B74	H-268	3679	543,4	77,35	2,35	14,88	73,98	60,6	3.17
B87	H-30	3215	552,5	80,09	2,52	15,22	73,9	61,7	3.15
B87	H-519	3173	548,3	80,71	2,46	15,06	73,91	61,18	3.15
B87	H-657	3533	565,3	79,71	2,89	15,13	73,8	62,61	3.22
B87	H-658	3142	534	79,52	2,49	14,82	74	61,17	3.18
BX4	H-157	3163	603,6	82,78	2,9	15,11	74,04	61,3	3.2
BX4	H-415	3241	500,7	79,64	2,75	14,95	74,03	62,07	3.22
C48	H-58	3273	482	79,5	2,48	15,57	73,81	60,89	3.18
C48	H-204	4105	597,1	78,01	2,29	15,26	73,97	61,05	3.17
C48	H-301	3424	547,4	78,78	2,37	15,58	73,98	61,41	3.11
C54	H-244	3207	592,5	82,91	2,75	14,99	73,92	61,27	3.24
C54	H-655	3163	598,4	80,6	2,99	14,53	73,87	61,71	3.23
S13	H-648	3647	521,2	77,34	2,54	15,29	74	60,86	3.25
S13	H-650	3777	531	75,38	2,01	15,18	74,15	60,78	3.21
S16	H-17	3211	498,5	79,5	2,42	15,4	73,96	62,98	3.19
S16	H-521	3146	512,4	80,91	2,73	15,7	74,06	64,14	3.18
T103	H-31	3444	547,1	79,47	2,71	14,96	73,95	61,71	3.14
T4610	H-384	3190	494	77,17	2,2	15,66	74,02	63,23	3.13
Y34	H-75	3082	587,4	81,66	2,96	15,29	73,89	61,85	3.25
Y34	H-450	3180	548,5	78,85	2,62	15,5	73,91	63,48	3.19
X_S		3363 ^{±343}	536 ^{±56}	79 ^{±3,0}	2,53 ^{±0,3}	15,2 ^{±0,5}	74 ^{±0,4}	62 ^{±1,6}	3,18 ^{±0,2}
$GS(\%)$		60.89	59.94	-1,52	10,7	-1,16	0	-1,48	1

PMV, produção de massa verde; MSF, produção de massa seca foliar; %F, porcentagem de folha; REB, capacidade de rebrota; PB, proteína bruta de folha (%); FDN, teor de fibra em detergente neutro avaliado nas folhas (%); DIVM, digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica nas folhas (%); LIG, lignina nas folhas (%); GEN, identificação das genitoras sexuais.

Tabela 4 - Estimativa das médias E-BLUPs dos híbridos de *Panicum maximum* selecionados pelo modelo 2 com base no índice aditivo ponderado, médias dos híbridos selecionados (X_S) e ganho com a seleção (GS), para caracteres agrônômicos sob quatro cortes e de valor nutritivo sob dois cortes.

Gen	Híbridos	PMV	MSF	%F	REB	PB	FDN	DGIV	LIG
A42	H-236	3446	535.8	79.41	2.25	15.14	74.04	61.44	3.19
A42	H-25	3303	561.4	80.25	2.64	14.96	74.14	62.22	3.12
A42	H-238	3227.9	487.5	78.47	2.38	15.18	74.2	61.46	3.2
A72	H-47	3621	495.3	77	2.55	15.47	73.93	63.3	3.12
B107	H-289	3757	563.6	76.74	1.97	15.27	74.08	61.59	3.17
B107	H-286	3495	491.2	75.86	2.37	15.51	74.17	61.61	3.16
B107	H-54	3474	515.8	76.64	2.52	15.22	74.07	61.79	3.14
B107	H-55	3409	486	77.26	2.25	15.16	74.08	61.52	3.18
B107	H-344	3298	514.7	80.12	2.31	15.16	74.08	60.88	3.16
B107	H-572	3158	481.6	76.89	2.1	15.12	74	60.31	3.15
B22	H-142	3382	594.4	82.64	2.91	15.11	74.03	61.37	3.18
B74	H-268	3684	545.4	77.06	2.26	14.95	74	60.58	3.17
B87	H-657	3553	569.8	79.68	2.82	15.18	73.81	62.58	3.23
B87	H-30	3216.4	557.2	80.07	2.48	15.27	73.93	61.7	3.16
B87	H-519	3178.2	552.6	80.7	2.41	15.11	73.93	61.19	3.15
B87	H-658	3160.1	538.4	79.48	2.43	14.89	74.05	61.18	3.19
BX4	H-415	3320	513.5	79.39	2.71	14.98	74.05	61.99	3.22
BX4	H-157	3235	616.9	82.56	2.85	15.12	74.06	61.24	3.2
C48	H-204	4166	607.9	77.59	2.25	15.33	73.98	61.1	3.17
C48	H-301	3486	557.7	78.4	2.34	15.63	73.98	61.44	3.12
C48	H-58	3327	492.1	79.13	2.44	15.62	73.78	60.94	3.18
C54	H-244	3219.8	595.8	82.75	2.7	15.02	73.94	61.15	3.24
C54	H-655	3186.6	601.5	80.4	2.93	14.59	73.88	61.58	3.23
S13	H-650	3808	529.4	74.69	1.91	15.15	74.2	61.06	3.19
S13	H-648	3677	519.4	76.69	2.44	15.25	74.03	61.14	3.24
S16	H-17	3270.2	507.8	79.29	2.43	15.39	74	63.01	3.2
S16	H-521	3213.9	521.2	80.74	2.75	15.66	74.11	64.13	3.2
T103	H-31	3479	552.9	79.09	2.68	15.06	73.96	61.87	3.13
T4610	H-384	3211.3	496.1	76.96	2.13	15.65	74.05	63.2	3.13
Y34	H-450	3171.2	547.8	78.56	2.55	15.41	73.92	63.6	3.2
X_S		3404 ^{±31}	538 ^{±52}	79 ^{±3.05}	2.5 ^{±0.3}	15.2 ^{±0.48}	74 ^{±0.44}	61 ^{±1.62}	3.2 ^{±0.11}
$GS(\%)$		52.73	51.19	-1.56	11.1	-0.6	-0.02	-1.34	0.8

PMV, produção de massa verde; MSF, produção de massa seca foliar; %F, porcentagem de folha; REB, capacidade de rebrota; PB, proteína bruta de folha (%); FDN, teor de fibra em detergente neutro avaliado nas folhas (%); DIVM, digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica nas folhas (%); LIG, lignina nas folhas (%); GEN, identificação das genitoras sexuais.

Figura 2 - Box-plot das médias E-BLUPs para as características PMV, produção de massa verde; MSF, produção de massa seca foliar; %F, porcentagem de folha; REB, capacidade de rebrota; PB, proteína bruta de folha (%); FDN, teor de fibra em detergente neutro avaliado nas folhas (%); DIVM, digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica nas folhas (%); LIG, lignina nas folhas (%) para o modelo 1 (M.1-) e modelo 2 (M.2-) nos Cortes 1 (C.1), 2 (C.2), 3 (C.3) e 4 (C.4).

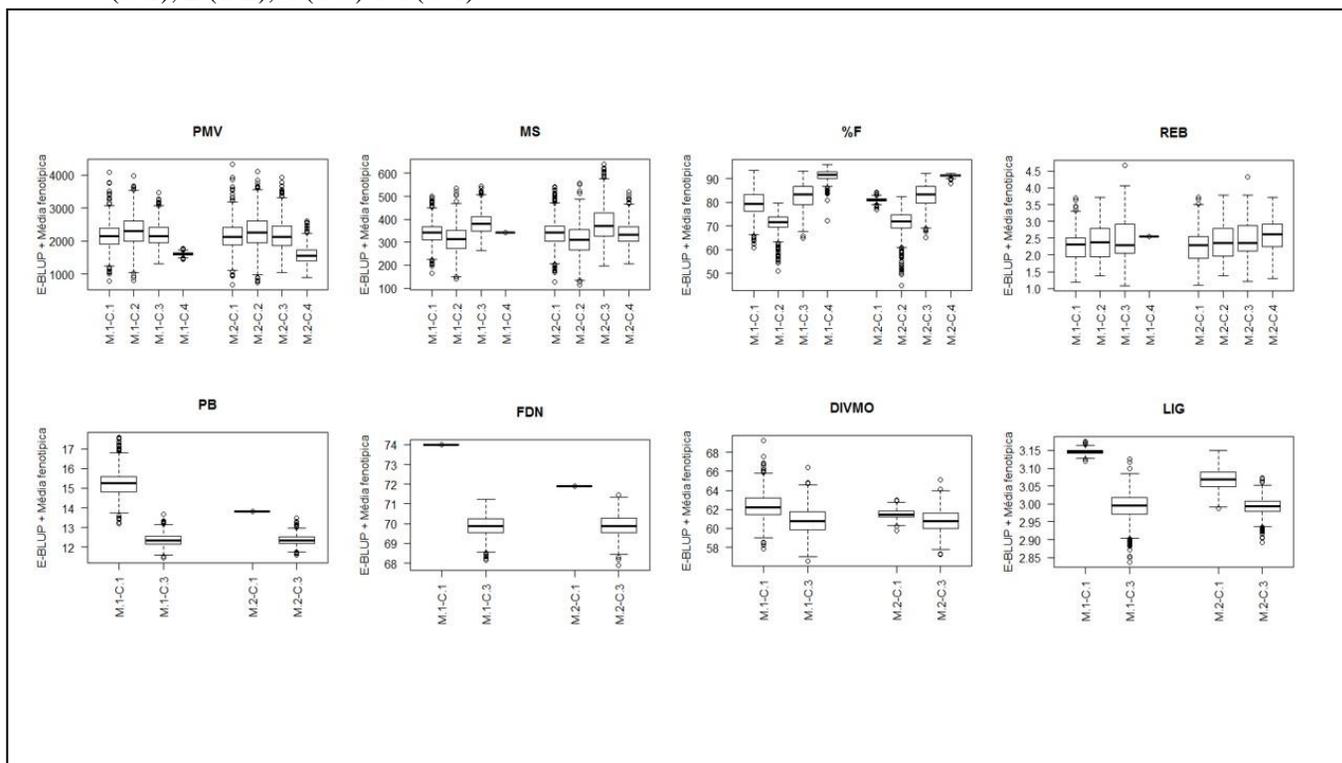


Tabela 5 - Ordenamento dos melhores genitores (GEN) de *P. maximum*, estimados pelo desempenho médio dos híbridos de *P. maximum* em função do modelo adotado, para caracteres agrônômicos e de valor nutritivo. Valores entre parênteses referem-se ao número de híbridos sexuais de *P. maximum* que foram selecionados por genitora.

Ordenamento	GEN – Modelo. 1	GEN – Modelo. 2
1º	B87 (4)	B107 (6)
2º	B107 (5)	B87 (4)
3º	A42 (3)	A42 (3)
4º	S13 (2)	S13 (2)
5º	T103 (1)	T103 (1)
6º	A72 (1)	S16 (2)
7º	A47 (0)	C48 (3)
8º	S16 (2)	BX4 (2)
9º	C54 (2)	C16 (0)
10º	Y34 (2)	C54 (2)
IC (GEN): Modelo.1 vs Modelo. 2		- 68%
IC (HÍBRIDOS): Modelo. 1 vs Modelo. 2		- 96%

Índice de coincidência (IC) em porcentagem, em relação aos genitores e híbridos selecionados nos modelos 1 e 2.

4 DISCUSSÃO

P. maximum é a espécie forrageira, propagada por sementes, mais produtiva do mercado brasileiro com reprodução por apomixia (JANK et al., 2008). Os trabalhos de melhoramento com a espécie são recentes, sendo mais intensificados a partir da década de 1980, com avaliação de acessos oriundos do Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Gado de Corte e cruzamentos específicos (JANK et al., 2008; JANK; VALLE; RESENDE, 2011). Cruzamentos na espécie só foram possíveis pela descoberta de acessos sexuais com posterior duplicação da ploidia. A partir dessa fase, deu-se início aos cruzamentos dirigidos e obtenção de populações segregantes para os caracteres-alvo do melhoramento. Dessas populações segregantes, identificou-se 20 híbridos sexuais com favorável desempenho *per se* para caracteres-alvo, cujo objetivo foi iniciar um programa de seleção recorrente intrapopulacional e melhorar a população sexual de *P. maximum*. Esses genitores (população fundadora) foram inter cruzados gerando-se progênes de meios-irmãos que foram avaliadas em experimento com repetição para fins de seleção, com posterior recombinação e início do próximo ciclo de seleção recorrente intrapopulacional em população sexual de *P. maximum*, sendo esse programa único no Brasil e no exterior.

Na avaliação dos híbridos (modelo 1) ou dos híbridos com informações dos genitores em teste clonal (modelo 2), a acurácia preditiva ficou acima de 70% para todas as características avaliadas, indicando boa confiabilidade experimental dos dados utilizados (RESENDE; DUARTE, 2007). O modelo 2 proporcionou melhores estimativas como previsto, por ter sido modelado de forma a contemplar os genitores e com isso agregou mais informações para prever os híbridos.

As estimativas de herdabilidade no sentido restrito foram de alta magnitude para os caracteres PMV e MSF, associando baixas estimativas de erros padrões. Esse parâmetro remete a confiabilidade da seleção, ou seja, a proporção do valor genético aditivo que pode ser transferido para a descendência (BERNARDO, 2010). As altas magnitudes nas estimativas da herdabilidade para os caracteres PMV e MSF contribuem para um progresso rápido com a seleção nesses caracteres. Resende et al. (2004) avaliando progênies de irmãos-germanos em *P. maximum* em diferentes anos de avaliação e na média geral para as características PMV, MSF e %F, encontraram estimativas de herdabilidade inferiores para esses caracteres. Os autores relatam a possibilidade de forte heterose na espécie e indicam a seleção recorrente recíproca como estratégia de seleção, em que o melhoramento é feito na população sexual, tendo como testador os híbridos apomíticos. Braz et al. (2013) também avaliando progênies de irmãos-germanos em *P. maximum* encontraram baixas estimativas de herdabilidade para caracteres agronômicos. No presente trabalho, as estimativas foram obtidas considerando a matriz de relacionamento genético-aditivo para indivíduos tetraploides.

Para os caracteres estudados, apenas FDN não apresentou variabilidade a ser explorada na seleção dos híbridos. Braz et al. (2013), também encontraram variabilidade genética para os mesmos caracteres agronômicos avaliados em híbridos de *P. maximum*.

As estimativas de variância da interação cortes com genótipos foram significativas exceto para %F no modelo 2, o que remete a uma forte interação genótipos com os cortes, ou seja, os híbridos tiveram comportamento não consistente no decorrer dos cortes avaliados. Essa constatação foi melhor visualizada com a plotagem da representação em Box-plot das médias E-BLUPs para cada corte (Figura 2). Forte interação entre os caracteres de valor nutritivo eram esperados, por terem sido avaliados em apenas dois cortes. Uma vez que

um corte foi realizado na estação chuvosa e o outro na estação seca, nessas duas estações do ano os híbridos apresentaram comportamentos fisiológicos diferentes, o que era esperado.

Entretanto, para os caracteres agronômicos, esses resultados indicam a necessidade de avaliar os híbridos em mais cortes, a fim de aumentar a confiabilidade da seleção. Resultados similares foram observados por Lédo et al. (2008). Esses autores constataram forte interação corte x genótipos, recomendando 10 cortes para seleção de genótipos de *P. maximum* com boa confiabilidade. Martuscello et al. (2015), também avaliando genótipos de *P. maximum*, porém com a finalidade de testar diferentes métodos de estimação de repetibilidade e encontrar número mínimo de cortes que permite a seleção de progênies de *P. maximum*, chegaram à conclusão que cinco cortes são suficientes. Problemas com a interação corte x genótipos é frequente em espécies forrageiras como, *Brachiaria humidicola* (ASSIS et al., 2014; FIGUEIREDO; NUNES; VALLE, 2012) e *Brachiaria decumbens* (MATEUS et al., 2015), *Brachiaria ruziziensis* (SOUZA SOBRINHO et al., 2010).

Outro parâmetro que é diretamente relacionado com a interação genótipo x corte é a correlação genética entre os cortes, que foi de magnitude intermediária à baixa no presente trabalho (exceto entre PMV e MSF), reforçando a significância da interação genótipo x corte. Observações similares também foram encontradas por Figueiredo, Nunes e Valle (2012) em *B. humidicola*.

As correlações genéticas entre os caracteres PMV, MST e REB foram de elevada magnitude, indicando a condição favorável para selecionar híbridos que associem elevada produção da matéria seca foliar com boa capacidade de rebrota. Resultados semelhantes também foram encontrados por Figueiredo, Nunes e Valle (2012) e Simeão et al. (2016) para o gênero *Brachiaria* ssp. Já os caracteres de produção apresentaram associação negativa com os de valor

nutritivo. Essa condição é comum em espécies forrageiras, em que o aumento da produção de massa seca acarreta em perda na qualidade nutricional da forragem (FIGUEIREDO; NUNES; VALLE, 2012; SIMEÃO et al., 2016).

Em programas de seleção recorrente, o objetivo é obter uma boa população segregante, e dentro desta praticar a seleção, a fim de incrementar os valores absolutos dos caracteres-alvo do melhoramento na próxima população gerada, pelo inter cruzamento das progênies selecionadas. Uma das dificuldades dos melhoristas diz respeito a qual método de seleção praticar quando se tem várias características a serem selecionadas ao mesmo tempo. Resende (2007) sugere a adoção de um índice de seleção aproximado, calculado a partir de valores genéticos preditos (BLUPs univariado), o qual considera as herdabilidades dos caracteres, corrige os valores fenotípicos, considera as correlações genéticas entre progênies aparentadas e permite ponderação de pesos econômicos.

Nesse sentido o presente trabalho praticou a seleção dos 600 híbridos por meio do índice aproximado, ponderando pesos econômicos para as características agronômicas e de valor nutritivo. Adotando-se intensidade de seleção proporcional a 5%, selecionou-se os 30 melhores híbridos. Os caracteres de valor nutritivo participaram do índice com peso econômico proporcionalmente menor em comparação com os caracteres agronômicos. Entre os caracteres agronômicos, MSF e %F tiveram peso econômico maior, por ser uma das principais características agronômicas em um programa de melhoramento de *P. maximum* (JANK et al., 1995; VALLE; JANK; RESENDE, 2009). O principal objetivo no programa é selecionar plantas que apresentem elevada taxa foliar e pouco alongamento do colmo, uma vez que folhas apresentam melhores valores nutritivos, são portanto mais digestíveis, e conseqüentemente irão proporcionar melhor desempenho animal.

A partir dos E-BLUPs dos 30 melhores híbridos, estimou-se os ganhos diretos em porcentagem para cada característica avaliada via modelo 1 e 2. Nota-se que o índice adotado independente do modelo usado, proporcionou maiores ganhos com a seleção para MSF, sendo esse um dos objetivos do programa. Os caracteres agronômicos, com exceção para %F, proporcionaram ganhos expressivos, o que era esperado em função da presente população apresentar boa variabilidade e da forte intensidade de seleção. Esses resultados indicam que quatro cortes são suficientes para conseguir ganhos expressivos nos caracteres PMV, MST e REB. Já nos caracteres de valor nutritivo, os ganhos foram nulos assim como para %F, ou seja, para esses caracteres faz-se necessário adotar outras estratégias de avaliação e seleção, bem como aumentar o número de cortes se a seleção objetivar melhoramento dessas características. Figueiredo, Nunes e Valle (2012) avaliando progênies de *B. humidicola* sob sete cortes, encontraram estimativas de ganhos com a seleção inferiores aos do presente trabalho para caracteres agronômicos e ganhos negativos para os caracteres de valor nutritivo usando também um índice aditivo. Simeão et al. (2016) avaliando *B. ruziziensis* sob diferentes intensidades de seleção (1 e 5%) e diferentes estações (seca e águas), estimaram ganhos positivos para caracteres agronômicos, recomendando que a melhor estratégia de seleção é a separação das duas estações para praticar-se a seleção por estação.

No presente trabalho, as estimativas dos ganhos com a seleção foram satisfatórias para os caracteres agronômicos, indicando que o índice adotado independente do modelo é adequado para a seleção de híbridos sexuais de *P. maximum* e quatro cortes são suficientes para avaliação e seleção de caracteres agronômicos, entretanto, se o objetivo for associar na seleção caracteres de valor nutritivo, faz-se necessário sua avaliação em maior número de cortes.

Em relação aos modelos usados (modelo 1 e modelo 2), não se observou grandes diferenças nas estimativas dos parâmetros genéticos ou mesmo no

ranqueamento dos híbridos selecionados, não justificando esforços a mais na avaliação dos genitores, entretanto, quando já se tem os genitores avaliados, essas informações devem ser usadas nas análises para estimar os ganhos e parâmetros genéticos, assim como os genótipos a serem selecionados, por incrementar informações no modelo, conduzindo a erros de predições menores.

5 CONCLUSÕES

Os híbridos sexuais de *P. maximum* avaliados apresentaram variabilidade a ser explorada para os caracteres agronômicos e de valor nutritivo.

A seleção dos 30 melhores híbridos proporcionou estimativas de ganhos genéticos para as características PMV, MSF e REB nos dois modelos abordados.

A informação dos genitores na análise proporcionou melhores estimativas dos parâmetros genéticos, entretanto, teve pouca interferência na seleção de híbridos, com índice de coincidência de 96%.

Agradecimentos

Os autores agradecem à Associação para o Fomento à Pesquisa de Melhoramento de Forrageiras Tropicais – UNIPASTO e à Embrapa, pelo auxílio financeiro na condução do projeto e a Embrapa Gado de Corte, pela oportunidade de realizar este trabalho. Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico – CNPq e Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela concessão da bolsa de estudos de doutorado e a Universidade Federal de Lavras (UFLA), por possibilitar a realização deste trabalho.

REFERÊNCIAS

- ANUÁRIO DA PECUÁRIA BRASILEIRA. São Paulo: FNP, 2008. 380 p.
- ASSIS, G. M. L. et al. Genetic divergence among *Brachiaria humidicola* (Rendle) Schweick hybrids evaluated in the Western Brazilian Amazon. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, MG, v. 14, n. 1, p. 224–231, 2014.
- BARRIOS, S. C. L. et al. Reciprocal recurrent selection in the breeding of *Brachiaria decumbens*. **Tropical Grasslands - Forrajes Tropicales**, Brisbane, v. 1, p. 52–54, 2013.
- BASSO, K. C. et al. Avaliação de acessos de *Brachiaria brizantha* Stapf e estimativas de parâmetros genéticos para caracteres agronômicos. **Acta Scientiarum. Agronomy**, Maringá, v. 31, n. 1, p. 17–22, jan./mar. 2009.
- BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. Woodbury: Stemma, 2010. 400 p.
- BRAZ, T. G. S. et al. Genetic parameters of agronomic characters in *Panicum maximum* hybrids. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 42, n. 4, p. 231–237, 2013.
- EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. **BRS Zuri**. Campo Grande, 2014. 1 Folder.
- EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. **Sistema brasileiro de classificação de solos**. Brasília, 1999. 412 p.
- FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. London: Longman Malaysia, 1996. 463 p.
- FIGUEIREDO, U. J.; NUNES, J. A. R.; VALLE, C. B. Estimation of genetic parameters and selection of *Brachiaria humidicola* progenies using a selection index. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, MG, v. 12, n. 4, p. 237–244, 2012.
- INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. **Indicadores IBGE: estatística da produção pecuária**. Rio de Janeiro, 2013. 49 p.

JANK, L. et al. Melhoramento Genético de *Panicum maximum* Jacq. In: RESENDE, R. M. S.; VALLE, C. B.; JANK, L. (Ed.). **Melhoramento de forrageiras tropicais**. Campo Grande: Embrapa Gado de Corte, 2008. p. 55-87.

JANK, L. et al. The value of improved pastures to Brazilian beef production. **Crop and Pasture Science**, Victoria, v. 65, p. 1132-1137, 2014.

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

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

KEMPTHORNE, O. **An introduction to genetic statistics**. Ames: Iowa State University, 1973. 545 p.

LÉDO, F. J. S. et al. Estimativas de repetibilidade para caracteres forrageiros em *Panicum maximum*. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 32, n. 4, p. 1299–1303, 2008.

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

MARTUSCELLO, J. A. et al. Repeatability and phenotypic stabilization of *Panicum maximum* accessions. **Acta Scientiarum. Animal Sciences**. Maringá, v. 37, n. 1, p. 15-21, Jan./Mar. 2015.

MATEUS, R. G. et al. Agronomic evaluation of 324 intraspecific hybrids of *Brachiaria decumbens* in Brazil. **Tropical Grasslands - Forrajes Tropicales**, Brisbane, v. 1, p. 99–100, 2013.

MATEUS, R. G. et al. Genetic parameters and selection of *Brachiaria decumbens* hybrids for agronomic traits and resistance to spittlebugs, **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, MG, v. 15, p. 227-234, 2015.

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

MRODE, R. A.; THOMPSON, R. **Linear models for the prediction of animal breeding values**. Wallingford: CABI, 2005. 344 p.

PETERNELLI, L. A. et al. Análise dos coeficientes de endogamia e de parentesco para qualquer nível de ploidia usando o pacote estatístico R. **Bragantia**, Campinas, v. 68, n. 4, p. 849-855, 2009.

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

RESENDE, M. D. V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 362 p.

RESENDE, R. M. S. et al. Biometrical analysis and selection of tetraploid progenies of *Panicum maximum* Jacq. using mixed model methodology. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 39, n. 4, p. 335-341, 2004.

SIMEÃO, R. et al. Genetic evaluation and selection index in tetraploid *Brachiaria ruziziensis*. **Plant Breeding Reviews**, Westport, v. 135, n. 2, p. 243-256, 2016.

SOUZA SOBRINHO, F. 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.

SOUZA SOBRINHO, F. et al. Repetibilidade de características agronômicas e número de cortes necessários para seleção de *Urochloa ruziziensis*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 45, n. 1, p. 579–584, 2010.

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