



ULISSES JOSÉ DE FIGUEIREDO

**CAPACIDADE COMBINATÓRIA E
ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO EM *Brachiaria ssp.***

LAVRAS – MG

2015

ULISSES JOSÉ DE FIGUEIREDO

**CAPACIDADE COMBINATÓRIA E ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO EM
*Brachiaria ssp.***

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

Coorientadora

Dra. Cacilda Borges do Valle

LAVRAS – MG

2015

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

Figueiredo, Ulisses José de.

Capacidade combinatória e estratégias de seleção em
Brachiaria ssp. / Ulisses José de Figueiredo. – Lavras : UFLA,
2015.

142 p. : il.

Tese(doutorado)–Universidade Federal de Lavras, 2015.

Orientador(a): José Airton Rodrigues Nunes.

Bibliografia.

1. Apomixia. 2. Dialelo. 3. Eficiência de seleção. 4. Poliploide.
5. Seleção visual. I. Universidade Federal de Lavras. II. Título.

ULISSES JOSÉ DE FIGUEIREDO

**CAPACIDADE COMBINATÓRIA E ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO EM
*Brachiaria ssp.***

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 12 de fevereiro de 2015.

Dra. Cacilda Borges do Valle	CNPGC - Embrapa
Dr. Fausto de Souza Sobrinho	CNPGL - Embrapa
Dr. Júlio Sílvio de Sousa Bueno Filho	UFLA
Dr. Magno Antonio Patto Ramalho	UFLA

Dr. José Airton Rodrigues Nunes
Orientador

LAVRAS – MG
2015

OFEREÇO

Aos meus pais, José Maurílio e Cristina,
pelo excelente exemplo de pessoas e valor familiar.

A minhas irmãs, Cássia e Carla, ao meu irmão Juninho,
pelo carinho e apoio.
A minha namorada, Janaine,
pelo amor e dedicação.

DEDICO

AGRADECIMENTOS

A Deus, por iluminar meu caminho.

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

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

À Embrapa Gado de Corte, pela oportunidade de realizar este trabalho; à Fundação de Apoio ao Desenvolvimento do Ensino, Ciência e Tecnologia do Estado de Mato Grosso do Sul (FUNDECT) e à Associação para o Fomento à Pesquisa de Melhoramento de Forrageiras Tropicais (UNIPASTO), pelo auxílio financeiro na execução deste trabalho.

Ao meu pai e minha mãe, pela educação, exemplo de vida, confiança e sabedoria em me educar.

Aos meus irmãos Cássia, Carla e Juninho, pelo carinho, atenção para comigo, apoio e torcida pelas minhas realizações.

Ao meu amor Janaine, pela parceria durante toda a jornada para o êxito deste trabalho, além de ser uma pessoa amiga, companheira, dedicada e parceira.

A todas as pessoas da família Figueiredo, do lado materno e paterno, pela torcida, apoio e orações.

A família Machado, pelo acolhimento, orações e amizade.

Ao meu orientador professor José Airton, pelo exemplo de profissional, atenção na orientação, vasto conhecimento transmitido, confiança, amizade e bom relacionamento construído.

À pesquisadora Cacilda, pela oportunidade de trabalhar com melhoramento de forrageiras tropicais, pela confiança depositada, dedicação,

amizade, conselhos e incentivo em trabalhar com melhoramento de forrageiras tropicais.

Ao professor Magno, pelo direcionamento ao melhoramento de forrageiras e credibilidade dada ao ingresso de um zootecnista no melhoramento de plantas, pela exemplar orientação desde a graduação, e pelas contribuições na banca de defesa deste trabalho.

Ao professor Patricio Munoz, pelo acolhimento, amizade, orientação e indicação ao meu emprego, muito obrigado pela oportunidade da experiência internacional, vou levar para toda a vida.

Ao pesquisador Fausto, pelas significativas contribuições na banca de defesa e pelo incentivo com o melhoramento de forrageiras.

Ao professor Júlio, pelo auxílio no planejamento experimental e pelas contribuições dadas na banca de defesa.

Ao pesquisador Marcos Deon, pelas valiosas sugestões e atenção despendida em compartilhar nossas inquietações.

A todos os pesquisadores da Embrapa Gado de Corte pelo bom convívio e conhecimentos transmitidos, em especial à equipe do melhoramento, Dra. Liana, Dr. Sanzio, Dra. Lucimara, Dra. Karen, Dra. Letícia e Dra. Mateus.

Ao Silvano Calixto, pela disponibilidade, sempre muito solícito, pelo excelente trabalho técnico de campo, exemplo de profissionalismo e empenho árduo para o sucesso de toda a pesquisa desenvolvida neste trabalho, meus sinceros agradecimentos.

Ao Ramão Mariano, pelo auxílio no Laboratório de Processamento de Amostras Forrageiras (LPAF), nos campos experimentais e nas casas de vegetação.

Às técnicas de laboratório, Sandra, pela convivência e assistência nas atividades do Laboratório de Citogenética, à Isaura, pela amizade e todo o

esforço despendido em minhas atividades, muito obrigado, e à Gisele, pelo apoio no ensino das análises moleculares.

A todos os funcionários de campo da Embrapa Gado de Corte, em especial a equipe da Unipasto, "Guinão", Floriano, "Nequinho", "Bruninho", Malaquias, Milton, Valmir, Márcio e Cláudio, vocês contribuem muito para este trabalho, parabéns.

Ao Sr. Josias e ao Gilson, pela experiência e auxílio nos experimentos de campo, e a todos os técnicos agrícolas da Embrapa Gado de Corte.

Ao pessoal do LPAF, "Beto", "Seu Zé", Aramis, Catarino e "Tobata" pelo excelente trabalho com as amostras das forragens.

Aos colegas do Laboratório de Nutrição Animal, Gustavo, Zé Nilton, Laucídio, Ricardo e Janaína.

Aos bolsistas e estagiários que me ajudaram no "Exp-7", Geovani, Rogério, Lucas, Celina, Antônio, Anaís, Gabrielli, Tatiane, Ana Késia, Danilo, Ariane, Luana, Thaís, Géssica, Claudinei, Magda e Renato, muito obrigado pela força e amizade construída.

Ao Sr. Geraldo e família que sempre me acolheram de braços abertos em Campo Grande, MS, fazendo com que eu me sentisse em casa, e a todos os moradores do Recanto Tuiuiú.

A todos os colegas de pós-graduação, amigos do GEN e do NEFOR por toda convivência e aprendizado compartilhados.

A todos os professores do Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas pelos ensinamentos, e a todos os professores dos demais departamentos da UFLA.

Aos funcionários do Departamento de Biologia, em especial a secretária Lilian, pelo auxílio durante todo o doutorado, às demais secretárias Zélia e Rafaela, à Irondina, "Dú", "Léo", Lindolfo, Zé Carlinho e "Barrinha".

Aos colegas de república no Brasil, Allan, Hugo e Danilo, e nos Estados Unidos, Lívia, Anderson, Géssica, Rogério, Andressa, Vita e Liliane.

A toda 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 e Norma, pela atenção, paciência com a comunicação, e excelente envolvimento de equipe.

MUITO OBRIGADO!

RESUMO GERAL

Neste trabalho objetivou-se: i) estimar as capacidades gerais (CGC) e específicas (CEC) de combinação de genitores apomíticos e sexuais de *Brachiaria humidicola*, ii) avaliar a seleção precoce em programas de melhoramento de *Brachiaria* ssp. em estágios iniciais e finais de avaliação e iii) verificar a eficiência da seleção visual (SV) praticada em plantas individuais de *Brachiaria decumbens*, quando comparada com a avaliação em parcelas, formando um dossel forrageiro. Para *B. humidicola*, 71 progênies de irmãos germanos foram avaliadas em sete cortes para a obtenção das CGC e CEC dos parentais apomíticos e sexuais. Em *Brachiaria* ssp., a avaliação em estágios iniciais consistiu na avaliação de 50 híbridos de *B. humidicola* em nove cortes, e 50 e 324 híbridos de *B. decumbens* em seis e sete cortes, respectivamente, enquanto, para os estágios finais, quatro genótipos promissores foram comparados com quatro cultivares de *B. brizantha* em dois locais, bem como na análise conjunta de locais, considerando a avaliação de 16 cortes. Para verificar a eficiência da seleção visual utilizaram-se os coeficientes de repetibilidade para avaliações acumuladas de cortes e os coeficientes da correlação de postos de Spearman entre os BLUPs do número de cortes totais e o número de cortes satisfatórios baseado na repetibilidade. Para a SV, 50 híbridos foram selecionados visualmente numa população de 457 híbridos, os quais foram avaliados em parcelas com repetições e, posteriormente, 324 híbridos da população também foram avaliados em repetições para caracteres agrônômicos e pela eficiência da seleção (ES) e ganhos genéticos com a seleção (GS) computados pelos BLUPs dos experimentos com repetição, verificou-se se a SV é útil em *B. decumbens*. Houve predominância de genes com efeitos aditivos para caracteres agrônômicos e de valor nutritivo nos parentais sexuais de *B. humidicola*, enquanto, para os apomíticos, CGC e CEC foram nulas para a quase totalidade dos caracteres. Considerando a seleção precoce baseada nas estimativas de repetibilidade em avaliações iniciais dos genótipos dentro do programa de *Brachiaria* ssp., 18 meses são suficientes para se selecionar com coeficientes de determinação acima de 80%, como 6 cortes em *B. humidicola*. Para as avaliações finais, em que um menor número de genótipos é avaliado, um ano foi suficiente para selecionar com confiabilidade genótipos de *B. brizantha*, ou seja, oito cortes. A ES foi baixa para a SV realizada em plantas individuais e os GS foram até 10 vezes inferiores, se a seleção fosse realizada com base na SV, em virtude da avaliação dos híbridos em parcelas.

Palavras-chave: Apomixia. Biomassa. Eficiência de seleção. Forrageira. Poliploide. Repetibilidade. Seleção precoce. Seleção visual.

ABSTRACT

The aims of this study were: i) to estimate the general (GCA) and specific (SCA) combining ability of apomictic and sexual parents of *Brachiaria humidicola*, ii) to evaluate the early selection in *Brachiaria* ssp. breeding program on initial and final stages of evaluation and iii) to verify the efficiency of visual selection (VS) practiced in individual plants of *B. decumbens* compared with the sward plots. In *B. humidicola*, 71 full-sib progenies were evaluated in seven harvests to obtain the GCA and SCA for apomictic and sexual parents. For *Brachiaria* spp., the evaluation in initial stages included 50 hybrids of *B. humidicola* in nine harvests, 50 and 324 hybrids of *B. decumbens* in six and seven harvests, respectively. While for the final stages, four potential genotypes to cultivar were compared with four cultivars of *B. brizantha* in two sites, as well as on the combined analysis of sites, considering the evaluation of 16 harvests. To check the efficiency of visual selection, we used the repeatability coefficient for accumulated harvests and the Spearman's rank correlation between the BLUPs of optimum and the total number of harvests based on satisfactory repeatability. For VS, 50 hybrids were selected visually in a population of 457 hybrids, which were evaluated in plots with repetitions and after this, 324 hybrid of the population were also evaluated in repetitions for agronomic traits. The efficiency of the selection (ES) and genetic gains with selection (GS) based in BLUPs were estimated. There was a predominance of genes with additive effects for agronomic traits and nutritional value in parental sexual of *B. humidicola*, while for apomictic the GCA and SCA were zero for almost all of the characters. Considering the early selection based on repeatability estimates in initial stages of evaluation within the *Brachiaria* ssp. program, 18 months are enough to select with determination coefficients above 80%, as 6 harvests in *B. humidicola*. For the final stages, in which a smaller number of genotypes are evaluated, one year was sufficient to select genotypes, with eight harvests. The ES was low to SV evaluated on individual plants and GS were 10 times lower than selection based on the sward plots.

Keywords: Apomixis. Biomass. Selection efficiency. Forage. Polyploid. Repeatability. Early selection. Visual selection.

SUMÁRIO

PRIMEIRA PARTE.....	12
1 INTRODUÇÃO GERAL.....	12
2 REFERENCIAL TEÓRICO.....	16
2.1 Importância do gênero <i>Brachiaria</i> do Brasil	16
2.2 O melhoramento genético de espécies de <i>Brachiaria</i>	18
2.3 A depressão por endogamia em espécies poliploides	25
2.4 Capacidade de combinação do melhoramento de plantas	29
2.5 Repetibilidade em espécies forrageiras	33
2.6 O uso da seleção visual no melhoramento de plantas.....	36
3 CONCLUSÕES	40
REFERÊNCIAS.....	41
SEGUNDA PARTE	50
ARTIGO 1 - Capacidade combinatória de genitores apomíticos e sexuais de <i>Brachiaria humidicola</i>	50
ARTIGO 2 - Early Selection in Perennial Tropical Forages	90
ARTIGO 3 - Implicação da seleção visual no melhoramento de <i>Brachiaria decumbens</i>	119

PRIMEIRA PARTE

1 INTRODUÇÃO GERAL

As pastagens, no Brasil, são de grande importância, principalmente para a pecuária nacional, na qual apenas 3% do rebanho bovino sejam terminados em sistemas de confinamento (ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DAS INDÚSTRIAS EXPORTADORAS DE CARNES - ABIEC, 2012). Neste contexto, o Brasil se consagra como o primeiro exportador de carne bovina no mundo desde 2004, além de ser o segundo maior produtor (ANUÁRIO BRASILEIRO DA PECUÁRIA - ANUALPEC, 2013).

Calcula-se que o rebanho bovino brasileiro seja de cerca de 209 milhões de cabeça (INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA IBGE, 2010), a área de pastagens cultivadas seja de 101 milhões de hectares e a de pastagens nativas, de 57 milhões de hectares (IBGE, 2006). Uma comparação da área nacional de soja com a de pastagens evidencia o impacto proporcionado por este setor. A área destinada a este cereal, que é o mais plantado, é estimada em 31 milhões de ha, na safra 2014/15 (COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO - CONAB, 2014). Assim, apenas aproximadamente um quinto da área é destinado às pastagens.

Entre os fatores que proporcionaram este cenário estão o aumento da área de pastagens cultivadas e a redução da área de pastagens nativas, que estão ocorrendo desde a década de 1990 (DIAS-FILHO, 2014), juntamente com a adoção de novas cultivares e de melhores técnicas no manejo do pastejo.

Dentre as espécies de forrageiras de importância no Brasil, destacam-se as do gênero *Brachiaria*, ocupando até 85% da área plantada com forrageiras, sendo, ainda, aproximadamente 50 milhões de ha ocupados com a cv. Marandu

(*B. brizantha*) (JANK et al., 2014). Assim, é premente a necessidade de desenvolvimento de novas cultivares de *Brachiaria* por parte dos programas de melhoramento, a fim de atender à demanda dos produtores.

Esta demanda por novas cultivares é pelas espécies mais utilizadas no Brasil e que se adaptam à maioria dos biomas, a exemplo da *B. brizantha*, que se caracteriza pela boa produção em solos de média a alta fertilidade e apresenta resistência à cigarrinha-das-pastagens; da *B. decumbens*, por seu grande potencial produtivo em solos ácidos; da *B. humidicola*, caracterizada pela tolerância a solos ácidos e que inundam temporariamente ou solos rasos e da *B. ruzizizensis*, por ter grande aceitação pelos animais, por apresentar alto valor nutritivo.

No Brasil, os programas de melhoramento destas espécies estão concentrados nas unidades da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Embrapa, em que o desenvolvimento de cultivares é realizado desde a década de 1980, seguindo às exigências do Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA). Para o lançamento de uma nova cultivar de alguns gêneros forrageiros com *Brachiaria* é necessária, previamente, a realização dos ensaios de Valor, Cultivo e Uso (VCU), divididos em VCU sob corte, que envolve a avaliação dos genótipos potenciais em parcelas sob cortes e, posteriormente, os candidatos a cultivares devem ser avaliados quanto ao desempenho animal, em ensaios denominados de VCU sob pastejo (JANK et al., 2014). Os VCUs são conduzidos por dois anos cada, para cada bioma, para o qual a cultivar será lançada, o que, invariavelmente, incorre no aumento do tempo para a liberação de uma cultivar.

Além disso, nas avaliações iniciais do programa, um grande número de híbridos é gerado e algumas questões dentro do programa surgem, tais como: Quais genitores devem ser escolhidos? Existe a possibilidade de reduzir o tempo de avaliação tanto nas fases iniciais quanto nas fases de VCU? É possível

realizar a seleção visual de plantas individuais com alvo na seleção precoce? Qual é o número de cortes ideais para que se realize uma seleção com confiabilidade aceitável? Estas e outras questões ainda necessitam ser investigadas, a fim de subsidiar as atividades desenvolvidas pelos melhoristas de forrageiras tropicais.

Para a escolha de genitores, o uso de dialelos tem grande apreço. Consiste no cruzamento de n genitores, sejam linhagens, cultivares ou variedades, gerando híbridos F_1 e/ou recíprocos. Os cruzamentos dialélicos permitem a estimação de efeitos associados à capacidade geral e específica de combinação, nos quais, havendo a presença destes efeitos, significa inferir que os caracteres avaliados são controlados por genes de efeitos aditivos e por efeitos de dominância, respectivamente (GRIFFING, 1956a).

No melhoramento de espécies do gênero *Brachiaria*, estas estimativas ainda não existem, mas, para outras espécies de forrageiras, têm-se relatos. Para *Medicago sativa* L. (alfafa) existe presença da CGC para a espécie diploide, mas não existe CEC para produtividade de biomassa, enquanto, para a espécie tetraploide, aconteceu o oposto. Para a fertilidade dos cruzamentos apenas não foi observado efeito da CEC para a espécie diploide. Além disso, foi possível identificar os genitores de acordo com a CGC e CEC, quando significativas (GROOSE; KOJIS; BINGHAM, 1988).

Vários modelos foram sugeridos para a estimação dos parâmetros relacionados com a capacidade combinatória (GRIFFING, 1956a) e, ademais, muito foi desenvolvido em termos de métodos de análise. Neste contexto, nos últimos anos, com o advento do uso de softwares, foi possível utilizar a abordagem de modelos mistos, desenvolvida, principalmente, por Charles Roy Henderson, para obter estimativas dos parâmetros inerentes a efeitos fixos e aleatórios (FAN et al., 2014; MÖHRING; MELCHINGER; PIEPHO, 2011; YAO et al., 2013).

Considerando-se que estas espécies forrageiras, quando em avaliação, são submetidas a vários cortes no mesmo indivíduo, inferências a respeito de quantos cortes se devem fazer, dentro dos anos de avaliação nas fases inicial ou total de avaliações, são pertinentes. Assim, para *B. brizantha*, a avaliação de dois cortes é suficiente para se ter uma boa confiabilidade na seleção, pois, considerando três anos de avaliação (6 cortes a mais), o aumento na eficiência seria de apenas 5% para caracteres agronômicos (BASSO et al., 2009).

Para progênies de *B. ruziziensis*, com um coeficiente de determinação de 80%, oito cortes foram suficientes para selecionar com confiabilidade para a produção de massa verde, indicando que apenas 18 meses foram necessários para avaliação (SOUZA SOBRINHO et al., 2010). Isso possibilita redução no tempo para se obter uma cultivar, além de aumentar o ganho com a seleção, haja vista que o ganho é incrementado com a redução do tempo de seleção ou maior número de gerações avaliadas em um ano (BERNARDO, 2010; RAMALHO et al., 2012).

A seleção pode ser realizada visualmente em plantas individuais ou plantas espaçadas, o que proporcionaria uma redução no tempo, bem como de recursos financeiros, caso não fosse necessária a avaliação com repetições. Portanto, em plantas forrageiras, geralmente, as avaliações iniciais são feitas em indivíduos de maneira visual ou em experimentos com plantas individuais repetidas e, posteriormente, as melhores são avaliados em experimentos com parcelas formando um dossel forrageiro. Todavia, a avaliação em plantas individuais nem sempre apresenta correlação com as avaliações em parcelas, principalmente para a produção de biomassa (DAS; FUENTES; TALIAFERRO, 2004; PRICE; CASLER, 2014a).

Para se obterem ganhos com a seleção indireta, a existência de correlação genética entre os caracteres faz-se necessária (FALCONER; MACKAY, 1996). Assim, para espécies de *Brachiaria*, estudos a respeito desses

parâmetros na seleção visual em plantas espaçadas, com posterior avaliação em parcelas, são necessários para incrementar os ganhos genéticos dentro dos programas para atender à demanda de novas cultivares.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Importância do gênero *Brachiaria* do Brasil

Considerando-se o sistema de produção da pecuária no Brasil, a dieta de animais ruminantes, como bovinos, bubalinos, ovinos, caprinos e muares, é baseada em gramíneas utilizadas em sistemas de pastejo. Neste âmbito, a área nacional total de pastagens é de 158 milhões de ha, dividida em 101 milhões de ha de pastagens cultivadas, ou seja, os produtores fizeram o plantio de uma cultivar e o restante (57 milhões de ha) é de pastagens nativas (IBGE, 2006). Esta área, em sua maior parte, é utilizada por sistemas de criação de bovinos, em que a população é de, aproximadamente, 209 milhões de cabeças (IBGE, 2010).

Neste cenário, as espécies forrageiras mais utilizadas são as do gênero *Brachiaria* e *Cynodon*, bem como as espécies *Panicum maximum*, *Pennisetum purpureum* e *Andropogon gayanus* (SOUZA SOBRINHO et al., 2009). Dentre estas, estima-se que mais de 90% das sementes comercializadas no Brasil sejam de cultivares de *Brachiaria* spp. e *Panicum maximum* (VALLE; JANK; RESENDE, 2009). Entre as espécies do gênero *Brachiaria* exploradas comercialmente como plantas forrageiras, as mais utilizadas são *Brachiaria brizantha*, *B. ruziziensis*, *B. decumbens* e *B. humidicola* (EUCLIDES et al., 2010).

Estas espécies, além de serem as mais comercializadas e plantadas, contribuem para caracterizar o Brasil como maior exportador de sementes forrageiras tropicais, especialmente para América Latina (México, Colômbia e

Venezuela), África e Ásia. As espécies *B. brizantha* (cv. Marandu) e *B. decumbens* (cv. Basilisk) respondem por mais de 80% da semente exportada do Brasil (JANK et al., 2014).

No mercado internacional de carne bovina, o Brasil é o segundo maior produtor, bem como o maior exportador desde 2004, mas apenas 3% dos bovinos são terminados em sistema de confinamento, reforçando a grande importância das pastagens para a pecuária (IBGE, 2013).

O grande sucesso destas espécies pode ser devido à sua ampla adaptabilidade a gama de ambientes nos quais são utilizadas no Brasil (JANK; VALLE; RESENDE, 2011). A espécie *B. brizantha* é caracterizada por apresentar resistência a cigarrinhas-das-pastagens, ter boa aceitabilidade e exigir solos de média fertilidade, enquanto a *B. decumbens* tolera solos ácidos, mas é suscetível a cigarrinhas-das-pastagens. *B. humidicola* tolera solos com drenagem deficiente e ácidos, além de ser muito estolonífera e *B. ruziziensis* é caracterizada, principalmente, pela boa aceitabilidade e o excelente valor nutritivo (KELLER-GREIN; MAASS; HANSON, 1996).

Assim, estas espécies são utilizadas em quase todos os biomas no Brasil. As espécies *B. brizantha*, *B. decumbens* e *B. ruziziensis* são utilizadas, principalmente, nos biomas Cerrado, Amazônia e Mata Atlântica. Já a *B. humidicola* ocorre, principalmente, nos estados da Amazônia (DIAS-FILHO, 2005), na região centro-oeste (FILHO et al., 1999) e, mais especificamente, no Pantanal (SANTOS et al., 2002).

Vale ressaltar que esta ampla adaptação é um dos fatores que fazem com que o Brasil perca a posição de maior produtor de carne bovina apenas para os Estados Unidos, no cenário internacional. Além disso, a pecuária representa 30% do produto interno bruto (PIB) da agropecuária, o qual é responsável por 22% do PIB nacional (MINISTÉRIO DA AGRICULTURA PECUÁRIA E ABASTECIMENTO - MAPA, 2012).

Outro fato importante é que a taxa de lotação, que era de 0,86 unidades animal (UA) por hectare, em 1996, passou para 1,2 UA por hectare, em 2013 (ANUALPEC, 2013). Isto é devido a uma maior tecnificação por parte dos produtores, principalmente pela diversificação de pastagens (JANK; VALLE; RESENDE, 2011), aumentando, assim, a área de pastagens recuperadas com o uso de novas cultivares de *Brachiaria* liberadas.

2.2 O melhoramento genético de espécies de *Brachiaria*

O melhoramento de plantas forrageiras no Brasil é uma atividade recente, tendo seu início ocorrido em meados da década de 1980 (EUCLIDES et al., 2010). Dentre os programas de melhoramento em andamento, destacam-se o da espécie *Panicum maximum* e os das espécies dos gêneros *Brachiaria*, *Pennisetum*, *Cynodon*, *Stylosanthes* e *Arachis*.

O trabalho inicial para estas espécies partiu da caracterização do banco ativo de germoplasma (BAG) introduzido. Para isso, avaliaram-se, principalmente, produção, estacionalidade de produção e adaptação a solos de baixa fertilidade (PEREIRA et al., 2001). Por exemplo, para a espécie *Panicum maximum*, um primeiro trabalho consistiu em comparar os 156 acessos com a cultivar Colômbio, quanto à produção de matéria verde, matéria seca total e matéria seca foliar, evidenciando uma superioridade de 40% dos acessos em relação à testemunha (JANK et al., 1994).

Especificamente para as espécies do gênero *Brachiaria*, a avaliação foi de 450 acessos para os mesmos caracteres citados anteriormente, resultando em uma seleção preliminar de 225 acessos, dentre os quais em torno de 20 acessos foram selecionados para serem avaliados em ensaios regionais (VALLE; JANK; RESENDE, 2009).

Esta caracterização ocorreu, basicamente, no final do século XX. A partir daí, com a duplicação de acessos sexuais, a recombinação foi viabilizada, iniciando-se a geração de nova variabilidade e possibilidade de seleção. Esta nova perspectiva para as espécies de *Brachiaria* intensificou-se mais na década de 1990, com o melhoramento de *B. ruziziensis* no Centro Nacional de Pesquisa em Gado de Leite (CNPGL-Embrapa) e com a geração de híbridos de *B. decumbens* (MATEUS et al., 2013; MENDONÇA et al., 2013) e *B. humidicola* (FIGUEIREDO; NUNES; VALLE, 2012). E também pela continuidade do programa interespecífico, que este o cruzamento entres as espécies *B. ruziziensis* (tetraploide), *B. brizantha* e *B. decumbens* (ALVES et al., 2014), os quais são desenvolvidos no Centro Nacional de Pesquisa em Gado de Corte (CNPGC) da Embrapa.

A maioria das espécies citadas reproduz-se por apomixia e, dessa forma, a hibridação depende de plantas sexuais para serem utilizadas como genitor feminino. Porém, as plantas apomíticas são, em sua maioria, poliploides (BOLDRINI; PAGLIARINI; VALLE, 2010) e fontes sexuais poliploides, normalmente, não são encontradas na natureza. Além disso, muito dos híbridos obtidos na descendência são instáveis e apresentam variados graus de irregularidades meióticas (VALLE; PAGLIARINI, 2009). Com isso, os estudos de citogenética são constantes nos programas de melhoramento, com o objetivo de se conhecer melhor os genótipos que estão sendo trabalhados.

Dentre os principais caracteres alvos do programa de melhoramento de forrageiras tropicais nas fases iniciais destacam-se a produtividade de matéria seca total e foliar, a porcentagem de folhas, a capacidade de rebrota e os caracteres relacionados ao valor nutritivo. Além disso, paralelamente, são avaliados a resistência a pragas e a doenças, a produção de sementes e os caracteres relacionados à fertilidade do solo (VALLE et al., 2008). Na fase inicial, os caracteres têm como objetivo evidenciar para o melhorista uma

estimativa indireta do potencial genotípico em relação ao desempenho animal. Nesse sentido, caracteres como produtividade de matéria seca total e foliar não apresentam alta correlação genética com porcentagem de folhas (BASSO et al., 2009; FIGUEIREDO et al., 2012), em que as folhas são preferidas pelos animais ruminantes (TRINDADE et al., 2007) e também deve ser utilizado como critério de seleção. Além disso, os caracteres de valor nutritivo apresentam, de modo geral, correlações negativas com a produção e devem ser analisados com precaução pelo melhorista.

Como citado, o método utilizado inicialmente foi a seleção massal da variabilidade do BAG, mas com a presença de fontes sexuais. Resende et al. (2004) propuseram o uso da seleção recorrente intrapopulacional e interpopulacional, o que pode ser aplicado para qualquer espécie que se reproduz por apomixia. Essa estratégia 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 (Figura 1). Na geração obtida entre plantas sexuais e apomíticas ocorre uma descendência com metade dos indivíduos apomíticos e a outra metade, sexual. Assim, as progênies apomíticas selecionadas podem ser avançadas para a seleção de novas cultivares e as sexuais podem ser utilizadas para contribuir no melhoramento da população sexual.

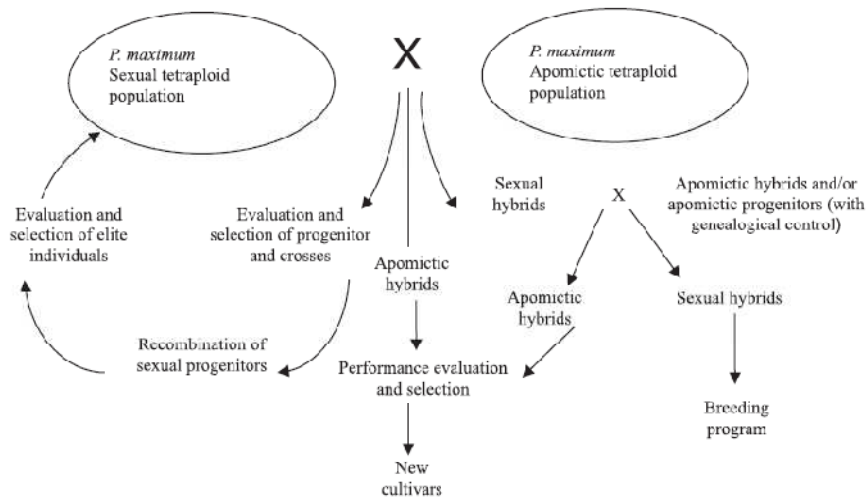


Figura 1. Método de seleção para obter cultivares de plantas apomíticas por meio da hibridação interpoblacional, exemplo para *Panicum maximum*. Fonte: Resende et al. (2004).

O cruzamento entre plantas apomíticas e sexuais gera também indivíduos advindos de autofecundação. Isso ocorre porque, nessas espécies, a inflorescência é do tipo hermafrodita e, na ocasião da hibridização, não é possível a emasculação da planta. Assim, além de progênes sexuais e apomíticas, podem ser gerados indivíduos oriundos da autofecundação natural, o que, para o melhorista, é um entrave, porque o objetivo alvo é somente a busca de indivíduos híbridos com combinações genotípicas superiores. Para contornar esse problema, os melhoristas têm utilizado marcadores moleculares para a distinção de combinações híbridas e autofecundadas. Por exemplo, para a espécie *B. humidicola* foi encontrado um marcador RAPD que diferencia as plantas híbridas das oriundas da autofecundação e, num passo seguinte, encontrou-se também um marcador ligado à apomixia, permitindo, assim, diferenciar entre as progênes híbridas os genótipos apomíticos e os sexuais (ZORZATTO et al., 2010).

O melhoramento é realizado pela seleção da variabilidade natural do banco de germoplasma introduzido, ou da geração de variabilidade explorada na seleção recorrente. Os potenciais candidatos são avaliados em vários passos, até o lançamento de uma nova cultivar, conforme Figura 2 (JANK et al., 2014). Num primeiro passo, os acessos (advindos do BAG) ou os híbridos apomíticos são avaliados quanto a caracteres agrônômicos e de valor nutritivo, resistência a doenças e insetos, entre outros. Nas populações oriundas da seleção recorrente, um grande número de plantas é avaliado individualmente, aproximadamente 2.000 híbridos em um local.

Após esta fase, os híbridos são avaliados em três etapas distintas: Fase 1 (*stage 1*) - são avaliados de 100 a 200 genótipos em experimentos com repetição em um local; ensaios regionais (*regional trials*) - é avaliado um menor número de genótipos (<10) em parcelas maiores sob corte. Este também é denominado 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; Fase 3 (*stage 3*) - denominado 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. Nesta fase são avaliados de um a três genótipos, mensurando-se o desempenho animal.

Vale ressaltar que, entre as fases, os genótipos promissores são submetidos à multiplicação de sementes, a fim de se obter sementes para a implantação dos ensaios de VCU e, após a seleção da nova cultivar, já se ter a semente básica. Todas essas fases ocorrendo normalmente, o tempo para se liberar uma cultivar de forrageira é de, no mínimo, dez anos.

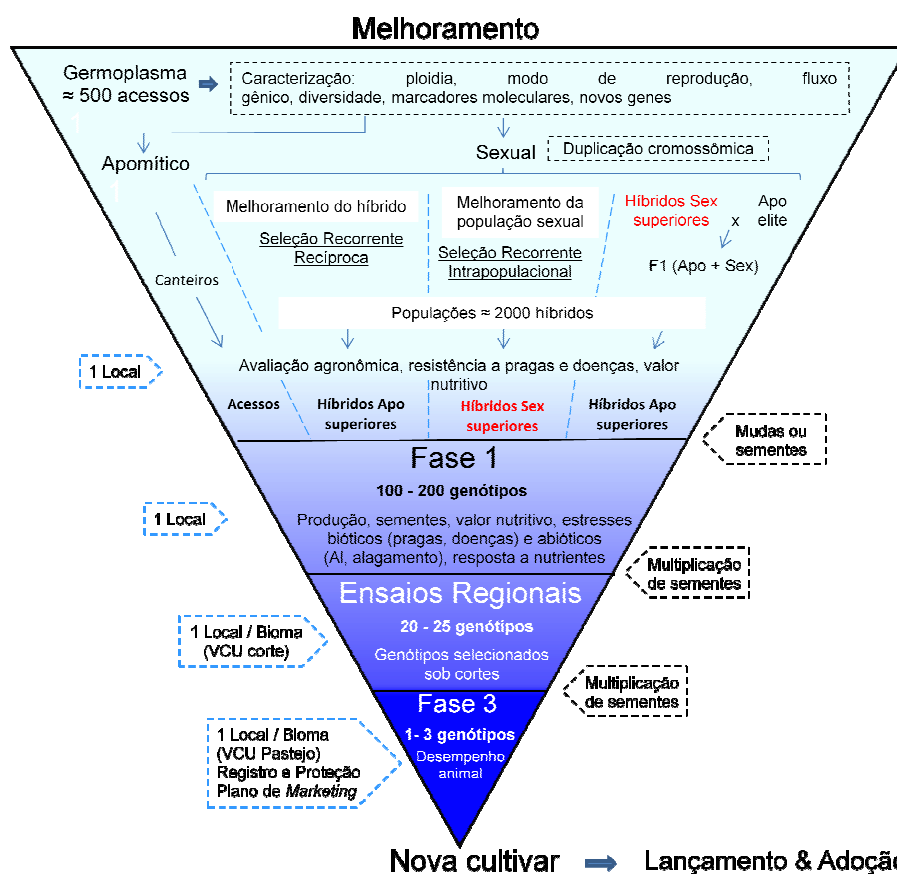


Figura 2. Esquema do programa de melhoramento de forrageiras tropicais, dividido em fases e evidenciando o número de indivíduos avaliados. Adaptado de Jank et al. (2014).

Um exemplo de sucesso com a seleção recorrente em espécies forrageiras é a seleção realizada para resistência a cigarrinhas típicas das pastagens na Colômbia, em que Miles; Cardona e Sotelo (2006) reduziram em 87% o nível de sobrevivência de ninfas da espécie *Aeneolamia varia* do ciclo 2 para o ciclo 6, em uma população sexual intraespecífica de *B. brizantha*, *B. decumbens* e *B. ruziziensis*.

No Brasil, a estratégia inicial de hibridação interespecífica entre acessos superiores das espécies *B. decumbens* e *B. brizantha* (utilizados como doadores de pólen) com genótipos de *B. ruziziensis* duplicados artificialmente (acessos diploides) gerou progênes apomíticas superiores quanto aos caracteres agronômicos (RESENDE et al., 2007).

Para *B. decumbens*, a seleção recorrente recíproca iniciou-se em 2010, com a geração da população base de 457 híbridos e, em 2013, novos híbridos foram avaliados para os caracteres agronômicos e, principalmente, para a resistência a cigarrinhas-das-pastagens (BARRIOS et al., 2013). Da população base, em relação à produção de matéria seca total, foram encontrados híbridos superiores em relação à principal cultivar desta espécie, a cv. Basislik (MATEUS et al., 2013; MENDONÇA et al., 2013).

Em *B. ruziziensis*, única espécie do gênero diploide e sexual, Souza Sobrinho et al. (2009) observaram que existe variabilidade para caracteres de produtividade e qualidade da forragem em um ciclo de seleção, e a média das 118 progênes de meios-irmãos foi superior em relação à média das quatro cultivares comerciais utilizadas. Também neste trabalho observaram-se progênes com baixo nível de sobrevivência de ninfas de *Deois schach* e *Mahanarva spectabilis*, com médias iguais às das testemunhas resistentes, entre as quais se inclui a *B. brizantha* (cv. Marandu), usada como referência de resistência a esses insetos. Também na avaliação de 71 clones foi encontrada resistência a estes insetos, com níveis iguais ou superiores ao da testemunha (SOUZA SOBRINHO; AUAD; LÉDO, 2010). Isso mostra o grande potencial de acúmulo de alelos para esses caracteres, dentro de um programa de seleção recorrente intrapopulacional, principalmente para resistência a cigarrinhas-das-pastagens, para a qual essa espécie de forrageira é considerada altamente suscetível.

No melhoramento de *B. humidicola*, o uso do índice de seleção permitiu selecionar híbridos superiores para caracteres agronômicos e de valor nutritivo conjuntamente, no qual os ganhos individuais foram acima de 6,21% dos dez melhores híbridos em relação à média dos 50 avaliados (FIGUEIREDO; NUNES; VALLE, 2012).

Estas várias atividades realizadas no melhoramento genético de espécies de *Brachiaria* contribuem para o conhecimento dos métodos utilizados e aumentam a eficiência do programa na liberação de cultivares superiores para a diversificação das pastagens (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, deve trabalhar em sintonia para obter o sucesso, e assim ocorrer a liberação de uma cultivar (JANK et al., 2014).

2.3 A depressão por endogamia em espécies poliploides

Endogamia quer dizer uma mudança na distribuição genotípica a partir do cruzamento de indivíduos aparentados. Há duas formas de identificar ou medir a endogamia, as quais, segundo Wricke e Weber (1986), são o coeficiente de endogamia (F), que significa a probabilidade de dois alelos em um loco de um indivíduo serem idênticos por descendência e o coeficiente de parentesco, que significa a probabilidade de dois indivíduos terem alelos em um loco que são idênticos por descendência (MALECOT, 1948). A endogamia em plantas pode ocorrer de duas maneiras: pela autofecundação ou por cruzamentos biparentais entre semelhantes (ELLSTRAND; ELAM, 1993).

A consequência da endogamia em plantas é a depressão por endogamia e se refere à redução do valor médio dos caracteres quantitativos e de fertilidade em plantas de fecundação cruzada (FALCONER; MACKAY, 1996). Esta

redução do valor médio dos caracteres é devido a uma mudança nas frequências genóticas da população, aumentando a frequência dos homozigotos e reduzindo a frequência dos heterozigotos.

Para medir o tamanho da depressão por endogamia, em caso de espécies alógamas, usa-se comparar o valor genotípico esperado considerando o $F=0$ da população F_1 com o da população em equilíbrio de Hardy-Weinberg; já em autógamias, a comparação deve ser realizada com a F_2 , considerando $p=q=1/2$ (BOS; CALEGARI, 2008). Assim, em plantas diploides, como no milho (*Zea mays*), a endogamia causa uma depressão, principalmente para o caráter produção de grãos (CARENA; HALLAUER; MIRANDA FILHO, 2010).

No caso de poliploides, a exemplo dos tetraploides, o coeficiente de endogamia é definido como a probabilidade de um par de alelos de um loco ser idêntico por descendência. Esta é a principal diferença entre espécies tetraploides e diploides, mas, como em diploides, em tetraploides também ocorre a variação da média da população e da variância genotípica (WRICKE; WEBER, 1986).

Em alfafa (*Medicago sativa* L.), um autopoliploide, a redução na produção de biomassa foi de 30%, com geração de autofecundação (BUSBICE; WILSIE, 1966). Esta depressão pode ser devido a uma grande carga de alelos recessivos deletérios observados em autopoliploides (JONES; BINGHAM, 1995). Neste âmbito, os cruzamentos intraespecíficos de *Medicago sativa* L. e *Medicago falcata* L. apresentaram uma depressão por endogamia menor, quando comparados com as gerações F_1 , F_2 e S_1 de cruzamentos interespecíficos (*Medicago sativa* L. x *Medicago falcata* L.), associando isso à perda de interações alélicas e à "outbreeding depression" (LI; BRUMMER, 2009). Neste último estudo, os autores evidenciaram a presença de interações bialélicas mais importantes do que tri e quadrialélicas, nas populações de *Medicago sativa* L.

Em plantas diploides podem ocorrer apenas interações entre dois alelos dominantes, enquanto, para culturas poliploides, como os tetraploides, a possibilidade é de que dois, três ou quatro alelos dominantes interajam, e a perda destas interações entre alelos dominantes durante as autofecundações pode explicar a menor depressão por endogamia em indivíduos poliploides do que diploides (BRUMMER, 1999). Também é observado que, em populações diploides em heterozigose (Aa), o homozigoto aa é reduzido em $\frac{1}{4}$, com uma geração de autofecundação, enquanto, para alopoliploides (AaAa), a taxa de redução do homozigoto (aaaa) é de $\frac{1}{16}$ a cada autofecundação. Já para autopoliploides (AAaa), a taxa de redução varia de $\frac{1}{36}$ a $\frac{1}{22}$ (SINGH, 2002).

Visto que a perda de vigor está associada à homozigose, espera-se que o vigor se perca mais rapidamente em diploides do que em poliploides. Para "crested wheatgrass" foi verificada uma perda de vigor maior em populações naturais auto-hexaploides, seguidas de autotetraploides e, por fim diploides, nesta ordem (DEWEY, 1966). Mas, quando comparada com populações autotetraploides induzidas, a depressão por endogamia foi menor em relação às populações diploides (DEWEY, 1969). Nesta última publicação, o autor comenta que o tetraploide induzido pode estar livre de elementos genéticos e alterações cromossômicas deletérias, quando comparado com os tetraploides naturais. Assim, a depressão por endogamia pode ser menos agressiva quando ocorre a duplicação de um diploide artificialmente. Igualmente neste último estudo, para *Epilobium angustifolium*, a depressão por endogamia em três populações tetraploides foi menor em 29%, em relação às diploides (HUSBAND; SCHEMSKE, 1997).

Para *Triticum aestivum* L., um alo-hexaploide, a depressão por endogamia foi de 0,23%, na produção por 1% de decréscimo na heterogiosidade da população F_1 até a F_5 (CREGAN; BUSCH, 1978). A depressão por endogamia foi observada da geração F_1 para F_2 em 24 de 25 cruzamentos, para

Triticum aestivum L. na produção de grãos por planta e nestes também foi observada heterose positiva na avaliação da F_1 (BRAJCICH, 1980).

Por outro lado, a heterose expressa o vigor híbrido (FALCONER; MACKAY, 1996), sendo esta maior em autopoliploides do que em diploides. Isso ocorre devido ao efeito de dosagem alélica, ou seja, tetraploides AAAB ou ABBB são menos vigorosos do que AABB. Também este último é menos vigoroso do que ABCD (BIRCHLER et al., 2010). Contudo, em *Triticum aestivum* L., a alopoliploidização causou eliminações de cromossomas parentais, fazendo com que a recombinação intergenômica fosse impedida, mas, por outro lado, garantiu a fertilidade normal, bem como uma heterose fixa entre os genomas homólogos, no qual a heterose fixa pode ser a explicação da carência de cultivares híbridas no mercado (SHARMA, 2013). Esta heterose fixa também caracteriza os alopoliploides como mais tolerantes às autofecundações (HUSBAND et al., 2008).

Estudos em espécies de *Brachiaria* poliploides são escassos na literatura. Mas, em *B. ruziziensis* diploide ($2n=2x=18$), a depressão por endogamia em quatro de seis famílias foi significativa para a produção de biomassa, variando de 19% a 45% (FERGUSON; CROWDER, 1974).

Em resumo, os autopoliploides na teoria, pelo fato de reterem mais de dois alelos por loco homólogo, e a depressão por endogamia ser devido ao aumento de homozigose, os autopoliploides acumulam maior chance de combinações alélicas nas autofecundações do que diploides (HUSBAND et al., 2008). Portanto, como evidenciado anteriormente, principalmente para alfafa, na prática, os diploides são mais sensíveis às autofecundações, enquanto, para alopoliploides, devido à heterose fixa, estes parecem ser mais tolerantes às autofecundações (HUSBAND et al., 2008). Mas, estas conclusões são baseadas em um número limitado de estudos, evidenciando a necessidade de estudos adicionais (COMAI, 2005).

2.4 Capacidade de combinação no melhoramento de plantas

Num programa de melhoramento genético de plantas, uma das principais atividades é a escolha de genitores (RAMALHO et al., 2012). Para isso é comum o emprego de dialelos que também auxiliam no entendimento do controle genético dos caracteres e na predição de compostos (cultivares sintéticas) (BOS; CALEGARI, 2008).

O termo "dialelo" foi utilizado, primeiramente, em 1919, para designar cruzamentos fatoriais entre duas fêmeas e dois machos, em todas as combinações (PIRCHNER, 1979), citado por Wricke and Weber, 1986). No melhoramento de plantas, o dialelo foi mencionado na teoria de cruzamentos entre vários genótipos para estimar a variação devido aos efeitos aditivos e de dominância (HAYMAN, 1954), no qual foram assumidos segregação de diploides, cruzamentos recíprocos assumidos como não diferentes, ausência de alelismo múltiplo, genitores homozigóticos e distribuição independente dos genes entre os genitores.

Posteriormente, um modelo generalizado foi apresentado em um procedimento em que p genitores (linhagens) são cruzados dois a dois, totalizando p^2 combinações e quatro métodos são classificados: método 1 - linhagens, os F_1 e os recíprocos, ou seja, todas as combinações (p^2); método 2 - todas as combinações, exceto os recíprocos, totalizando $p(p + 1)/2$ combinações; método 3 - composto somente dos F_1 e os recíprocos ($p(p - 1)$ combinações) e método 4 - somente F_1 são incluídos, totalizando $p(p - 1)/2$ combinações (GRIFFING, 1956b).

Um exemplo com dados de uso dos dialelos foi apresentado por Griffing (1956a). Neste trabalho foram evidenciados os conceitos de capacidade geral (CGC) e específica (CEC) de combinação, bem como as diferentes pressuposições e análises estatísticas para os quatro métodos apresentados

anteriormente. Os métodos 1 e 2 devem ser utilizados em análises de capacidade de combinação quando se obtêm variedades sintéticas de linhagens e, assim, os genitores devem ser usados. Já os métodos 3 e 4 são úteis quando os parentais são uma amostra aleatória da população e, assim, parâmetros genéticos da população podem ser estimados e utilizados como inferência para a população em questão.

Conforme descrito por Griffing (1956b), a presença de efeito da CGC para um determinado grupo de genitores significa que o caráter avaliado pode ser controlado por genes de efeitos aditivos e os genitores com maior magnitude de CGC contribuem para aumentar a frequência de alelos favoráveis. Já a CEC é a influência dos efeitos de dominância presentes num dado cruzamento e serve para identificar o cruzamento que mais provê estes efeitos dentro da população avaliada. Vale lembrar que estas inferências são válidas na ausência de epistasia (BAKER, 1978; BERNARDO, 2010).

Ao longo das últimas décadas, o uso de cruzamentos dialélicos se tornou muito importante, dentro das principais espécies cultivadas para o estudo do controle genético, bem como para a escolha de genitores. São vários os exemplos, como milho, soja, feijão, algodão, sorgo sacarino (BUNPHAN et al., 2015; UMAKANTH et al., 2012), café e eucalipto, entre outras culturas. Além disso, na literatura são encontrados estudos de capacidade de combinação em espécies poliploides, como o trigo (*Triticum aestivum* L.) (GOWDA et al., 2012), e também em autopoliploides, como a alfafa (*Medicago sativa* L.) (GROOSE; KOJIS; BINGHAM, 1988; MASOOD et al., 2014) e a batata (*Solanum tuberosum* L.) (MENEZES et al., 2001). Como exemplo, no estudo de Groose, Kojis e Bingham (1988), considerando a produção de forragem, os autores verificaram presença da CGC apenas para a população tetraploide, enquanto, para CEC, somente para os cruzamentos realizados a nível diploide.

Outro uso dos cruzamentos dialélicos é a estimação da heterose. Diferentemente de Griffing (1956b), as capacidades de combinação podem ser desdobradas em heterose média, para um grupo particular de variedades; heterose média, para uma dada variedade i e heterose específica de uma determinada combinação de cruzamento de uma variedade i com uma j (GARDNER; EBERHART, 1966). Esta abordagem é utilizada para grupos de indivíduos que estão em equilíbrio de Hardy-Weiberg e que são cruzados aleatoriamente com dois alelos por loco.

Apesar da importante utilidade dos dialelos, algumas considerações são bastante discutidas em relação às aplicações genéticas e/ou estatísticas. Dentre elas, do ponto de vista estatístico, a escolha do efeito de genótipos quanto à sua natureza, ou seja, se os genótipos escolhidos para os cruzamentos apresentam efeito fixo, as inferências quanto aos parâmetros genéticos são aplicados a um conjunto específico de genitores, ou, se aleatória, em que as inferências são voltadas para a população. Assim, caso um dado grupo de genitores seja escolhido ao acaso em uma população e assumido como aleatório, se as inferências forem consideradas de natureza fixa, não há problema. Mas, caso contrário, ou seja, um dado grupo de genitores tomados como de efeito fixo, as inferências aleatórias são questionáveis (BAKER, 1978). Além disso, considerando inferências do ponto de vista genético, para as abordagens de Griffing (1956b) e Gardner e Eberhat (1966) deve ser assumida distribuição independente para os genes que controlam o caráter estudado, bem como deve haver ausência de epistasia, como comentado anteriormente.

Verificados os inúmeros métodos de análise para dialelos, os melhoristas encontram dificuldades em identificar softwares capazes de realizar as análises corretamente, como, por exemplo, normalmente, os pacotes estatísticos requerem um formato específico do banco de dados, também apresentam uma

interface não amigável para usuário, bem como são limitados quando o melhorista assume a abordagem de modelos mistos (XIANG; LI, 2001).

Dentre os pacotes disponíveis, considerando a abordagem de modelos mistos, destacam-se o DIALLEL-SAS (ZHANG; KANG, 1997), a rotina apresentada por Xiang e Li (2001) utilizando o PROC MIXED e o IML do SAS; uma atualização do DIALLEL-SAS, o DIALLEL-SAS05 (ZHANG; KANG; LAMKEY, 2005), além do software ASReml 3.0, por apresentar maior versatilidade de análise (GILMOUR et al., 2009).

Além da escolha do software, a escolha de qual método e se estes fornecem os mesmo resultados são questionados na literatura (BAKER, 1978; YAO et al., 2013). Estes últimos autores fizeram um estudo comparando os métodos de Griffing (1956a) e os de Gardner e Eberhat (1966), utilizando um dialelo com 12, 10, 8, 6 e 4 parentais de milho. Foi verificado que as estimativas de CGC e CEC são similares quando se utilizam os mesmos parentais, mas, quando se utilizaram diferentes números de pais, observaram-se sinais opostos nas estimativas. Também, quando os métodos 1 e 2 de Griffing são usados, as estimativas da CEC podem ser viesadas; o método 3 foi melhor para estimar a CEC e a informação dos recíprocos, bem como o efeito materno, é crucial, quando melhoristas desejam selecionar os parentais machos e fêmeas separadamente.

Reforçando a importância dos dialelos, estes são muito úteis aos programas de melhoramento de plantas, desde que usados com inferências pertinentes, pois inferências e interpretações acerca das estimativas dos parâmetros podem conduzir a decisões errôneas (CARENA; HALLAUER; MIRANDA FILHO, 2010).

2.5 Repetibilidade em espécies forrageiras

Em programas de melhoramento de forrageiras, os genótipos são avaliados por meio de várias medidas, ao longo dos anos, nas mesmas plantas (ASSIS et al., 2009). Assim, os modelos de análise são denominados modelos de medidas repetidas. Nestes modelos têm-se os efeitos principais de genótipo e corte em que o último pode ser dentro de uma estação do ano, e os genótipos podem ser avaliados por vários anos (CASLER; VAN SANTEN, 2010). Com isso, os modelos capitalizam o efeito da interação genótipo x corte e, se houver presença dessa interação, os genótipos podem ser classificados de forma não coincidente ao longo dos cortes.

Este pode ser um problema para os melhoristas porque a seleção não pode ser realizada com confiabilidade na média dos cortes. A estimativa do coeficiente de repetibilidade pode ser obtida considerando-se medidas repetidas. Este coeficiente tem como significado o limite de herdabilidade. Em outras palavras, existe um efeito permanente que afeta o genótipo e pode-se expressar junto com a variância genotípica ($\hat{\sigma}_g^2$) (FALCONER; MACKAY, 1996). Assim, a repetibilidade expressa estatisticamente a proporção da variação total que é devido à variância de genótipo e de ambiente permanente ($\hat{\sigma}_b^2$), e o numerador da repetibilidade tende a ser maior ($\hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_b^2$) do que o da herdabilidade, caso exista $\hat{\sigma}_b^2$ significativa (BOS; CALEGARI, 2008).

Existem várias formas para estimar a repetibilidade. As mais comuns são pela análise de variância, componentes principais (ABEYWARDENA, 1972) e análise estrutural (MANSOUR; NORDHEIM; RUTLEDGE, 1981), esta última pelo método das matrizes de correlação e covariância e também pelo estimador de máxima verossimilhança (HENDERSON et al., 1959). Em estudos de simulações, o estimador de máxima verossimilhança foi melhor quando houve variância homogênea e, para variância heterogênea, o indicado é usar a análise

estrutural pela matriz de correlação (MANSOUR; NORDHEIM; RUTLEDGE, 1981).

Para Abeywardena (1972), a repetibilidade estimada pela análise de variância (coeficiente de correlação intraclasse) tem distúrbios que não afetam a eficiência da seleção, portanto, a repetibilidade sempre é uma superestimação do verdadeiro valor da herdabilidade. Mas, se a variação no grupo de indivíduos muda ao longo de anos, devido ao rendimento semestral em qualquer espécie, por exemplo, o coeficiente de correlação intraclasse não faz distinção entre estes efeitos. Assim, uma abordagem utilizada por Abeywardena (1972) de análise de componentes principais pode estimar o real valor da repetibilidade, medindo e eliminando certos ruídos que a análise de variância não realiza. No entanto, o estimador de Abeywardena é viesado e isso pode ser resolvido por meio da expansão do método de análise de componentes principais, como mostrou Rutledge (1974).

Outra observação sobre métodos utilizados para estimar a repetibilidade é entre a análise de variância e do estimador de máxima verossimilhança porque ambos usam a expressão: $\rho = \hat{\sigma}_g^2 / (\hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_b^2 + \hat{\sigma}_e^2)$, em que $\hat{\sigma}_e^2$ é a estimativa de erro. Mas, os componentes de variância são não viesados quando obtidos pelo estimador da máxima verossimilhança e, assim, melhor em relação à análise de variância.

As primeiras aplicações de uso de repetibilidade antes citadas foram utilizadas no melhoramento animal, como medida da eficiência da seleção na avaliação de caracteres em vacas ao longo de vários anos, com o objetivo de verificar o número de anos para a seleção com confiabilidade (CURNOW, 1961). No melhoramento de plantas, o seu uso acontece especialmente para espécies perenes, isto porque, diferentemente de plantas anuais, as avaliações são realizadas em um mesmo indivíduo por várias colheitas em diferentes épocas e anos. Assim, a repetibilidade tem uma importante utilidade para os melhoristas

de espécies perenes, principalmente espécies florestais e forrageiras de importância econômica.

No melhoramento de forrageiras tropicais existem vários estudos que aplicam as estimativas de repetibilidade com objetivo de verificar o número ideal de cortes para realizar a seleção, por exemplo, com *Brachiaria brizantha* (BASSO et al., 2009; MARTUSCELLO et al., 2013), *Brachiaria ruziziensis* (SOUZA SOBRINHO et al., 2010), *Pennisetum* ssp. (DAHER et al., 2004; OLIVEIRA et al., 2011; SHIMOYA et al., 2002) e *Panicum maximum* (BRAZ et al., 2013; MARTUSCELLO et al., 2007; RESENDE et al., 2004).

Nestes estudos, geralmente, os autores verificam se há a presença ou não do efeito da interação genótipo x ambiente (cortes) para caracteres agronômicos e de valor nutritivo (FIGUEIREDO et al., 2012). Isto porque os genótipos podem apresentar classificação não coincidente ao longo dos cortes, o que pode dificultar o trabalho dos melhoristas durante a seleção. Para minimizar isso, o coeficiente de repetibilidade é usado e tem como significado uma estimativa da confiabilidade para a seleção de dados fenotípicos (BOS; CALEGARI, 2008).

Nesse sentido, na avaliação de progênies de *B. ruziziensis*, oito cortes foram suficientes para identificar corretamente as melhores, com potencial de dar continuidade no programa de melhoramento (SOUZA SOBRINHO et al., 2010). Do ponto de vista prático, os autores evidenciaram a possibilidade da avaliação destas progênies em apenas 18 meses, considerando avaliações com intervalos de 45 dias, o que demonstra a possibilidade de redução no ciclo de seleção e, conseqüentemente, aumento dos ganhos genéticos.

Em outro exemplo, com a avaliação de 218 acessos de *B. brizantha* avaliados em quatro campos experimentais, foi verificado que dois anos de avaliação foram suficientes para se ter uma boa confiabilidade, haja vista que o incremento na eficiência do aumento do número de cortes foi de apenas 5% para caracteres agronômicos. Neste caso, em dois anos, seriam necessários 12 cortes

frente aos 18 cortes avaliados em três anos (BASSO et al., 2009). Em outra avaliação para esta mesma espécie, sete cortes foram necessário para se ter uma confiabilidade de seleção de 80% para caracteres agronômicos (MARTUSCELLO et al., 2013).

Na avaliação de acessos, híbridos e cultivares de *Panicum maximum*, 10 cortes foram suficientes para se ter um coeficiente de determinação 85% na seleção, no qual isto implica na redução de um ano de avaliação (LÉDO et al., 2008).

2.6 O uso da seleção visual no melhoramento de plantas

A combinação dos efeitos ambientais e genéticos de um indivíduo resulta no fenótipo. Estes são caracteres observados por melhoristas e também foi a unidade de seleção inicial dos melhoristas (comumente chamada de seleção massal), em que a seleção de tipos desejados se baseou no fenótipo como um método básico (HALLAUER, 2011). Também, esta seleção realizada visualmente foi evoluindo ao longo do tempo. Inicialmente, se buscavam fenótipos pela produção; posteriormente, buscou-se maior adaptação ao meio, tipos resistentes a pragas e outros caracteres relacionados à decoração ou a propósitos cerimoniais.

Segundo Hallauer (2011), o milho (*Zea mays* L.) pode ser considerado a espécie vegetal que ilustra bem a seleção fenotípica, a qual vem sendo utilizada desde o seu desenvolvimento, de 7.000 a 10.000 anos atrás. Ainda nos dias atuais, esta seleção visual vem sendo utilizada e vários autores tentam encontrar meios de aumentar a eficiência deste método (CARENA; HALLAUER; MIRANDA FILHO, 2010).

Um exemplo da seleção visual em milho, com o propósito de melhorar a eficiência, foi fazer a seleção massal estratificada. Assim, foi verificada uma

eficiência de seleção de 10% da seleção convencional (sem estratificação) e de 18% da estratificada, em relação à seleção baseada no peso, mas não havendo diferença significativa entre estas e consideradas muito baixas (ABREU et al., 2010).

Outro exemplo também realizando a seleção massal estratificada em duas populações de milho tropicais, sob dois ciclos de seleção, evidenciou não haver eficiência da seleção visual, devido ao fato de as populações não mostrarem efeito significativo na produtividade de grãos, ao longo dos dois ciclos avaliados (ABADASSI, 2014).

Em outras culturas, a exemplo da cevada (*Hordeum vulgare* L.), uma seleção foi realizada inicialmente em três populações F₃, considerando os caracteres vigor, número de perfilhos e tamanho da semente, e outra amostragem aleatória. Depois disso, as populações foram conduzidas em "bulk", obtendo-se as gerações F₅, F₆ e F₇ (ATKINS, 1964). Dentro das 75 linhagens avaliadas, as mais produtivas foram selecionadas da amostragem aleatória, enquanto as menos produtivas tenderam ser da seleção visual realizada, evidenciando que, neste caso, a seleção visual foi útil somente para eliminar as piores linhagens.

Um estudo semelhante ao anterior foi realizado com aveia (*Avena sativa*), porém, além de selecionar visualmente o grupo das melhores plantas e aleatoriamente, também foram avançadas em bulk as plantas consideradas piores de duas populações F₂ até F₅, tendo, em F₅, as plantas foram avaliadas individualmente e também em linhas (FREY, 1962). Os resultados evidenciaram que, considerando a avaliação de plantas individualmente, não se observou diferença entre os grupos de seleção, mas, quando a avaliação foi realizada em linhas, as progênes selecionadas do grupo de melhores plantas foram as que mais produziram em relação à seleção aleatória e à seleção com as piores plantas na F₂, mas que, mesmo assim, esta eficiência foi de baixa magnitude.

Na avaliação de três populações de arroz (*Oryza sativa* L.), na qual se selecionaram, visualmente, plantas na geração e aleatoriamente, a eficiência da seleção visual variou de 3,7% a 39,1%. Assim, a seleção visual não foi eficiente, tendo em vista que, das 55 plantas selecionadas pelo peso na avaliação da geração F₄, no máximo quatro foram coincidentes com a seleção, nas três populações avaliadas. Além disso, a produtividade média (g/parcela) foi significativa apenas em uma das três populações e, nesta, a maior média foi para a seleção realizada aleatoriamente (CUTRIM; RAMALHO; CARVALHO, 1997).

Para a seleção massal de plantas forrageiras, em um exemplo de grama-batatais (*Paspalum notatum*), a seleção recorrente fenotípica restrita foi quatro vezes mais eficiente do que a seleção recorrente massal (seleção massal) para incrementar a produção de biomassa (BURTON, 1982).

Em *switchgrass* (*Panicum virgatum* L.), a seleção para altura de plantas, número de perfilhos, florescimento e a seleção visual foram comparadas com a produção de biomassa. Para isso, inicialmente, foi realizada a seleção visual para biomassa em dois ciclos de seleção, em plantas espaçadas ou plantas individuais, e, posteriormente, as 150 famílias selecionadas foram avaliadas em parcelas experimentais de 10 plantas (PRICE; CASLER, 2014b). Nesta avaliação das famílias foi realizada uma seleção visual para florescimento (tardio e precoce) e altura de plantas (maior e menor) e uma seleção visual para a produção de biomassa de 12 famílias, em que um parental em cada sentido dentro de cada família foi selecionado para florescimento e altura, bem como quatro parentais para a produção de biomassa. Estes foram cruzados entre si e as progênes de meios-irmãos, bem como a população original, foram avaliadas em parcela experimentais de 0,9 x 1,4 m, em cinco ambientes, por dois anos. Para florescimento, altura de plantas e produção de biomassa, selecionadoas visualmente, a produção de biomassa na avaliação em parcelas foi não

significativa. Os autores comentaram que a seleção de plantas individuais, diferentemente das avaliações em parcelas, não deve ser usada quando o objetivo da seleção é a produção de biomassa.

A seleção visual dentro de famílias foi mais eficiente quando a mesma foi realizada em população com baixo potencial produtivo para *switchgrass* (*Panicum virgatum* L.). Isto porque, quando a seleção é realizada em uma população já com alto potencial produtivo, as diferenças são menores para vigor e porte das plantas. No primeiro caso, as plantas com baixo vigor são mais facilmente selecionadas (CASLER, 2010).

Além da produção, em forrageiras tropicais, a seleção deve ser realizada no sentido de aumentar a proporção de folhas, isto porque os animais ruminantes apresentam seletividade por lâminas foliares durante o pastejo (TRINDADE et al., 2007), pois este componente apresenta melhor valor nutritivo (BARONI et al., 2010). Além disso, no dossel forrageiro, independente da altura de manejo, o componente lâmina foliar é encontrado em maior proporção pelos animais em extratos superiores, aumentando, assim, a sua facilidade de apreender folhas (MOLAN, 2004). Consequentemente, o consumo é seguido de um maior rendimento animal.

Na avaliação do centeio forrageiro (*Secale cereale* L.), a seleção foi realizada com base no tamanho e na arquitetura da planta, mas também na disponibilidade de folhas (BRUCKNER; RAYMER; BURTON, 1991) e, diferentemente do comentado anteriormente, a seleção baseada na seleção visual foi efetiva quando comparada com a seleção realizada pelo peso verde da biomassa. Contudo, estudos para seleção visual em espécies de *Brachiaria* ou outras forrageiras tropicais, como o *Panicum maximum* e *Pennisetum*, *Cynodon*, entre outras, ainda são escassos na literatura.

3 CONCLUSÕES

Houve presença da capacidade geral de combinação apenas para os parentais sexuais, enquanto, para os apomíticos, ela foi nula. Os genótipos SEX3 e SEX4 apresentaram estimativas da capacidade geral de combinação superiores para todos os caracteres dentro dos genitores sexuais.

A capacidade específica de combinação foi ausente para os caracteres agrônomicos e presente apenas para proteína bruta, dentre os de valor nutritivo. As combinações híbridas SEX6 x APO2, SEX7 x APO8, SEX6 x APO9 e SEX9 x APO10 foram superiores nas estimativas da capacidade específica de combinação para proteína bruta.

Os resultados baseados na repetibilidade em diferentes estágios de avaliação comprovaram que a adoção de seleção precoce no melhoramento de forrageiras tropicais pode reduzir significativamente o tempo, o esforço e os recursos, sem perder confiabilidade para o lançamento de uma cultivar.

A seleção visual de plantas individuais, empiricamente, não apresentou associação com a seleção realizada em plantas conduzidas em parcelas com repetições.

Em *B. decumbens*, a seleção visual permitiu obter ganhos com a seleção, mas inferiores aos ganhos diretos realizados pelos BLUPs obtidos com a avaliação dos híbridos em experimentos com repetições.

REFERÊNCIAS

- ABADASSI, J. Mass selection to improve grain yield in a traditional tropical maize population. **International Journal of Science and Technology**, v. 4, n. 3, p. 44–47, 2014.
- ABEYWARDENA, V. An application of principal component analysis in genetics. **Journal of Genetics**, v. 16, p. 27–51, 1972.
- ABREU, G. B. et al. Strategies to improve mass selection in maize. **Maydica**, v. 55, p. 219–225, 2010.
- ALVES, G. F. et al. Breeding strategies for *Brachiaria* spp . to improve productivity – an ongoing project. **Tropical Grasslands - Forrajes Tropicales**, v. 2, p. 4–6, 2014.
- ANUÁRIO BRASILEIRO DA PECUÁRIA. **Anuário brasileiro da pecuária**. Santa Cruz do Sul, 2013. 128 p.
- ASSIS, G. M. L. de et al. Selection of alfalfa cultivars adapted for tropical environments with repeated measures using PROC MIXED of SAS® System. **Plant Genetic Resources**, v. 8, n. 01, p. 55–62, Jul. 2009.
- ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DAS INDÚSTRIAS EXPORTADORAS DE CARNES. **Pecuária Nacional**. São Paulo, Disponível em: <http://www.abiec.com.br/3_pecuaria.asp>. Acesso em: 28 nov. 2014.
- ATKINS, R. E. Visual selection for grain yield in Barley. **Crop Science**, v. 4, n. 5, p. 496–497, 1964.
- BAKER, R. J. Issues in diallel analysis. **Crop Science**, v. 18, n. 4, p. 533–536, 1978.
- BARONI, C. E. S. et al. Níveis de suplemento à base de fubá de milho para novilhos Nelore terminados a pasto na seca: desempenho, características de carcaça e avaliação do pasto. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 39, n. 1, p. 175–182, jan. 2010.
- BARRIOS, S. C. L. et al. Reciprocal recurrent selection in the breeding of *Brachiaria decumbens*. **Tropical Grasslands - Forrajes Tropicales**, 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**, v. 31, n. 1, p. 17–22, mar. 2009.
- BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. Woodbury: Stemma, 2010. 400 p.
- BIRCHLER, J. A. et al. Heterosis. **The Plant Cell**, v. 22, n. 7, p. 2105–2112, July. 2010.
- BOLDRINI, K. R.; PAGLIARINI, M. S.; VALLE, C. B. Evidence of natural hybridization in *Brachiaria humidicola* (Rendle) Schweick. (Poaceae: Panicoideae: Paniceae). **Indian Academy of Sciences**, v. 89, n. 1, p. 1–4, 2010.
- BOS, I.; CALEGARI, P. **Selection methods in plant breeding**. Netherlands: Springer Science, 2008. 461 p.
- BRAJCICH, P. **Estimates of heterosis for five agronomic traits in selected winter x spring and winter x winter wheat crosses (*Triticum aestivum* L. Thell)**. 1980. 81 p. Dissertation (Master of Science) - Oregon State University, Oregon, 1980.
- BRAZ, T. G. dos S. et al. Genetic parameters of agronomic characters in *Panicum maximum* hybrids. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 42, n. 4, p. 231–237, 2013.
- BRUCKNER, P. L.; RAYMER, P. L.; BURTON, G. W. Recurrent phenotypic selection for forage yield in rye. **Euphytica**, v. 54, p. 11–17, 1991.
- BRUMMER, E. C. Capturing heterosis in forage crop cultivar development. **Crop Protection**, v. 39, n. 4, p. 943–954, 1999.
- BUNPHAN, D. et al. Heterosis and combining ability of F1 hybrid sweet sorghum in Thailand. **Crop Science**, v. 55, n. 1, p. 178–187, 2015.
- BURTON, G. W. Improved recurrent restricted phenotypic selection increases bahiagrass forage yields. **Crop Science**, v. 22, n. 5, p. 1058–1061, 1982.
- BUSBICE, T. H.; WILSIE, C. P. Inbreeding depression and heterosis in autotetraploids with application to *Medicago sativa* L.. **Euphytica**, v. 15, n. 1, p. 52–67, 1966.

CARENA, M. J.; HALLAUER, A. R.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. New York: Springer, 2010. 663 p.

CASLER, M. D. Changes in mean and genetic variance during two cycles of within-family selection in Switchgrass. **BioEnergy Research**, v. 3, n. 1, p. 47–54, Jan. 2010.

CASLER, M. D.; VAN SANTEN, E. Breeding objectives in forages. In: BOLLER, B.; POSSELT, U. K.; VERONESI, F. (Ed.). **Fodder Crops and Amenity Grasses**. New York: Springer Science + Business Media, 2010. p. 1–523.

COMAI, L. The advantages and disadvantages of being polyploid. **Nature Reviews. Genetics**, v. 6, n. 11, p. 836–846, Nov. 2005.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Séries históricas**. Brasília, 2014. Disponível em: <http://www.conab.gov.br/conteudos.php?a=1252&&Pagina_objcmsconteudos=3#A_objcmsconteudos>. Acesso em: 20 jan. 2015.

CREGAN, P. B.; BUSCH, R. H. Heterosis, inbreeding, and line performance in crosses of adapted spring wheats. **Crop Science**, v. 18, n. 2, p. 247–251, 1978.

CURNOW, R. N. The estimation of repeatability and heritability from records subject to culling. **Biometrics**, v. 17, n. 4, p. 553–566, 1961.

CUTRIM, V. dos A.; RAMALHO, M. A. P.; CARVALHO, A. M. Eficiência da seleção visual na produtividade de grãos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 32, n. 6, p. 601–606, 1997.

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

DAS, M. K.; FUENTES, R. G.; TALIAFERRO, C. M. Genetic variability and trait relationships in Switchgrass. **Crop Science**, v. 44, n. 2, p. 443–448, 2004.

DEWEY, D. R. Inbreeding depression in diploid, tetraploid, and hexaploid crested wheatgrass. **Crop Science**, v. 6, n. 2, p. 144–147, 1966.

DEWEY, D. R. Inbreeding depression in diploid and t induced-autotetraploid crested wheatgrass. **Crop Science**, v. 9, n. 5, p. 592–595, 1969.

DIAS-FILHO, M. B. Opções forrageiras para áreas sujeitas a inundação ou alagamento temporário. In: SIMPÓSIO SOBRE MANEJO DE PASTAGEM, 22., Piracicaba. **Anais...** Piracicaba: FEALQ, 2005.

DIAS-FILHO, M. B. **Diagnóstico das pastagens no Brasil**. Belém: EMBRAPA Amazônia Oriental, 2014. 36 p.

ELLSTRAND, N. C.; ELAM, D. R. Population genetic consequences of small population size: implications for plant conservation. **Annual Review of Ecology and Systematics**, v. 24, p. 217–242, 1993.

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

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. London: Longman Malaysia, 1996. 463 p.

FAN, X. M. et al. Reciprocal diallel crosses impact combining ability, variance estimation, and heterotic group classification. **Crop Science**, v. 54, n. 1, p. 89, 2014.

FERGUSON, J. E.; CROWDER, L. V. Cytology and breeding behavior of *Brachiaria ruziziensis* Germain et Evrard. **Crop Science**, v. 14, n. 6, p. 893–895, 1974.

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

FILHO, J. N. P. P. et al. Suplementação mineral e mobilização de cálcio nos ossos de equinos em pastagem de *Brachiaria humidicola*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 34, n. 5, p. 873–878, 1999.

FREY, K. J. Effectiveness of visual selection upon yield in oat crosses. *Crop Science*, v. 2, n. 2, p. 102–105, 1962.

GARDNER, C. O.; EBERHART, S. A. Analysis and interpretation of the variety cross diallel and related populations. **Biometrics**, v. 22, n. 3, p. 439–452, 1966.

GILMOUR, A. et al. **ASReml user guide, release 3.0**. Hemel Hempstead: UK International Ltd., 2009. 320 p.

GOWDA, M. et al. Relevance of specific versus general combining ability in winter wheat. **Crop Science**, v. 52, n. 6, p. 2494–2500, 2012.

GRIFFING, B. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. **Australian Journal of Biological Sciences**, v. 9, n. 4, p. 463–493, 1956a.

GRIFFING, B. A generalised treatment of the use of diallel crosses in quantitative inheritance. **Heredity**, v. 10, n. 1, p. 31–50, 1956b.

GROOSE, R. W.; KOJIS, W. P.; BINGHAM, E. T. Combining ability differences between isogenic diploid and tetraploid alfalfa. **Crop Science**, v. 28, n. 1, p. 7–10, 1988.

HALLAUER, A. R. Evolution of plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 11, n. 1, p. 197–206, 2011.

HAYMAN, B. I. The theory and analysis of diallel crosses. **Genetics**, v. 39, n. 6, p. 789–809, 1954.

HENDERSON, C. et al. The estimation of environmental and genetic trends from records subject to culling. **Biometrics**, v. 15, n. 2, p. 192–218, 1959.

HUSBAND, B. C. et al. Mating consequences of polyploid evolution in flowering plants: current trends and insights from synthetic polyploids. **International Journal of Plant Sciences**, v. 169, n. 1, p. 195–206, Jan. 2008.

HUSBAND, B. C.; SCHEMSKE, D. W. The effect of inbreeding in diploid and tetraploid populations of *Epilobium angustifolium* (Onagraceae): implications for the genetic basis of inbreeding depression. **Evolution**, v. 51, n. 3, p. 737–746, 1997.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. **Censo agropecuário 2006**: Brasil, grandes regiões e unidades da federação. Rio de Janeiro, 2006. 777 p.

_____. **Produção da Pecuária Municipal**. Rio de Janeiro, 2010. 65 p.

_____. **Indicadores IBGE - Estatística da Produção Pecuária**. Rio de Janeiro, 2013. 49 p.

JANK, L. et al. Avaliação do germoplasma de *Panicum maximum* introduzido da África. I. Produção forrageira. **Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, v. 23, n. 3, p. 433–440, 1994.

_____. The value of improved pastures to Brazilian beef production. **Crop & Pasture Science**, v. 65, n. 11, p. 1132–1137, 2014.

JANK, L.; VALLE, C. B. do; RESENDE, R. M. S. Breeding tropical forages. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. S1, p. 27–34, 2011.

JONES, J. S.; BINGHAM, E. T. Inbreeding depression in alfalfa and cross-pollinated crops. In: JANICK, J. (Ed.). **Plant Breeding Reviews**. New York, NY, USA: John Wiley & Sons, 1995. p. 209–233.

KELLER-GREIN, G.; MAASS, B. L.; HANSON, J. Natural variation in Brachiaria and existing germplasm collections. In: MILES, J. W.; MAASS, B. L.; VALLE, C. B. do (Ed.). **Brachiaria: biology, agronomy and improvement**. Colombia: Cati, 1996. p. 17–42.

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

LI, X.; BRUMMER, E. C. Inbreeding depression for fertility and biomass in advanced generations of inter and intra sub specific hybrids of tetraploid alfalfa. **Crop Science**, v. 49, n. 1, p. 13–19, 2009.

MALECOT, G. **Les mathématiques de l'hérédité** Masson et Cie. Paris: Mason, 1948. 63 p.

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

MARTUSCELLO, J. A. et al. Repetibilidade de caracteres agronômicos em *Panicum Maximum* Jacq. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 36, n. 6, p. 1975–1981, 2007.

_____. Repeatability of agronomic characters in *Brachiaria brizantha* cultivars. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 42, n. 1, p. 30–35, 2013.

MASOOD, S. A. et al. Role of combining ability to develop higher yielding wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes: An overview. **Nature and Science**, v. 12, n. 11, p. 155–161, 2014.

- MATEUS, R. G. et al. Agronomic evaluation of 324 intraspecific hybrids of *Brachiaria decumbens* in Brazil. **Tropical Grasslands - Forrajes Tropicales**, v. 1, p. 99–100, 2013.
- MENDONÇA, S. A. et al. Agronomic and nutritional evaluation of intraspecific crosses in *Brachiaria decumbens*. **Tropical Grasslands - Forrajes Tropicales**, v. 1, p. 103–105, 2013.
- MENEZES, C. B. de et al. Combining ability of potato genotypes for cool and warm seasons in Brazil. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 1, n. 2, p. 145–157, 2001.
- MILES, J. W.; CARDONA, C.; SOTELO, G. Recurrent selection in a synthetic brachiariagrass population improves resistance to three spittlebug species. **Crop Science**, v. 46, n. 3, p. 1088–1093, 2006.
- MINISTÉRIO DA AGRICULTURA PECUÁRIA E ABASTECIMENTO. Brasília, 2012. Disponível em: <<http://www.agricultura.gov.br/politica-agricola/noticias/2012/04/confira-participacao-de-mendes-ribeiro-filho-no-programa>>. Acesso em: 25 out. 2014.
- MÖHRING, J.; MELCHINGER, A. E.; PIEPHO, H. P. REML-Based diallel analysis. **Crop Science**, v. 51, n. 2, p. 470–478, 2011.
- MOLAN, L. K. **Estrutura do dossel, interceptação luminosa e acúmulo de forragem em pastos de capim-marandu submetidos a alturas de pastejo por meio de lotação contínua**. 2004. 159 p. Dissertação (Mestrado em Ciência Animal e Pastagens) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2004.
- OLIVEIRA, T. N. et al. Estimativa de coeficientes de repetibilidade para mancha ocular em clones de *Pennisetum*. **Archivos de Zootecnia**, v. 60, n. 231, p. 797–808, 2011.
- PEREIRA, A. V. et al. Melhoramento de forrageiras tropicais. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S.; VALADARES-INGLIS, M. C. (Ed.). **Recursos genéticos e melhoramento de plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 549-601.
- PIRCHNER, F. **Populationsgenetik in der Tierzucht: eine Einführung in die theoretischen Grundlagen**. Parey, 1979. 411 p.
- PRICE, D. L.; CASLER, M. D. Predictive relationships between plant morphological traits and biomass yield in switchgrass. **Crop Science**, v. 54, n. 2, p. 637–645, 2014a.

PRICE, D. L.; CASLER, M. D. Divergent selection for secondary traits in upland tetraploid switchgrass and effects on sward biomass yield. **BioEnergy Research**, v. 7, p. 329–337, 2014b.

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

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

_____. Selection efficiency in *Brachiaria* hybrids using a posteriori blocking. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 7, p. 296–303, 2007.

RUTLEDGE, J. J. A scaling which removes bias of Abeywardena's estimator of repeatability. **Journal of Genetics**, v. 61, n. 3, p. 247–250, 1974.

SANTOS, S. A. et al. **Sistema de produção de gado de corte do Pantanal**. Corumbá: EMBRAPA Pantanal, 2002. 80 p.

SHARMA, R. Does low yield heterosis limit commercial hybrids in wheat? **African Journal of Agricultural Research**, v. 8, n. 50, p. 6663–6669, 2013.

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

SOUZA SOBRINHO, F. de 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.

_____. Repetibilidade de características agronômicas e número de cortes necessários para seleção de *Urochloa ruziziensis*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 45, n. 1, p. 579–584, 2010.

SOUZA SOBRINHO, F.; AUAD, A. M.; LÉDO, F. J. DA S. Genetic variability in *Brachiaria ruziziensis* for resistance to spittlebugs. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 10, n. 1, p. 83–88, 2010.

TRINDADE, J. K. da et al. Composição morfológica da forragem consumida por bovinos de corte durante o rebaixamento do capim-marandu submetido a estratégias de pastejo rotativo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 42, n. 6, p. 883–890, jun. 2007.

UMAKANTH, A. V et al. Combining ability and heterosis over environments for stalk and sugar related traits in sweet sorghum (*Sorghum bicolor* (L.) Moench.). **Sugar Tech**, v. 14, n. 3, p. 237–246, 2012.

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

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

VALLE, C. B. do; PAGLIARINI, M. S. Biology, cytogenetics, and breeding of *Brachiaria*. In: SINGH, R. J. (Ed.). **Genetic resources, chromosome engineering, and crop improvement**. Boca Raton: CRC Press, 2009. p. 103–151.

WRICKE, G.; WEBER, W. E. **Quantitative genetics and selection in plant breeding**. New York: Walter de Gruyter, 1986. 406 p.

XIANG, B.; LI, B. A new mixed analytical method for genetic analysis of diallel data. **Canada Journal Forest Research**, v. 31, p. 2252–2259, 2001.

YAO, W. H. et al. Diallel analysis models: A comparison of certain genetic statistics. **Crop Science**, v. 53, n. 4, p. 1481–1490, 2013.

ZHANG, Y.; KANG, M. S. DIALLEL-SAS: A SAS Program for Griffing's Diallel Analyses. **Agronomy Journal**, v. 89, n. 2, p. 176–187, 1997.

ZHANG, Y.; KANG, M. S.; LAMKEY, K. R. DIALLEL-SAS05: A comprehensive program for Griffing's and Gardner–Eberhart analyses. **Agronomy Journal**, v. 97, n. 4, p. 1097–1106, 2005.

ZORZATTO, C. et al. Identification of a molecular marker linked to apomixis in *Brachiaria humidicola* (Poaceae). **Plant Breeding**, v. 129, n. 6, p. 734–736, Dec. 2010.

SEGUNDA PARTE

**ARTIGO 1 - Capacidade combinatória de genitores apomíticos e sexuais de
*Brachiaria humidicola***

Artigo redigido conforme normas NBR6022 da ABNT

Capacidade combinatória de genitores apomíticos e sexuais de *Brachiaria humidicola*

Ulisses José de Figueiredo^{1,*}, José Airton Rodrigues Nunes¹, Cacilda Borges do Valle², Sanzio Carvalho Lima Barrios²

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

² EMBRAPA Gado de Corte, Campo Grande, MS. E-mail: cacilda.valle@embrapa.br, sanzio.barrios@embrapa.br

RESUMO

Os dialelos se constituem em delineamentos genéticos informativos para a escolha de genitores e cruzamentos em programas de melhoramento de plantas, pois fornecem as estimativas da capacidade geral (CGC) e específica de combinação (CEC). O programa de melhoramento de *Brachiaria humidicola* na Embrapa Gado de Corte é recente, portanto, estas estimativas ainda não são conhecidas. Dessa forma, objetivou-se obter estimativas das CGC e CEC a partir de um dialelo parcial entre genitores sexuais e apomíticos. O cruzamento dialélico envolveu 19 genitores, sendo dez híbridos apomíticos e nove sexuais. Foram obtidas 71 progênies de irmãos germanos, as quais foram avaliadas em delineamento de blocos incompletos, utilizando-se como testemunhas os genitores e a cv. BRS Tupi. Avaliaram-se caracteres agronômicos e de valor nutritivo de sete cortes. As análises estatístico-genéticas foram realizadas pela abordagem de modelos mistos de Henderson. As acurácias indicaram alta confiabilidade experimental. Evidenciou-se, em geral, expressiva variação associada com a CGC entre os genitores sexuais para os caracteres agronômicos e de valor nutritivo mensurado, contudo, isto não foi observado entre os apomíticos, bem como para a CEC. Estes resultados evidenciam a predominância dos efeitos aditivos. Pelas estimativas da CGC, os híbridos sexuais SEX3 e SEX4 foram os que apresentaram maior potencial de contribuir com alelos favoráveis em combinações híbridas. A ausência de CGC entre os genitores apomíticos e da CEC sugere a necessidade de ampliar a variabilidade na busca de novos genitores e que estudos adicionais devem ser realizados para verificar o efeito da endogamia em *B. humidicola*.

Palavras-chave: Apomixia, BLUP, Dialelo, Endogamia, Forrageiras, Hibridação, Poliploide.

ABSTRACT

The diallels constitute informative genetic designs for the choice of parents and crosses in breeding programs because they provide estimates of general (GCA) and specific combining ability (CEC). *Brachiaria humidicola* breeding program at Embrapa Beef Cattle is recent, so these estimates are not known yet. Thus, the objective was to obtain estimates of GCA and SCA from a partial diallel between sexual and apomictic parents. The diallel cross involved 19 parents, nine sexual and ten apomictic hybrids. We obtained 71 full sib progenies, which were evaluated in an incomplete block design, using as checks the parents and the cv. BRS Tupi. We evaluated agronomic and nutritive value traits of seven harvests. The statistical analyzes were performed by the mixed model approach of Henderson. The accuracies indicated high experimental reliability. In general, significant variation associated with GCA between sex parents for agronomic and nutritive value traits, however, this was not observed among the apomictic and for SCA. These results show the predominance of additive effects. By GCA estimates, sexual hybrids SEX3 and SEX4 showed the greatest potential to contribute with favorable alleles in hybrid combinations. The absence of GCA between apomictic parents and SCA suggests the need to increase the variability for get new parents and that further studies should be conducted to verify the effect of inbreeding in *B. humidicola*.

Keywords: BLUP, Diallel, Endogamy, Forage, Hibridization, Apomixis, Polyploid.

1 INTRODUÇÃO

A produção brasileira de carne e de leite oriunda de animais ruminantes tem as forragens tropicais como principal componente na dieta. Os sistemas de produção se baseiam no uso de forrageiras com que os animais se alimentam, tanto em pastejo contínuo como pastejo rotacionado. A área brasileira de pastagens é de, aproximadamente, 104 milhões de hectares com forrageiras cultivadas e 57 milhões de hectares com forrageiras nativas (INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA - IBGE, 2006).

Dentre as espécies forrageiras cultivadas, destaca-se *Brachiaria humidicola*, devido à sua tolerância sob cultivos em áreas com solos ácidos, com drenagem deficiente ou que são alagadas temporariamente (KELLER-GREIN; MAASS; HANSON, 1996). A utilização dessa espécie iniciou-se na região amazônica e, hoje, também é cultivada na região centro-oeste, principalmente no ecossistema pantanal (SANTOS et al., 2002). Esta espécie é caracterizada por se reproduzir por apomixia, ou seja, o embrião das sementes formadas se origina da partenogênese, processo este caracterizado pela formação de um embrião, sem que ocorra a fecundação. Mas, para que ocorram sementes viáveis, obrigatoriamente os núcleos polares devem ser fertilizados. Assim, no programa de melhoramento, as plantas apomíticas somente serão doadoras de pólen. Em contrapartida, as plantas que receberão os grãos de pólen devem apresentar megasporogênese normal e são denominadas de plantas sexuais.

Atividades iniciais concernentes ao melhoramento genético dessa espécie consistiram, basicamente, em avaliar e selecionar acessos apomíticos dentre os existentes no banco de germoplasma do Centro Nacional de Pesquisa em Gado de Corte (CNPGC-Embrapa) (VALLE et al., 2008). Posteriormente, com a identificação de uma fonte sexual (H31) que apresenta o mesmo nível de ploidia dos apomíticos ($2n=6x=36$), efetuou-se a hibridização H31 x cv. BRS

Tupi, gerando uma população de melhoramento de aproximadamente 360 indivíduos.

Figueiredo, Nunes e Valle (2012) realizaram um experimento clonal em que foram avaliados 50 híbridos desta população. Os autores evidenciaram a existência de variação genética para a quase totalidade dos caracteres agrônômicos e de valor nutritivo aferido, demonstrando a chance de sucesso com a seleção. Não obstante, existe uma escassez de informações acerca dos principais parâmetros genéticos em *B. humidicola*, os quais têm grande valia para auxiliar no delineamento de estratégias de melhoramento e, ou procedimentos de seleção.

Na população avaliada por Figueiredo, Nunes e Valle (2012) foram identificados clones apomíticos e sexuais com desempenho superior ao dos seus genitores, evidenciando o potencial para participarem de ciclos posteriores de melhoramento da espécie. Assim, para o melhoramento genético dessa espécie tem-se um novo cenário, no qual se torna possível formar novas populações de melhoramento e explorar a variabilidade gerada na forma de seleção recorrente (BARRIOS et al., 2013; BERNARDO, 2010; CASLER, 2010; RAMALHO et al., 2012), vislumbrando, a cada ciclo seletivo, a obtenção de genótipos promissores, sejam apomíticos ou sexuais, para os caracteres de interesse. Exemplo de sucesso com a seleção recorrente para *Brachiaria* é a seleção realizada para resistência a cigarrinhas típicas das pastagens na Colômbia, a partir de uma população sexual interespecífica de *B. brizantha*, *B. decumbens* e *B. ruziziensis*, na qual se reduziu em 87% o nível de sobrevivência de ninfas da espécie *Aeneolamia varia* do ciclo 2 para o ciclo 6 (MILES; CARDONA; SOTELO, 2006)

Uma primeira questão que surge é quais genitores selecionar para se realizar a recombinação e formar a população base? Uma estratégia comumente usada pelos melhoristas é o uso de dialelos, pois possibilita obter informações

sobre as capacidades gerais de combinação (CGC) dos genitores, bem como sobre a capacidade específica de combinação (CEC) de cruzamentos (GRIFFING, 1956b). Contudo, na literatura existe uma carência de estudos para espécies apomíticas, especialmente para *B. humidicola*, e também por ser um alo-hexaploide (JUNGMANN et al., 2010; ZORZATTO et al., 2010).

Para espécies aloploidoides, relatos da capacidade de combinação são encontrados, como, por exemplo, para o trigo (*Triticum aestivum* L.) (GOWDA et al., 2012) e também para autoploidoides, como a alfafa (*Medicago sativa* L.) (GROOSE; KOJIS; BINGHAM, 1988; MASOOD et al., 2014) e a batata (*Solanum tuberosum* L.) (MENEZES et al., 2001). No estudo de Groose, Kojis e Bingham (1988), considerando a produção de forragem, os autores verificaram presença da CGC apenas para a população tetraploide, enquanto efeito da CEC foi evidenciado somente para os cruzamentos realizados a nível diploide. Considerando-se um alo-hexaploide, como a *B. humidicola*, em trigo, as estimativas das variâncias da CGC foram mais significativas do que as variâncias para CEC (GOWDA et al., 2012).

Nesse sentido, este trabalho foi realizado com o objetivo de obter estimativas das capacidades geral e específica de combinação a partir de um dialelo parcial entre genitores apomíticos e sexuais de *B. humidicola*, relativo a caracteres agronômicos e de valor nutritivo.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Local

A condução do experimento foi realizada nos campos experimentais, no Laboratório de Processamento de Amostras de Forrageiras (LPAF) e no Laboratório de Nutrição Animal do Centro Nacional de Pesquisa em Gado de

Corte – CNPGC/Embrapa. O CNPGC está localizado na BR-262, km 4, 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 AGROPECUÁRIA - EMBRAPA, 1999).

2.2 Genitores sexuais e apomíticos

A partir do cruzamento entre BRS Tupi (apomítico) e H31 (acesso sexual) foram obtidos 360 híbridos. Após prévia seleção, 50 deles foram avaliados em experimento com repetição por nove cortes e ranqueados com base em caracteres agrônômicos e de valor nutritivo por meio de um índice de seleção (FIGUEIREDO; NUNES; VALLE, 2012). A partir deste ordenamento foram selecionados os 19 melhores híbridos, sendo dez apomíticos e nove sexuais, que foram utilizados como genitores no presente estudo.

2.3 Delineamento de cruzamento

O esquema de cruzamento adotado foi de um dialelo parcial, em que os genitores apomíticos (APO) foram utilizados como machos e os genitores sexuais (SEX) como fêmeas. Das 90 progênies de irmãos germanos possíveis foram obtidas 71, com número variável de indivíduos por cruzamento (Tabela 1).

As hibridizações foram efetuadas em janeiro de 2012. Para isso, primeiramente, as plantas sexuais foram plantadas por meio de mudas em vasos

de 10 litros, em novembro de 2011, no qual foram utilizados 15 vasos por híbrido sexual. As plantas apomíticas utilizadas no estudo estavam em parcelas de 3,0 m² no campo. Por ocasião do florescimento, inflorescências das plantas apomíticas foram coletadas no dia anterior e colocadas em vaso num ambiente com luz durante a noite. No dia seguinte, o pólen foi coletado, armazenado em uma placa de Petri e, posteriormente, foram realizados os cruzamentos na casa de vegetação. Para isso, o pólen dos genitores apomíticos foi colocado em contato com os estigmas das espiguetas de cada racemo dos genitores sexuais, as quais foram previamente emasculadas. Com a finalidade de evitar a perda de sementes por deiscência natural, foram colocados saquinhos de papel manteiga em cada racemo. Após 21 dias dos cruzamentos, as sementes foram colhidas e armazenadas para posterior germinação.

Tabela 1. Número de indivíduos obtidos a partir do cruzamento fatorial entre 10 genitores apomíticos e 9 genitores sexuais de *Brachiaria humidicola*.

♂ \ ♀	SEX1	SEX2	SEX3	SEX4	SEX5	SEX6	SEX7	SEX8	SEX9	Total
APO1	1	-	11	5	1	13	11	5	7	54
APO2	-	-	-	-	-	11	-	-	-	11
APO3	7	9	11	3	8	15	18	19	14	104
APO4	8	-	10	-	3	3	4	4	4	36
APO5	9	-	46	-	1	10	-	2	11	79
APO6	5	-	17	5	8	10	8	10	5	68
APO7	8	-	38	2	3	18	9	4	14	96
APO8	2	-	21	3	3	7	3	3	2	44
APO9	10	1	22	2	6	9	17	3	9	79
APO10	-	-	13	3	1	8	6	5	4	40
Total	50	10	189	23	34	104	76	55	70	611

2.4 Descrição e condução do experimento

As sementes dos híbridos foram, inicialmente, escarificadas em ácido sulfúrico, por 15 minutos e, posteriormente, germinadas em gerbox. A seguir, as plântulas foram transplantadas para sacos plásticos, em outubro de 2012, em casa de vegetação.

Em dezembro de 2012, os 611 híbridos não repetidos das 71 progênes geradas (Tabela 1), os dez genitores apomíticos e os nove genitores sexuais, bem como a cultivar BRS Tupi (genótipos repetidos), foram avaliados em experimento implantado no delineamento de blocos incompletos, com 64 blocos de 15 parcelas cada, totalizando 960 parcelas experimentais. Cada parcela foi implantada por meio de uma muda em espaçamento entre linhas e entre plantas de 2,2 m que, após o estabelecimento, formou uma unidade experimental de 1,0 m², com corredores de 1,2m. Ao redor do experimento foi plantada a cultivar Massai (híbrido espontâneo de *Panicum maximum* e *Panicum infestum*), como bordadura.

Após o estabelecimento das plantas foi realizado um corte de uniformização, no dia 11/03/2013. Após isto foram realizados sete cortes consecutivos (24/04/2013, 15/07/2013, 14/10/2013, 02/12/2013, 30/01/2014, 28/03/2014 e 21/05/2014), a 10 cm do nível do solo, quando o dossel das parcelas se encontrava, em média, com 25 cm de altura.

As amostras dos cortes de cada parcela experimental foram pesadas para a determinação da produção de matéria verde (PMV) (kg/parcela) e retirada uma subamostra de, aproximadamente, 200 g. Esta subamostra nos três primeiros cortes foi separada morfológicamente e, após a separação dos componentes lâmina foliar, colmo e material morto, estes foram secos para a determinação da matéria seca em estufa de ventilação forçada, a 65 °C. Nos demais cortes, a separação morfológica não foi realizada e uma subamostra foi tomada

diretamente para a determinação do peso seco. A partir do peso seco destas amostras, a porcentagem de matéria seca (%MS) foi estimada para o cálculo da produtividade de matéria seca foliar e total.

2.5 Caracteres avaliados

Inicialmente, antes da realização dos cortes, foi obtida uma amostra de, aproximadamente, 150 g de cada parcela pela simulação de pastejo, para aferição dos caracteres de valor nutritivo. Após a coleta, procedeu-se à secagem das amostras em estufa de ventilação forçada, a 65 °C, que, posteriormente, foram moídas em moinho com peneira de 1,0 mm. As amostras moídas foram passadas no *near-infrared reflectance spectroscopy* (NIRS), para a mensuração dos teores de proteína bruta (PB, %), fibra em detergente neutro (FDN, %), digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica (DIVMO, %) e lignina (LIG, %) (MARTEN; SHENK; BARTON, 1985).

Os caracteres agronômicos avaliados foram: PMV, produtividade de matéria seca total (MST, kg.ha⁻¹), produto entre a PMV e %MS, e, a partir da massa seca de folha, colmo e material morto, foram obtidas a porcentagem de folhas (%F) e a produtividade de matéria seca foliar (MSF, kg.ha⁻¹). Após sete dias da realização do corte, foi determinada a capacidade de rebrota (REB) de cada parcela, por meio de escala de notas baseada na densidade e na velocidade de rebrota (BASSO et al., 2009).

2.6 Análises estatístico-genéticas

Os dados fenotípicos dos caracteres PMV, MST e REB foram mensurados em sete cortes; já a %F, a MSF e os caracteres de valor nutritivo foram mensurados apenas nos três primeiros cortes. Estes foram analisados

considerando a estrutura de delineamento experimental e esquema de cruzamento por meio da abordagem de modelos mistos de Henderson, de acordo com o seguinte modelo estatístico (HENDERSON, 1984; MÖHRING; MELCHINGER; PIEPHO, 2011; RESENDE, 2002):

$$Y = X\beta + Z_1b + Z_2k + Z_3l + Z_4m + Z_5n + Z_6o + Z_7p + Z_8q + Z_9r \\ + Z_{10}s + Z_{11}t + Z_{12}u + Z_{13}v + e$$

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 incidências referentes aos efeitos aleatórios; β é o vetor de efeitos fixos do corte, do tipo de genótipo (testemunha BRS-Tupi (Tupi), genitores apomíticos (APO), genitores sexuais (SEX) (Tupi + APO + SEX, (GR)) e combinações híbridas não repetidas (H)) e da interação corte x tipo de genótipo, estes somados à média geral; b é o vetor de efeitos aleatórios de blocos, em que $b \sim NMV(0, \sigma_b^2)$ e σ_b^2 é o componente de variância associado aos efeitos de blocos; k é o vetor de efeitos aleatórios de ambiente temporário (bloco x corte), em que $k \sim NMV(0, \sigma_k^2)$ e σ_k^2 é o componente de variância associado aos efeitos de ambiente temporário; l é o vetor de efeitos aleatórios da interação blocos x genótipos, em que $l \sim NMV(0, \sigma_l^2)$ e σ_l^2 é o componente de variância associado aos efeitos da interação blocos x genótipos; m é o vetor de efeitos aleatórios de parentais sexuais, em que $m \sim NMV(0, \sigma_m^2)$ e σ_m^2 é o componente de variância associado aos efeitos de parentais sexuais; n é o vetor dos efeitos aleatórios de parentais apomíticos, em que $n \sim NMV(0, \sigma_n^2)$ e σ_n^2 é o componente de variância associado aos efeitos de parentais apomíticos; o é vetor de efeitos aleatórios da CGC dos parentais sexuais (CGC_{sex}), em que $o \sim NMV(0, \sigma_o^2)$ e σ_o^2 é componente de variância associado aos efeitos da CGC_{sex} ; p é o vetor de efeitos aleatórios da CGC dos parentais apomíticos (CGC_{apo}), em que $p \sim NMV(0, \sigma_p^2)$ e σ_p^2 é componente de variância associado aos efeitos da CGC_{apo} ; q é o vetor de efeitos aleatórios da CEC, em que

$q \sim NMV(0, \sigma_q^2)$ e σ_q^2 é o componente de variância associado aos efeitos da CEC; r é o vetor de efeitos aleatórios da interação parentais sexuais x corte, em que $r \sim NMV(0, \sigma_r^2)$ e σ_r^2 é o componente de variância associado aos efeitos da interação parentais sexuais x cortes; s é o vetor de efeitos aleatórios da interação parentais apomíticos x corte, em que $s \sim NMV(0, \sigma_s^2)$ e σ_s^2 é o componente de variância associado aos efeitos da interação parentais apomíticos x cortes; t é o vetor de efeitos aleatórios da interação CGC_{sex} x cortes, em que $t \sim NMV(0, \sigma_t^2)$ e σ_t^2 é o componente de variância associado aos efeitos da interação CGC_{sex} x cortes; u é o vetor de efeitos aleatórios da interação CGC_{apo} x cortes, em que $u \sim NMV(0, \sigma_u^2)$ e σ_u^2 é o componente de variância associado aos efeitos da interação CGC_{apo} x cortes; v é o vetor de efeitos aleatórios da interação CEC x cortes, em que $v \sim NMV(0, \sigma_v^2)$ e σ_v^2 é o componente de variância associado aos efeitos da interação CEC x cortes e e é o vetor de erros aleatórios, em que $e \sim NMV(0, \sigma_e^2)$ e σ_e^2 é componente de variância residual.

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). O ranqueamento dos parentais sexuais e apomíticos foi realizado com base nas predições BLUPs dos efeitos *per se* e da estimativa da CGC de cada genitor separadamente. Foi estimada a acurácia seletiva para todos os caracteres, bem como foram estimadas as herdabilidades no sentido amplo na média de genótipos (h^2), pela seguinte expressão (GOWDA et al., 2012):

$$h^2 = \frac{(\sigma_o^2 + \sigma_p^2 + \sigma_q^2)}{[(\sigma_o^2 + \sigma_p^2 + \sigma_q^2) + (\sigma_t^2/c) + (\sigma_u^2/c) + (\sigma_v^2/c) + (\sigma_e^2/c]}$$

em que c é o número de cortes. O erro padrão de cada estimativa da h^2 foi obtido. Todas as análises foram realizadas utilizando-se o software ASReml 3.0 (GILMOUR et al., 2009). Além disso, os valores genotípicos preditos dos

híbridos não repetidos foram obtidos, assim como um raqueamento univariado dos 30 melhores híbridos e o ganho com seleção para cada característica.

3 RESULTADOS

A precisão experimental foi verificada pelas estimativas da acurácia seletiva. Estas variaram de 67,33% (%F) a 85,76% (MSF), entre os caracteres agrônômicos. Para os caracteres de valor nutritivo, a acurácia variou de 32,28% (LIG) a 58,87% (PB) (Tabela 2).

Considerando o desempenho *per se* dos parentais apomíticos ($\hat{\sigma}_m^2$) e sexuais ($\hat{\sigma}_n^2$), houve variação genética significativa ($P < 0,05$) para a maioria dos caracteres avaliados, exceto para os caracteres FDN e LIG (sexuais) e PMV, MST e PB (apomíticos) (Tabela 2).

Detectou-se significância ($P < 0,05$) para a variância (σ_o^2) da CGC associada aos genitores sexuais (CGC_{sex}) para quase todos os caracteres avaliados, exceto LIG. A variância (σ_p^2) da CGC dos parentais apomíticos (CGC_{apo}) foi estatisticamente nula ($P > 0,05$), bem como para a componente de variância (σ_q^2) associada à capacidade específica de combinação (CEC) (Tabela 2). Mas, curiosamente, para PB, foi observada CEC significativa ($P < 0,05$), mesmo não havendo efeito *per se* para os parentais apomíticos e sexuais para este caráter.

Tabela 2 Estimativas da variância dos efeitos de parentais sexuais (σ_m^2), variância dos efeitos de parentais apomíticos (σ_n^2), variância dos efeitos da CGC_{sex} (σ_o^2), variância dos efeitos da CGC_{apo} (σ_p^2), variância dos efeitos da CEC (σ_q^2), variância dos efeitos da interação parentais sexuais x cortes (σ_r^2), variância dos efeitos da interação parentais apomíticos x cortes (σ_s^2), variância dos efeitos da interação CGC_{sex} x cortes (σ_t^2), variância dos efeitos da interação CGC_{apo} x cortes (σ_u^2), variância dos efeitos da interação CEC x cortes (σ_v^2), variância dos erros aleatórios (σ_e^2), herdabilidade no sentido amplo na média de genótipos (h^2 , entre parênteses - erro padrão), acurácia ($r_{\hat{g}g}$) e média geral (\bar{X}_{geral}), média da cultivar BRS-Tupi ($\bar{X}_{BRSTupi}$) e dos 611 híbridos ($\bar{X}_{Híbridos}$) para caracteres agrônômicos e de valor nutritivo em experimento de avaliação de progênes de irmãos germanos de *B. humidicola* sob sete cortes.

	PMV		MST		REB		%F		MSF	
	Variância	LRT	Variância	LRT	Variância	LRT	Variância	LRT	Variância	LRT
$\hat{\sigma}_m^2$	44858,60	26,55*	341383,0	25,72*	0,08	8,82*	100,30	41,80*	285260,00	36,88*
$\hat{\sigma}_n^2$	7227,34	3,24 ^{ns}	54975,6	3,44 ^{ns}	0,04	4,76*	33,59	16,94*	45005,70	13,3*
$\hat{\sigma}_o^2$	19110,50	58,95*	166589,0	62,22*	0,08	48,86*	18,20	15,02*	65678,70	30,92*
$\hat{\sigma}_p^2$	0,02	0,00 ^{ns}	0,19	0,00 ^{ns}	<0,001	0,00 ^{ns}	<0,001	0,00 ^{ns}	0,01	0,00 ^{ns}
$\hat{\sigma}_q^2$	0,02	0,00 ^{ns}	0,13	0,00 ^{ns}	<0,001	0,00 ^{ns}	1,60	0,60 ^{ns}	0,01	0,00 ^{ns}
$\hat{\sigma}_r^2$	24782,40	217,96*	190695,0	175,2*	0,12	146,3*	0,001	0,00	12445,70	23,1*
$\hat{\sigma}_s^2$	21732,70	226,76*	146525,0	153,6*	0,10	131,4*	4,36	5,00	10899,60	22,7*
$\hat{\sigma}_t^2$	4327,89	132,19*	28537,3	99,84*	0,02	65,76*	3,18	14,46*	4430,63	24,4*

Tabela 2, continua

	PMV		MST		REB		%F		MSF	
	Variância	LRT	Variância	LRT	Variância	LRT	Variância	LRT	Variância	LRT
$\hat{\sigma}_u^2$	0,01	0,00 ^{ns}	0,05	0,00 ^{ns}	<0,001	0,00 ^{ns}	<0,001	0,00 ^{ns}	46,85	0,0 ^{ns}
$\hat{\sigma}_v^2$	0,002	0,00 ^{ns}	0,02	0,00 ^{ns}	0,01	8,46*	0,64	0,22 ^{ns}	2365,59	4,64*
$\hat{\sigma}_e^2$	52344,90		480207,0		0,37		67,89		64085,00	
h^2	70,22 (0,1132)		69,60 (0,1133)		59,22 (0,1306)		45,33 (0,1378)		73,55 (0,1039)	
$r_{\hat{g}g}$	83,79		83,43		76,95		67,33		85,76	
\bar{X}_{geral}	0,67		1615,9		1,9		50,6		723,8	
$\bar{X}_{BRSTupi}$	0,71		2558,7		1,8		31,7		260,4	
$\bar{X}_{Híbridos}$	0,46		1698,73		2,0		52,1		821,5	
	PB		FDN		DIVMO		LIG			
	Variância	LRT	Variância	LRT	Variância	LRT	Variância	LRT	Variância	LRT
$\hat{\sigma}_m^2$	0,17	3,96*	0,25	3,46 ^{ns}	2,24	13,18*	<0,001	0,00 ^{ns}		
$\hat{\sigma}_n^2$	0,21	2,52 ^{ns}	0,70	4,50*	2,79	11,46*	0,03	8,59*		
$\hat{\sigma}_o^2$	0,10	5,12*	0,40	7,24*	1,90	11,42*	<0,001	1,13 ^{ns}		
$\hat{\sigma}_p^2$	<0,001	0,00 ^{ns}	0,02	0,18 ^{ns}	0,02	0,04 ^{ns}	<0,001	0,02 ^{ns}		
$\hat{\sigma}_q^2$	0,10	10,18*	<0,001	0,00 ^{ns}	0,44	2,36 ^{ns}	<0,001	2,97 ^{ns}		
$\hat{\sigma}_r^2$	0,12	10,46*	<0,001	0,00 ^{ns}	0,001	0,00 ^{ns}	<0,001	0,00 ^{ns}		
$\hat{\sigma}_s^2$	0,32	50,76*	0,43	5,60*	0,21	0,28 ^{ns}	0,01	4,18*		

Tabela 2, conclusão.

	PB		FDN		DIVMO		LIG	
	Variância	LRT	Variância	LRT	Variância	LRT	Variância	LRT
$\hat{\sigma}_t^2$	0,06	22,34*	0,17	11,4*	0,39	10,8*	<0,001	0,00 ^{ns}
$\hat{\sigma}_u^2$	<0,001	0,00 ^{ns}	0,01	0,16 ^{ns}	<0,001	0,00 ^{ns}	<0,001	0,02 ^{ns}
$\hat{\sigma}_v^2$	<0,001	0,00 ^{ns}	0,06	0,64 ^{ns}	<0,001	0,00 ^{ns}	<0,001	1,74 ^{ns}
$\hat{\sigma}_e^2$	1,09		6,36		17,01		0,15	
h^2	34,66		16,00		28,97		10,42	
	(0,1002)		(0,0870)		(0,1053)		(0,0509)	
$r_{\hat{g}g}$	58,87		40,00		53,82		32,28	
\bar{X}_{geral}	13,9		65,7		75,0		2,5	
$\bar{X}_{BRSTupi}$	13,5		67,8		71,3		2,9	
$\bar{X}_{Híbridos}$	13,9		65,4		75,2		2,5	

PMV, produção de massa verde (Kg.parcela⁻¹); MST, produtividade de massa seca total (kg.ha⁻¹); REB, capacidade de rebrota; %F, porcentagem de lâminas foliares; MSF, produtividade de massa seca foliar (kg.ha⁻¹); PB, proteína bruta (%); FDN, teor de fibra em detergente neutro (%); DIVMO, digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica (%); LIG, lignina (%).

* Significativo e ^{ns} não significativo pelo teste da razão de verossimilhança (LRT), com distribuição de $\chi^2_{(0,05;1)} = 3,84$.

Devido à avaliação em cortes consecutivos, tanto o efeito da interação dos fatores genéticos como os cortes foram testados (Tabela 2). Houve interação dos parentais *per se* com cortes ($P < 0,05$), exceto para %F, FDN, DIVMO e LIG para os parentais sexuais, e DIVMO para os parentais apomíticos. O efeito da interação da CGC_{sex} x cortes foi significativo ($P < 0,05$) para todos os caracteres, exceto LIG. Já para a interação da CGC_{apo} x cortes e da CEC x cortes não houve significância para a quase totalidade dos caracteres ($P > 0,05$), exceto para a interação CEC x cortes para %F e MSF.

As herdabilidades no sentido amplo na média de genótipos (h^2) foram de 70,22% (PMV), 69,60% (MST), 59,22% (REB), 45,31% (%F) e 73,55% (MSF), com erros padrões de 0,1132; 0,1133; 0,1306; 0,1378 e 0,1039, respectivamente (Tabela 2). Considerando-se os caracteres de valor nutritivo, as magnitudes das herdabilidades foram menores, variando de 10,42% (LIG) a 34,66% (PB) (Tabela 2). Entre os BLUPs *per se* para os genitores sexuais, os maiores valores em ordem decrescente foram observados para SEX9, SEX6 e SEX4, considerando os caracteres agrônômicos, tendo, para PB e DIVMO, o ordenamento sido similar (Tabela 3).

Tabela 3 Estimativas das médias BLUPs entre os parentais sexuais e apomíticos, média dos parentais apomíticos (\bar{X}_{Apo}) e sexuais (\bar{X}_{Sex}) para caracteres agronômicos e de valor nutritivo, na avaliação de progênies de irmãos-germanos de *B. humidicola*.

Híbridos	PMV	MST	REB	%F	MSF	PB	FDN	DIVMO	LIG
SEX1	0,67	2042,0	2,3	39,2	575,2	14,4	65,9	74,7	2,7
SEX2	0,46	1557,3	2,1	40,7	488,2	13,8	66,2	75,7	2,7
SEX3	0,62	1975,6	2,1	40,0	588,0	14,2	66,1	74,5	2,7
SEX4	0,72	2183,4	2,4	52,2	895,2	14,3	65,7	77,0	2,7
SEX5	0,42	1357,9	1,9	39,4	378,7	14,4	66,1	76,6	2,7
SEX6	0,81	2494,5	2,2	50,1	1070,6	14,4	65,4	77,4	2,7
SEX7	0,52	1683,9	2,1	44,3	504,3	13,9	66,4	75,0	2,7
SEX8	0,51	1678,2	2,0	36,9	482,4	14,1	66,2	74,8	2,7
SEX9	0,10	3128,3	2,7	67,7	2043,7	13,4	65,3	78,1	2,7
\bar{X}_{Sex}	0,64	2011,3	2,2	45,6	780,7	14,1	65,9	76,0	2,7
APO1	0,76	2332,0	2,1	46,0	787,6	14,4	65,3	77,1	2,6
APO2	0,77	2392,2	2,5	60,2	1166,3	13,9	66,1	74,3	2,7
APO3	0,70	2194,5	2,2	48,3	756,3	14,3	65,8	76,6	2,6
APO4	0,61	1877,4	2,0	43,4	538,9	14,4	65,9	74,7	2,9
APO5	0,69	2195,3	2,1	40,9	639,2	14,3	66,9	72,6	2,7
APO6	0,71	2206,2	2,2	47,5	881,9	14,7	65,3	76,3	2,5
APO7	0,82	2477,6	2,4	47,0	707,8	14,7	66,2	74,6	2,8
APO8	0,73	2209,2	2,2	43,5	714,7	14,6	65,2	76,0	2,9
APO9	0,70	2197,7	2,2	44,6	735,3	14,2	65,5	77,2	2,9
APO10	0,65	2016,1	2,2	43,7	490,8	15,1	64,4	76,8	2,6
\bar{X}_{Apo}	0,72	2209,8	2,2	46,5	741,9	14,4	65,7	75,6	2,7

PMV, produção de massa verde (Kg.parcela⁻¹); MST, produtividade de massa seca total (kg.ha⁻¹); REB, capacidade de rebrota; %F, porcentagem de lâminas foliares; MSF, produtividade de massa seca foliar (kg.ha⁻¹); PB, proteína bruta (%); FDN, teor de fibra em detergente neutro (%); DIVMO, digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica (%); LIG, lignina (%).

Como foi verificado efeito significativo somente para a CGC_{sex}, apenas os desvios genéticos para os genitores sexuais foram apresentados (Tabela 4). Assim, o genitor SEX3 foi o que apresentou maior magnitude da CGC para MST, REB e MSF, seguido do genitor SEX4, para os caracteres MST e MSF.

Para %F, os parentais com maior estimativa da CGC foram o SEX4 e SEX9. Os parentais sexuais que apresentaram maior rendimento pela média BLUP não necessariamente foram superiores pelas CGCs, exceto para %F, em que a correspondência foi maior.

Em relação aos caracteres de valor nutritivo, os híbridos SEX3 e SEX4 se destacaram, reforçando o fato de estes serem os mais promissores, tanto para caracteres agronômicos quanto de valor nutritivo.

Tabela 4 Estimativas das capacidades gerais de combinação para os genitores sexuais e os respectivos erros padrões (SE) para os caracteres produção de massa verde (PMV, Kg.parcela⁻¹), produtividade de massa seca total (MST, kg.ha⁻¹), capacidade de rebrota (REB), porcentagem de lâminas foliares (%F), produtividade de massa seca foliar (MSF, kg.ha⁻¹), proteína bruta (PB, %), teor de fibra em detergente neutro (FDN, %), digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica (DIVMO, %) e lignina (LIG, %), na avaliação de progênies de irmãos germanos de *B. humidicola*, em sete cortes.

Híbridos	PMV	SE	MST	SE	REB	SE	%F	SE	MSF	SE
SEX1	-42,88	58,97	-131,40	169,60	-0,11	0,12	-7,09	2,08	-194,70	104,70
SEX2	-78,04	75,83	-252,20	218,00	-0,05	0,16	0,38	2,77	-107,80	133,30
SEX3	336,50	54,48	998,50	156,80	0,67	0,11	3,25	1,89	595,70	97,76
SEX4	0,50	64,93	14,21	186,50	-0,05	0,13	4,88	2,31	85,22	114,10
SEX5	-27,62	61,55	-83,27	176,90	-0,03	0,13	-0,29	2,18	-28,34	108,80
SEX6	-18,22	55,93	-61,91	160,90	-0,12	0,12	-0,47	1,95	-34,56	99,89
SEX7	-27,34	56,89	-71,22	163,70	0,06	0,12	0,78	2,00	-31,28	101,50
SEX8	-124,00	58,36	-356,50	167,90	-0,33	0,12	-4,92	2,07	-267,40	104,20
SEX9	-18,87	57,22	-56,12	164,60	-0,04	0,12	3,48	2,01	-16,74	102,20

Tabela 4, conclusão.

Híbridos	PB	SE	FDN	SE	DIVMO	SE	LIG	SE
SEX1	0,06	0,21	0,49	0,36	-1,96	0,70	0,032	0,030
SEX2	-0,20	0,26	0,10	0,46	-0,72	0,94	0,002	0,034
SEX3	0,55	0,19	-0,92	0,33	1,31	0,64	-0,037	0,026
SEX4	-0,11	0,23	-0,55	0,40	1,82	0,77	-0,020	0,032
SEX5	0,13	0,22	-0,21	0,38	0,56	0,73	-0,004	0,031
SEX6	0,16	0,20	-0,20	0,34	0,49	0,66	0,026	0,027
SEX7	-0,18	0,20	0,00	0,34	0,29	0,68	0,004	0,029
SEX8	-0,22	0,21	0,84	0,36	-1,49	0,70	-0,002	0,030
SEX9	-0,20	0,20	0,46	0,35	-0,30	0,68	-0,001	0,029

Com base nas estimativas da CEC relativas ao caráter PB (Tabela 5), foram observadas maiores magnitudes deste efeito para os cruzamentos SEX6 x APO2, SEX7 x APO8, SEX6 x APO9 e SEX9 x APO10. Contudo, os parentais sexuais nestas combinações não associaram CGC superiores. Contudo, mesmo considerando que 15 cruzamentos representaram, aproximadamente, 20% de todas as combinações, houve presença de todos parentais sexuais, ou seja, pelas CECs, houve uma uniformidade na presença destes entre as melhores combinações.

Tabela 5 Estimativas das capacidades específicas de combinação para os cruzamentos entre genitores apomíticos x sexuais e os respectivos erros padrões (SE) para proteína bruta (PB) na avaliação de progênies de irmãos germanos de *B. humidicola* avaliadas em três cortes. Campo Grande, MS.

Cruzamento	PB	SE
SEX6 x APO2	0,4575	0,2260
SEX7 x APO8	0,4116	0,2759
SEX6 x APO9	0,3530	0,2340
SEX9 x APO10	0,3346	0,2669
SEX3 x APO5	0,2659	0,1647
SEX8 x APO4	0,2607	0,2717
SEX5 x APO4	0,2549	0,2770
SEX1 x APO3	0,2236	0,2484
SEX4 x APO1	0,2150	0,2632
SEX3 x APO8	0,1811	0,1951
SEX9 x APO9	0,1589	0,2373
SEX5 x APO1	0,1554	0,2987
SEX6 x APO5	0,1502	0,2298
SEX3 x APO3	0,1475	0,2245
SEX8 x APO7	0,1439	0,2676

O efeito não significativo das CECs não necessariamente implica em falta de variabilidade entre os híbridos gerados, haja vista que, observando-se os valores genotípicos preditos, é possível identificar híbridos superiores (Tabela 6). Especialmente para PMV, MST e MSF, o híbrido H1243, oriundo do cruzamento SEX3 x APO5, se destacou, além de ser ranqueado na terceira posição para REB. Outros que se destacaram quanto aos caracteres agronômicos foram os híbridos H12144, H12135, H1294 e H1261.

Com relação aos caracteres de valor nutritivo, os híbridos que se mostraram superiores não foram coincidentes aos assinalados quanto aos caracteres agronômicos, com destaque para os híbridos H12286, H12290 e H1237 (PB); H12125, H1231 e H12126 (FDN); H12613, H12110 e H12574 (DIVMO); H12204, H12513 e H12526 (LIG), nas primeiras posições para estes caracteres. Vale ressaltar que, para os caracteres FDN e LIG, a seleção é no sentido de reduzir os teores da fibra.

Os ganhos com a seleção para os caracteres agronômicos ficaram acima de 17%, com destaque para MSF, com ganho extremamente alto de 127,9% (Tabela 6). Para os caracteres de valor nutritivo, os ganhos foram inferiores: 6,4% (PB), 2,1% (FDN), 3,2% (DIVMO) e 5,1% (LIG).

Em relação à seleção de progênies, as nove melhores progênies entre os caracteres agronômicos foram oriundas dos cruzamentos com a SEX3, sendo os cruzamentos com os híbridos apomíticos APO5, APO6 e APO7 as melhores progênies. Também foi verificado que todos os 30 melhores híbridos são de progênies da SEX3 entre os caracteres agronômicos.

Tabela 6 Estimativas das médias BLUPs (\bar{X}_{BLUP}) e ganhos com seleção (GS_{30}) para os caracteres produção de massa verde (PMV, kg.parcela⁻¹), produtividade de massa seca total (MST, kg.ha⁻¹), capacidade de rebrota (REB), porcentagem de lâminas foliares (%F), produtividade de massa seca foliar (MSF, kg.ha⁻¹), proteína bruta (PB, %), teor de fibra em detergente neutro (FDN, %), digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica (DIVMO, %) e lignina (LIG, %) dos 30 melhores híbridos de *B. humidicola*.

PMV		MST		REB		%F		MSF	
Híbridos	\bar{X}_{BLUP}	Híbridos	\bar{X}_{BLUP}	Híbridos	\bar{X}_{BLUP}	Híbridos	\bar{X}_{BLUP}	Híbridos	\bar{X}_{BLUP}
H1243	1,60	H1243	4524,3	H1251	2,91	H12608	61,91	H1243	2390,57
H12144	1,23	H12144	3705,1	H12102	2,87	H12626	61,71	H12179	1848,75
H12135	1,10	H12135	3384,5	H1243	2,83	H12609	61,63	H12144	1811,09
H1294	1,09	H1294	3349,9	H1269	2,83	H12580	61,33	H1294	1777,51
H12182	1,07	H1261	3166,7	H1261	2,80	H12347	60,73	H1261	1734,46
H1261	1,04	H12182	3150,6	H12190	2,79	H12229	60,65	H1255	1726,32
H1276	1,04	H1276	3100,0	H12153	2,79	H12444	60,17	H1281	1701,23
H1233	1,03	H12116	3075,9	H1298	2,79	H12349	59,76	H1236	1685,82
H1280	1,02	H1268	3074,1	H129	2,77	H12625	59,71	H1233	1675,64
H12163	1,02	H1280	3052,5	H12154	2,77	H12605	59,63	H1267	1665,68
H1268	1,01	H12111	3034,9	H1232	2,76	H12228	59,51	H1284	1653,99
H1236	0,99	H1236	2985,5	H1250	2,76	H1216	59,36	H1216	1640,74
H12116	0,99	H12139	2981,6	H1284	2,76	H1210	59,22	H1286	1627,34
H1265	0,98	H1233	2979,6	H12115	2,75	H12359	59,18	H1232	1627,12
H12131	0,98	H12163	2949,2	H12162	2,74	H12454	59,11	H1212	1619,41

Tabela 6, continua

PMV		MST		REB		%F		MSF	
Híbridos	\bar{X}_{BLUP}	Híbridos	\bar{X}_{BLUP}	Híbridos	\bar{X}_{BLUP}	Híbridos	\bar{X}_{BLUP}	Híbridos	\bar{X}_{BLUP}
H12139	0,96	H1265	2938,3	H1258	2,74	H12345	59,02	H12111	1611,32
H1250	0,95	H12187	2923,1	H12103	2,74	H12581	58,88	H12163	1604,97
H12179	0,95	H1250	2902,4	H1233	2,73	H1211	58,84	H1268	1595,56
H1277	0,94	H1269	2902,3	H1228	2,73	H12346	58,80	H12370	1589,04
H12111	0,94	H12153	2893,7	H1211	2,73	H12370	58,78	H12135	1578,32
H121	0,94	H1277	2888,9	H12101	2,73	H1258	58,74	H121	1570,20
H1269	0,94	H12179	2869,1	H1275	2,72	H1232	58,72	H12153	1558,76
H12170	0,94	H1255	2863,6	H1224	2,72	H12237	58,72	H1275	1539,88
H1255	0,94	H1221	2854,9	H1268	2,72	H121	58,65	H12162	1528,66
H1221	0,93	H12115	2849,6	H12140	2,71	H129	58,55	H12171	1528,30
H1281	0,93	H1281	2844,7	H12182	2,71	H12361	58,54	H1283	1524,60
H12187	0,93	H12131	2843,2	H12177	2,71	H12193	58,49	H1277	1523,96
H12166	0,92	H12137	2842,2	H1216	2,70	H12607	58,45	H1250	1522,84
H12375	0,92	H1291	2831,9	H1235	2,70	H12196	58,44	H1251	1522,19
H1284	0,92	H12149	2828,8	H1236	2,70	H12624	58,43	H12142	1514,67
\bar{X}_{30}	1,01		3053,1		2,8		59,5		1650,0
GS_{30}	90,9		88,9		43,6		17,6		127,9

Tabela 6, continua

PB		FDN		DIVMO		LIG	
Híbridos	\bar{X}_{BLUP}	Híbridos	\bar{X}_{BLUP}	Híbridos	\bar{X}_{BLUP}	Híbridos	\bar{X}_{BLUP}
H12286	14,94	H12125	63,99	H12613	78,26	H12209	2,34
H12290	14,85	H1231	64,07	H12110	77,96	H12513	2,35
H1237	14,85	H12126	64,13	H12574	77,80	H12526	2,37
H1210	14,84	H12118	64,16	H12126	77,77	H12522	2,37
H1245	14,83	H12114	64,20	H12118	77,74	H12578	2,37
H12281	14,81	H12119	64,23	H12610	77,69	H12117	2,37
H1229	14,81	H1229	64,26	H12188	77,66	H12200	2,38
H1231	14,80	H1259	64,30	H12570	77,51	H12125	2,39
H1227	14,80	H12204	64,31	H12598	77,50	H12110	2,39
H1241	14,80	H12120	64,31	H12569	77,48	H12378	2,39
H1235	14,80	H12613	64,32	H12256	77,46	H12516	2,39
H1218	14,78	H1241	64,32	H12129	77,43	H12582	2,39
H12108	14,77	H1256	64,32	H12621	77,42	H12121	2,40
H1247	14,77	H1260	64,32	H1231	77,42	H12114	2,40
H1246	14,76	H1244	64,32	H12117	77,41	H12529	2,40
H124	14,75	H1245	64,32	H12571	77,34	H12124	2,40
H1236	14,75	H1267	64,33	H1245	77,32	H12112	2,40
H12102	14,75	H12569	64,34	H12273	77,30	H12129	2,40
H1219	14,74	H12570	64,34	H12121	77,30	H12118	2,40
H125	14,74	H1250	64,34	H12124	77,27	H12528	2,40
H1230	14,74	H1236	64,36	H12627	77,22	H12258	2,40

Tabela 6, conclusão.

PB		FDN		DIVMO		LIG	
Híbridos	\bar{X}_{BLUP}	Híbridos	\bar{X}_{BLUP}	Híbridos	\bar{X}_{BLUP}	Híbridos	\bar{X}_{BLUP}
H12285	14,71	H1215	64,36	H1225	77,20	H12532	2,40
H1214	14,71	H1233	64,37	H12111	77,18	H12256	2,40
H12457	14,71	H12121	64,37	H12276	77,18	H12623	2,40
H12279	14,69	H1237	64,38	H12158	77,18	H12111	2,41
H1224	14,69	H12111	64,38	H12122	77,15	H12113	2,41
H1225	14,69	H12117	64,39	H12287	77,10	H12543	2,41
H1234	14,69	H1274	64,39	H12279	77,09	H12521	2,41
H121	14,69	H12113	64,39	H12184	77,06	H12342	2,41
H1296	14,67	H1279	64,40	H12575	77,06	H12193	2,41
\bar{X}_{30}	14,8		64,3		77,4		2,4
GS_{30}	6,4		-2,1		3,2		-5,1

4 DISCUSSÃO

O melhoramento genético de *B. humidicola* usando a hibridação é uma atividade recente (JANK; VALLE; RESENDE, 2011). Estas hibridações iniciaram-se em 2005, após a identificação de uma única planta sexual (acesso H31) no banco ativo de germoplasma com mesmo nível de ploidia ($2n=6x=36$) da maioria dos acessos apomíticos (JUNGMANN et al., 2010). Essa planta foi cruzada com a cv. BRS-Tupi, gerando uma população de F_1 de, aproximadamente, 360 híbridos, dos quais 50 foram avaliados agronomicamente e nutricionalmente (FIGUEIREDO; NUNES; VALLE, 2012). Após esta avaliação, com o objetivo de dar continuidade ao programa, fez-se necessário caracterizar melhor os híbridos para a identificação do seu potencial como genitores. Uma estratégia comumente utilizada por melhoristas é o uso dos dialelos e, por conseguinte, a estimação de parâmetros que descrevem o potencial desses genótipos em combinação a partir de avaliações em experimentos dos híbridos gerados.

A acurácia ficou acima de 67%, indicando a boa confiabilidade experimental dos dados utilizados (RESENDE; DUARTE, 2007), exceto para os caracteres de valor nutritivo, no qual as acurácias indicaram mediana precisão experimental. As herdabilidades (h^2) estimadas foram de mediana a alta magnitude entre os caracteres, valores estes semelhantes aos encontrados para esta espécie (ASSIS et al., 2014; FIGUEIREDO; NUNES; VALLE, 2012). Além disso, os erros padrões associados às h^2 foram baixos, evidenciando mais uma vez a boa qualidade dos dados.

Uma questão importante para a obtenção de estimativas válidas dos parâmetros CGC e CEC é a representatividade alcançada por um dado genitor em cruzamentos. De acordo com Veiga; Ferreira; Ramalho (2000), as condições presentes foram favoráveis à estimação, na medida em que, para quase todos os

genitores apomíticos ou sexuais, obteve-se ao menos sua participação em três cruzamentos distintos. Não obstante o exposto, apenas os genitores sexuais apresentaram variação associada com a CGC. Os genitores apomíticos não manifestaram variação significativa para este efeito, bem como não houve CEC entre genitores apomíticos e sexuais testados para praticamente todos os caracteres agrônômicos e de valor nutritivo mensurados. Este cenário indica predominância da variância, devido aos efeitos aditivos, na ausência de epistasia (FALCONER; MACKAY, 1996; RAMALHO et al., 2012).

Para os genitores apomíticos, apesar de não ter sido observada variabilidade *per se* para alguns caracteres (PMV, MST e PB), a presença de CGC_{apo} era esperada para estes caracteres, isto porque estes genótipos são hexaploides e, apesar de serem irmãos-germanos, existe variabilidade entre eles dentro da população (FIGUEIREDO; NUNES; VALLE, 2012). Além disso, existem evidências de que esta espécie seja um aloploiploide (BOLDRINI; PAGLIARINI; VALLE, 2009; BOLDRINI et al., 2009; JUNGSMANN et al., 2010) e, conforme relatado na literatura, espécies aloploiploides são menos afetadas pela depressão por endogamia do que autoploiploides e diploides (COMAI, 2005; HUSBAND et al., 2008).

Contudo, a presença ou ausência da CGC não deve ser negligenciada, mesmo para os caracteres em que não foram observados efeitos *per se*, isto porque os valores genotípicos (G_{ij}) de cada indivíduo diploide considerando um loco A , com alelos A_i e A_j , são definidos como $G_{ij} = \mu + \alpha_i + \alpha_j + \delta_{ij}$, em que μ é a média da população, α_i é o efeito médio do alelo A_i , α_j é o efeito médio do alelo A_j e δ_{ij} é o desvio de dominância associado à interação dos alelos A_i e A_j . Já as estimativas da CGC são obtidas pela expressão quando o P1 é cruzado com um testador P2 ($G_{i^{P1}j^{P2}}$), em que P1 ou P2 indicam a origem de um alelo. Assim, $G_{i^{P1}j^{P2}} = \mu_{P1 \times P2} + \alpha_i^{P1} + \alpha_j^{P2} + \delta_{ij}^{P1P2}$, em que $\mu_{P1 \times P2}$ é

a média do cruzamento em duas populações, α_i^{P1} é o efeito médio do alelo A_i^{P1} quando testado com o P2, α_j^{P2} é o efeito médio do alelo A_j^{P2} quando testado com o P2 e δ_{ij}^{P1P2} é o desvio de dominância associado com o genótipo $A_i^{P1}A_j^{P2}$ (BERNARDO, 2010, pág. 59 e 66). A partir disso, verifica-se que G_{ij} é dependente do efeito médio de um alelo dentro de uma mesma população, enquanto na estimativa da $G_{iP1;P2}$, o cruzamento P1 x P2 é a população de referência.

Diante disso, é possível inferir que não existe associação plena entre G_{ij} e $G_{iP1;P2}$, ou seja, a ausência de variação no desempenho *per se* não implicaria em estimativas de CGC e CEC nulas, fato este reforçado pela falta de associação entre os BLUPs dos parentais e suas respectivas estimativas de CGC, no caso de espécies diploides. Como, neste estudo, o número base de cromossomos caracteriza a *B. humidicola* como hexaploide, dentro da população pode haver presença de híbridos nulíplex (aaaaaa) a hexaplex (AAAAAA), e estas interações alélicas podem variar de bialélica a hexalélica, o que pode contribuir ainda mais para essa não associação entre G_{ij} e $G_{iP1;P2}$.

Neste caso, outra hipótese sugerida seria o fato de os genótipos apomíticos carregarem na constituição do gameta um bloco gênico sem alteração, ou seja, na formação dos gametas apomíticos a recombinação pode não ocorrer. Isto é semelhante ao que é relatado em machos de *Drosophila melanogaster*, pois a presença de *crossing over* e a frequência de recombinação ocorrem frequentemente em fêmeas; em machos, a frequência é baixa (HIRAIZUMI, 1971).

Por outro lado, se os parentais forem não representativos da população, a estimativa pode estar viesada, conforme a avaliação de linhas endogâmicas ou populações que não estão em equilíbrio de Hardy-Weinberg (GRIFFING, 1956b). Portanto, no presente caso, os parentais sexuais estão em heterozigose e,

além disso, são indivíduos hexaploides, nos quais a chance de um alelo ser idêntico por descendência é menor do que em espécies diploides (WRICKE; WEBER, 1986), ou seja, a endogamia, provavelmente, não estaria atuando.

A significância da variância do efeito de CGC_{sex} permitiu selecionar genitores que contribuem para aumentar a frequência de alelos favoráveis em descendentes futuros para os caracteres PMV, MST e MSF. Assim, destacou-se o híbrido SEX3 com maiores estimativas da CGC. Além disso, o erro padrão da estimativa foi inferior aos demais híbridos, o que pode ser explicado pelo alto número de descendentes (189). No outro extremo, apenas 11 descendentes foram obtidos para o híbrido SEX2, resultando numa estimativa de CGC menos precisa.

Para a %F se destacaram os híbridos SEX4 e SEX9. Este caráter é de grande importância dentro do programa de melhoramento de *Brachiaria*, haja vista que animais ruminantes selecionam folhas ao se alimentar em um pasto (TRINDADE et al., 2007) e, do ponto de vista de melhoramento genético, este não apresenta elevadas correlações genéticas com os caracteres de produção, indicando a não possibilidade de ganhos indiretos, caso a seleção se realize somente pela produção de biomassa (BASSO et al., 2009; FIGUEIREDO; NUNES; VALLE, 2012). Do ponto de vista de CGC, o genitor SEX4 se mostrou superior em relação aos demais, tanto para PMV e MST quanto para %F, ou seja, este genitor pode contribuir em cruzamentos para que se encontrem genótipos recombinantes, tanto com alta produção de biomassa como para %F.

Outro ponto importante, do ponto de vista estatístico, é que a escolha do modelo de dialelo usado interfere nas estimativas dos parâmetros (YAO et al., 2013). Nesse sentido, as estimativas das CGC e CEC foram obtidas no presente trabalho em conformidade com o método 4 de Griffing (MÖHRING; MELCHINGER; PIEPHO, 2011), ou seja, no cálculo das estimativas das capacidades de combinação, o desempenho *per se* dos parentais não foi levado

em consideração de forma direta e, sim, contribuindo para o ajuste das predições das capacidades combinatórias. Yao et al. (2013) concluíram que o método 3 de Griffing foi o que proporcionou estimativas da CEC menos viesadas em relação aos outros métodos de Griffing e aos métodos II (GEII) e III (GEIII) de Gardner e Eberhart (GARDNER; EBERHART, 1966) e, além disso, o método 4 de Griffing proporciona estimativas da CEC idênticas às dos métodos GEII e GEIII.

Estimativas da variância dos efeitos das CECs de híbridos em um dialelo de milho pelo método 3 também proporcionaram a identificação de um número maior de cruzamentos com alta performance em relação ao método 4 e, assim, o efeito dos recíprocos foi importante e deve ser considerado para a identificação de combinações altamente superiores (FAN et al., 2014). Todavia, no presente trabalho, o efeito de recíprocos não foi utilizado, devido à limitação existente na espécie, pois a mesma se reproduz por apomixia, assim impossibilitando a produção de híbridos recíprocos, como ocorre frequentemente no milho.

Infelizmente, a variância da CEC foi significativa apenas para PB e, com isso, a possibilidade de encontrar combinações híbridas superiores foi limitada para os principais caracteres, no caso os agronômicos. Não obstante a ausência de CEC, foi possível evidenciar a existência de variabilidade entre os híbridos gerados para os caracteres considerados. Este fato é importante para a continuidade do programa visando à seleção de potenciais candidatos a cultivares ou genitores.

As estimativas da interação de cortes com a CGC_{sex} e o efeito do desempenho *per se*, exceto para %F dos sexuais, foram significativos, indicando a necessidade de vários cortes, como foi avaliado para se ter uma melhor confiabilidade na seleção. Isto porque o comportamento dos parentais sexuais foi não coincidente entre os cortes. Para os demais efeitos que foram não significativos, como CGC_{apo} , a CEC e o efeito *per se* dos apomíticos (PMV, MST e PB), a interação com os cortes não foi significativa. A existência da

interação genótipos x cortes é comumente relatada em forrageiras (ASSIS et al., 2014; FIGUEIREDO et al., 2013; SOUZA SOBRINHO et al., 2010)

Neste estudo propôs-se a seleção de genitores sexuais e também apomíticos para subsidiar a composição de uma população base de melhoramento num programa de seleção recorrente e, assim, contribuir para aumentar a diversificação das pastagens com esta espécie no Brasil. Porém, os resultados sugerem cautela, especialmente com relação aos genótipos apomíticos, o que limita as decisões acerca de futuros cruzamentos. Genótipos apomíticos são utilizados como genitores machos, ou seja, havendo CGCs apenas para os genótipos sexuais, o programa deverá se basear no melhoramento da população sexual, explorando os efeitos aditivos presentes.

O melhoramento da população apomítica pode ficar prejudicado devido a não presença de CGC entre os genitores apomíticos, comprometendo o potencial de extrair futuros candidatos. Pensando nisso, estudos a respeito da endogamia nesta espécie são pertinentes, a fim de esclarecer melhor o que pode estar acontecendo com a ausência de combinações híbridas superiores, haja vista que estes genitores são a única fonte de variabilidade presente hoje neste programa, e os mesmos são irmãos germanos. Em curto prazo, uma introdução de uma nova fonte de variabilidade poderá trazer perenidade para o programa, como os cruzamentos já realizados com a planta apomítica H47, o que não é observado a partir deste estudo com este *pool* gênico avaliado.

Mas, na população gerada, híbridos superiores foram encontrados e, com a seleção, ficou evidenciada a possibilidade de ganhos, especialmente para os caracteres agronômicos, para os quais os ganhos genéticos com a seleção foram de elevada magnitude.

5 CONCLUSÕES

Houve presença da capacidade geral de combinação apenas para os parentais sexuais, enquanto para os apomíticos ela foi nula. O híbrido SEX3 apresentou estimativa da capacidade geral de combinação superior para todos os caracteres, dentre os genitores sexuais.

A capacidade específica de combinação foi ausente para os caracteres agrônômicos e presente apenas para proteína bruta, dentre os de valor nutritivo. As combinações híbridas SEX6 x APO2, SEX7 x APO8, SEX6 x APO9 e SEX9 x APO10 foram superiores nas estimativas da capacidade específica de combinação para proteína bruta.

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, pela concessão da bolsa de estudos de doutorado.

REFERÊNCIAS

- ASSIS, G. M. L. DE et al. Genetic divergence among *Brachiaria humidicola* (Rendle) Schweick hybrids evaluated in the Western Brazilian Amazon. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, 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**, 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**, v. 31, n. 1, p. 17–22, mar. 2009.
- BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. Woodbury: Stemma, 2010. 400 p.
- BOLDRINI, K. R. et al. Origin of a polyploid accession of *Brachiaria humidicola* (Poaceae: Panicoideae: Paniceae). **Genetics and Molecular Research**, v. 8, n. 3, p. 888–895, 2009.
- BOLDRINI, K. R.; PAGLIARINI, M. S.; VALLE, C. B. do Meiotic behavior of a nonaploid accession endorses $x = 6$ for *Brachiaria humidicola* (Poaceae). **Genetics and Molecular Research**, v. 8, n. 4, p. 1444–1450, 2009.
- CASLER, M. D. Changes in mean and genetic variance during two cycles of within-family selection in Switchgrass. **BioEnergy Research**, v. 3, n. 1, p. 47–54, Jan. 2010.
- COMAI, L. The advantages and disadvantages of being polyploid. **Nature Reviews. Genetics**, v. 6, n. 11, p. 836–846, Nov. 2005.
- 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.
- FAN, X. M. et al. Reciprocal diallel crosses impact combining ability, variance estimation, and heterotic group classification. **Crop Science**, v. 54, n. 1, p. 89, 2014.

FIGUEIREDO, U. J. de et al. Effects of season and year of evaluation in the selection of *Brachiaria humidicola* hybrids. **Tropical Grasslands - Forrajes Tropicales**, v. 1, p. 76–77, 2013.

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

GARDNER, C. O.; EBERHART, S. A. Analysis and interpretation of the variety cross diallel and related populations. **Biometrics**, v. 22, n. 3, p. 439–452, 1966.

GILMOUR, A. et al. **ASReml user guide, release 3.0**. Hemel Hempstead: UK International Ltd., 2009. 320 p.

GOWDA, M. et al. Relevance of specific versus general combining ability in winter wheat. **Crop Science**, v. 52, n. 6, p. 2494–2500, 2012.

GRIFFING, B. A generalised treatment of the use of diallel crosses in quantitative inheritance. **Heredity**, v. 10, n. 1, p. 31–50, 1956.

GROOSE, R. W.; KOJIS, W. P.; BINGHAM, E. T. Combining ability differences between isogenic diploid and tetraploid alfalfa. **Crop Science**, v. 28, n. 1, p. 7–10, 1988.

HENDERSON, C. R. **Applications of linear models in animal breeding**. Guelph: University of Guelph, 1984. 462 p.

HIRAIZUMI, Y. Spontaneous recombination in *Drosophila melanogaster* males. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 68, n. 2, p. 268–270, 1971.

HUSBAND, B. C. et al. Mating consequences of polyploid evolution in flowering plants: current trends and insights from synthetic polyploids. **International Journal of Plant Sciences**, v. 169, n. 1, p. 195–206, Jan. 2008.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. **Censo agropecuário 2006**: Brasil, grandes regiões e unidades da federação. Rio de Janeiro, 2006. 777 p.

JANK, L.; VALLE, C. B. do; RESENDE, R. M. S. Breeding tropical forages. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. S1, p. 27–34, 2011.

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

KELLER-GREIN, G.; MAASS, B. L.; HANSON, J. Natural variation in *Brachiaria* and existing germplasm collections. In: MILES, J. W.; MAASS, B. L.; VALLE, C. B. do (Ed.). ***Brachiaria: biology, agronomy and improvement***. Colombia: Cati, 1996. p. 17–42.

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

MASOOD, S. A. et al. Role of combining ability to develop higher yielding wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes: An overview. **Nature and Science**, v. 12, n. 11, p. 155–161, 2014.

MENEZES, C. B. de et al. Combining ability of potato genotypes for cool and warm seasons in Brazil. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 1, n. 2, p. 145–157, 2001.

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

MÖHRING, J.; MELCHINGER, A. E.; PIEPHO, H. P. REML-Based diallel analysis. **Crop Science**, v. 51, n. 2, p. 470–478, 2011.

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

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

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

SANTOS, S. A. et al. **Sistema de produção de gado de corte do Pantanal**. Corumbá: EMBRAPA Pantanal, 2002. 80 p.

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

TRINDADE, J. K. DA et al. Composição morfológica da forragem consumida por bovinos de corte durante o rebaixamento do capim-marandu submetido a estratégias de pastejo rotativo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 42, n. 6, p. 883–890, jun. 2007.

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

VEIGA, R. D.; FERREIRA, D. F.; RAMALHO, M. A. P. Eficiência dos dialelos circulantes na escolha de genitores. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 35, n. 7, p. 1395–1406, 2000.

WRICKE, G.; WEBER, W. E. **Quantitative genetics and selection in plant breeding**. New York: Walter de Gruyter, 1986. 406 p.

YAO, W. H. et al. Diallel analysis models: A comparison of certain genetic statistics. **Crop Science**, v. 53, n. 4, p. 1481–1490, 2013.

ZORZATTO, C. et al. Identification of a molecular marker linked to apomixis in *Brachiaria humidicola* (Poaceae). **Plant Breeding**, v. 129, n. 6, p. 734–736, Dec. 2010.

ARTICLE 2 - Early Selection in Perennial Tropical Forages

Article written according to the guidelines of the journal Crop Science

Early Selection in Perennial Tropical Forages

Ulisses José de Figueiredo, José Airton Rodrigues Nunes, Cacilda Borges do Valle, Sanzio Carvalho Lima Barrios, Kenneth H. Quesenberry, and Patricio Munoz*

U.J. de Figueiredo, J.A.R. Nunes, Biology Dep., Universidade Federal de Lavras (Federal University of Lavras), Lavras, MG 37200-000, Brazil; C.B. do Valle, S.C.L. Barrios, Embrapa Gado de Corte (Embrapa Beef Cattle), Campo Grande, MS 79106-550, Brazil; K.H. Quesenberry, P. Munoz, Agronomy Dep., University of Florida, P.O. Box 110965, Gainesville, FL 32611, USA.

*Corresponding author (p.munoz@ufl.edu)

Abbreviations: T1, trial 1; T2, trial 2; T3, trial; T4, trial 4; T5, trial 5; T6, trial 6; RCBD, randomized complete block design; RIBD, randomized incomplete block design; TDM, total dry matter yield; %L, leaf percentage; LDM, leaf dry matter yield; REG, regrowth; CP, crude protein; NDF, neutral detergent fiber; IVOMD, *in vitro* organic matter digestibility; LIG, lignin; NIRS, near infrared spectroscopy; LRT, likelihood ratio test; *SE*, selection efficiency; SS, screening trials; FT, final trials.

Abstract

Perennial grasses of the genus *Brachiaria* are evaluated for at least two years over multiple harvests before selection in screening stage (SS) and final stage (FS) trials, an expensive and time-consuming process. Thus, the objective of this study was to evaluate early selection of cultivars in the breeding process. Data from a screening trial of 52 genotypes of *B. humidicola* (T1), 51 genotypes (T2) and 324 genotypes (T3) of *B. decumbens*, and two elite trials with eight genotypes carried out in the municipalities of Campo Grande (T4) and Terenos (T5) were used, plus combined analyses of T4 and T5 (T6). Several harvests were made in the plots in these trials in each of the two years of evaluation, and the agronomic and nutritive value traits were measured. A linear mixed model was fitted using the software ASReml considering cumulative harvests, from harvest 2 to the last harvest, to estimate the repeatability coefficient. Furthermore, the genetic correlation, selection efficiency (*SE*), and Spearman rank correlation were estimated between the optimum number of harvests to select based on the repeatability coefficient and total number of harvests evaluated. Considering the traits evaluated for SS, repeatability analysis indicated that early selection can be applied with six harvests (one and a half years) for T1; for T2 and T3, selections may also be applied, although with one year of evaluation. For FS, the scenario was better than for SS - based on repeatability, one year is optimal for selecting superior genotypes (eight harvests). These results are confirmed by genetic and Spearman rank correlations at almost 1.00, and the *SE* was above 50%. The trial T1 stood out, with *SE* above 87.5%.

Thus, our results support that a reliable early selection in one and half year for SS and one year for FS is possible, which can save considerable time, labor, and resources.

1. Introduction

The Brazilian livestock industry is based on extensive grazing areas with the predominance of pastures composed of various species of *Brachiaria* and *Panicum maximum*. More than 60% of the pasture area is covered by a few *Brachiaria* cultivars (Nogueira, 2012) due to their high adaptation to poor, acidic soils, and the satisfactory performance of cattle grazing on such pastures (Keller-Grein et al., 1996).

The *Brachiaria* breeding program in Brazil was initiated in 1986 at the Embrapa Gado de Corte (Embrapa Beef Cattle Research Center) in Campo Grande, Mato Grosso do Sul. Research first focused on evaluation of a large collection of introduced germplasm, followed by exploratory crosses, resulting in the release of the cultivars Marandu (1984), Xaraés (2003), BRS Piatã (2007), and BRS Paiaguás (2013) of *B. brizantha*; and cv. BRS Tupi (2012) of *B. humidicola* (Jank et al., 2011, 2014). Recurrent selection strategies have recently been used, together with crosses of superior apomictic plants as males onto superior sexual females. These early stages of the breeding program are producing over 1000 individual genotypes per type of cross, which need to be individually evaluated through cuttings. Further screening trials in the forage evaluation process are required to finally release a cultivar (Alves et al., 2014; Jank et al., 2014). In stage I, the best hybrids (100-200) are evaluated for multiple traits in small plots with replications for at least two years with multiple

hand harvests per year, making it time, labor, and cost intensive. Only 20-25 genotypes are then selected for evaluation in stage II, which involves another two years and two or more locations, considering the biome(s) for which the cultivar will be released. In stage II, these small plots are harvested and evaluated for dry matter yield, regrowth, and nutritive value. Finally, in stage III, one to four genotypes selected from stage II are evaluated for animal performance under grazing for another two years in the biome(s) under consideration. Parallel trials are carried out to assess pest and disease resistance, response to fertilizers, and response to abiotic stresses such as drought, water logging, aluminum toxicity, etc. Altogether, 10 to 12 years may elapse before a cultivar is ready to be released.

A constant cause of concern for breeders is the numbers of harvests needed to select superior genotypes with a satisfactory level of confidence. Earlier selection could significantly reduce the minimum time currently needed to release a cultivar and conserve resources.

The repeatability coefficient, which represents the upper limit of heritability and therefore indicates the efficiency of predicting the genotype value from successive measurements on an individual, can be used as a parameter for determining when selection can be made with confidence (Resende, 2002). Studies applying repeatability estimates for tropical forages report 7-8 harvests are needed to select for plant height and dry matter weight, whereas 10-14 harvests are needed for green matter weight and percentage of dry matter when evaluating *Brachiaria ruziziensis* half-sib progenies with coefficients of determination greater than 80% (Souza Sobrinho et al., 2010).

The objectives of this study were to estimate the repeatability coefficients and genetic correlations from several *Brachiaria* spp trials, so as to determine the optimum number of harvests needed for selection of genotypes with a given level of statistical confidence. The final goal is to eventually include early selection in the evaluation and breeding of perennial forages.

2. Material and Methods

Site

The experiments were conducted in the municipalities of Campo Grande and Terenos, Mato Grosso do Sul, Brazil. In Campo Grande, the experiment was conducted at Embrapa Gado de Corte (Embrapa Beef Cattle) (lat 20° 27' S, long 54° 37' W, and alt 530 m asl) and in Terenos, evaluation were made at the Hisaeda Farm (lat 20° 26' S, long 54° 51' W, and alt 434 asl). The soil type at Campo Grande is an Alic Oxisol and in Terenos, a Quartzarenic Neosol. According to the Köppen classification, the climate in both locations is tropical rainy, subtype AW, characterized by a well-defined dry season in the colder months and a rainy season in the warmer months.

Screening Stage Trials and Design

All the Stage I screening trials were conducted in Campo Grande. Trial 1 (T1) consisted of 50 hybrids of *Brachiaria humidicola* and the parents, the Tupi cultivar as pollen parent and the sexual female H31. They were planted from vegetative cuttings of each hybrid and parents in a randomized complete block design (RCBD) with eight replications in

2.5 m² plots The plots were harvested nine times beginning in January 2007, and continuing for two years.

Trial 2 (T2) consisted of evaluation of 50 hybrids of *Brachiaria decumbens* resulting from a cross of the male parent (cultivar Basilisk) with three artificial tetraploid plants, and the sexual females and the male parent included as controls. The plots were 4.0 m² in a RCBD with four replications, using propagated vegetative cuttings of each hybrid and parents, as in T1. Evaluations began in July 2011 and six harvests were carried out: two in the dry season (07/20/2011 and 09/28/2011) and four in the rainy season (11/04/2011, 12/09/2011, 01/18/2012, and 02/28/2012). A third experiment, designated Trial 3 (T3), consisted of 324 hybrids, female parents (D24/2, D24/27, and D24/45), male parent (cv. Basilisk) of *Brachiaria decumbens* and controls of *Brachiaria brizantha* (cv. Piatã, cv. Xaraés, and cv. Marandu) established in a randomized incomplete block design (RIBD), with plots of 2.5 m² and two replications. Harvest began in July 2012 and seven harvests were carried out: 07/06/2012 and 10/02/2012 (dry season); and 11/05/2012, 12/11/2012, 01/17/2013, 03/13/2013, and 05/07/2013 (rainy season).

Stage II Trials and Design

In the case of the final stage (Stage II), genotypes already selected in the initial stages were evaluated and, thus, this stage had fewer genotypes. Eight genotypes of *Brachiaria* ssp. were evaluated in Campo Grande and Terenos at the same time. In both trials, experiments were established in a RCBD with four replications. Each 15 m² plot was seeded

in six rows of five meters at a spacing of 0.5 m between rows. At each harvest, only the central 4.0 m² were harvested.

In both Campo Grande and Terenos, one harvest for standardization was made in April 2009. After that, in each environment, 16 harvests were made over a two-year period. The evaluations are identified as Trial 4 (T4) in Campo Grande, Trial 5 (T5) in Terenos, and Trial 6 (T6) for evaluation of the two sites together.

Traits Measured

In all trials, the green matter yield (Kg) for each harvest was determined for each plot and a subsample was collected for morphological separation into leaf, stem, and dead matter. Samples were then dried at 65°C to calculate the percentage of dry matter for each component. Total dry matter yield (TDM, Kg.ha⁻¹), leaf percentage (%L), and leaf dry matter yield (LDM, Kg.ha⁻¹) were estimated. After seven days, regrowth capacity (REG) was evaluated through the combination of density (score 1: less than 20% of tiller regrowth, 2: 20% - 40%, 3: 40% - 60%, 4: 60% - 80%, and 5: more than 80%) and rate of tiller regrowth (low, medium, and high growth in height) (Basso et al., 2009). These traits were tagged as agronomic traits.

Leaf samples from all trials were dried and ground to determine nutritive value, except for T2 and T3, which were not obtained. Percentages of crude protein (CP), neutral detergent fiber (NDF), *in vitro* organic matter digestibility (IVOMD) and lignin (LIG), were assessed using near infrared spectroscopy (NIRS) on a dry matter basis (Marten et al., 1985).

Data Analysis

For statistical analysis, the mixed model approach for accumulated harvests was used, considering the model below:

$$y = X_m + Zg + Wp + Ti + e,$$

where:

y: vector of data;

m: vector of the combined effects of harvest-replication (fixed) added to the overall average;

g: vector of genotypic effects (random), where $g \sim \text{NMV}(0, I\sigma_g^2)$, σ_g^2 is the genotypic variance associated with the genotypic effects;

p: vector of permanent environmental effects or plots (random), where $p \sim \text{NMV}(0, I\sigma_p^2)$, σ_p^2 is the variance associated with the plot effects;

i: vector of the effects of the genotype x harvest interaction (random), where $i \sim \text{NMV}(0, I\sigma_i^2)$, σ_i^2 : the variance component associated with the effects of the genotype x harvest interaction;

e: vector of random errors, where $e \sim \text{NMV}(0, I\sigma_e^2)$;

X: the incidence matrix of fixed effects; and Z, W, and T: the incidence matrices of random effects g, p, and i, respectively. In T3, the vector of the effects of replication x block x genotypic interaction, was also considered because RIBD was used.

The method of restricted maximum likelihood / best linear unbiased prediction (REML/BLUP) was used. Analyses were carried out by ASReml software (Gilmour et al., 2009). The variance components of random effects were subjected to the likelihood ratio test (LRT). Experimental precision was checked according to Resende and Duarte (2007).

For each trial, cumulative analysis was fitted for the first two harvests and then additional harvests were added sequentially until the 16th harvest; thus, the total number of analyses is 15 for each variable. The objective was to define the number of harvests needed to reliably undertake selection. The repeatability coefficient (ρ) was estimated from the components of variance by the expression: $\rho = \frac{\sigma_g^2 + \sigma_p^2}{\sigma_f^2}$, in which σ_g^2 is the genetic variance between treatments, σ_p^2 is the permanent environmental variance and σ_f^2 is the average phenotypic variance (Falconer and Mackay, 1996).

The genetic correlation (r) between the average optimum number of harvests and the average of all harvests was estimated. For that purpose, the following expression was used:

$$r_{ijk} = \frac{cov_{ijk}}{\sqrt{\sigma_{ik}^2 + \sigma_{jk}^2}}$$

in which:

r_{ijk} : the genetic correlation between the average optimum number of harvests i , and the mean of all harvests j to trait k ;

cov_{ijk} : the genetic covariance between the optimum number of harvests i , and the mean of all harvest j to trait k ;

σ_{ik}^2 : the genetic variance of the optimum number of harvests i to trait k ;

σ_{jk}^2 : the genetic variance of the mean of all harvests j to trait k .

The standard error of each genetic correlation was estimated, where a standard error of at least 50% below the estimate (statistic $t \cong 2$) was considered significant ($P < 0.05$) (Steel et al., 1997).

Selection efficiency (SE) was used to check the change in ranking of the selection considering the optimum number of harvests and the total number of harvests evaluated in two years through the expression (Hamblin and Zimmermann, 1986): $SE = \frac{A-C}{B-C} \times 100$, where: A is the number of coincident genotypes in two selections; B is the number of genotypes selected [10 (T1), 4 (T4, T5, and T6)]; and C is the number of genotypes in common chosen at random in two selections ($C = i \times B$), where i is intensity of selection, 20% for T1 and 50% for T4, T5, and T6. In addition, the Spearman rank correlation (r_s) was estimated using the predicted values for optimum harvest and the total number of harvests.

3. Results

Accuracy and Significance of Random Factors

In evaluation of plant breeding experiments, accuracy of selection is an important indicator of the confidence a breeder has in the selection (Resende and Duarte, 2007). Considering all harvests, in screening trials (SS) T1, T2, and T3, accuracy ranged from 65% (T3, %L) to 89% (T2, %L), whereas in final trials (FS), the magnitudes ranged from 69% (T6, LIG) to 97% (NDF, T4 and T6).

The effect of genotypes was significant for most traits in the trials by the LRT test ($P < 0.05$), except for TDM (T4 and T6) and LIG (T6). The evidence of genetic variability allows the selection of genotypes for agronomic and nutritive value traits. However, the genotype x harvest effect was significant and it was reflected in lack of coincident genotypes over the harvests. This effect was not significant by the LRT test

($P > 0.05$) for nutritive value in T1 and T6, whereas for the other traits, significant differences were observed.

Screening Stage Repeatability

The repeatability coefficient (ρ) is used to help breeders make decisions in breeding programs of perennial species. In this study, ρ varied, depending on the number of harvests considered and the trait analyzed. For SS trials, the ρ in T1 ranged from 0.17 (LIG, first five harvests) to 0.93 (TDM, nine harvests accumulated). For T2, the magnitudes were better than T1, ranging from 0.69 (%L, first two harvests) to 0.96 (LDM, for five and six harvests accumulated), and in T3, the lowest ρ was 0.65 (%L, four harvests) and the highest was 0.88 (TDM, seven harvests) (Figures 1 and 3).

For SS trials, ρ increased as harvests were added, especially for agronomic traits. The behavior was more noticeable than for nutritive value traits (Figure 1 and 3). Considering each trait, for TDM, %L (T2), LDM (T2 and T3), REG (T1 and T2), CP, NDF (T2 and T3), and IVOMD (T1), the ρ was above 0.65 after the first two accumulated harvests and increased as harvests progressed. For the other traits, e.g., %L and LDM in T1, initial values of 0.45 and 0.50 were observed and increased to over 0.75 with more harvests. For most of the combination trials and traits, the standard errors were low considering the magnitude of ρ , except for %L, LDM, and LIG (T1), where there was an overlap of the first accumulated harvests with the last harvests.

Final Stage Repeatability

For the FS trials, the lowest ρ values were lower than for the SS trials, ranging from 0.37 (LIG, first two harvests) to 0.41 (%L, first three

harvests), and to 0.56 (REG, first three harvests) for T4, T5, and T6 trials, respectively (Figure 2). However, several ρ values were higher than in the SS trial, e.g., 0.99 (NDF, first ten harvests), 0.98 (NDF, after the 14 harvests), and 0.97 (CP, for the first four and five harvests) in the T4, T5, and T6 trials, respectively (Figure 4).

Final trials showed magnitudes of ρ around 0.90 in almost all traits, and above 0.90 for REG (T6) (Figure 2), CP, and NDF (T4, T5, and T6) (Figure 4) after the first two harvests up to the sixteenth harvest in these trials. In contrast to the SS trials, the ρ values were above 0.90 for TDM and LDM in trials T4 and T6, considering from two to four cumulative harvests. However, after nine harvests, these estimates plateaued around 0.60 (TDM, T4), 0.70 (TDM, T6), 0.75 (LDM, T4) and 0.80 (LDM, T6). Furthermore, for FS trials, standard errors had an overlap for accumulated harvests, probably due to the ρ values showing little change after the first accumulated harvest.

Genetic Correlation between Harvests

As indicated by repeatability, genetic correlations were estimated between the average of six harvests and nine harvests for T1; and between eight and sixteen harvests for T4, T5, and T6 (Table 1) and these values support the repeatability discussed above. The genetic correlations were different from zero because the standard errors were less than 50% of the estimate (statistic $t \cong 2$), and thus considered significant ($P < 0.05$) (Steel et al., 1997).

Considering T1, the estimates of correlation were high, above 0.95 (LEAF), with estimates of 1.00 (IVOMD and LIG) in the screening stage of *B. humidicola*. For *B. brizantha* experiments (trial in the final stage),

the values of correlation were over 0.88, except for LIG (T5). For T2 and T3, which are the evaluation of *B. decumbens* hybrids, genetic correlation was not estimated since the evaluations occurred over only one year.

Selection Efficiency and Spearman Correlation

Selection efficiency (SE) was used to check the behavior of selection considering the optimum number of harvests based on the repeatability coefficient and genetic correlation. For T1, six harvests (one and half years) were considered, whereas for T4, T5, and T6, this number was eight harvests (one year). Considering ten genotypes selected with six harvests and those in all nine harvests in T1, the coincidence was nine genotypes (TDM, %L, REG, NDF), eight (CP), and seven (LDM, IVOMD, LIG), with SEs of 87.5%, 75%, and 62.5%, respectively (Table 2).

For T4, T5, and T6, eight genotypes were evaluated and four were selected as potential genotypes for cultivar release; thus, the intensity of selection was 50%. In this case, the number of coincident genotypes was equal to those selected. In other words, the selection with eight and sixteen harvests for T4 and T5 fell on the same genotypes (three coincidences), showing an SE of 100% or 50%. When combining analyses of T4 and T5 (T6), the coincidence was of two genotypes for TDM, %L, NDF, and IVOMD and one for REG and CP, showing an SE of 0%; except for LIG, the coincidence was similar in the individual sites.

In addition, the Spearman rank correlation was high for all the traits in the trials evaluated (Table 2). Values above 0.90 were observed for the traits in the screening trial (T1). For the final trials, the correlations

were above 0.71 (%L, T6), but extremely high values, above 0.95, were found, including 1.0 for NDF (T5) and CP (T6).

4. Discussion

Accuracy values above 70% are considered acceptable in experiments, especially in validation experiments with selected cultivars, such as T4, T5, and T6 (Resende and Duarte, 2007). Even in the screening trials, accuracy showed magnitudes above that value, which highlights the good experimental precision in these trials.

When evaluating genotypes in a breeding program, breeders search for variability between and within populations. Especially for TDM (T4 and T6) and LIG (T6), selected genotypes in this study had similar TDM and LIG: thus, one could conclude that the potential genotypes are not superior to existing cultivars, but some of these genotypes are superior for other traits. Considering the screening stages, where more genotypes are evaluated, larger variability was generally present, so there was greater possibility for selecting superior genotypes to continue the breeding program.

Since harvest by genotype interaction was observed, it is necessary to better understand the behavior of genotypes along the harvests in perennial forage plants such as the ones used in this study (Falconer and Mackay, 1996; Resende, 2002). The repeatability coefficient is likely a useful parameter since it is the upper limit of heritability and statistically expresses the proportion of phenotypic variation that is due to genotypic variation plus permanent environment

variation. This parameter allows an estimate of confidence in selection based on phenotypic data (Bos and Caldari, 2008).

In practice, ρ is important in the estimation of genotypic values and helps in making inferences regarding selective efficiency, allowing breeders to determine the number of harvests that should be adopted to optimize a breeding program (Resende, 2002). This study addressed the question of better understanding the behavior of repeatability by first analyzing data from the first two accumulated harvests and then adding additional harvests one by one until the last harvest and comparing the ρ obtained for each harvest and trait.

Screening Stage Repeatability

When a large number of genotypes were evaluated, as in the screening trials, ρ showed similar behavior, however, with different coefficients between the trials. T1 is an evaluation of *B. humidicola*, and in this case the ρ increased until one and a half years of evaluation, especially for agronomic traits, except for LIG. The nature of the character and genetic properties of the population can have an impact on repeatability (Falconer and Mackay, 1996). Thus, as an example, in T1, REG and CP ρ values remained high after carrying out the first harvest

As for T2 and T3, where *B. decumbens* hybrids were evaluated for one year, the coefficients were similar to T1, with higher repeatability in T2 and lower in T3, considering agronomic traits. Forty-seven hybrids used in T2 were tested in T3, and in both T2 and T3, there was variability. Thus, the lower repeatability observed in the first harvests for T3 was probably due to higher phenotypic variance in T3 than T2. If the number of harvests is increased, phenotypic variance is reduced and ρ is increased

(Falconer and Mackay, 1996). Furthermore, the permanent effect of considering a larger number of genotypes can be higher in the first harvest than if fewer genotypes are evaluated.

In *Brachiaria* breeding programs, normally, a larger number of genotypes are evaluated for two years and several traits are measured (Jank et al., 2014). Thus, considering our results for initial screening trials, the agronomic traits could be reliably evaluated using less time. The ρ values were above 0.80 after six accumulated harvests in T1 and T3, and after four in T2. Thus, this value of ρ represents a determination coefficient above 0.89, which is recommended for selection of individuals in breeding populations (Resende, 2002). When evaluating *Panicum maximum* progenies, ρ values were just as high in these experiments, and the increase after three years of evaluation was less than 5% for TDM and LDM (Resende et al., 2004).

Final Stage Repeatability

Stage II (final stage trials) within this forage breeding program is conducted with the goal of testing candidate genotypes that may ultimately become cultivars. Usually, Stage II trials test less than ten genotypes and in Brazil, the Ministry of Agriculture, Livestock and Food Supply (Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento - MAPA) requires two years of evaluation under cutting and a further two years under grazing, both using standard cultivars for comparisons, in order to receive authorization for release and commercialization of *Brachiaria*, *Panicum*, and *Pennisetum* in the country. Our results, however, showed that with one year, the best genotypes can be reliably selected.

For agronomic traits, the repeatability coefficients were rather variable in the early harvests but plateaued after eight accumulated harvests. TDM showed an inferior ρ value compared to the other traits in trial T4, where that trait had no significant differences in the last harvests evaluated. For other traits, the plateau began at values above 0.80 after two harvests, suggesting the possibility of shorter evaluation periods to reduce financial and time requirements.

Furthermore, MAPA requests measurements of nutritive value traits and, in this case, our results indicate a more favorable situation than for agronomic traits. For example, the ρ for CP and NDF were above 0.90 after the first harvests evaluated, and for IVOMD, it was above 0.80. Thus, the nutritive value traits need only be measured for two to three harvests. Furthermore, the nutritive value in breeding of tropical forages may be less important than agronomic traits at this stage (Figueiredo et al., 2012) since climate conditions between and within years are determinants in the nutritive value of forages (Euclides et al., 2009) and this is worked on more intensively together with pasture management practices after release of the cultivar (Da Silva and Nascimento Júnior, 2007).

Genetic Correlation between Harvests

The purpose of this study was to predict an optimum number of harvests based on repeatability estimates of accumulated harvests. Wherever the repeatability is high, multiple measures are unnecessary (Pedrozo et al., 2011). For trials T4, T5, and T6, after one year of evaluation the repeatability coefficient reached a plateau with high magnitudes, while for T1, this happened in one and a half years. Thus, to

confirm if early selection is possible, genetic correlation was estimated to check if the rank of genotypes changed over the harvests (Casler, 1999), and the results indicated a good correlation between this optimum number and the mean of all harvests.

Thus, considering the breeding program for forage plants, the use of genetic correlation between the harvests can reliably show the results of repeatability used in perennial plants. Observing the evaluation of *B. humidicola*, there may be reduction of half a year in time of experiments. Thus, this correlation supports the previous decision for selection with six harvests.

Even within the breeding program, considering MAPA requirements for registering and releasing a cultivar, our results show that one year is sufficient for a reliable selection of *Brachiaria* spp. genotypes for the agronomic and nutritive value traits in the final stages. Specifically for the nutritive value traits, the correlations were almost 1.0 and the number of harvests should be less than for agronomic traits. Therefore, *Brachiaria* spp. breeding programs could be accelerated, resulting significant savings in resources. Furthermore, farmers could benefit from more cultivars becoming available sooner and at less expense.

Selection Efficiency and Spearman Correlation

A decision to reduce the time for selection will likely create discomfort on the part of breeders because of a lack of confidence that the results of early selection will coincide with the results of additional measurements. Thus, for confirmation that early selection can be “trusted”, the rank of genotypes was compared using Spearman rank correlations. Considering screening trials (T1) for *B. humidicola*,

selection efficiency (SE) was above 62.5%, and for mainly agronomic traits (TDM, %L, and REG) the SE was 87.5%. Furthermore, the number of coincident genotypes was high, where Spearman rank correlations were almost 1.0, which is significant evidence that selection in one and a half years should result in the same genotypes as selection in two years, with an intensity of selection of 20%. In agreement with these results, the evaluation of progenies of *B. ruziziensis* showed that eight harvests over eighteen months was enough to select the best genotypes to continue the breeding program (Souza Sobrinho et al., 2010).

In the final *Brachiaria* ssp. trials, this SE was 100% for almost all traits in the two separate sites (T4 and T5). This confirms that one year should be sufficient for selecting the best genotypes. However, when considering the combined analyses of these two sites, the SE was 0%, with coincidence of only two genotypes of the four selected among the eight evaluated. This happened because when a small number of genotypes are considered, the number of genotypes chosen only at random in two selections is hampered. However, the Spearman rank correlation was high for most traits, for example 0.93 (TDM), 0.90 (LDM), 0.95 (REG), 1.00 (CP), and 0.98 (NDF); thus, the order should not change much among genotypes.

In conclusion, our results provide strong evidence that early selection is possible in *Brachiaria* breeding programs. Breeders can use fewer harvests and thus save effort and resources in accelerating the breeding program. In screening stages that evaluate large numbers of genotypes, one and half years is sufficient for reliable selection.

Reliable selection is most important in final trials since MAPA requires two years of harvest evaluation and two years of grazing evaluation before a cultivar can be registered and released commercially in Brazil (Jank et al., 2014). However, in the final stages, the number of genotypes is small and the genotypes are more stable, so our results indicate that evaluation could be carried out in just one year, with breeders' confidence in adequately selecting the best genotypes. The results presented here considering several trials attest that the adoption of early selection in breeding of tropical forages such as *Brachiaria* can significantly reduce time, effort, and the use of resources without losing reliability in releasing a cultivar.

5. References

- Alves, G.F., U.J. de Figueiredo, A.D.P. Filho, S.C.L. Barrios, and C.B. do Valle. 2014. Breeding strategies for *Brachiaria* spp . to improve productivity – an ongoing project. *Trop. Grasslands - Forrajes Trop.* 2: 4–6.
- Basso, K.C., R.M.S. Resende, C.B. do Valle, M.C. Gonçalves, and B. Lempp. 2009. Avaliação de acessos de *Brachiaria brizantha* Stapf e estimativas de parâmetros genéticos para caracteres agronômicos. *Acta Sci. Agron.* 31(1): 17–22 Available at <http://periodicos.uem.br/ojs/index.php/ActaSciAgron/article/view/6605> (verified 25 February 2014).
- Bos, I., and P. Caldari. 2008. *Selection methods in plant breeding.* 2nd ed. Springer.
- Casler, M.D. 1999. Repeated measures vs. repeated plantings in perennial forage grass trials: an empirical analysis of precision and accuracy. *Euphytica* 105: 33–42.

- Euclides, V.P.B., M.C.M. Macedo, C.B. do Valle, G. dos S. Difante, R.A. Barbosa, and E.R. Cacere. 2009. Valor nutritivo da forragem e produção animal em pastagens de *Brachiaria brizantha*. *Rev. Bras. Zootec.* 44(1): 98–106.
- Falconer, D.S., and T.F.C. Mackay. 1996. *Introduction to quantitative genetics*. Longarm, Burnt Mill, Harlow, UK.
- Figueiredo, U.J. De, J.A.R. Nunes, and C.B. do Valle. 2012. Estimation of genetic parameters and selection of *Brachiaria humidicola* progenies using a selection index. *Crop Breed. Appl. Biotechnol.* 12(4): 237–244.
- Gilmour, A., B. Gobel, B. Cullis, and R. Thompson. 2009. *ASReml user guide*, release 3.0.
- Hamblin, J., and M.J. de O. Zimmermann. 1986. Breeding common bean for yield in mixtures. p. 245–272. *In Plant Breeding Reviews*. John Wiley & Sons, Inc.
- Jank, L., S.C. Barrios, C.B. do Valle, R.M. Simeão, and G.F. Alves. 2014. The value of improved pastures to Brazilian beef production. *Crop Pasture Sci.* 65(11): 1132–1137 Available at <http://dx.doi.org/10.1071/CP13319> (verified 25 March 2014).
- Jank, L., C.B. Valle, and R.M.S. Resende. 2011. Breeding tropical forages. *Crop Breed. Appl. Biotechnol.* S1: 27–34.
- Keller-Grein, G., B.L. Maass, and J. Hanson. 1996. Natural variation in *Brachiaria* and existing germplasm collections. p. 17–42. *In Miles, J.W., Maass, B.L., Valle, C.B. do (eds.), Brachiaria: biology, agronomy and improvement*. CIAT, Cali.
- Marten, G.C., J.S. Shenk, and F.E. Barton. 1985. *Near infrared reflectance spectroscopy (NIRS), analysis of forage quality (USDA, Ed.)*. Washington.
- Nogueira, M.P. 2012. Rally da Pecuária faz diagnóstico de nossas pastagens. *Balde Branco*: 43–45.
- Pedrozo, C.Â., M.H.P. Barbosa, F.L. da Silva, M.D.V. de Resende, and L.A. Peternelli. 2011. Repeatability of full-sib sugarcane families across harvests and the efficiency of early selection. *Euphytica* 182(3): 423–430

Available at <http://link.springer.com/10.1007/s10681-011-0521-z> (verified 20 September 2014).

- Resende, M.D.V. de. 2002. *Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes*. 1^a ed. Embrapa Informação Tecnológica, Brasília.
- Resende, M.D.V. de, and J.B. Duarte. 2007. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. *Pesqui. Agropecuária Trop.* 37(3): 182–194.
- Resende, R.M.S., L. Jank, C. do B. Valle, and A.L.V. Bonato. 2004. Biometrical analysis and selection of tetraploid progenies of *Panicum maximum* using mixed model methods. *Pesqui. Agropecuária Bras.* 39(4): 335–341.
- Da Silva, S.C., and D. do Nascimento Júnior. 2007. Avanços na pesquisa com plantas forrageiras tropicais em pastagens : características morfofisiológicas e manejo do pastejo. *Rev. Bras. Zootec.* 36(Suplemento especial): 121–138.
- Souza Sobrinho, F. de, V. Borges, F.J. da S. Lédo, and M.M. Kopp. 2010. Repetibilidade de características agronômicas e número de cortes necessários para seleção de *Urochloa ruziziensis*. *Pesqui. Agropecuária Bras.* 45(1): 579–584.
- Steel, R., J. Torrie, and D. Dickey. 1997. *Principles and procedures of statistics: a biometrical approach*. The McGraw-Hill, Boston.

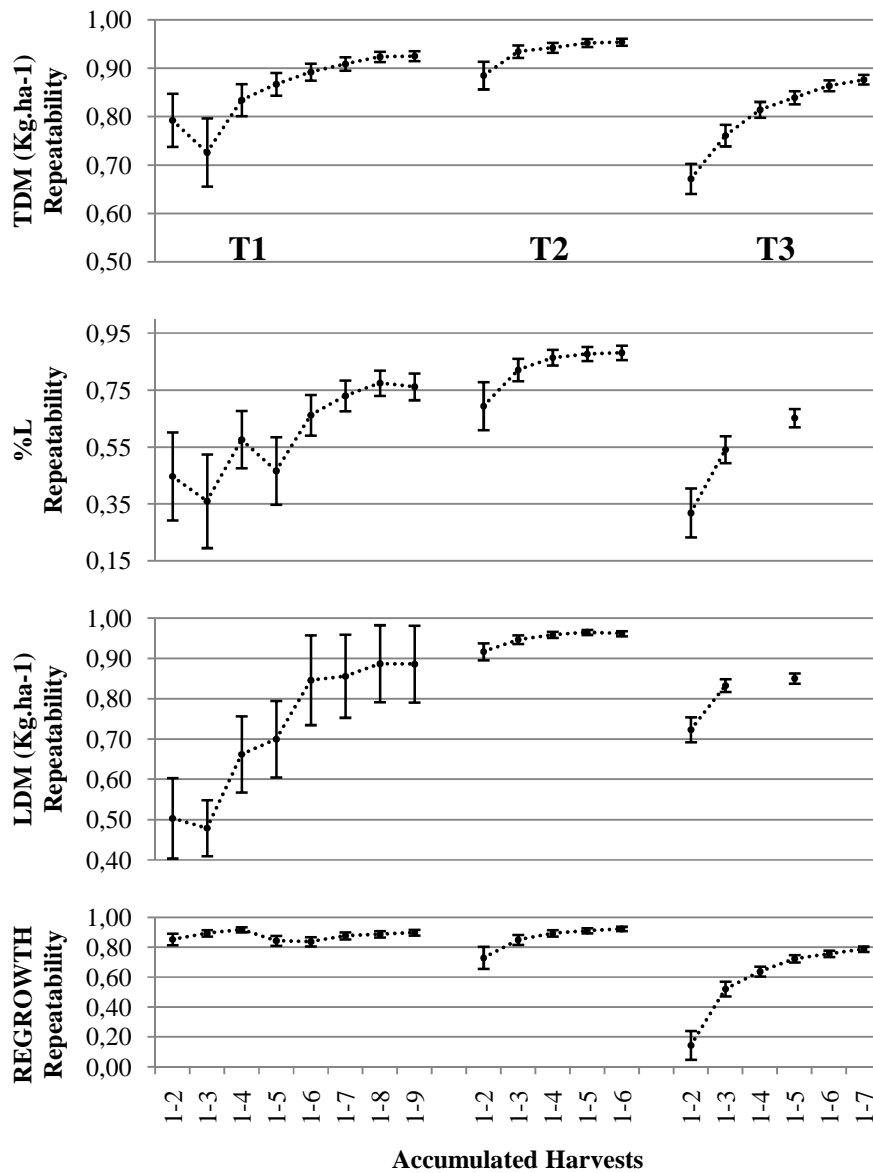


Figure 1. Repeatability coefficients of the agronomic traits of *B. humicicola* (Trial 1, T1) and *B. decumbens* (Trial 2, T2; Trial 3, T3). TDM, total dry matter yield; %L, leaf percentage; LDM, leaf dry matter yield; and REG, regrowth. Bars are standard errors for each estimate of the repeatability coefficient.

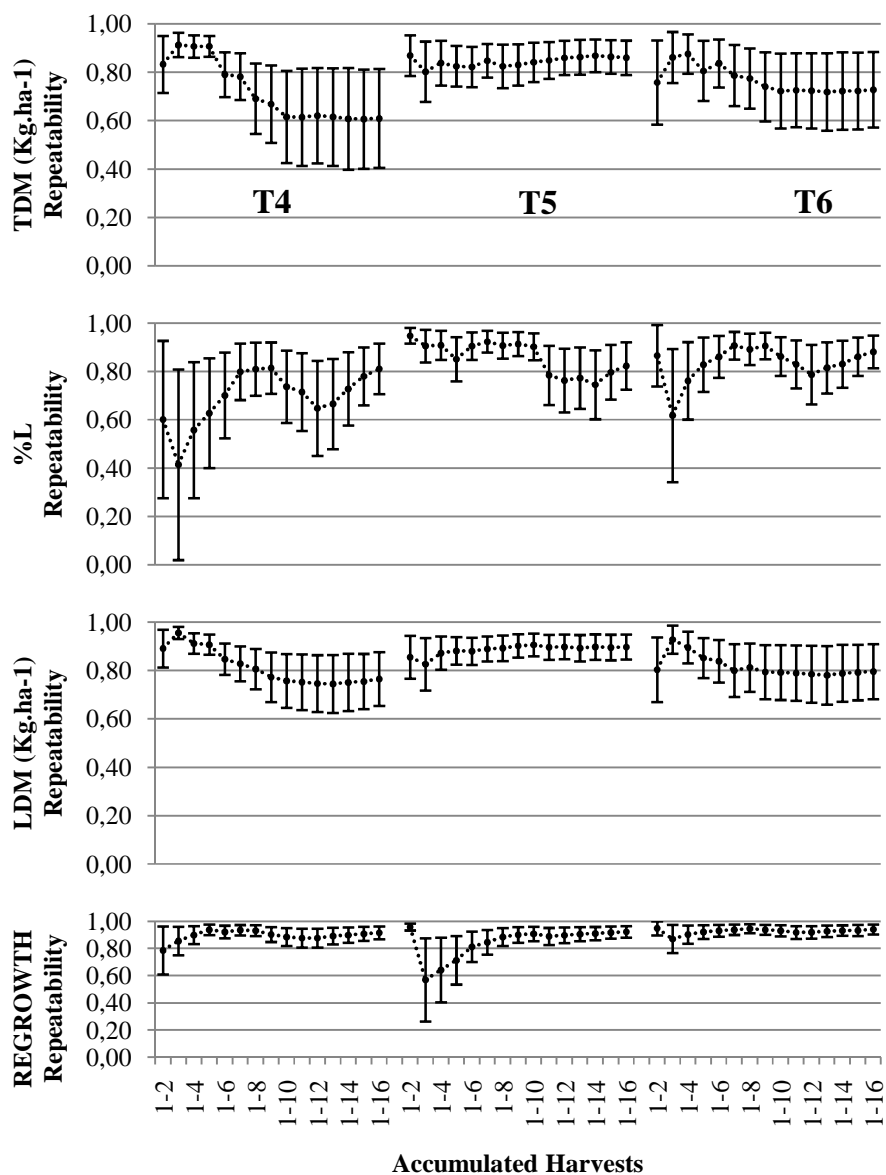


Figure 2. Repeatability coefficients of the agronomic traits of *Brachiaria* ssp. in Trial 4 (T4), Trial 5 (T5), and Trial 6 (T6). TDM, total dry matter yield; %L, leaf percentage; LDM, leaf dry matter yield; REG, regrowth. Bars are standard errors for each estimate of the repeatability coefficient.

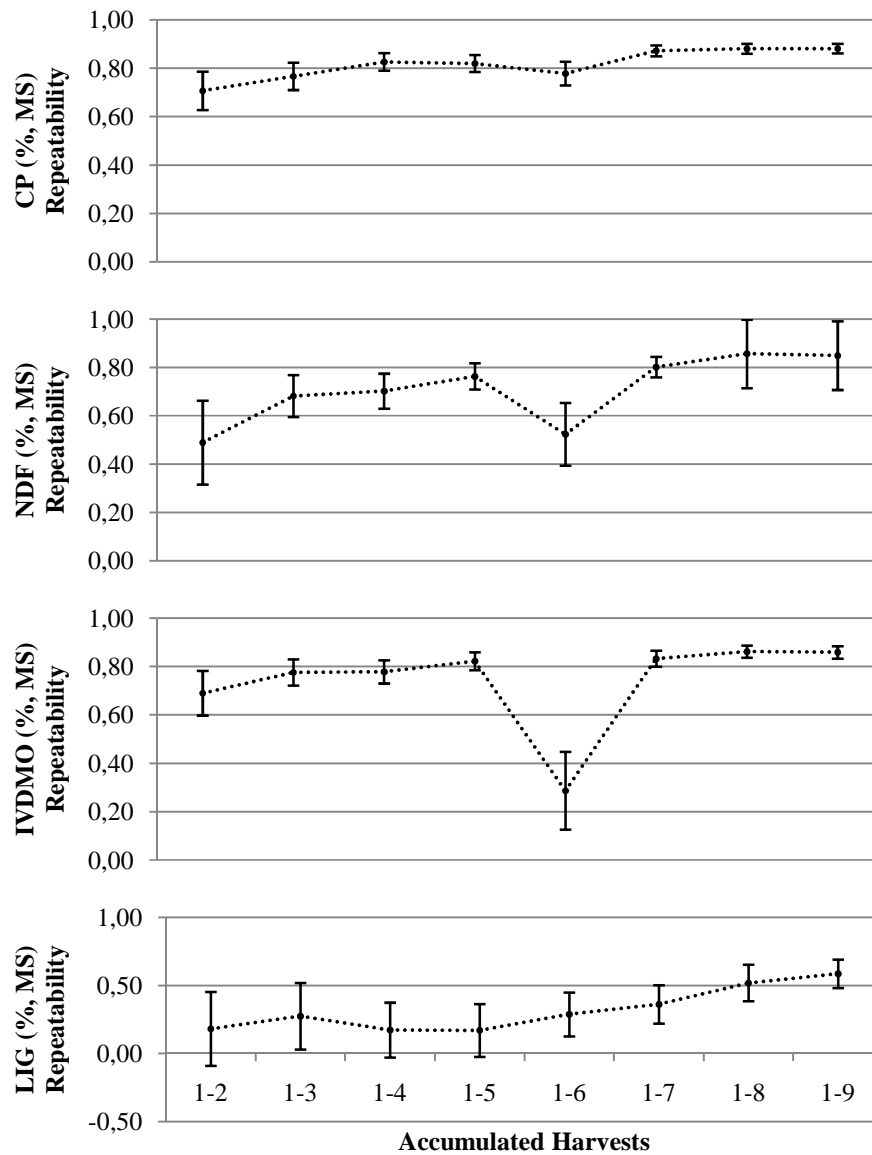


Figure 3. Repeatability coefficients of the nutritive value traits of *B. humidicola* (Trial 1, T1); CP, crude protein; NDF, neutral detergent fiber; IVOMD, *in vitro* organic matter digestibility; LIG, lignin. Bars are standard errors for each estimate of the repeatability coefficient.

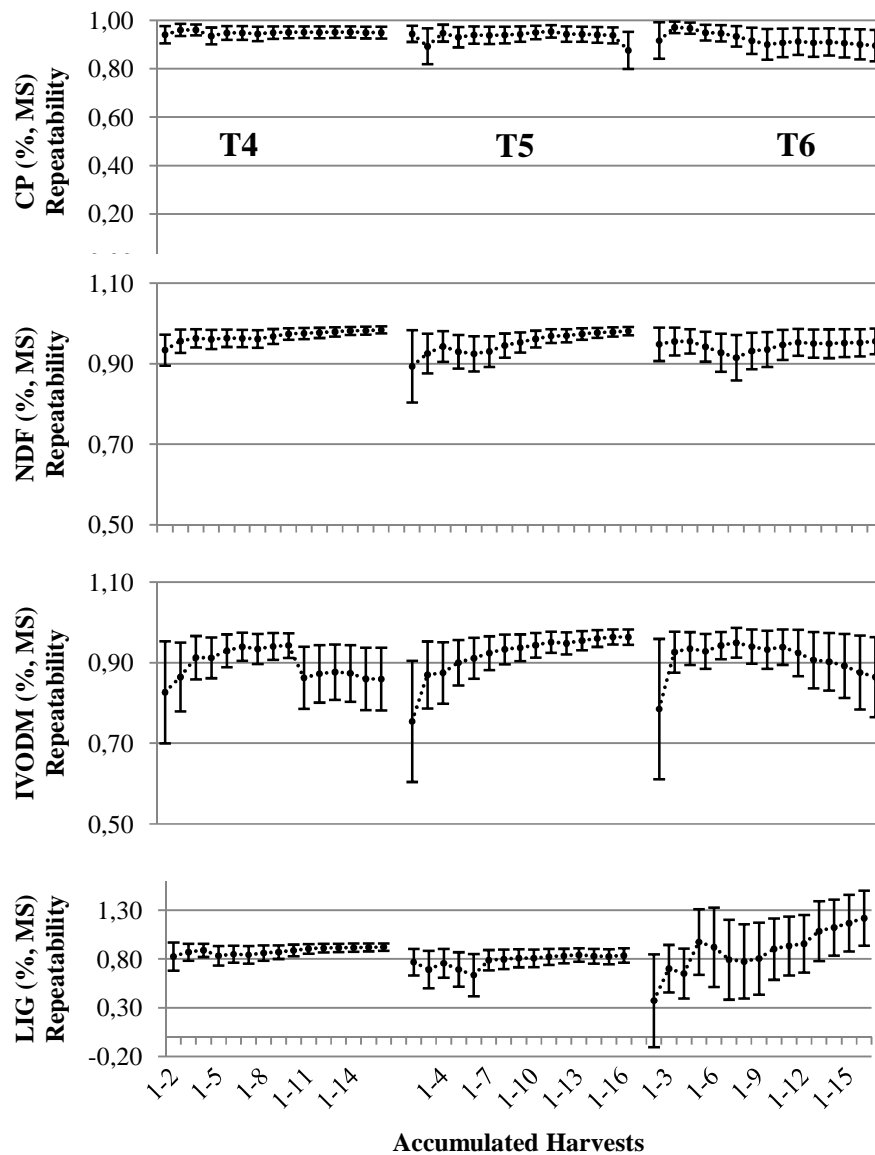


Figure 4. Repeatability coefficients of the nutritive value traits of *Brachiaria* ssp. in Trial 4 (T4), Trial 5 (T5), and Trial 6 (T6). CP, crude protein; NDF, neutral detergent fiber; IVOMD, *in vitro* organic matter digestibility; LIG, lignin. Bars are standard errors for each estimate of the repeatability coefficient.

Table 1. Estimates of genetic correlation based in the average optimum number of harvests and the mean of all harvests, for agronomic and nutritive value traits.

Trait [†]	T1		T4		T5		T6	
	$r_{\bar{6}-\bar{9}}^{\dagger\dagger}$	SD	$r_{\bar{8}-\bar{16}}^{\dagger\dagger\dagger}$	SD	$r_{\bar{8}-\bar{16}}$	SD	$r_{\bar{8}-\bar{16}}$	SD
TDM	0.98	0.01	0.94	0.06	0.92	0.07	0.97	0.04
LEAF	0.95	0.02	0.95	0.04	0.87	0.09	0.91	0.07
LDM	0.99	0.01	0.96	0.04	0.93	0.06	0.96	0.04
REG	0.99	0.01	0.97	0.02	0.92	0.06	0.95	0.04
CP	0.99	0.01	1.03	0.45	0.91	0.07	0.98	0.03
FDN	0.99	0.02	0.99	0.01	0.99	0.01	0.99	0.01
IVOMD	1.00	0.02	0.98	0.03	1.00	0.01	0.99	0.02
LIG	1.00	0.06	0.94	0.05	0.74	0.23	0.88	0.12

[†]TDM, total dry matter yield; %L, leaf percentage; LDM, leaf dry matter yield; REG, regrowth; CP, crude protein; NDF, neutral detergent fiber; IVOMD, *in vitro* organic matter digestibility; LIG, lignin.

^{††}Genetic correlation between the six (one and half year period) and nine (two year period) harvests for *B. humidicola*.

^{†††}Genetic correlation between the eight (one year period) and sixteen (two year period) harvests for *Brachiaria* ssp.

Table 2. Number of genotypes in common between 6 and 9 harvests (T1), 8 and 16 harvests (T4, T5, and T6), selection efficiency (between parenthesis), and estimates of Spearman correlation (r_s), for agronomic and nutritive value traits.

	T1		T4		T5		T6	
	SE (%)	r_s	SE (%)	r_s	SE (%)	r_s	SE (%)	r_s
TDM	9* (87.5%)	0.97 <.001	3 (50%)	0.88 0.04	3 (50%)	0.95 0.003	2 (0%)	0.93 0.001
%L	9 (87.5%)	0.90 <.001	4 (100%)	0.79 0.02	3 (50%)	0.74 0.033	2 (0%)	0.71 0.04
LDM	7 (62.5%)	0.97 <.001	4 (100%)	0.76 0.03	4 (100%)	0.83 0.01	2 (0%)	0.90 0.002
REG	9 (87.5%)	0.97 <.001	3 (50%)	0.90 0.002	3 (50%)	0.83 0.01	1 (0%)	0.95 0.003
CP	8 (75%)	0.96 <.001	4 (100%)	0.97 <.001	4 (100%)	0.98 <.001	1 (0%)	1.00 <.001
NDF	9 (75%)	0.91 <.001	3 (50%)	0.98 <.001	4 (100%)	1.00 <.001	2 (0%)	0.98 <.001
IVOMD	7 (62.5%)	0.96 <.001	2 (0%)	0.78 0.03	4 (100%)	0.98 <.001	2 (0%)	0.81 0.0149
LIG	7 (62.5%)	0.90 <.001	4 (100%)	0.87 0.003	3 (50%)	0.81 0.02	3 (50%)	-0.67 0.07

† TDM, total dry matter yield; %L, leaf percentage; LDM, leaf dry matter yield; REG, regrowth; CP, crude protein; NDF, neutral detergent fiber; IVOMD, *in vitro* organic matter digestibility; LIG, lignin.

* Number of genotypes in common between the optimum number of harvests and all harvests evaluated.

ARTIGO 3 - Implicação da seleção visual no melhoramento de *Brachiaria decumbens*

Artigo redigido conforme normas NBR 6022 da ABNT

**Implicação da seleção visual no melhoramento de *Brachiaria*
*decumbens***

Ulisses José de Figueiredo¹, Rogério Gonçalves Mateus², Simony Alves
Mendonça³, José Airton Rodrigues Nunes⁴, Cacilda Borges do Valle⁵, Sanzio
Carvalho Lima Barrios⁵

¹Doutorando do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de
Plantas – UFLA/Lavras. Bolsista do CNPq. e-mail: ujfigueiredo@yahoo.com.br

²Doutorando do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia – UFMS/Campo
Grande. Bolsista da CAPES. e-mail: rogerio.g.mateus@hotmail.com

³Mestre em Zootecnia – UNESP/Botucatu. e-mail: simonymend@hotmail.com

⁴Professor Adjunto do Departamento de Biologia – UFLA/Lavras. e-mail:
jarnunes@dbi.ufla.br

⁵Pesquisadores da Embrapa Gado de Corte – CNPq - Embrapa/Campo
Grande. e-mail: cacilda.valle@embrapa.br ; sanzio.barrios@embrapa.br

RESUMO

A seleção visual (SV) em plantas forrageiras, normalmente, é realizada em plantas individuais, com o objetivo de praticar uma seleção precoce para a produção de biomassa. Assim, objetivou-se verificar a eficiência da SV praticada em plantas individuais de *Brachiaria decumbens*, quando comparada com a avaliação em parcelas formando um dossel forrageiro. Para isso, a seleção foi realizada por avaliadores que buscaram selecionar visualmente os 50 melhores híbridos de uma população, com posterior resseleção, a fim de substituir aqueles com problemas de suscetibilidade à seca e à cigarrinha-das-pastagens. Foram conduzidos experimentos em parcelas com repetições, em um primeiro ano, com os 50 selecionados visualmente (EXP_1) e, posteriormente, com 324 híbridos (EXP_2). O EXP_1 foi realizado no período de julho de 2011 a fevereiro de 2012, enquanto o EXP_2 foi realizado de julho de 2012 a maio de 2013. Os caracteres avaliados foram produtividade de massa seca total (MST, kg.ha⁻¹), porcentagem de lâminas foliares (%F), produtividade de massa seca foliar (MSF, kg.ha⁻¹) e capacidade de rebrota (REB), em seis cortes para o EXP_1 e sete para o EXP_2. Após o ordenamento dos híbridos pelos valores genotípicos preditos (BLUPs), procedeu-se ao cálculo da eficiência de seleção visual (ES) e dos ganhos com a seleção diretos e indiretos, levando-se em consideração proporções de seleção de 5%, 10% e 15%. Para a característica MST, as ES variaram de 0% (EXP_1) a 9,31% (EXP_2) e os GS indiretos foram, em média, cinco a dez vezes inferiores aos ganhos diretos com a seleção. A seleção visual para os caracteres mensurados não se mostrou eficiente, provavelmente devido ao controle genético complexo destes caracteres e à competição interplanta, quando se faz a avaliação em parcela, além da influência das interações genótipos x cortes.

Palavras-chave: apomixia, híbridos, eficiência da seleção, forrageira, seleção precoce.

ABSTRACT

The visual selection (VS) in forage plants is usually carried out on individual plants, in order to practice an early selection for biomass production. Thus, the objective was to verify the efficiency of VS practiced in individual plants of *B. decumbens* compared with the sward plots. For this, the selection was performed by evaluators who selected visually 50 best hybrid of a population, with subsequent reselection, to replace those with susceptibility to drought and problems with spittlebug. Experiments were conducted in plots with replications in the first year, with 50 selected visually (EXP_1) and subsequently with 324 hybrids (EXP_2). EXP_1 was held in the period July 2011 to February 2012, while the EXP_2 was conducted from July 2012 to May 2013. The traits were total dry matter yield (TDM, kg.ha⁻¹), percentage of leaf (%L), leaf dry matter yield (LDM, kg.ha⁻¹) and regrowth (REG) in six harvests for EXP_1 and seven for the EXP_2. After ordering of hybrids by predicted genotypic values (BLUPs), we proceeded to calculate the visual selection efficiency (SE) and gains from the direct and indirect selection were estimated, taking into account the 5% check proportions, 10% and 15%. For the TDM, the SE ranged from 0% (EXP_1) to 9.31% (EXP_2) and indirect gain with selection was, on average, five to ten times lower than the direct gains with the selection. The visual selection for traits measured was not efficient, probably due to complex genetic control of these traits and intergenotypic competition on evaluation of sward plots, further the influence of genotype x harvest interaction.

Keywords: Apomixis, Hybrids, Selection efficiency, Forage, Early selection.

1 INTRODUÇÃO

O melhoramento de *Brachiaria decumbens*, até final da década de 2000, baseou-se, basicamente, na seleção da variabilidade existente no banco ativo de germoplasma introduzido no Brasil na década de 1980. Mas, a partir da duplicação cromossômica de um acesso diploide (SIMIONI; VALLE, 2009), foi possível gerar 457 híbridos dentro desta espécie (JANK; VALLE; RESENDE, 2011).

A avaliação dessa população base é premente para o melhoramento desta espécie, haja vista a carência de cultivares. Este fato é notório, na medida em que se tem uma única cultivar (Basilisk), lançada na década de 1970, que ainda permanece no mercado, mesmo apresentando suscetibilidade à principal praga, que é a cigarrinha-das-pastagens (*Notozulia entrepiana* (Berg), *Mahanarva* ssp. e *Deois* spp.).

No intuito de atender a esta demanda por novas cultivares em curto prazo, Mendonça (2012) avaliou 50 híbridos da população base citada, quanto a caracteres agronômicos e de valor nutritivo, durante seis cortes. Contudo, a seleção desses híbridos foi realizada mediante uma seleção visual quanto a caracteres de vigor, hábito de crescimento, danos por cigarrinhas e potencial produtivo de sementes. Assim, em virtude de a eficiência da seleção visual ser questionável para caracteres quantitativos (HALLAUER, 2011), posteriormente, uma amostra maior da população base (324) foi avaliada com o objetivo de explorar toda a variabilidade genética (MATEUS, 2014).

O melhoramento de forrageiras tropicais no Brasil tem sido conduzido, inicialmente, com populações nas quais os híbridos são avaliados individualmente, ou seja, nesta fase inicial, o número elevado de plantas é avaliado previamente, levando-se em consideração, principalmente, a produção de biomassa (JANK et al., 2014). Posteriormente, as melhores são avaliadas

critérios em parcelas com repetições, parcelas estas formando um dossel forrageiro. Ambas as avaliações requerem um grande envolvimento de mão de obra, espaço e tempo para se realizar os cortes. Assim, se, na fase inicial, com grande número de genótipos, a seleção visual fosse eficiente, os melhoristas poderiam economizar tempo e recursos.

A associação entre os caracteres avaliados na seleção visual não são bons indicativos da produção de biomassa avaliada em parcelas experimentais (BURTON, 1982; PRICE; CASLER, 2014a, 2014b). Isto ocorre porque nas avaliações em parcelas pode haver competição interplantas, alterando o perfilhamento e a estrutura do dossel; já quando a avaliação é feita em plantas individuais, o comportamento é diferente e, a longo prazo, isto pode reduzir a efetividade da produção de biomassa no dossel forrageiro (PRICE; CASLER, 2014a).

Além disso, se o caráter tem baixa herdabilidade, a avaliação de plantas individuais espaçadas sem estrutura de famílias não é eficiente, mas, quando a seleção é realizada combinando-se métodos de seleção, como a partir da seleção entre famílias avaliadas em parcelas e, por conseguinte, pela seleção entre e dentro com estimativas BLUP de indivíduos, a eficiência de seleção é superior à seleção individual previamente mencionada (RESENDE; CASLER; RESENDE, 2013). Assim, neste estudo, os autores evidenciaram que na combinação de métodos de seleção de plantas individuais, mas em experimentos com repetições, e da mesma forma em parcelas, o ganho com a seleção é maior.

Dessa forma, este trabalho foi realizado com o objetivo de verificar a eficiência da seleção visual de híbridos *B. decumbens* a partir da avaliação de híbridos feita individualmente, quando comparada com a caracterização destes em parcelas, representando um dossel forrageiro em experimentos com repetições.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Local

Os experimentos foram conduzidos nos campos experimentais da Embrapa Gado de Corte (latitude 20°27' S, longitude 54°37' W e altitude de 530 m), localizados na cidade de Campo Grande, MS. O clima da região 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, com temperatura média anual de 23 °C. O solo da área experimental foi o Latossolo Roxo Álico (EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA - EMBRAPA, 1999)

2.2 Origem dos híbridos

Os híbridos foram obtidos a partir do cruzamento de três eventos de duplicação de um acesso diploide de *B. decumbens* com a cultivar Basilisk. A duplicação deste acesso diploide gerou os eventos denominados de D24/2, D24/27 e D24/45 (SIMIONI; VALLE, 2009), que foram utilizados como parentais sexuais. Os híbridos foram plantados por meio de mudas em campo experimental, espaçados 1,0 m entre plantas e entre linhas, em 12 de fevereiro de 2010. Inicialmente, foram plantados 73 híbridos do parental sexual D24/2, 288 do D24/27, e, por último, 96 do D24/45, totalizando 457 híbridos.

Estes híbridos foram conduzidos, sem a realização de cortes, até julho de 2010. Nesta data, a seleção massal inicial foi realizada por 30 avaliadores, na qual estes procuraram selecionar os 50 melhores híbridos, com base em

caracteres de vigor, hábito de crescimento e potencial produtivo de florescimento. Após a seleção, um raqueamento foi realizado a partir da frequência de votação pelos avaliadores e, por conseguinte, uma nova seleção foi realizada, em outubro de 2010, nos híbridos em crescimento livre, para decidir quais os 50 melhores a serem avaliados em parcelas com repetição. Assim, ao fim da seca deste ano, alguns dos híbridos selecionados não se mostravam superiores visualmente, devido aos efeitos da seca e do ataque de cigarrinhas-das-pastagens. Dessa forma, 15 foram substituídos nesta resseleção realizada por melhoristas com experiência na cultura, independente da frequência com a qual estes foram selecionados pelos 30 avaliadores (Tabela 1).

2.3 Avaliação agronômica

Os 50 híbridos da seleção visual (SV) foram avaliados no período de julho de 2011 a fevereiro de 2012 (EXP_1) (MENDONÇA, 2012). Posteriormente, 324 híbridos da população foram avaliados de janeiro de 2012 a maio de 2013 (EXP_2) (MATEUS, 2014). Vale ressaltar que, destes, 43 foram coincidentes com o EXP_1.

Tabela 1 Ordem e frequência de 50 híbridos de *Brachiaria decumbens* selecionados visualmente (SV), por 30 avaliadores e melhoristas experientes, no ano de 2010.

Ordem	Híbrido	Frequência	Ordem	Híbrido	Frequência
1	R87	26	26	B9	14
2	T7	26	27	R25	14
3	X48	25	28	R41	14
4	R44	23	29	T66	14
5	R120	22	30	X2	14
6	R107	19	31	R82	13
7	T12	19	32	X96	13
8	A38	18	33	A3	12
9	B3	18	34	B21	11
10	R110	18	35	C1	11
11	R14	18	36	T44	10
12	S28	18	37	T54	10
13	T5	18	38	T9	10
14	R144	17	39	S31	8
15	R68	17	40	R30	6
16	A15	16	41	R33	5
17	R101	16	42	X30	5
18	R80	16	43	T35	4
19	S18	16	44	T45	3
20	T68	16	45	B6	2
21	R124	15	46	T86	2
22	R54	15	47	X72	2
23	S36	15	48	X06	1
24	T24	15	49	X61	0
25	A26	14	50	X78	0

Os genótipos do EXP_1 (50 híbridos e a cv. Basilisk) foram implantados no delineamento em blocos ao acaso com quatro repetições. Para o EXP_2, os 324 híbridos foram implantados em um látice 18 x 18, com duas repetições e, além disso, as testemunhas parentais sexuais D24/2, D24/27 e D24/45, e as cultivares Basilisk, BRS Piatã, Xaraés e Marandu foram implantadas no início de cada repetição.

Em ambos os experimentos, o espaçamento adotado foi de 1,0 m entre linhas e 0,50 m entre plantas, nos quais as parcelas foram constituídas por cinco plantas, perfazendo uma área útil de 2,5 m², após o estabelecimento da parcela. Antes dos cortes, no EXP_1 foi realizado um corte de uniformização, em maio de 2011 e, no EXP_2, a uniformização foi realizada em abril de 2012.

Após o corte de uniformização, foram realizados seis cortes no EXP_1, nas datas de 20/07/2011, 28/09/2011, 04/11/2011, 09/12/2011, 18/01/2012 e 29/02/2012, enquanto, no EXP_2, foram realizados sete cortes, nos dias 06/07/2012, 02/10/2012, 05/11/2012, 11/12/2012, 17/01/2013, 13/03/2013 e 07/05/2013.

Para ambos os experimentos, a partir da produção de matéria verde (kg) e do teor de matéria seca (%MS) de cada parcela, foi estimada a produtividade de massa seca (MST, kg/ha). Em todos os cortes do EXP_1 e nos quatro cortes do EXP-2 foi retirada uma subamostra de cada parcela, para a separação morfológica dos componentes lâmina foliar, colmo e material morto, com posterior secagem em estufa de ventilação forçada a 65 °C. Com o peso seco destes componentes foram determinadas a produtividade de massa seca foliar (MSF, kg/ha) e a porcentagem de lâminas foliares (%F). Foi realizada a avaliação de rebrota (REB) após sete dias do corte, em função da nota de densidade e da velocidade de perfilhos rebrotados (BASSO et al., 2009).

2.4 Análises estatístico-genéticas

Para a realização da análise estatística foi utilizada a abordagem de modelos mistos, empregando-se o software SELEGEN REML/BLUP (RESENDE, 2007a). Inicialmente, realizou-se a análise de covariância para cada corte, com base no número ideal de plantas (5) em cada parcela, para os caracteres MST e MSF (RAMALHO; FERREIRA; OLIVEIRA, 2012).

A partir das análises por corte de ambos os experimentos foram estimadas as herdabilidades individuais. Diante do indicativo de heterogeneidade de variâncias residuais, realizou-se a correção dos dados fenotípicos mediante a multiplicação dos dados de cada caráter em cada corte, pela expressão $\sqrt{h_{ik}^2} / \sqrt{\bar{h}_i^2}$ (RESENDE et al., 2008), em que h_{ik}^2 é a herdabilidade individual para o caráter i no corte k e \bar{h}_i^2 é a média das herdabilidades individuais dos k cortes para o caráter i.

Com os dados corrigidos, procedeu-se à análise conjunta envolvendo todos os cortes, de acordo com o seguinte modelo estatístico para o EXP_1:

$$y^c = X_m + Z_g + W_p + T_i + e$$

em que

y^c : vetor de dados corrigidos;

m : vetor dos efeitos das combinações corte-bloco (fixos) somados à média geral;

g : vetor dos efeitos genotípicos de híbridos (aleatórios), sendo $g \sim \text{NMV}(0, I\sigma_g^2)$. O σ_g^2 é a variância genotípica associada aos efeitos de híbridos;

p : vetor dos efeitos de ambiente permanente ou parcelas (aleatórios), sendo $p \sim \text{NMV}(0, I\sigma_p^2)$. O σ_p^2 é a variância associada aos efeitos de parcela;

i: vetor dos efeitos da interação híbridos x cortes (aleatórios), sendo $i \sim \text{NMV}(0, I\sigma_i^2)$. O σ_i^2 é o componente de variância associado aos efeitos da interação híbridos x cortes;

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

X, Z, W e T: matrizes de incidência para m, g, p e i, respectivamente.

Para o EXP_2 foi considerado o modelo de delineamento em látice a seguir:

$$y^c = X_m + S_b + Z_g + W_p + T_i + e$$

em que

y^c : vetor de dados corrigidos;

m: vetor dos efeitos das combinações corte-repetição-bloco (fixos) somados à média geral;

b: vetor dos efeitos de blocos (aleatórios), sendo $b \sim \text{NMV}(0, I\sigma_b^2)$. O σ_b^2 é a variância genotípica associada aos efeitos de blocos;

g: vetor dos efeitos genotípicos de híbridos (aleatórios), sendo $g \sim \text{NMV}(0, I\sigma_g^2)$;

p: vetor dos efeitos de ambiente permanente ou parcelas (aleatórios), sendo $p \sim \text{NMV}(0, I\sigma_p^2)$;

i: vetor dos efeitos da interação híbridos x cortes (aleatórios), sendo $i \sim \text{NMV}(0, I\sigma_i^2)$;

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

X, S, Z, W e T: matrizes de incidência para m, b, g, p e i, respectivamente.

Os valores genotípicos associados aos híbridos para cada caráter foram preditos utilizando-se o procedimento REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não tendenciosa); a significância dos efeitos aleatórios foi verificada pelo teste da razão de verossimilhança (LRT)

(RESENDE, 2007b) e a precisão experimental foi aferida por meio da estimação da acurácia (RESENDE; DUARTE, 2007).

No intuito de verificar se a SV foi eficiente, ela foi comparada com os caracteres MST, MSF, %F e REB, avaliados no EXP_1 e EXP_2. Para isso, utilizaram-se os BLUPs univariados em cada um dos experimentos e, a partir destes, computou-se a eficiência da seleção (ES) pela expressão proposta por Hamblin e Zimmermann (1986):

$$ES = \frac{A - C}{B - C}$$

em que

A: é o número de híbridos comuns às duas seleções;

B: é o número de híbridos selecionados no EXP_1 ou EXP_2;

C: é o número de híbridos em comum às duas seleções, unicamente devido ao acaso ($C = j \times B$), em que *j* é a proporção selecionada.

As ES foram obtidas variando-se a proporção de híbridos selecionados (*j*) em 5%, 10% e 15%, para a comparação da SV com os experimentos de campo, bem como entre o EXP_1 e o EXP_2.

Posteriormente, os ganhos com a seleção (GS) diretos foram estimados observando-se a proporção de selecionados de 5%, 10% e 15%, para os caracteres avaliados, em comparação com a média geral, tanto para o EXP_1 quanto para o EXP_2. Após isso, os ganhos genéticos indiretos foram obtidos, ou seja, utilizaram-se os BLUPs dos híbridos separadamente para o EXP_1 e o EXP_2 para computar os GS, considerando a seleção visual realizada.

3 RESULTADOS

As acurácias foram de 83% (MST), 86% (MSF), 92% (%F) e 84% (REB), para o experimento avaliando os 50 híbridos de *B. decumbens* (EXP_1) e, para o EXP_2, no qual se avaliaram 324 híbridos, as acurácias foram de 76% (MST), 73% (MSF), 77% (%F) e 88% (REB) (Tabela 2).

Em ambos os experimentos houve variação genotípica entre os híbridos avaliados ($P < 0,01$), bem como ficou evidenciada interação híbridos x cortes ($P < 0,01$), para todos os caracteres avaliados (Tabela 2).

Tabela 2 Estimativas dos componentes da variância genotípica ($\hat{\sigma}_g^2$), variância da interação híbridos x corte ($\hat{\sigma}_i^2$), acurácia ($r_{\hat{g}g}$) e média geral para os caracteres produtividade de massa seca (MST, kg/ha), produtividade de massa seca foliar (MSF, kg/ha), porcentagem de lâminas foliares (%F) e capacidade de rebrota (REB) relativos à avaliação de 50 (EXP_1) e 324 (EXP_2) híbridos de *Brachiaria decumbens* em seis e sete cortes, respectivamente.

	MST	MSF	%F	REB
EXP_1				
$\hat{\sigma}_g^2$	31814,46**	14250,64**	17,77**	0,18**
$\hat{\sigma}_i^2$	6786,85**	3129,33**	5,37**	0,04**
$r_{\hat{g}g}$	0,83	0,86	0,92	0,84
Média geral	968,9	562,9	57	3,8
EXP_2				
$\hat{\sigma}_g^2$	37992,98**	17636,83**	9,25**	0,08**
$\hat{\sigma}_i^2$	27077,79**	11173,21**	8,72**	0,05**
$r_{\hat{g}g}$	0,76	0,73	0,77	0,88
Média geral	1208,06	732,44	55,72	2,26

** Significativo, pelo teste da razão de verossimilhança, com distribuição de $\chi^2_{(0,01;1)} = 6,63$.

As eficiências de seleção (ES) variaram de 0% a 27,63% entre as comparações. Inicialmente, na comparação entre a SV e o EXP_1, as ES foram 0%, considerando a proporção de seleção de 5% e 10%; já para 15% nos caracteres MSF e %F, a ES foi de 11,76% (Tabela 3).

Na SV comparada com o EXP_2, as ES variaram de 0% ($j = 10\%$, REB) a 16,67% ($j = 15\%$, MSF). Considerando 15%, os números de coincidências foram de 11 (MST), 14 (MSF) e 10 (%F e REB), possivelmente devido à proporção de selecionados devidamente ao acaso ser maior (Tabela 3).

Tabela 3 Eficiência da seleção (%) e número de híbridos coincidentes (entre parênteses), comparando a seleção visual (SV) com as avaliações de 50 (EXP_1) e 324 híbridos (EXP_2) de *Brachiaria decumbens*, sob seis e sete cortes, respectivamente, com proporções de seleção de 5%, 10% e 15%, para os caracteres produtividade de massa seca (MST, kg/ha), produtividade de massa seca foliar (MSF, kg/ha), porcentagem de lâminas foliares (%F) e capacidade de rebrota (REB).

Comparação	<i>j</i>	MST	MSF	%F	REB
SV - EXP_1	5%	0,00 (0)	0,00 (0)	0,00 (0)	0,00 (0)
	10%	0,00 (0)	0,00 (0)	0,00 (0)	0,00 (0)
	15%	0,00 (1)	11,76 (2)	11,76 (2)	0,00 (1)
SV - EXP_2	5%	7,89 (2)	7,89 (2)	7,89 (2)	1,32 (1)
	10%	2,78 (4)	6,25 (5)	6,25 (5)	0,00 (3)
	15%	9,31 (11)	16,67 (14)	6,86 (10)	6,86 (10)
EXP_1 - EXP_2	5%	21,05 (4)	21,05 (4)	27,63 (5)	7,89 (2)
	10%	9,72 (6)	20,14 (9)	13,19 (7)	6,25 (5)
	15%	9,31 (11)	16,67 (14)	6,86 (10)	6,86 (10)

Quando se compararam os dois experimentos realizados com repetição (EXP_1 e EXP_2), as eficiências de seleção apresentaram um cenário mais favorável (Tabela 3). Considerando a $j = 5\%$, as ES foram de 21,05% (MST e MSF); 27,63% (%F) e 7,89% (REB); para $j = 10\%$, estas foram de 9,72% (MST); 20,14% (MSF); 13,19% (%F) e 6,25% (REB); e para $j = 15\%$, os valores foram de 9,31% (MST); 16,67% (MSF); 6,86% (%F) e 6,86% (REB).

As coincidências entre a seleção visual e os experimentos de campo mostraram-se variáveis entre os caracteres, tendo as maiores coincidências sido para MSF, havendo até 14 híbridos coincidentes entre a SV, quando se usou uma intensidade de seleção mais branda com o EXP_2. Mas, infelizmente, quando ocorreu uma menor proporção de híbridos selecionados ($j = 5$ e 10%), o cenário foi de nenhuma coincidência da SV com o EXP_1. Já para o EXP_2 houve coincidências variando de 1 até 5 híbridos (Tabela 3).

Os ganhos diretos com a seleção (GS) ficaram acima de 25,24% ($j = 15\%$, EXP_1) e 21,13% ($j = 15\%$, EXP_2) para MST, 28,66% ($j = 15\%$, EXP_1) e 23,14% ($j = 15\%$, EXP_2) para MSF, 8,73% ($j = 15\%$, EXP_1) e 6,51% ($j = 15\%$, EXP_2) para %F e 22,46% ($j = 15\%$, EXP_1) e 20,49% ($j = 15\%$, EXP_2) (Tabela 4).

Tabela 4 Ganhos diretos com a seleção (%) e ganhos indiretos baseados na seleção visual, mas levando-se em consideração, no cômputo do ganho, os BLUPs obtidos pela avaliação de 50 (EXP_1) e 324 híbridos (EXP_2) de *B. decumbens*.

		MST	MSF	%F	REB
	<i>j</i>	EXP_1			
Ganho direto	5%	30,74	31,55	9,74	30,73
	10%	27,70	29,85	9,24	25,93
	15%	25,24	28,66	8,73	22,46
Seleção visual	5%	3,56	5,19	1,80	1,33
	10%	-3,04	-0,90	3,75	-1,21
	15%	5,65	7,95	3,57	0,61
EXP_2					
Ganho direto	5%	26,47	28,43	8,21	28,22
	10%	22,36	24,27	6,87	22,15
	15%	21,13	23,14	6,51	20,49
Seleção visual	5%	5,96	7,02	1,40	2,56
	10%	5,61	7,70	1,66	2,92
	15%	6,36	8,03	1,61	3,98

Os ganhos indiretos no EXP_1, considerando os BLUPs dos híbridos selecionados pela SV, foram de 3,56%, -3,04% e 5,65% (MST); 5,19%, -0,90% e 7,95% (MSF); 1,80%, 3,75% e 3,57% (%F) e 1,33%, -1,21% e 0,61% (REB); considerando uma proporção de 5%, 10% e 15% de selecionados, respectivamente, para cada caráter (Tabela 4). Curiosamente, para alguns caracteres, o ganho indireto apresentou magnitudes negativas, enquanto os ganhos positivos não variaram muito entre as proporções de híbridos selecionados.

Considerando o EXP_2, os ganhos indiretos foram de 5,96%, 5,61% e 6,36% (MST); 7,02%, 7,70% e 8,03% (MSF); 1,40%, 1,66% e 1,61% (%F) e 2,56%, 2,92% e 3,98% (REB), nas situações com 5%, 10% e 15%, respectivamente.

4 DISCUSSÃO

Nos experimentos avaliados, as acurácias ficaram acima de 83% (EXP_1) e 73% (EXP_2), o que reflete boa precisão experimental para todos os caracteres (RESENDE; DUARTE, 2007). Também houve variabilidade entre os híbridos, considerando todos os caracteres, fato este relevante, pois o objetivo do trabalho foi selecionar híbridos superiores e verificar se a seleção visual foi eficiente. Isso pode ser confirmado pelos ganhos diretos com a seleção, os quais foram muito altos para os caracteres avaliados, acima de 20%, exceto para %F, em que os GS foram inferiores a 10%, mas, mesmo assim, muito satisfatórios.

Outro efeito de grande importância foi a significância para a interação híbridos x cortes, o que pode interferir na seleção dos genótipos, devido ao comportamento relativo não coincidente dos híbridos durante a avaliação. Preferencialmente, a seleção deve ser feita com base em vários cortes, como foi realizado neste caso.

A seleção visual de plantas forrageiras não é uma prática fácil, isto porque o ideótipo de uma cultivar é composto por um conjunto de caracteres que proporcionem um desempenho animal satisfatório sob pastejo. Nesse sentido, o que se deseja é uma planta com boa produtividade de massa seca total e, além disso, alta produtividade de massa seca foliar, bem como boa porcentagem de lâminas foliares, uma vez que os animais ruminantes têm preferência por esta parte da planta durante o pastejo (TRINDADE et al., 2007). Para o melhorista, a indagação se esta seleção visual funciona traria resposta para uma prática da seleção precoce e, com isso, aumentaria a eficiência da seleção dentro do programa, uma vez que é obtido um número muito grande de híbridos nas gerações iniciais, inviabilizando a avaliação de todos em experimentos com repetições.

Assim, realizou-se a SV baseada em plantas individuais e, posteriormente, os híbridos foram submetidos a uma avaliação em parcelas maiores e com repetições (EXP_1). Posteriormente, verificou-se que ainda poderia ser explorada mais a variabilidade existente e, assim, uma segunda avaliação com repetições e com quase toda a população foi realizada (EXP_2).

Quando se utilizaram proporções de híbridos selecionados de 5% e 10%, as ES foram nulas, comparando-se com o EXP_1. Quando a proporção de selecionados foi branda (15%), apenas para MSF e %F, a coincidência foi presente na comparação SV - EXP_1, mas ainda baixa (2 híbridos, ES = 11,76%). Vale lembrar que esta comparação foi realizada considerando-se o ranqueamento da seleção visual pelas frequências de votação obtidas na avaliação dos 30 avaliadores. Assim, estas comparações com o EXP_1 indicam que, visualmente, não é possível classificar os híbridos quanto ao seu potencial produtivo. Para centeio forrageiro, a seleção visual baseada no potencial produtivo (tamanho da planta, quantidade de folhas e hábito de crescimento) foi eficiente, com coeficiente de correlações acima de 80% (BRUCKNER; RAYMER; BURTON, 1991).

No presente trabalho, os ganhos diretos com a seleção foram muito expressivos, mas, quando os mesmos foram estimados considerando os híbridos da seleção visual, as magnitudes foram bem inferiores. A redução no ganho chegou a ser de até 30 vezes em relação ao ganho direto, quando se comparou o GS da SV indiretamente pelo EXP_1. Houve mesmo ganho negativo para MST, MSF e REB, na proporção de 10%, enfatizando a baixa ES observada nesta comparação com o EXP_1.

Observando-se EXP_2, em que se avaliou quase toda a população usada na seleção visual, a comparação fica mais no sentido de verificar se a seleção visual é útil para identificar os melhores, independente da sua classificação, como foi observado nas comparações com o EXP_1. Isto ocorre porque, no

EXP_1 e na SV, os híbridos foram os mesmos, fato este que desafia a seleção visual ainda mais, uma vez que a comparação é realizada ao nível de ranqueamento dos híbridos.

Assim, quando há a comparação da SV com o EXP_2, pode-se responder à seguinte questão: no melhoramento de forrageiras tropicais justifica-se avaliar uma população grande ao invés de se avaliar um número reduzido de genótipos selecionados visualmente? A resposta infelizmente não é motivadora, pois, se considerando $j = 5\%$ (16 híbridos selecionados), a coincidência foi de apenas dois híbridos ($ES = 7,89\%$), exceto para REB, em que a coincidência foi de apenas um híbrido. Numa proporção intermediária ($j = 10\%$, 32 híbridos), a coincidência foi de até cinco híbridos e, para a $j = 15\%$ (48 híbridos), a coincidência foi de até 14 híbridos. Estas observações indicam que a baixa ES da seleção visual pode ser explicada pela presença da interação genótipos x cortes, bem como pode ser confundida com a interação genótipos com os diferentes anos de avaliação.

Também pelas estimativas do GS, os ganhos indiretos baseados no EXP_2 atestaram a baixa eficiência da seleção visual, pois os GS foram também reduzidos, indicando que a resposta da questão realizada anteriormente é que a avaliação de um maior número de indivíduos com repetições se faz necessária.

Quando a comparação é realizada entre os dois experimentos com repetições, a ES melhora com a intensidade de seleção de 5% em relação às demais comparações, ou seja, mesmo existindo uma potencial presença da interação genótipos x anos, a coincidência foi de 4 (MST e MSF), 5 (%F) e 2 (REB) híbridos, em 16 selecionados. Esta comparação, por um lado, responde à questão anterior, mas, diferentemente da seleção visual, o EXP_1 compara o desempenho dos híbridos quantitativamente e não visualmente, ou seja, as estimativas BLUPs do EXP_2 podem ser mais acuradas do que o EXP_1. Isto ocorre porque, quando a seleção ignora a avaliação de toda a população, as

estimativas dos componentes podem estar viesadas e, assim, quando se seleciona com base no todo, as estimativas ficam menos viesadas e mais precisas (PIEPHO; MÖHRING, 2006)

Estudos de seleção visual para o melhoramento de forrageiras tropicais ainda são escassos na literatura. Em forrageiras temperadas, como trevo vermelho (*Trifolium pratense* L.), a seleção visual foi suficiente para explicar a variação do peso verde de biomassa, mas os autores atribuíram isto à grande experiência dos melhoristas em fazer a seleção visual (RIDAY, 2009).

Todavia, para *Paspalum notatum* var. saure Parodi, a seleção recorrente fenotípica recíproca (SRFR) permitiu reduzir o ciclo de seleção de três para um ano, quando comparada com a seleção massal fenotípica (BURTON, 1982). Mas, esta SRFR consiste em algumas modificações da seleção recorrente massal convencional. Como o plantio de 100 "seedlings" a mais por policruzamento (totalizando 200 indivíduos por progênie), aumenta-se a possibilidade de fazer uma melhor caracterização do vigor, também usando dois campos de plantas individuais, e avaliando sobrevivência no inverno e primavera.

Normalmente, em forrageiras, as plantas são selecionadas a partir de plantas individuais e, posteriormente, avaliadas em parcelas experimentais com uma área definida. Nesse sentido, para "switchgrass" (*Panicum virgatum* L.), a seleção visual em plantas individuais não apresentou uma boa correlação com a seleção em plantas conduzidas em parcelas experimentais (PRICE; CASLER, 2014b). Como, neste experimento, a seleção inicial foi em plantas individuais, isto pode explicar a baixa eficiência da seleção visual.

Além disso, também para "switchgrass", quando a seleção é realizada em plantas individuais para número de perfilhos, a produção de biomassa é correspondente, isto devido ao fato de os perfilhos serem em maior número e com maior peso. Mas, quando se compara com plantas conduzidas em parcelas experimentais, a seleção a partir do número de perfilhos não é um bom indicador

da produção de biomassa. Isto ocorre porque pode haver uma competição entre as plantas, limitando a liberação de novos perfilhos (PRICE; CASLER, 2014a).

Visto isso, a seleção visual em *B. decumbens* baseada em plantas individuais parece não ser eficiente ao ponto de vista da seleção precoce dentro do programa de melhoramento. Em forrageiras tropicais, principalmente para espécies de *Brachiaria*, fazem-se necessários estudos mais detalhados a respeito da seleção visual em plantas individuais com estratificação de ambiente ou seleção entre e dentro de progênies com maior número de indivíduos, e com conseguinte condução de parcelas experimentais para melhor entendimento das competições intergenotípicas.

5 CONCLUSÕES

A seleção visual de plantas individuais não apresentou associação com a seleção realizada em plantas conduzidas em parcelas com repetições.

Em *B. decumbens*, a seleção visual permitiu obter ganhos com a seleção, mas inferiores aos ganhos diretos realizados pelos BLUPs obtidos com a avaliação dos híbridos em experimentos com repetições.

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, pela concessão da bolsa de estudos de doutorado.

REFERÊNCIAS

- BASSO, K. C. et al. Avaliação de acessos de *Brachiaria brizantha* Stapf e estimativas de parâmetros genéticos para caracteres agronômicos. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 31, n. 1, p. 17–22, 2009.
- BRUCKNER, P. L.; RAYMER, P. L.; BURTON, G. W. Recurrent phenotypic selection for forage yield in rye. **Euphytica**, v. 54, p. 11–17, 1991.
- BURTON, G. W. Improved recurrent restricted phenotypic selection increases bahiagrass forage yields. **Crop Science**, v. 22, n. 5, p. 1058–1061, 1982.
- EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. **Sistema brasileiro de classificação de solos**. Brasília, 1999. 412 p.
- HALLAUER, A. R. Evolution of plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 11, n. 1, p. 197–206, 2011.
- HAMBLIN, J.; ZIMMERMANN, M. J. de O. Breeding common bean for yield in mixtures. In: Janick, J. **Plant Breeding Reviews**. (Ed.). Wiley-Blackwell: John Wiley & Sons, 1986. p. 245–272.
- JANK, L. et al. The value of improved pastures to Brazilian beef production. **Crop & Pasture Science**, v. 65, n. 11, p. 1132–1137, 2014.
- JANK, L.; VALLE, C. B.; RESENDE, R. M. S. Breeding tropical forages. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. S1, p. 27–34, 2011.
- MATEUS, R. G. **Desempenho agrônômico e resistência às cigarrinhas-das-pastagens de híbridos de *Brachiaria decumbens***. 2014. 51 p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul, Aquidauana, 2014.
- MENDONÇA, S. A. **Avaliação agrônômica e modo de reprodução de híbridos intraespecíficos de *Brachiaria decumbens***. 2012. 51 p. Dissertação (Mestrado em Produção Animal) Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia - Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Botucatu, 2012.
- PIEPHO, H.P.; MÖHRING, J. Selection in cultivar trials—Is it ignorable? **Crop Science**, v. 46, n. 1, p. 192–201, 2006.

PRICE, D. L.; CASLER, M. D. Predictive relationships between plant morphological traits and biomass yield in switchgrass. **Crop Science**, v. 54, n. 2, p. 637–645, 2014a.

PRICE, D. L.; CASLER, M. D. Divergent selection for secondary traits in upland tetraploid switchgrass and effects on sward biomass yield. **BioEnergy Research**, v. 7, p. 329–337, 2014b.

RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. de. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. Lavras: Editora UFLA, 2012. 328 p.

RESENDE, M. D. V. de. **Software SELEGEN – REML/BLUP**: Sistema estatístico e seleção computadorizada via modelos lineares mistos. Colombo: EMBRAPA Florestas, 2007a. 359 p.

_____. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: EMBRAPA Florestas, 2007b. 561 p.

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

RESENDE, R. M. S.; CASLER, M. D.; RESENDE, M. D. V. de. Selection methods in forage breeding: a quantitative appraisal. **Crop Science**, v. 53, n. 5, p. 1925, 2013.

RIDAY, H. Correlations between visual biomass scores and forage yield in space planted red clover (*Trifolium pratense* L.) breeding nurseries. **Euphytica**, v. 170, n. 3, p. 339–345, 2009.

SIMIONI, C.; VALLE, C. B. de. Chromosome duplication in *Brachiaria* (A. Rich.) Stapf allows intraspecific crosses. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 9, p. 328–334, 2009.

TRINDADE, J. K. da et al. Composição morfológica da forragem consumida por bovinos de corte durante o rebaixamento do capim-marandu submetido a estratégias de pastejo rotativo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 42, n. 6, p. 883–890, 2007.