



ULISSES JOSÉ DE FIGUEIREDO

**ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS E
FENOTÍPICOS EM PROGÊNIES DE *Brachiaria*
*humidicola***

LAVRAS – MG

2011

ULISSES JOSÉ DE FIGUEIREDO

**ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS E FENOTÍPICOS EM
PROGÊNIES de *Brachiaria humidicola***

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

Orientador

Dr. José Airton Rodrigues Nunes

Coorientadora

Dra. Cacilda Borges do Valle

LAVRAS – MG

2011

**Ficha Catalográfica Preparada pela Divisão de Processos Técnicos da
Biblioteca da UFLA**

Figueiredo, Ulisses José de.

Estimação de parâmetros genéticos e fenotípicos em progênies de
Brachiaria humidicola / Ulisses José de Figueiredo. – Lavras :
UFLA, 2011.

75 p. : il.

Dissertação (mestrado) – Universidade Federal de Lavras, 2011.

Orientador: José Airton Rodrigues Nunes.

Bibliografia.

1. Correlação genética. 2. Ganho genético. 3. Herdabilidade. 4.
Melhoramento de forrageiras. I. Universidade Federal de Lavras. II.
Título.

CDD – 633.27

ULISSES JOSÉ DE FIGUEIREDO

**ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS E FENOTÍPICOS EM
PROGÊNIES de *Brachiaria humidicola***

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

APROVADA em 18 de fevereiro de 2011.

Dra. Cacilda Borges do Valle	CNPGC - EMBRAPA
Dr. Magno Antonio Patto Ramalho	UFLA
Dr. Thiago Fernandes Bernardes	UFLA

Dr. José Airton Rodrigues Nunes
Orientador

LAVRAS – MG

2011

Aos meus pais, José Maurílio e Cristina de Fátima.

A minhas irmãs, Cássia e Carla,

Ao meu irmão, Juninho.

A minha namorada, Janaine.

DEDICO

AGRADECIMENTOS

A Deus, por iluminar meu caminho.

À Universidade Federal de Lavras e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, pela oportunidade de cursar o mestrado.

À Capes, pela bolsa de estudos.

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.

Aos meus pais, José Maurílio e Cristina de Fátima, pelo carinho, confiança, educação, paciência e apoio incondicional para que eu realizasse minhas conquistas.

As minhas irmãs, Cássia e Carla, e ao meu irmão Juninho pelo grande amizade, apoio, carinho e torcida por minhas realizações.

A minha amada namorada, Janaine, pelo amor, amizade, paciência, confiança, carinho, dedicação e apoio em momentos difíceis.

A toda minha família, pela torcida e, em especial, à prima Izabel, pela amizade e bons momentos compartilhados em Lavras.

Ao meu orientador, José Airton, pela amigável orientação e convivência, atenção desprendida, paciência durante a minha formação. Muito agradecido e que eu seja o primeiro de muitos orientados na UFLA.

À Dra. Cacilda, por todo conhecimento transmitido, oportunidade, confiança depositada, dedicação em minha orientação, amizade e pela motivação transmitida em trabalhar com melhoramento genético de forrageiras.

Aos membros da banca de defesa, pelas pontuais e preciosas sugestões para a melhoria deste trabalho.

Aos professores da Genética e da Zootecnia, pela amizade e ensinamentos transmitidos.

A Heloíza, pela atenção e eficácia nos auxílios necessário durante o mestrado, muito obrigado, e aos funcionários do Departamento de Biologia, pelo convívio prazeroso e amizade.

Aos colegas do GEN e do NEFOR que, de alguma maneira, contribuíram para o meu crescimento profissional e pessoal.

Aos colegas de moradia, Allan e Hugo, pela amizade e boa convivência.

Ao Silvano, pela grandiosa competência, responsabilidade, valiosa e sábia contribuição na condução do experimento. Seu esforço é, sem dúvida, um importante apoio no desenvolvimento de novas cultivares forrageiras no Brasil.

Ao Ramão, a todos os “homens” da Unipasto e aos funcionários do pavilhão de apoio, sem os quais a obtenção dos dados deste trabalho não seria possível.

Aos técnicos do Laboratório de Nutrição, pelas análises realizadas no Nirs.

Aos estagiários do melhoramento de Brachiaria, Simony, Bruno, Daniela, Silvana, Nathael e Luiza, pela dedicação e auxílio na condução do experimento.

Aos pesquisadores e aos técnicos de laboratório da Embrapa, pela amizade e auxílio.

A “todas” e todos os bolsistas vinculados ao laboratório de citogenética, pelo convívio harmonioso e as boas risadas, principalmente no momento do almoço.

Ao Sr. Geraldo e família, por me acolherem em Campo Grande com amizade e, durante a minha estadia em sua casa, por oferecer uma agradável companhia, deixando-me sentir como se fosse a minha, muito obrigado.

RESUMO

Este trabalho foi realizado com o objetivo de estimar parâmetros genéticos para caracteres agronômicos e de valor nutritivo da folha e do colmo da forragem de progênies de *B. humidicola* avaliadas em nove cortes. Além disso, pretendeu-se comparar a seleção das melhores progênies de *B. humidicola* considerando-se apenas os caracteres agronômicos e, posteriormente, em conjunto com os principais caracteres de valor nutritivo. Para isso, avaliaram-se 50 progênies oriundas do cruzamento entre a cv. BRS Tupi e acesso sexual H31. O delineamento foi em blocos ao acaso com oito repetições e parcela de 2,0 m². Avaliaram-se os caracteres produtividade de matéria seca total (MST), porcentagem de folhas (%F), produtividade de matéria seca foliar (MSF), relação folha:colmo (RFC) e notas de rebrota (Rebrota), em nove cortes realizados em intervalos de 30 a 60 dias, no período de chuvas e seca. Os caracteres de valor nutritivo avaliados foram teor de proteína bruta (PB), digestibilidade in vitro da matéria orgânica (DIVMO), fibra em detergente neutro (FDN), fibra em detergente ácido (FDA) e lignina, separadamente, para folha e colmo em quatro das oito repetições. Observou-se variabilidade genética entre as progênies para os caracteres avaliados. As estimativas de herdabilidade na média de progênies variaram de 49,14% (RFC) a 75,56% (Rebrota) entre os caracteres agronômicos e de 19,59% para PB da folha e 71,11% para FDN do colmo, entre os de valor nutritivo. As correlações genéticas entre os caracteres agronômicos foram positivas, demonstrando a possibilidade de melhoramento simultâneo para esses caracteres. Os caracteres agronômicos apresentaram correlação negativa com a PB da folha e do colmo, indicando que há dificuldade em se associar esses caracteres no sentido desejado. Os ganhos diretos para seleção das dez melhores progênies para os caracteres agronômicos foram superiores aos ganhos diretos para os caracteres de valor nutritivo. A seleção com base nos caracteres agronômicos foi coincidente entre nove das dez progênies selecionadas com base nos caracteres agronômicos mais os nutricionais PB, FDN e DIVMO do componente folha da planta.

Palavras-chave: Correlação genética. Ganho genético. Herdabilidade. Melhoramento de forrageiras.

ABSTRACT

The aim of this study was to estimate genetic parameters for agronomic and nutritive value of leaf and stem traits of progenies of *Brachiaria humidicola*. In addition, to evaluate the genetic gain with selection of the best progenies considering only the agronomic characters and later together with the main nutritive value traits. For this, 50 progenies from the cross between cv. BRS Tupi and sexual access H31 were evaluated. A randomized complete block design with eight replications and plots of 2.0 m² were used. The traits total dry matter yield (TDMY), leaf percentage (%L), leaf dry matter yield (LDMY), leaf:stem ratio (LSR) and notes of regrowth (NR) in nine cuts made at intervals of 30 to 60 days in wet and dry seasons were evaluated. The nutritive value traits evaluated were crude protein (CP), *in vitro* organic matter digestibility (IVDOM), neutral detergent fiber (NDF), acid detergent fiber (ADF) and lignin separately for leaf and stem in four replications. The variation among the progenies was significant for all traits. The estimates of heritability varied from 49,14% (LSR) to 75,56% (Regrowth) for agronomic traits and of 19,59% for CP leaf and 71,11% for NDF of the stem, for value nutritious traits. The genetic correlations between agronomic characters were positive, demonstrating the possibility of simultaneous gain for these characters. The agronomic traits were negatively correlated with CP of leaf and stem, indicating difficulty of improvement of these characters in the desired direction. The direct gains for the selection of the ten best progenies for agronomic characters were greater than the direct gains for the characters of nutritional value. The selection on the basis of agronomic traits was similar for nine of the ten progenies selected based on agronomic characters, CP, NDF and IVDOM of the leaf plant component.

Keywords: Forage breeding. Genetic correlation. Genetic gain. Heritability.

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO.....	10
2	REFERENCIAL TEÓRICO.....	12
2.1	A forragicultura no Brasil.....	12
2.2	O Capim Brachiaria.....	14
2.2.1	Gênero <i>Brachiaria</i>.....	14
2.2.2	A espécie <i>Brachiaria humidicola</i>.....	15
2.2.2.1	Qualidade e valor nutricional da <i>Brachiaria humidicola</i>.....	17
2.2.3	Melhoramento genético do gênero <i>Brachiaria</i>.....	19
2.3	Caracteres de relevância no melhoramento de plantas forrageiras.....	23
2.4	Estimativas de parâmetros genéticos em forrageiras tropicais.....	27
3	MATERIAL E MÉTODOS.....	31
3.1	Genótipos avaliados.....	31
3.2	Descrição e condução do experimento.....	31
3.3	Caracteres avaliados.....	32
3.4	Análise estatística.....	34
4	RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	38
5	CONCLUSÕES.....	57
	REFERÊNCIAS.....	58
	APÊNDICE.....	71
	ANEXO.....	74

1 INTRODUÇÃO

No Brasil, a produção de animais ruminantes é fundamentada em pastagens, constituindo a principal fonte de alimentação. O gênero *Brachiaria* (Syn. *Urochloa*) é largamente utilizado na pecuária nacional e, dentre as espécies deste gênero, a *Brachiaria humidicola* é a única espécie com aptidão para ser cultivada em solos mal drenados. Apesar de produtiva, ela apresenta limitações passíveis de melhoramento genético para caracteres como produção, valor nutritivo e dormência de sementes (EUCLIDES et al., 2010).

Dentre os caracteres de grande interesse para o melhoramento de espécies do gênero *Brachiaria*, estão a produção de matéria seca total e aqueles relacionados com o componente lâmina foliar. Isto porque este componente é preferencialmente selecionado pelos bovinos, apresentando melhor valor nutritivo em relação ao componente colmo (BARONI et al., 2010a), e também por ser um importante determinante da predição da taxa de ingestão em bovinos (REGO et al., 2006).

Assim, caracteres como porcentagem de folhas, produtividade de matéria seca foliar e relação folha:colmo devem ser usados para seleção de genótipos que resultem potencialmente em melhor rendimento animal. As avaliações de rebrota visam determinar o potencial de uma forrageira quanto à sua capacidade de suporte, ou seja, o seu potencial em termos de número de animais por unidade de área (EUCLIDES, 2001) e também a oferta de forragem (quilos de forragem por quilos de peso vivo).

B. humidicola é uma espécie forrageira que tem menor valor nutritivo em relação às demais espécies do gênero *Brachiaria* (VALLE; JANK; RESENDE, 2009). A digestibilidade *in situ* da fibra em detergente neutro no colmo e a digestibilidade da matéria seca da planta inteira foram maiores para *B. brizantha* do que para *B. humidicola* (BRITO; RODELLA; DESCHAMPS,

2003). Esses mesmos autores observaram um maior teor de proteína bruta para *B. brizantha* em relação a *B. humidicola*. Assim, além dos caracteres agrônômicos, é importante, no programa de melhoramento desta espécie, dar atenção aos caracteres relacionados ao valor nutritivo.

Sabe-se que, para o sucesso no melhoramento de uma espécie, é importante conhecer a variabilidade existente para os caracteres de importância na seleção. Além disso, a informação acerca de parâmetros genéticos como herdabilidade, repetibilidade, associação genética entre caracteres são importantes no direcionamento do programa de melhoramento para a obtenção de ganhos genéticos (CRUZ; CARNEIRO, 2006).

Os ganhos com a seleção podem ser diretos ou indiretos, isto é, quando um caráter é selecionado com base em outro. Essas duas estimativas são determinantes para o sucesso de um programa de melhoramento de qualquer espécie de importância econômica (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992). O emprego de um índice de seleção é também utilizado quando se almeja uma seleção com base em um conjunto de caracteres importantes ao mesmo tempo (BERNARDO, 2010).

Dessa forma, este trabalho foi realizado com o objetivo de estimar parâmetros genéticos para caracteres agrônômicos e de valor nutritivo da folha e do colmo da forragem de progênies de *B. humidicola* avaliadas em nove cortes. Além disso, objetivou-se comparar a seleção das melhores progênies de *B. humidicola* considerando-se apenas os caracteres agrônômicos e, posteriormente, em conjunto com os principais caracteres de valor nutritivo.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 A forragicultura no Brasil

No Brasil, as pastagens representam a base da bovinocultura. Segundo o Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística - IBGE (2006), a área estimada de pastagens é de aproximadamente 158,7 milhões de hectares, dos quais as forrageiras nativas abrangem cerca de 57,3 milhões de hectares e o restante (101,4 milhões de ha) é ocupado por pastagens cultivadas, das quais, segundo Dias-Filho (2007), metade estariam em degradação ou degradadas.

A produção de carne bovina no Brasil foi de aproximadamente 6,8 milhões de toneladas (IBGE, 2006) e a produção de leite ultrapassou os 29,1 bilhões de litros, em 2009 (IBGE, 2009). O Brasil é o segundo maior produtor de carne e o primeiro exportador de carne bovina do mundo, desde 2004 (FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION - FAO, 2007; IBGE, 2009). Além disso, tem um menor custo de produção da carne bovina, que é de 0,8 US\$/kg, enquanto nos Estados Unidos o custo é de 1,9 US\$/kg e na Austrália, 1,4 US\$/kg (GLOBALIZAÇÃO..., 2008).

A taxa de lotação, que era de 0,86 unidade animal (UA) por hectare, em 1996, passou para 1,08 UA por hectare em 2006. Esse aumento foi proporcionado pela melhoria das pastagens com o uso de cultivares mais produtivas e de melhor qualidade, juntamente com uma redução da área de pastagens (-10,7%) dos estabelecimentos agropecuários, aliada ao crescimento no rebanho bovino (IBGE, 2006).

As principais forrageiras cultivadas no Brasil são, na sua maioria, de origem africana e caracterizam-se por apresentar boa adaptação em diferentes ecossistemas brasileiros, seja em solos pobres e ácidos ou em solos férteis. As espécies do gênero *Brachiaria* ocupam 85% da área de pastagens tropicais e,

dentre estas, a *B. brizantha* cv. Marandu representa em torno de 50% de toda a área de pastagens (MACEDO, 2005). Assim, essas forrageiras são capazes de manter uma boa produtividade e qualidade para o pastejo animal.

O clima predominante nas principais regiões pecuárias do Brasil é caracterizado por um período de chuvas nos meses mais quentes do ano e um período de seca no inverno, limitando, portanto, a produção e a qualidade da maioria das forrageiras. Esse quadro reflete uma estacionalidade na produção das forrageiras tropicais. Uma alternativa de baixo custo seria o uso de pastagem diferida, ou seja, uma pastagem reservada para o seu uso na época seca, porém, os pecuaristas brasileiros utilizam recursos mais caros e, assim, a suplementação animal com o uso do pasto diferido recebe uma menor atenção (FONSECA; SANTOS, 2009).

Um melhor entendimento dos fatos que regem o bom funcionamento da cadeia de produção animal em pastagens não depende somente do lançamento de novas cultivares com maior produtividade animal, mas depende também do manejo com base na ecofisiologia das plantas e na ecologia do pastejo (DA SILVA; NASCIMENTO JÚNIOR, 2007; NASCIMENTO JÚNIOR; DA SILVA; ADESE, 2004).

Nos últimos anos, o conhecimento baseado em respostas morfofisiológicas e morfogênicas de plantas forrageiras no Brasil indicou um novo rumo nas práticas de manejo. A definição de entrada e saída dos animais na área de pastejo com base na altura em que tanto as plantas quanto os animais apresentam melhor desempenho visa justamente otimizar o manejo e aumentar a sustentabilidade do sistema produtivo (DA SILVA; NASCIMENTO JÚNIOR, 2007; LEMAIRE et al., 2009).

2.2 O capim *Brachiaria*

2.2.1 Gênero *Brachiaria*

O gênero *Brachiaria* pertence à tribo Paniceae da família Poaceae. É um gênero de plantas distribuídas em regiões tropicais e subtropicais, principalmente no continente africano, abrangendo cerca de 100 espécies (MONTEIRO; LUCAS; SOUTO, 1974). No Brasil, foram introduzidas dezesseis espécies, entre as quais quatro são mais utilizadas: *B. brizantha*, *B. decumbens*, *B. ruziziensis* e *B. humidicola*. Dentre essas, *B. brizantha*, *B. decumbens* e *B. ruziziensis* são passíveis de melhoramento genético por formarem um complexo agâmico, no qual é possível gerar híbridos interespecíficos (VALLE et al., 2008). Já para as espécies *B. humidicola* e *B. decumbens* é possível gerar híbridos intraespecíficos.

Quase a totalidade das espécies desse gênero se reproduz por apomixia apospórica do tipo *Panicum*, ou seja, o embrião desenvolve-se a partir de divisões mitóticas de uma célula somática, geralmente uma célula do nucelo (VALLE; SAVIDAN, 1996), originando sementes férteis sem haver a união da oosfera com o núcleo reprodutivo do grão de pólen, como na reprodução sexual. A apomixia é facultativa na maioria dos genótipos (MILES, 2007), havendo a possibilidade de formação de híbridos a partir de sacos embrionários sexuais (VALLE et al., 2008).

Valle e Savidan (1996) reportam que o controle genético da apomixia na avaliação de vários tipos de gerações do complexo agâmico *B. ruziziensis*, *B. brizantha* e *B. decumbens* é do tipo monogênico com dominância para a apomixia e segregação fenotípica de 1:1 em cruzamentos de planta sexual por apomítica (1 sexual:1 apomítico). Resultados semelhantes também foram

observados para espécies do gênero *Paspalum* (MARTÍNEZ; QUARIN; HAYWARD, 1999) e *Panicum* (SAVIDAN, 1982).

É inquestionável a importância do gênero *Brachiaria* para a atividade pecuária brasileira. No Brasil, o interesse pela disseminação e controle das espécies de *Brachiaria* começou no início da década de 70 do século XX (MILES et al., 2004). Atualmente, mais de 70% das sementes de forrageiras comercializadas no Brasil são de cultivares de *Brachiaria* (VALLE; JANK; RESENDE, 2009), evidenciando a inegável contribuição desse gênero na produção animal nacional.

A ampla utilização nos trópicos foi atribuída à alta produção de matéria seca, por adaptar-se a uma grande gama de tipos de solos, não apresentar problemas limitantes a doenças e ter crescimento distribuído durante todo ano (SEIFFERT, 1980). Além disso, a boa adaptação de algumas espécies do gênero *Brachiaria* a solos ácidos e de baixa fertilidade proporcionou o seu cultivo nos cerrados brasileiros, desempenhando papel primordial na pecuária de corte e leiteira (ARAÚJO; DEMINICIS; CAMPOS, 2008).

2.2.2 A espécie *Brachiaria humidicola*

A *B. humidicola* começou a ser utilizada na região amazônica nos anos de 1972-73, em substituição a *B. decumbens* cv. Basilisk, que se mostrou suscetível à cigarrinha-das-pastagens. E essa espécie tem boa adaptação a solos com drenagem deficiente e ácidos (KELLER-GREIN; MAASS; HANSON, 1996), o que proporcionou sua aceitação na região norte do país, ficando conhecida como quicuí da Amazônia.

Dias-Filho e Carvalho (2000) observaram que o alagamento reduz a fotossíntese líquida e o conteúdo de clorofila foliar para espécie *B. brizantha*, porém, nenhum efeito foi observado para *B. humidicola* e *B. decumbens*. Esses

autores classificaram *B. humidicola* como tolerante, *B. decumbens* como moderadamente tolerante e *B. brizantha* como intolerante ao alagamento.

A espécie *B. humidicola* é originária do leste e sudeste da África, principalmente em regiões úmidas (SEIFFERT, 1980). As cultivares disponíveis se reproduzem por apomixia, são perenes, eretas, apresentam estolões finos e fortes, de cor avermelhada, enraizando pelos nós; os estolões possuem folhas curtas e lanceoladas e as dos ramos vegetativos são lineares; sua inflorescência apresenta de dois a cinco racemos com 3,0 cm de comprimento; a ráquis tem 1,0 mm de largura e as espiguetas apresentam 5,0 mm de comprimento (MITIDIERI, 1983).

No banco de germoplasma do Centro Nacional de Pesquisa de Gado de Corte (CNPGC – EMBRAPA), a *B. humidicola* é representada por 58 acessos introduzidos na década de 80 do século XX, dos quais, 57 se reproduzem por apomixia e apenas um é sexual (CHIARI et al., 2007), e hexaploide ($2n = 6x = 36$) (BOLDRINI et al., 2009; BOLDRINI; PAGLIARINI; VALLE, 2009).

Nesta espécie, os acessos apomíticos apresentam vários níveis de poliploidia (VALLE et al., 2008), com graus variados de irregularidades meióticas (BOLDRINI; PAGLIARINI; VALLE, 2006). Para que ocorra produção de sementes férteis, os núcleos polares do saco embrionário precisam ser fecundados por um gameta masculino para que ocorra desenvolvimento do endosperma, num processo denominado pseudogamia (ALVES; CARNEIRO; ARAÚJO, 2001). Daí a importância em identificar híbridos com um processo normal da meiose durante a microsporogênese para que a produção de sementes seja significativa e para que possam ser utilizados como genitores na obtenção de futuros híbridos (CALISTO et al., 2008).

A caracterização de 54 acessos de *B. humidicola* revelou $2n = 36, 42$ e 54 cromossomos, sendo, até então, o número básico de cromossomos $x = 7$ e $x = 9$ aceito para o gênero *Brachiaria* (VALLE; SAVIDAN, 1996). Contudo, nos

recentes estudos de Boldrini et al. (2009) e Boldrini, Pagliarini e Valle (2009), comprovou-se um novo número básico de cromossomos para *B. humidicola*, de $x = 6$ (RISSO-PASCOTTO; PAGLIARINI; VALLE, 2006a), descrito pela primeira vez em *B. dictyoneura* (RISSO-PASCOTTO; PAGLIARINI; VALLE, 2006b). Os autores verificaram, ainda, que alguns acessos de *B. humidicola* mostraram ter $2n = 7x = 42$, sendo, portanto, heptaploides. Nesse estudo observaram-se seis monovalentes retardatários na anáfase I, enquanto havia 18 cromossomos separados para cada polo da célula, formando um conjunto de 36 cromossomos e 6 pequenos monovalentes.

A eliminação de um genoma de seis cromossomos indica claramente ser esse o número básico para essa espécie.

2.2.2.1 Qualidade e valor nutricional da *Brachiaria humidicola*

A eficiência da pecuária brasileira depende do manejo adequado das pastagens, das condições sanitárias e do desempenho animal. Esse último é função da oferta de forragem, do consumo de forragem, do valor nutritivo e do metabolismo, ou seja, é o resultado do consumo e do aproveitamento dos nutrientes metabolizáveis da forrageira.

A quantidade de forragem disponível, a princípio, nos dá a capacidade de suporte e a qualidade da forragem nos diz a quantidade de energia líquida disponível para o animal. Esses dois parâmetros estabelecem o potencial de produção animal desde que o animal tenha uma oferta disponível e seu consumo não seja limitado.

No Brasil, a dieta de rebanhos bovinos depende quase que exclusivamente de forrageiras tropicais, a qual é a principal fonte de energia e nutrientes. A qualidade da forragem é o fator mais importante entre os que influenciam a produtividade de ruminantes, seja em pastejo ou em

confinamentos (REIS et al., 2009). Ela pode ser definida como o consumo de energia digestível e mais adequadamente avaliada pelo desempenho animal, pois a interação entre os componentes químicos da forragem, sua digestibilidade e natureza dos produtos da digestão define o valor nutritivo da forragem (RESENDE et al., 2009).

Em uma classificação da qualidade das forrageiras realizada por Euclides (2001), a *B. humidicola* cv. Llanero foi considerada de baixa qualidade, o que foi atribuído, principalmente, aos menores conteúdos de proteína bruta (PB). A *B. humidicola* teve menor valor nutritivo em relação a *B. ruziziensis*, *B. brizantha* e *B. decumbens*, devido aos menores valores de digestibilidade *in vitro* e *in situ* da matéria seca e à maior concentração das frações fibrosas e indigestíveis (LOPES et al., 2010).

Em *B. humidicola*, Brito, Rodella e Deschamps (2003) não observaram diferença significativa, comparada a *B. brizantha*, quanto ao teor de fibra em detergente neutro (FDN), bem como em porcentagem de degradabilidade *in situ* dessa fração. Mas estes mesmo autores observaram diferença significativa para a degradabilidade da matéria seca, tendo *B. brizantha* apresentado maior degradabilidade do que *B. humidicola*.

O perfil de proteína bruta em pastagens de *B. humidicola* varia de acordo com estação do ano. Na época chuvosa, o teor de PB é, em média, de 6,35% e, na época seca, de 5,7% (VERGARA-LÓPEZ; ARAUJO-FEBRES, 2006). Esses teores encontrados para *B. humidicola* estão abaixo do recomendado para ruminantes, que precisam de, no mínimo, 7,0% de PB para que possam alcançar níveis de consumo e digestibilidade suficientes para sua manutenção (VAN SOEST, 1994). Observa-se que essa espécie não tem altos teores de PB, quando comparada com outras espécies do mesmo gênero. Flores et al. (2008) observaram, nas alturas de dossel de 15, 25 e 40 cm, teores de 9,6%, 10,1% e 10,6% de PB, respectivamente, para *B. brizantha*.

Apesar dos teores baixos de proteína bruta na forragem, no pastejo o animal selecionará a dieta de forma a alcançar suas necessidades proteicas, selecionando, preferencialmente, lâminas foliares. Do ponto de vista de melhoramento genético, seria muito importante obter cultivares com valores superiores a esses observados.

Dessa forma, é evidente que, para se ter um ótimo desempenho animal ou que proporcione melhor eficiência na busca de novas cultivares forrageiras, o melhorista deve estar atento ao potencial nutritivo da forrageira.

2.2.3 Melhoramento genético do gênero *Brachiaria*

O emprego de cultivares melhoradas teve participação expressiva no aumento da produtividade das principais espécies cultivadas durante o século XX (RAMALHO; LAMBERT, 2004). No entanto, no Brasil, a magnitude dos resultados obtidos no melhoramento de forrageiras é menor que no melhoramento de grandes culturas (PEREIRA et al., 2001). Mas, apesar de a área com pastagens ser muito grande, o número de melhoristas de plantas forrageiras se restringe a poucos profissionais (RAMALHO; FURTINI, 2009; VALLE; JANK; RESENDE, 2009) para os inúmeros gêneros e espécies a serem abordados. Além disso, as espécies não são domesticadas e não há, ainda, métodos pré-estabelecidos para o melhoramento de plantas perenes apomíticas.

Outro complicador é que o objetivo do melhoramento de plantas forrageiras não se limita a obter genótipos com maior produtividade, mas plantas que proporcionem maior desempenho animal, ou seja, o produto final é a qualidade e a quantidade de carne ou leite resultante da transformação da pastagem pelos animais ruminantes e não somente características intrínsecas da planta (PEREIRA et al., 2001).

Dentre os requisitos para o melhoramento de plantas forrageiras, podem-se citar os estudos de diversidade, a identificação do modo de reprodução, a viabilização de cruzamentos intra e interespecíficos e a estimação de componentes genéticos, fenotípicos e ambientais. Os objetivos específicos são a seleção de ecótipos e híbridos superiores quanto à produtividade e a resistência a estresses bióticos e abióticos, ao valor nutritivo e à produção animal sob pastejo (ganho por cabeça por dia e ganho por hectare), com vistas ao lançamento de cultivares (VALLE et al., 2008).

Nesse contexto, o objetivo do melhoramento do gênero *Brachiaria* no Brasil tem sido avaliar e selecionar genótipos elites dentre a variabilidade existente no banco de germoplasma formado pela introdução de acessos originários da África, nos anos de 1984 e 1985, por meio da parceria da Embrapa com o Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT). Na ocasião foram introduzidos 455 acessos divididos em 13 espécies dentro do gênero, com destaque para a espécie *B. brizantha*, com 222 acessos (VALLE et al., 2008).

Diante de tanta diversidade, os trabalhos iniciais consistiram na caracterização básica dos acessos quanto à adaptação, à morfologia, ao modo de reprodução e à ploidia. Ao mesmo tempo, procedeu-se a avaliação agrônômica em três fases. Na fase 1 foi feita a avaliação de produção de forragem sob cortes, comportamento frente a doenças e pragas, produção de sementes viáveis e avaliação de rebrota sete dias após os cortes. A fase 2, com um número reduzido de genótipos, consistiu em fazer ensaios regionais, em que se avalia o efeito do animal sobre a forrageira. Na fase 3, poucos genótipos foram avaliados sob pastejo e os que mostraram maior desempenho animal em relação às testemunhas foram lançados como novas cultivares (VALLE et al., 2008).

Atualmente, as cultivares do gênero *Brachiaria* existentes no Brasil são frutos do trabalho de seleção de genótipos de origem africana e abrangem as

espécies *B. brizantha*, representada por três cultivares (cv. Marandu, cv. Xáraes e cv. BRS Piatã) e *B. humidicola*, com duas cultivares (cv. Comum e cv. Llanero) e com previsão de lançamento da BRS Tupi em 2011.

O melhoramento genético de gramíneas forrageiras tropicais, mesmo sendo uma atividade, recente promoveu significativos progressos em *Brachiaria* (MILES et al., 2004; MILES; VALLE, 1996; RESENDE et al., 2002) e híbridos promissores já estão em avaliação. Isso foi possível porque, durante a fase de seleção, foram identificados genótipos candidatos a genitores. Os cruzamentos têm sido realizados desde 1988, na Embrapa Gado de Corte e, como fonte de sexualidade, utiliza-se a espécie *B. ruziziensis* artificialmente tetraploidizada e, como fonte de genitores doadores de pólen, as espécies *B. brizantha* e *B. decumbens*. Dessa forma, são obtidos híbridos interespecíficos. Contudo, alguns desses híbridos são pouco férteis e têm baixa ou nenhuma produção de sementes (VALLE et al., 2008), dificultando a funcionalidade de um método de melhoramento a partir de novas hibridações.

Como esses híbridos são gerados a partir de genitores poliploides e não se conhece a afinidade genômica entre essas espécies, os estudos de comportamento cromossômico têm sido primordiais para explicar infertilidade e identificar genótipos promissores (MENDES-BONATO et al., 2006; RISSO-PASCOTTO et al., 2004). Híbridos interespecíficos no comércio, como o Mulato e o Mulato II, mostraram problemas de produção de sementes, apesar de serem promissores agronomicamente (NITRONAV AGRICOMMERCE BRASIL - NAB, 2010), fato esse decorrente da poliploidia na maioria das espécies associadas com grau variado de incompatibilidade genômica. Diploides naturais, em geral, exibem meiose regular, enquanto os poliploides apresentam configurações meióticas irregulares que causam desbalanceamento cromossômico nos micrósporos, levando à esterilidade do pólen (MENDES-BONATO et al., 2002, 2004; MENDES-BONATO; PAGLIARINI; VALLE,

2006; UTSUNOMYIA; PAGLIARINI; VALLE, 2004; VALLE; SAVIDAN, 1996).

Apesar disso, foi possível produzir e identificar híbridos sexuais e apomíticos com características desejáveis para seguirem no processo de melhoramento e desenvolvimento de cultivares (VALLE et al., 2008; VALLE; MACEDO; CALIXTO, 2000). A avaliação agrônômica de alguns desses mostrou que existe variabilidade entre híbridos interespecíficos de *B. brizantha* e *B. decumbens* com *B. ruziziensis*, sendo possível selecionar híbridos com alta produção de matéria seca associada a uma boa qualidade da forragem (PEREIRA et al., 2005).

A hibridação intraespecífica também pode ser utilizada e isso somente foi possível com a duplicação cromossômica dos genótipos sexuais e diploides para igualarem aos genótipos apomíticos. Cruzamentos foram realizados, na Embrapa Gado de Corte, entre genótipos de *B. humidicola*, em 2005 (VALLE et al., 2008) e, mais recentemente, obtiveram-se híbridos intraespecíficos de *B. decumbens*, utilizando-se genótipos sexuais duplicados artificialmente por colchicina (SIMIONI; VALLE, 2009) cruzados com a cultivar tetraploide natural apomítica Basilisk.

Em 2005, iniciou-se um programa de melhoramento de *B. ruziziensis* pela Embrapa Gado de Leite. Essa é a única espécie sexual e diploide do gênero cultivada no Brasil (SOUZA SOBRINHO et al., 2009). É caracterizada por apresentar bom valor nutritivo da forragem e palatabilidade, contudo, tem produtividade mais baixa, é pouco tolerante a solos ácidos e de baixa fertilidade e pouco resistente a cigarrinhas-da-pastagem. Dessa forma, o objetivo do programa é o melhoramento intrapopulacional dessa espécie, visando selecionar plantas mais adaptadas aos solos brasileiros e resistentes à cigarrinha, sem perder a boa qualidade da forragem.

Além de alta produtividade e bom valor nutritivo da forragem, um dos principais enfoques do programa de melhoramento é a busca por cultivares resistentes a estresses bióticos e tolerantes a estresses abióticos.

Entre os bióticos, as cigarrinhas-das-pastagens (Homoptera:Cercopidae) apresentam-se como o principal complexo de pragas em pastagens no Brasil. O controle químico, avaliado por alguns autores, como Silveira Neto (1976), é de aplicação limitada por ser antieconômico e por apresentar grande potencial de contaminação do ambiente. Daí a importância de gerar cultivares resistentes a esses insetos. São inúmeras as espécies de cigarrinhas que têm causado reduções acentuadas na capacidade de suporte das pastagens, mas três gêneros são os mais frequentes e importantes: *Deois*, *Notozulia* e *Mahanarva* (VALÉRIO et al., 1996). Avaliações de acessos de *Brachiaria* já produziram resultados importantes e revelam a validade desta linha de pesquisa (LAPOINTE et al. 1992; MILES et al., 1995; MILES; CARDONA; SOTELO, 2006; THOMAS; LAPOINTE, 1989; VALÉRIO et al., 2001; VALÉRIO; JELLER; PEIXER, 1997)

2.3 Caracteres de relevância no melhoramento de plantas forrageiras

A boa performance animal pode ser definida como uma consequência de um manejo adequado do pastejo. Este, por sua vez, pode ser influenciado pelas características morfogênicas da planta (EUCLIDES, 2001), tais como taxa de alongamento de colmo, taxa de alongamento de folhas e taxa de aparecimento de folha, as quais são controladas geneticamente, por condições ambientais e pelas características estruturais: proporção de partes da planta (folha, colmo e material morto), relação folha:colmo, tamanho da folha e densidade populacional de folhas (LEMAIRE et al., 2009).

As respostas de plantas forrageiras observadas nos estudos dessas características são importantes e fundamentais para o entendimento e o planejamento de estratégias e de práticas de manejo do pastejo, pois definirão o uso racional do sistema de produção animal em pastagens, a partir das condições do pasto (altura, massa de forragem, massa de lâminas foliares, índice da área foliar, etc.) (DA SILVA; NASCIMENTO JÚNIOR, 2007).

O componente folha na pastagem é apontado como característica importante para se aumentar o consumo animal (STOBBS, 1973). A folha verde apresenta maiores teores de proteína bruta, proteína insolúvel em detergente neutro, proteína insolúvel em detergente ácido, extratos etéreos e cinzas, além de menores teores de fibra relativos a outros componentes, como folha seca, colmo verde e colmo seco (BARONI et al., 2010b). O animal tem preferência por folhas, pois uma maior porcentagem de folhas em relação ao colmo e ao material morto foi encontrada na extrusa de animais fistulados no esôfago em pastejo de capim-marandu com interceptações luminosas de 95% (TRINDADE et al., 2007) e a desfolhação pelo animal corresponde a 67% do limbo foliar (GONÇALVES, 2002). Além disso, ocorre maior disponibilidade de folhas nos extratos superiores do dossel forrageiro, independente da altura manejada do pasto (MOLAN, 2004), facilitando, assim, a seletividade do animal em apreender folhas.

A taxa de ingestão em bovinos pode ser determinada em função da proporção de lâminas verdes, massa de forragem (t/ha), FDN de lâminas verdes (%) e altura da pastagem. Em estudo com capim-marandu, Rego et al. (2006) observaram que estas variáveis influenciaram positivamente a taxa de ingestão de novilhos mestiços. Além disso, os autores indicaram a proporção de lâminas verdes como mais importante na equação, por apresentar maior efeito direto e maior correlação com a taxa de ingestão.

Assim, em situações com oferta de forragem suficiente, o animal seleciona as porções mais nutritivas (folhas verdes) em detrimento dos colmos e do material senescente (BARONI et al., 2010a). Esse conjunto de fatores remete à importância do componente folha dentro da pastagem. Para que o animal tenha ganhos satisfatórios e, conseqüentemente, possa ser seletivo é necessária uma oferta de forragem de, no mínimo, 2,5 t/ha de matéria seca total e, pelo menos, 10% de folhas verdes (BARONI et al., 2010b).

Modificações na estrutura do dossel podem influenciar de forma considerável o consumo de forragem. Isso se confirma pelo fato de que as características estruturais expressadas nas relações lâmina foliar:colmo (RFC) e lâmina foliar:material morto (RFM) alteraram a estrutura do dossel (EUCLIDES et al., 2009). Esses autores observaram que a RFC e RFM foram mais importantes que o valor nutritivo da forragem para o ganho de peso animal. A RFC está associada à facilidade com que os animais colhem a parte da planta preferida, ou seja, a folha (BRÂNCIO et al., 2003). Estes mesmos autores, observando a disponibilidade de folha e colmo no pré-pastejo e no pós-pastejo, observaram uma redução na porcentagem de folhas e um aumento de colmos durante o período de pastejo, no qual a disponibilidade de folhas foi reduzida de 41% para 75%, do pré-pastejo para o pós-pastejo. Euclides, Macedo e Oliveira (1992) também verificaram que a dieta selecionada pelos animais em pastagem de capim-braquiária apresentava 90% de forragem verde, com grande participação da fração lâminas foliares.

A RFC é determinada pelo alongamento de colmo e folha e é influenciada pela frequência de desfolhação do dossel e, conseqüentemente, o valor nutritivo da forrageira (HODGSON; DA SILVA, 2002). Considerando-se 95% de interceptação luminosa (IL) no momento de interrupção de rebrota para o pastejo animal, ou seja, início da desfolhação, observa-se uma maior taxa de acúmulo de folhas (DA SILVA; NASCIMENTO JÚNIOR, 2007). Com 95% de

IL ocorre uma menor produção de massa de forragem, porém, com maior proporção de folhas e menores proporções de colmo e material morto, quando comparado com a IL de 100% (CARNEVALLI et al., 2006).

Também uma menor massa de bocado é observada considerando 95% de IL comparada com 100% de IL, porém, os bocados continham maior proporção de folhas e menor proporção de colmos e de material morto (TRINDADE, 2007). A partir do ponto de 95% de IL, o maior acúmulo de forragem é de colmo e material morto (BARBOSA, 2004; CARNEVALLI, 2003; PEDREIRA, 2006; ZEFERINO, 2006). Observou-se que, com 95% de IL, o controle da estrutura do dossel e do valor nutritivo da forragem produzida foi mais efetivo (BUENO, 2003; TRINDADE, 2007).

A estrutura do dossel pode ser afetada pelo manejo do pastejo (CARVALHO et al., 2001), ou seja, o manejo no momento de desfolhação do dossel pela altura, em capim-marandu (SBRISSIA; DA SILVA, 2008) e capim Tifton-85 (SBRISSIA et al., 2003), fez com que a relação folha:colmo baseada na massa diminuísse. Essa redução se deve ao aumento da massa de colmos verdes com o aumento da altura, pois, em pastos com plantas mais altas, os perfilhos são maiores e requerem colmos mais espessos e mais desenvolvidos para suportar o peso.

Santos et al. (2010) observaram que a massa de lâminas foliares reduziu linearmente com a altura e assim pode ocorrer um comprometimento do desempenho dos animais em pastejo, pois afeta negativamente a estrutura do dossel e o valor nutritivo do pasto.

Os animais são muito seletivos e preferem partes de plantas que vão lhes render um melhor rendimento de bocado, bem como um melhor aproveitamento ou um melhor desempenho animal. A folha é a parte da planta que reserva as melhores qualidades (maiores teores de PB, menores teores de FDN e lignina, etc.) e melhor valor nutritivo (maior DIVMS) em relação ao colmo. Em capim-

colonião, os teores de PB foram inferiores para colmos em relação às folhas. Já para FDN foi observado o inverso, tendo as folhas apresentado menores teores que os colmos (STABILE et al., 2010). Esses mesmos autores observaram que a DIVMS foi semelhante entre colmo e folha na idade de 30 dias de corte; aos 60 dias, a fração colmo teve maior DIVMS e, aos 90 dias, a fração folha teve maior DIVMS. Esses dados são interessantes porque vemos que pode haver uma interação entre a maturidade e as partes de plantas, ou seja, dependendo da idade, ocorre uma alteração no valor nutritivo das frações da planta. Esse fato foi confirmado por Paciullo et al. (2001), tendo a DIVMS de folhas sido mais prejudicada do que em colmos, com o incremento nos teores de FDN, FDA e lignina.

As médias dos teores de proteína bruta (PB) de lâminas foliares ao longo do ano foram de 15,34%, 17,19% e 15,33%, para as gramíneas Marandu, Setária e Tânzania, respectivamente. Já as médias dos teores de PB das hastes foram de 9,05%, 9,91% e 7,58%, respectivamente (GERDES et al., 2000). Menores teores de PB também foram observados para colmos do que para lâminas foliares, para pastos de *B. decumbens* (GOMIDE et al., 2001). Dessa forma, nota-se que, em termos de PB, as folhas apresentam melhor qualidade.

2.4 Estimativas de parâmetros genéticos em forrageiras tropicais

A herdabilidade e o ganho com a seleção podem ser estimados a partir dos componentes de variância associados a genótipos e ao erro experimental (RAMALHO; FERREIRA; OLIVEIRA, 2005). A significância da variância genética permite inferir sobre a existência de variabilidade genética para os caracteres em avaliação, sendo essa verificação de extrema importância em um programa de melhoramento. Ademais, com a estimação de parâmetros genéticos,

é possível direcionar para um método de melhoramento com o qual se obtenha maior eficiência.

As estimativas de correlações fenotípicas e genéticas entre caracteres de interesse também são imprescindíveis. A correlação fenotípica mede o grau de associação de dois caracteres provenientes dos efeitos genético e ambiental, enquanto a correlação genética mede a associação entre os valores genéticos de dois caracteres (FALCONER; MACKAY, 1996). A correlação genética é causada por genes pleiotrópicos e/ou genes ligados, podendo ser utilizada na orientação da estratégia de melhoramento.

Resende et al. (2002) estimaram a herdabilidade no sentido amplo, correlações genéticas e fenotípicas para caracteres agronômicos, como produção de matéria seca total (MST), matéria seca foliar (MSF), matéria seca verde (MSV), porcentagem de matéria verde (PV) e porcentagem de folhas (%F), para híbridos interespecíficos entre *B. brizantha* e *B. ruziziensis*. Foram observados valores elevados de herdabilidade para os caracteres em estudo, superiores a 60%, indicando a possibilidade de sucesso com a seleção. Além disso, os autores evidenciaram elevadas correlações genéticas entre MST, MSF e MSV.

Resultados semelhantes foram observados por Basso et al. (2009), segundo os quais as correlações genéticas entre os caracteres MST-MSF e MSV-MSF, para 218 genótipos de *B. brizantha*, foram altas e positivas, variando de 0,6252 a 0,9962, em quatro campos de avaliação no período das águas. Nesse estudo, os autores observaram, ainda, herdabilidades individuais no sentido amplo para MSF variando de 64% a 89%. Para os caracteres porcentagem de colmos, de lâminas foliares e RFC, foram observados valores de herdabilidades acima de 70% em estudo com 52 clones de capim-elefante (SILVA et al., 2010).

Para se obter estimativas precisas dos componentes de variância, é necessário que os dados fenotípicos provenham de experimentos de boa qualidade, ou de outro modo, de experimentos que apresentem elevada acurácia

seletiva. Esse parâmetro quantifica a qualidade dos experimentos e se refere à correlação entre o valor genotípico real do efeito de tratamento e aquele estimado ou predito com base nas informações dos experimentos (RESENDE; DUARTE, 2007).

Outro aspecto, em se tratando de plantas perenes ou semiperenes, é a observação de medidas repetidas ou colheitas, que auxiliam na aferição da eficiência da predição do valor genético a partir de consecutivas mensurações em um indivíduo, e que pode ter duas abordagens, segundo Resende et al. (2008). A primeira abordagem usa m medidas para predizer eficiência por ciclo seletivo com o uso de m medições em vez de uma e pode ser obtida pela expressão $\{m/[1+(m-1)\rho]\}^{1/2}$, em que ρ é a repetibilidade. A segunda abordagem é em função da acurácia seletiva ($r_{\hat{a}a}$) ou coeficiente de determinação (confiabilidade) ($r_{\hat{a}a}^2$), escolhida a priori. Esta última depende da herdabilidade dos caracteres para se atingir uma determinada confiabilidade com m medições na seleção para os efeitos aditivos e genotípicos (aditivos + não aditivos) e não apenas da repetibilidade.

Em avaliação de progênies de *Panicum maximum*, Martuscello et al. (2007) utilizaram quatro métodos de estimação do coeficiente de repetibilidade, para as características MSF, MSF, F(%) e produção de matéria verde (MV). Eles observaram variação de 0,51 a 0,86. A confiabilidade na seleção das melhores progênies de *P. maximum*, baseada no valor fenotípico de MSF, foi de 96,88% (método dos componentes principais baseado na matriz de covariância). Esse resultado indicou que cinco medições são suficientes para predizer com confiabilidade o comportamento dos genótipos.

A avaliação de dois anos foi suficiente para se obter elevada acurácia na seleção para os caracteres MSF, F(%), rebrota e vigor em genótipos de *B. brizantha*, portanto, não seria justificável a realização de três anos de avaliação para selecionar os indivíduos superiores (BASSO et al., 2009).

Souza Sobrinho et al. (2010), avaliando progênies de meios-irmãos de *B. ruziziensis*, observaram que, para os caracteres altura de plantas (cm) e massa de matéria verde (Mg ha^{-1}), são necessários de 7 a 8 cortes, considerando um coeficiente de determinação de 0,80. Já para os caracteres massa de forragem seca (Mg ha^{-1}) e porcentagem de matéria seca, considerando o mesmo coeficiente de determinação, são necessários 10 a 14 cortes.

São necessárias 10 e 5 medições para discriminar genótipos de *P. maximum*, com 90% de confiabilidade, para os caracteres produção de matéria seca foliar e altura de plantas, respectivamente. Já para os caracteres produção de matéria verde, produção de matéria seca e porcentagem de folhas com 85% de confiabilidade são necessárias 10, 9 e 11 medições, respectivamente (LÉDO et al., 2008).

Valores acima de 80% para coeficiente de determinação são considerados bons quando se deseja selecionar um determinado grupo de genótipos a partir de várias medições (RESENDE, 2002). Entretanto, o número de medições depende das condições edafoclimáticas e do objetivo do trabalho na avaliação de um conjunto de genótipos (LÉDO et al., 2008).

Os valores genotípicos preditos e a estimação dos parâmetros genéticos podem ser obtidos pela abordagem REML/BLUP (máxima verossimilhança residual ou restrita/melhor predição linear não viciada) e são ainda mais precisos quando os dados são desbalanceados e sob presença de parentesco entre os genótipos em teste (RESENDE et al., 2008).

Os ganhos com a seleção baseados em valores genéticos preditos em relação a todos os indivíduos candidatos e no tamanho efetivo da população de produção possibilitam estabelecer a melhor estratégia de seleção quanto ao aumento da eficiência do melhoramento (SIMEÃO et al., 2002).

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Genótipos avaliados

Os tratamentos avaliados foram 50 progênies de irmãos germanos de *B. humidicola* e os seus genitores, a cv. BRS-Tupi e o genitor H31 (acesso sexual), como testemunhas, ambos hexaploides ($2n=6x=36$). Estas progênies foram selecionadas anteriormente em uma avaliação preliminar envolvendo 364 progênies do cruzamento biparental previamente mencionado, com base nos caracteres qualitativos de vigor, densidade de folhas e florescimento abundante. Dentre as progênies selecionadas, 29 são apomíticas e 21 são sexuais.

3.2 Descrição e condução do experimento

O experimento foi conduzido nas dependências da Embrapa Gado de Corte (latitude 20°27' S, longitude 54°37' W e altitude de 530 m), localizada na cidade de Campo Grande, MS. O tipo de solo é o Latossolo Roxo Álico (EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA - EMBRAPA, 1999), cuja composição química se encontra na Tabela 1. O clima, conforme classificação de Köppen, é do tipo tropical chuvoso, subtipo AW, 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.

Tabela 1 Composição química do solo da área experimental

Perfil	pH	Ca ⁺⁺ *	Mg ⁺⁺ *	Al ⁺⁺⁺ *	P **	K ⁺ *	V (%)	MO (%)
0-20 cm	5,05	3,41	1,52	0,07	8,82	0,16	57,88	4,34
20-40 cm	4,78	2,29	1,02	0,21	4,93	0,08	47,03	3,65

* cmol./dm³, ** mg/dm³.

A implantação do experimento de avaliação dos 52 tratamentos genéticos, propagados vegetativamente por meio de mudas, foi realizada em janeiro de 2007, no delineamento de blocos ao acaso, com oito repetições. Cada parcela experimental foi constituída por três plantas com espaçamento de 1,0 m entre plantas e 1,0 m entre linhas, perfazendo uma área 3,0 m², no qual 1,0 m² foi deixada para avaliação da produção de sementes e a área útil utilizada neste experimento foi de 2,0 m². Como bordadura foi plantada a grama pensacola ao redor do experimento.

As parcelas experimentais foram submetidas a nove cortes realizados a cerca de 10 cm do solo em intervalos de rebrota 30 a 60 dias, em que se adotou a altura de plantas no momento de corte de 30 cm. Destes, sete foram realizados no período das águas: 27/11/2007, 21/01/2008, 25/02/2008, 08/10/2008, 09/12/2008, 28/01/2009 e 02/04/2009 e dois no período da seca: 23/04/2008 e 12/07/2010.

3.3 Caracteres avaliados

A produção de matéria verde de cada parcela foi anotada após cada corte com posterior retirada de uma subamostra de aproximadamente 300 g, a qual foi colocada em estufa de ventilação forçada, a 72°C, para a determinação da porcentagem de matéria seca (MS), em quatro das oito repetições. As subamostras das demais repetições foram armazenadas em câmara fria com posterior separação botânica e secagem em estufa de ventilação forçada, para a determinação do peso seco de folha, colmo e material morto.

Em cada corte foram avaliados cinco caracteres agrônômicos. A partir da produção de matéria verde e da porcentagem de matéria seca foi estimada a produtividade de matéria seca total (MST, kg ha⁻¹). Com base no peso de folhas e colmos, foi determinada a porcentagem de folhas (%F) no peso seco total da

cada subamostra, bem como a relação folha:colmo (RFC). Também foi determinada a produtividade de matéria seca foliar (MSF, kg ha⁻¹) a partir da MST e da %F. Como para os caracteres MSF, %F e RFC foram utilizadas apenas quatro das oito repetições, tomou-se o cuidado de repetir sempre as mesmas repetições em todos os cortes.

O outro caráter agrônômico avaliado foi a capacidade de rebrota das progênies, cuja mensuração foi realizada sete dias após cada corte, em função da nota de densidade (1: menos de 20% dos perfilhos rebrotados; 2: 20%-40%; 3: 40%-60%; 4: 60%-80% e 5: mais de 80%) e da velocidade de perfilhos rebrotados (baixa, média e alta de crescimento em altura) (BASSO et al., 2009), conforme apresentado na Tabela 2.

Tabela 2 Notas de rebrota estimada pela combinação das notas de densidade e velocidade de rebrota

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

Não foi possível avaliar a rebrota nos dois cortes de seca, pois, aos sete dias após os cortes, não havia volume suficiente para justificar uma comparação entre os híbridos.

Também foram realizadas análises químicas de amostras secas e moídas separadamente para folha e colmo nos cortes avaliados. Os caracteres de valor nutritivo determinados foram os teores de proteína bruta (%MS), digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica (%), fibra em detergente neutro (%MS), fibra em detergente ácido (%MS) e lignina (%MS). Para isto, utilizou-se a espectrometria de infravermelho (NIRS) (MARTEN; SHENK; BARTON, 1985).

3.4 Análise estatística

A análise dos dados foi realizada utilizando-se a abordagem de modelos mistos empregando-se o software SELEGEN REML/BLUP (RESENDE, 2007a). Como cada caráter foi avaliado em vários cortes por parcela, realizou-se a análise para cada corte, empregando-se o seguinte modelo estatístico:

$$y = Xb + Zg + e$$

em que

y: vetor de dados;

b: vetor dos efeitos de repetição (fixos) somados à média geral;

g: vetor de efeitos genotípicos de progênies (aleatórios), sendo $g \sim \text{NMV}(0, I\sigma_g^2)$. O σ_g^2 é o componente de variância genotípico associado às progênies;

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

X e Z: matrizes de incidência para b e g, respectivamente.

Baseado no indicativo de heterogeneidade de variâncias residuais evidenciada a partir da variação das estimativas das herdabilidades individuais por corte, procedeu-se a padronização dos dados fenotípicos mediante 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 : média das herdabilidades individuais dos k cortes para o caráter i.

De posse dos dados padronizados, realizou-se a análise conjunta considerando todos os cortes, de acordo com o seguinte modelo estatístico:

$$y^p = X_m + Zg + Wp + Ti + e$$

em que

y^p : vetor de dados padronizados;

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

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

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

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

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

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

A estimação dos componentes de variância e a predição dos efeitos aleatórios, especialmente dos valores genotípicos associados às progênies, foram realizadas utilizando-se o procedimento REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não tendenciosa) (RESENDE, 2002; RESENDE, 2007b).

A precisão experimental foi aferida por meio da estimação da acurácia, conforme proposto por Resende e Duarte (2007). Ademais, foram estimados os seguintes parâmetros genéticos: herdabilidade na média das progênies (h_m^2), correlações genéticas dos genótipos através dos cortes (r_{gc}), repetibilidade média dos cortes (r_m) e coeficiente de determinação (R^2).

A fim de verificar a associação entre os caracteres, foi estimada a correlação genética ($r_{G(x,y)}$) entre os caracteres avaliados, de acordo com a fórmula (BERNARDO, 2010):

$$r_{G(x,y)} = \text{COV}_{G(x,y)} / \sqrt{\sigma_{G_x}^2 \cdot \sigma_{G_y}^2},$$

em que $COV_{G(x,y)}$: covariância genética entre o desempenho das progênes para os caracteres x e y ; $\sigma_{G_x}^2$ e $\sigma_{G_y}^2$: variâncias genéticas entre as progênes para os caracteres x e y . Utilizou-se o procedimento descrito em Holland (2006) para a obtenção dos erros padrões associados às correlações genotípicas, os quais foram obtidos pela Rotina 1A (Anexo A) por meio do pacote estatístico SAS (STATISTICAL ANALYSIS SYSTEM INSTITUTE - SAS INSTITUTE, 2002).

O ganho com a seleção para cada caráter foi estimado com base nos valores genotípicos preditos na seleção das dez melhores progênes. Além disso, foram estimados os ganhos indiretos de um caráter quando este é selecionado com base em outro. Para isto, utilizaram-se os valores genotípicos preditos dos caracteres indiretos das dez melhores progênes consideradas para o ganho direto de um caráter. Para melhor visualização do ganho indireto estimou-se o ganho relativo em porcentagem do caráter, quando este foi selecionado indiretamente por outro caráter.

Na seleção de progênes, visando o melhoramento genético e ganho para vários caracteres simultaneamente, nos períodos de águas e seca, foi adotado o seguinte índice (RESENDE, 2007b):

$$I_j = \sum_{i=1}^n \hat{g}_{ij} \times w_i \times \frac{1}{\hat{\sigma}_{g_i}}$$

em que

I_j : índice associado à progênie j ;

\hat{g}_{ij} : valor genotípico predito da progênie j para o caráter i ;

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

$\hat{\sigma}_{g_i}$: estimativa do desvio padrão genotípico para o caráter i .

Inicialmente, fez-se a seleção das dez melhores progênes considerando pesos econômicos iguais entre os caracteres agronômicos (Índice 1). Posteriormente, além dos caracteres agronômicos, utilizara-se os caracteres químicos proteína bruta, fibra de detergente neutro e digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica do componente folha na composição do segundo índice (Índice 2), isto, a fim de selecionar progênes que agreguem não só produção como também valor nutritivo favorável. Os pesos econômicos do índice 2 foram de 0,14, para cada caráter agronômico e de 0,10, para cada caráter químico, de tal forma que os caracteres agronômicos ficaram com peso de 70% e os caracteres químicos com peso de 30%.

Com base no ordenamento das progênes pelos índices, estimou-se o ganho com a seleção para cada caráter via valores genotípicos anteriormente preditos por ocasião da análise conjunta dos dados.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

A acurácia observada em cada corte variou de 11% a 89%, para os caracteres avaliados (Tabela 1A, APÊNDICE A). Aproximadamente 75% das acurácias estimadas nos cortes e caracteres avaliados ficaram acima do limiar de 43%, considerado como de precisão moderada a alta (RESENDE; DUARTE, 2007), ou seja, tem-se uma boa confiabilidade para a estimação dos valores genotípicos reais das progênes sob teste, a partir das informações experimentais.

A variação observada nos valores das herdabilidades individuais (h_{ik}^2) nos caracteres avaliados por corte evidencia a presença de heterogeneidade das variâncias ou, de outro modo, precisões diferentes na avaliação das progênes por corte (Tabela 1A, APÊNDICE A). Nesse caso, optou-se por ponderar os dados de cada corte pelo produto com a razão da raiz quadrada da h_{ik}^2 estimada no corte pela raiz quadrada da média das h_i^2 nos vários cortes para cada caráter, conforme descrito em Resende (2007b). Segundo Resende et al. (2008), essa transformação dos dados antes de realizar a análise conjunta é desejável, pois, na predição dos valores genotípicos preditos pelo REML/BLUP na análise conjunta, os dados de todas as colheitas são ponderados por uma herdabilidade média de todos os cortes.

A seleção com base em todos os cortes é favorável, pois a acurácia para a maioria dos caracteres avaliados ficou acima de 67% (Tabela 3), condição classificada como de alta precisão experimental (RESENDE; DUARTE, 2007). Outro aspecto importante nesse contexto é o fato de que a variância genotípica (σ_g^2) entre progênes foi significativamente não nula ($P < 0,05$) para todos os caracteres agrônômicos (Tabela 3), expressando a existência de variabilidade genética nessa população de progênes e demonstrando a possibilidade de ganho com a seleção. Essa informação é ratificada pelos valores genotípicos preditos das progênes que apresentaram uma amplitude de variação em relação à média

variando de 21,5% a 74,6% entre os caracteres (Tabela 3). Para os caracteres de valor nutritivo, a σ_g^2 foi significativamente não nula ($P < 0,05$), exceto para PBc ($P > 0,05$) (Tabela 3). A variabilidade genética para os caracteres de valor nutritivo foi menos expressiva em relação aos caracteres agronômicos, haja vista que a amplitude de variação dos valores genotípicos foi de menor magnitude (variando de 2,11% a 14,11%) (Tabela 3).

As estimativas das herdabilidades na média de progênies (h_m^2) ficaram acima de 59% para os caracteres MST, %F, MSF e Rebrotada (Tabela 3), indicando maior chance de seleção de progênies genotipicamente superiores para esses caracteres agronômicos, enquanto, para RFC, a maior fração da variação fenotípica deve-se a causas ambientais. Valores de h_m^2 semelhantes foram relatados para os caracteres MSF, %F e rebrotada para acessos de *B. brizantha* (BASSO et al., 2009), onde foram encontradas estimativas variando de 64% a 97% para MSF, 73% a 96% para %F e 43% a 92% para rebrotada. Resende et al. (2007) encontraram h_m^2 para MST de 42% para o período seco e 54% para o período das águas, na avaliação de híbridos de *Brachiaria*.

Os caracteres de valor nutritivo PBf, FDNf, DIVMOF, FDAc e Lige também apresentaram h_m^2 superiores a 59% (Tabela 3). Numa avaliação de híbridos de *B. brizantha* foram observadas h_m^2 para a digestibilidade *in vitro* da matéria seca para folha de 30% e, para colmo, de 36% (SENANAYAKE, 1994). Do ponto de vista de seleção, neste trabalho os caracteres de valor nutritivo da folha PBf, FDNf e DIVMOF são interessantes, uma vez que a maior variação observada nesses caracteres são de natureza genética e, podendo conciliar esses caracteres com os caracteres agronômicos, é possível selecionar plantas com maior proporção de folhas e com melhor valor nutritivo.

Tabela 3 Estimativas da variância genotípica (σ_g^2), variância da interação genótipos x cortes (σ_{gc}^2), herdabilidade na média de progênes (h_m^2), correlação genotípica entre cortes (r_{gc}), acurácia (Acgen), repetibilidade média dos cortes (r_m), coeficiente de determinação (R^2), média geral, valor genotípico predito mínimo e máximo para os caracteres agrônômicos e de valor nutritivo obtidos com base na avaliação de progênes de *Brachiaria humidicola* em nove cortes

Parâmetros	MST	%F	MSF	RFC	Rebrota
σ_g^2	17978,0853*	9,1827*	4985,1441*	0,2244*	0,0582*
σ_{gc}^2	20480,9185*	19,6160*	8041,0810*	0,7842*	0,0521*
h_m^2	0,6911*	0,6832*	0,5917*	0,4914*	0,7556*
r_{gc}	0,4675*	0,3189*	0,3827*	0,2225*	0,5276*
Acgen	0,8313	0,8265	0,7692	0,7010	0,8693
r_m	0,8021	0,7280	0,7805	0,6089	0,8094
R^2	0,9746	0,9601	0,9697	0,9334	0,9745
Média geral	1125,90	50,51	507,15	2,05	2,87
Mínima BLUP	891,55	45,95	413,30	1,65	2,55
Máximo BLUP	1337,93	56,86	643,41	3,18	3,41
Amplitude [#]	39,60	21,60	45,40	74,60	30,00
Parâmetros	PBf	FDNf	FDAf	DIVMOf	Ligf
σ_g^2	0,1057*	0,4578*	0,0793*	1,8165*	0,0029*
σ_{gc}^2	0,0963*	0,3953*	0,1940*	1,9891*	0,0119*
h_m^2	0,6646*	0,7111*	0,4605*	0,6393*	0,3529*
r_{gc}	0,5235*	0,5367*	0,2902*	0,4773*	0,1964*
Acgen	0,8152	0,8433	0,6786	0,7996	0,5941
r_m	0,7107	0,6824	0,4703	0,6659	0,2990
R^2	0,9567	0,9508	0,8888	0,9472	0,7933
Média geral	9,03	65,44	34,41	56,24	2,55
Mínima BLUP	8,32	64,01	33,96	54,11	2,48
Máximo BLUP	9,54	66,61	34,86	58,39	2,64
Amplitude [#]	13,47	3,98	2,63	7,61	6,24

Tabela 3, conclusão

Parâmetros	PBc	FDNc	FDAc	DIVMOc	Ligc
σ_g^2	0,0122 ^{ns}	0,2667*	0,3143*	0,6976*	0,0249*
σ_{gc}^2	0,0764*	0,3970*	0,4599*	1,7942*	0,0116 ^{ns}
h_m^2	0,1959 ^{ns}	0,5496*	0,5988*	0,3750*	0,6923*
r_{gc}	0,1376 ^{ns}	0,4018*	0,4059*	0,2800*	0,6816*
Acgen	0,4426	0,7414	0,7738	0,6124	0,8320
r_m	0,2320	0,5174	0,5566	0,4057	0,6652
R^2	0,7311	0,9061	0,9187	0,8600	0,9470
Média geral	6,22	71,73	42,90	49,52	3,85
Mínima BLUP	6,12	70,89	42,09	48,44	3,60
Máximo BLUP	6,31	72,40	43,90	50,68	4,14
Amplitude [#]	3,05	2,11	4,22	4,54	14,11

MST: Produtividade de matéria seca total (kg ha⁻¹); %F: porcentagem de folhas; MSF: produtividade de matéria seca foliar (kg ha⁻¹); RFC: relação folha:colmo; Rebrotas: notas de rebrota; PBf: proteína bruta da folha (%MS); FDNf: fibra em detergente neutro da folha (%MS); FDAf: fibra em detergente ácido da folha (%MS); DIVMOF: digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica da folha (%); Ligf: lignina da folha (%MS); PBc: proteína bruta do colmo (%MS); FDNc: fibra em detergente neutro do colmo (%MS); FDAc: fibra em detergente ácido do colmo (%MS); DIVMOc: digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica do colmo (%); Ligc: lignina do colmo (%MS).

* Significativo, pelo teste de χ^2 , a 5% de probabilidade.

[#] Razão da diferença entre o máximo e o mínimo valor genotípico predito com a média geral.

Em plantas forrageiras são realizadas várias medições em uma mesma parcela. Dessa forma, é necessário verificar se ocorre interação genótipos x cortes. A variância da interação genótipos x cortes foi significativa ($P < 0,05$) para os caracteres agrônômicos e de valor nutritivo com exceção da Ligc (Tabela 3). A presença desse efeito de interação indica que as progênes apresentaram comportamento não consistente ao longo dos cortes para esses caracteres. Resultado semelhante foi observado por Léo et al. (2008), avaliando 23 genótipos de *Panicum maximum* e por Daher et al. (2004), avaliando 17 clones de *Pennisetum purpureum Schum.*

Outro parâmetro que está diretamente relacionado com o efeito e a natureza da interação progênes x cortes é correlação genotípica entre os cortes. Pela Tabela 3, observa-se que as magnitudes das estimativas das correlações genotípicas entre cortes (r_{gc}) foram de moderadas a baixas, variando de 0,2225

(RFC) a 0,5276 (Rebrota), para os caracteres agronômicos e de 0,1376 (PBc) a 0,6816 (Ligc), para os caracteres de valor nutritivo, ratificando a presença de interação progênes x cortes para a maioria dos caracteres estudados. Esse fato reforça a importância em se estimar a repetibilidade para os diferentes caracteres avaliados em diferentes medidas (cortes), para, assim, ter uma maior confiabilidade na seleção.

Os coeficientes de repetibilidade na média dos cortes (r_m) para os caracteres agronômicos variaram de 0,6089 (RFC) a 0,8094 (Rebrota) (Tabela 3). Esses valores são considerados altos para o parâmetro repetibilidade (RESENDE, 2002). Souza Sobrinho et al. (2010) encontraram valores inferiores para MST em sete cortes em progênes de meio-irmão de *B. ruziziensis*. Martuscello et al. (2007), avaliando progênes de *Panicum maximum*, encontraram valores semelhantes para MSF e %F, e resultados inferiores para MST. Com esses valores de alta r_m para os caracteres avaliados, verifica-se a possibilidade de se selecionar progênes que proporcionaram um máximo rendimento de forragem em dois anos, tempo este gasto para a realização dos 9 cortes.

Para os caracteres de valor nutritivo PBf, FDNf, DIVMOF e Ligc, também foram observados coeficientes r_m acima de 60%, enquanto para os demais caracteres químicos observou-se r_m de baixa a média magnitude (Tabela 3). Ferreira et al. (1999), avaliando cultivares de alfafa em três cortes em duas épocas do ano, observaram r_m inferiores para PBf. Estes variaram de 0,2730 a 0,4189, porém, para PBc, a r_m variou de 0,1348 a 0,3508 e, portanto, semelhantes aos deste trabalho.

Além da repetibilidade estimada com base nos cortes realizados, apresentam-se, na Tabela 3, os coeficientes de determinação genotípico (R^2), os quais estes representam a acurácia com a qual o valor genotípico real está sendo estimado. Os valores de R^2 foram elevados (>85%), com exceção para os

caracteres Ligf e PBc. Portanto, essas magnitudes são consideradas adequadas para a seleção de genótipos melhorados (RESENDE, 2002). Dessa forma, as melhores progênies apomíticas podem ser selecionadas com segurança para serem avaliadas em ensaios de rede nacional, tanto para caracteres agronômicos como para os principais caracteres de valor nutritivo de folha e colmo, principalmente porque esta análise foi realizada considerando os cortes dos períodos de águas e de secas.

Em se tratando da seleção de genótipos, o melhorista de forrageiras visa fenótipos favoráveis para múltiplos caracteres de interesse. No caso da espécie *B. humidicola*, objetiva-se identificar genótipos produtivos e também com características morfológicas e químicas desejáveis, como, por exemplo, genótipos de alta produção com alta porcentagem de folhas e boa proporção de folhas em relação aos colmos. Sabe-se que animais em pastejo têm preferência por folhas (TRINDADE et al., 2007) e esse componente da planta apresenta melhor valor nutritivo do que os outros componentes (BARONI et al., 2010b). No contexto da seleção simultânea para vários caracteres, o conhecimento acerca da correlação existente entre eles é de grande importância, especialmente no que se refere à correlação de natureza genética, pois esta reflete a possibilidade da prática de seleção indireta e, por conseguinte, da resposta correlacionada com a seleção. Isso porque essa correlação pode ser advinda da ação de genes pleiotrópicos e/ou proximamente ligados que afetam os caracteres em avaliação (FALCONER; MACKAY, 1996).

As estimativas das correlações genotípicas estão apresentadas na Tabela 4, bem como as magnitudes dos erros padrões associados. Na medida em que o erro padrão é, pelo menos, 50% inferior à estimativa (estatística $t \cong 2$), pode-se inferir que a correlação é significativamente não nula ($P < 0,05$) (STEEL; TORRIE; DICKEY, 1997). Nesse sentido, as correlações consideradas significativamente não nulas estão em negrito.

Dentre os caracteres agronômicos, os pares MST-MSF, MST-Rebrota e MSF-Rebrota apresentaram correlações genóticas altas e positivas ($r = 0,93$; $0,97$ e $0,91$; respectivamente) (Tabela 4). Isso indica a condição favorável para se selecionar genótipos com melhor rebrota e produtivos e com a vantagem de apresentarem em sua massa seca total alta produção de matéria seca foliar. Esse resultado é interessante, pois, selecionando-se genótipos produtivos selecionam-se concomitantemente genótipos com velocidade de crescimento capaz de aumentar a capacidade de suporte animal e também com alta produção de matéria seca foliar.

Basso et al. (2009) observaram que a %F deve ser considerada como critério de seleção multicausal para a obtenção de ganhos em todos os caracteres de importância econômica, pois apresentou baixa correlação genotípica com MST e MSF. Neste trabalho, observou-se que a %F apresentou mediana magnitude de correlação com MST (0,49) e nula com a RFC. Esses resultados ratificam a inclusão desse caráter (%F) em índices de seleção juntamente com a MST para fins de seleção de genótipos forrageiros de *B. humidicola* desejáveis.

Considerando as correlações genóticas entre os caracteres agronômicos e de valor nutritivo para folha e colmo, observaram-se alguns pares de correlações altas, como MST-PBc (-0,78), %F-PBf (-0,89), MSF-PBf (-0,70), MSF-FDAf (0,68), MSF-PBc (-0,78) e RFC-PBf (-0,76) e outras com magnitudes medianas, como MST-PBf (-0,45), MST-FDAf (0,47), %F-FDAf (0,51), %F-FDNc (-0,49), %F-Ligc (-0,58), RFC-FDNf (0,44), Rebrota-PBf (-0,40), Rebrota-FDAf (0,44) e Rebrota-FDNc (-0,55). Dentre estas correlações, vale a pena destacar as correlações com a PBf e a PBc, porque estas foram negativas, ou seja, os genes que controlam os caracteres de produção (MST e MSF), provavelmente, são antagônicos. Assim, uma seleção para maior produção consequentemente selecionará genótipos com menores teores de

proteína bruta, tanto no colmo como na folha. Estes resultados confirmam a correlação linear e negativa observada por Reyes-Purata et al. (2009) entre rendimento de matéria seca e proteína bruta de 21 genótipos de *B. humidicola*. Estes autores comentam que genótipos mais produtivos tendem a reduzir os teores de proteína bruta e a aumentar os teores de fibra em detergente neutro.

Quando se compararam os caracteres de valor nutritivo da folha com os seus respectivos caracteres para o colmo, constatou-se que eles guardaram relação positiva. Portanto, do ponto de vista de valor nutritivo da forrageira, é importante a seleção de plantas forrageiras que associem alta digestibilidade, maiores teores de proteína bruta, menores teores de FDN, FDA e lignina. As correlações entre esses caracteres dentro de cada componente da planta mostraram associações favoráveis à seleção, como, por exemplo, entre os pares FDNf-DIVMO_f (-0,80), FDNc-DIVMO_c (-0,85) e Ligc-DIVMO_c (-0,69), ou seja, a seleção de progênies com menores teores de FDN e lignina proporcionaram, ao mesmo tempo, ganhos com a digestibilidade da forragem.

Hughes et al. (2000) observaram correlações lineares negativas da DIVMO com a FDN de -0,84, com a FDA de -0,94 e com lignina de -0,81. O mesmo padrão de resposta e magnitude foi observado para correlações lineares entre a digestibilidade *in vitro* da matéria seca e os componentes fibra de detergente neutro e lignina para folha e colmo de capim-braquiária (*B. decumbens*), capim-gordura (*Melinis minutiflora*) e capim-bermuda Tifton 85 (*Cynodon* sp.) (PACIULLO et al., 2001).

Tabela 4 Estimativas de correlações genéticas entre os caracteres agrônômicos e de valor nutritivo obtidos com base na avaliação de progênies de *Brachiaria humidicola*, em nove cortes

	MST	%F	MSF	RFC	Rebrota	PBf	FDNf	FDAf
MST	1,00	0,49 ±0,15	0,94 ±0,03	0,36 ±0,19	0,97 ±0,06	-0,45 ±0,14	-0,22 ±0,17	0,47 ±0,17
%F		1,00	0,72 ±0,10	0,79 ±0,07	0,70 ±0,12	-0,89 ±0,08	0,25 ±0,18	0,51 ±0,18
MSF			1,00	0,63 ±0,15	0,91 ±0,08	-0,70 ±0,11	-0,01 ±0,18	0,68 ±0,15
RFC				1,00	0,63 ±0,15	-0,76 ±0,13	0,44 ±0,18	0,32 ±0,22
Rebrota					1,00	-0,40 ±0,15	-0,27 ±0,17	0,44 ±0,18
PBf						1,00	0,02 ±0,18	-0,41 ±0,17
FDNf							1,00	-0,23 ±0,21
FDAf								1,00
	DIVMOF	Ligf	PBc	FDNc	FDAc	DIVMOc	Ligc	
MST	0,00 ±0,18	0,27 ±0,24	-0,78 ±0,23	-0,16 ±0,20	0,28 ±0,18	-0,25 ±0,21	0,06 ±0,18	
%F	-0,21 ±0,18	-0,02 ±0,27	-0,29 ±0,30	-0,43 ±0,18	-0,22 ±0,19	-0,02 ±0,24	-0,58 ±0,14	
MSF	-0,13 ±0,18	0,30 ±0,25	-0,74 ±0,26	-0,26 ±0,19	0,23 ±0,19	-0,21 ±0,22	-0,11 ±0,19	
RFC	-0,36 ±0,19	-0,31 ±0,28	-0,04 ±0,33	-0,28 ±0,22	-0,49 ±0,18	0,22 ±0,25	-0,60 ±0,15	
Rebrota	-0,03 ±0,18	0,07 ±0,26	-0,26 ±0,28	-0,55 ±0,17	0,09 ±0,19	-0,09 ±0,22	-0,24 ±0,17	
PBf	-0,10 ±0,18	0,16 ±0,26	0,71 ±0,20	0,51 ±0,17	0,33 ±0,18	-0,38 ±0,21	0,49 ±0,15	
FDNf	-0,80 ±0,09	-0,54 ±0,25	0,65 ±0,28	0,45 ±0,18	-0,53 ±0,17	-0,39 ±0,21	-0,16 ±0,18	
FDAf	0,17 ±0,21	0,75 ±0,24	-0,62 ±0,23	-0,14 ±0,23	0,73 ±0,14	-0,18 ±0,24	0,18 ±0,21	

Tabela 4, conclusão

	DIVMOF	Ligf	PBc	FDNc	FDAc	DIVMOc	Ligc
DIVMOF	1,00	0,80 ±0,24	-0,39 ±0,28	-0,20 ±0,20	0,31 ±0,19	0,48 ±0,18	0,29 ±0,18
Ligf		1,00	-0,80 ±0,38	0,38 ±0,19	0,95 ±0,23	-0,40 ±0,29	0,75 ±0,20
PBc			1,00	0,17 ±0,37	-0,32 ±0,27	-0,09 ±0,40	-0,48 ±0,25
FDNc				1,00	0,21 ±0,22	-0,85 ±0,12	0,80 ±0,10
FDAc					1,00	-0,45 ±0,19	0,74 ±0,11
DIVMOc						1,00	-0,69 ±0,15
Ligc							1,00

MST: Produtividade de matéria seca total (kg ha⁻¹); %F: porcentagem de folhas; MSF: produtividade de matéria seca foliar (kg ha⁻¹); RFC: relação folha:colmo; Rebrotas: notas de rebrotas; PBf: proteína bruta da folha (%MS); FDNf: fibra em detergente neutro da folha (%MS); FDAf: fibra em detergente ácido da folha (%MS); DIVMOF: digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica da folha (%); Ligf: lignina da folha (%MS); PBc: proteína bruta do colmo (%MS); FDNc: fibra em detergente neutro do colmo (%MS); FDAc: fibra em detergente ácido do colmo (%MS); DIVMOc: digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica do colmo (%); Ligc: lignina do colmo (%MS).

O ganho com a seleção (GS) é o produto da herdabilidade com base na unidade de seleção pelo diferencial de seleção fenotípico (ds), esse último variando com a intensidade de seleção, ou seja, o GS corresponde o quanto do ds é potencialmente herdável. Com o uso do procedimento BLUP, os GS podem ser obtidos facilmente a partir dos BLUP das progênes, visto que esses denotam os valores genotípicos estimados, isto é, já ajustados para os efeitos fixos de ambiente. Verificaram-se, em termos percentuais, valores de GS direto de 13,53% para MSF; 17,08% para MSF; 7,20% para %F; 25,77% para RFC; 10,86% para rebrotas; 4,00% PBf; -1,21% para FDNf; -0,73% para FDAf; 2,76% para DIVMOF; -1,60% para Ligf; 0,00% para PBc; -0,75% para FDNc; -1,20% para FDAc; 1,38% para DIVMOc e -4,46% para Ligc, com base na seleção das 10 melhores progênes (Tabela 5). Martuscello (2007) observaram ganhos na seleção de populações de meios-irmãos de *Panicum maximum* superiores variando de 27,22% para MST, 22,30% para %F e 59,21% para MSF no período

chuvoso e ganhos de 66,27% para MST, 35,18% para %F e 79,03% para MSF no período seco. Para os caracteres químicos foram observados ganhos semelhantes no período chuvoso de 2,53% para PBf; 0,00% para Pbc; -3,61% para FDNf; 0,00% para FDNf; 0,00% para DIVMOF; 0,00% para DIVMOc; -7,72% para Ligf e -3,88% para Ligc e ganhos semelhantes e extremamente superiores, como 7,10% para PBf; 50,68% para Pbc; -4,53% para FDNf; -35,07% FDNc; 3,95% para DIVMOF; 20,03% para DIVMOc; 19,63% para Ligf e -153,71% para Ligc.

A resposta correlacionada ou ganho indireto sobre um caráter Y com base na seleção para outro caráter X tem importância no melhoramento genético na medida em que a seguinte relação se verifica: $(r_{G(XY)} \cdot h_{m_X}) > h_{m_Y}$, ou seja, quando o produto da correlação genética entre os caracteres e herdabilidade do caráter em que é praticada a seleção (X) for superior à herdabilidade do caráter de interesse (Y) (FALCONER; MACKAY, 1996). Além disso, o emprego da seleção indireta pode ser justificado pela dificuldade de mensuração do caráter de interesse (BERNARDO, 2010; VENCOVSKY; BARRIGA, 1992). Observou-se que a seleção efetuada com base no caráter MST resultou em ganho indireto para os caracteres MSF e rebrota de magnitudes semelhantes, se estes fossem selecionados diretamente (Tabela 5). Assim, na seleção direta para MST, o ganho para MSF foi de 92,39% do seu ganho direto e para rebrota este foi de 86,19%. Isto reforça a evidência de que o controle da manifestação dos caracteres MST, MSF e rebrota deve ser devido à presença de genes ligados ou pleiotrópicos. Já para %F e RFC não ocorreu o mesmo, pois os ganhos indiretos, quando selecionado diretamente para MST, foram inferiores a 80%.

O ganho indireto para MST quando a seleção é efetuada nos caracteres %F e RFC mostrou redução pela metade em relação à seleção direta. Assim, os caracteres %F e a RFC devem ser consideradas na seleção multicaracterísticas, como comentado anteriormente.

Tabela 5 Estimativas dos ganhos diretos com a seleção (GS) (Diagonal) e ganho indireto, em porcentagem, para os caracteres agronômicos e de valor nutritivo obtidos com base na avaliação de progênies de *Brachiaria humidicola* em nove cortes e intensidade de seleção das dez melhores progênies

Caráter sob seleção	MST	GR(%)[#]	%F	GR(%)	MSF	GR(%)	RFC	GR(%)	Rebrota	GR(%)
MST	13,53	100,00	5,62	78,06	15,78	92,39	15,78	61,23	9,36	86,19
%F	7,07	52,25	7,20	100,00	11,71	68,56	22,26	86,38	5,35	49,26
MSF	12,53	92,61	5,66	78,61	17,08	100,00	16,01	62,13	8,20	75,51
RFC	5,72	42,28	6,09	84,58	8,58	50,23	25,77	100,00	5,95	54,79
Rebrota	11,86	87,66	4,52	62,78	14,20	83,14	13,36	51,84	10,86	100,00
PBf	-0,54	-4,00	-5,33	-74,05	-6,20	-36,29	-11,98	-46,50	-1,84	-16,95
FDNf	4,40	32,54	-0,43	-6,02	4,33	25,35	-6,17	-23,95	1,65	15,15
FDAf	1,12	8,31	-2,75	-38,16	-1,52	-8,91	-4,62	-17,93	-2,19	-20,21
DIVMO _f	2,25	16,62	-0,40	-5,50	0,06	0,33	-5,00	-19,39	-0,64	-5,86
Lig f	-2,20	-16,23	0,22	3,02	-1,98	-11,60	6,10	23,67	-1,26	-11,64
PBc	-2,36	-17,45	2,07	28,80	-1,92	-11,21	8,74	33,92	0,56	5,13
FDNc	0,98	7,24	1,24	17,18	1,13	6,59	1,78	6,91	2,44	22,45
FDAc	0,03	0,24	3,48	48,36	1,26	7,37	15,41	59,80	0,77	7,09
DIVMO _c	1,66	12,28	1,03	14,33	1,48	8,64	2,66	10,31	1,52	14,02
Lig c	1,42	10,52	3,90	54,15	3,29	19,27	12,00	46,57	3,73	34,35

Tabela 5, continua

Caráter sob seleção	PBf	GR(%)	FDNf	GR(%)	FDAf	GR(%)	DIVMOf	GR(%)	Ligf	GR(%)
MST	-2,45	-61,36	-0,10	7,84	0,34	-46,07	-0,36	-12,97	-0,01	0,52
%F	-2,33	-58,27	0,34	-28,30	0,29	-39,41	-0,76	-27,57	-0,14	8,85
MSF	-2,28	-57,12	0,17	-13,91	0,43	-58,20	-0,66	-24,03	0,43	-26,95
RFC	-2,96	-74,17	0,17	-13,91	0,43	-58,20	-0,66	-24,03	0,43	-26,95
Rebrota	-1,26	-31,61	0,17	-13,91	0,43	-58,20	-0,66	-24,03	0,43	-26,95
PBf	4,00	100,00	-0,19	15,91	-0,27	36,59	0,04	1,39	0,14	-8,55
FDNf	-0,17	-4,16	-1,21	100,00	0,06	-8,68	1,78	64,58	0,42	-26,19
FDAf	0,19	4,66	0,03	-2,07	-0,73	100,00	-0,18	-6,64	-1,02	63,80
DIVMOf	-0,57	-14,17	-0,88	72,52	-0,05	6,16	2,76	100,00	0,90	-56,69
Lig f	0,34	8,49	0,29	-24,15	-0,42	57,75	-1,37	-49,64	-1,60	100,00
PBc	0,79	19,72	0,31	-25,33	-0,18	25,14	-0,57	-20,61	-0,67	41,68
FDNc	-0,56	-13,95	-0,39	32,15	0,00	-0,24	0,07	2,50	-0,26	16,52
FDAc	-1,66	-41,55	0,38	-31,22	-0,33	45,07	-0,79	-28,65	-0,86	54,17
DIVMOc	-1,01	-25,33	-0,44	36,25	-0,12	16,37	1,04	37,78	-0,38	23,94
Lig c	-1,78	-44,58	0,20	-16,79	0,00	-0,39	-0,82	-29,60	-0,43	27,09

Tabela 5, conclusão

Caráter sob seleção	PBc	GR(%)	FDNc	GR(%)	FDAc	GR(%)	DIVMOc	GR(%)	Ligc	GR(%)
MST	-0,19	-17,56	-0,32	42,54	-0,04	3,32	-0,02	-1,51	-2,29	51,45
%F	-0,13	-11,90	-0,05	6,12	-0,19	16,09	-0,14	-9,96	-1,43	32,01
MSF	-0,25	-22,86	-0,26	35,02	0,02	-1,92	-0,07	-5,33	-1,68	37,72
RFC	-0,25	-22,86	-0,26	35,02	0,02	-1,92	-0,07	-5,33	-1,68	37,72
Rebrota	-0,25	-22,86	-0,26	35,02	0,02	-1,92	-0,07	-5,33	-1,68	37,72
PBf	0,23	21,34	0,29	-38,96	0,59	-49,25	-0,41	-29,57	2,10	-47,12
FDNf	-0,47	-43,96	-0,21	27,96	0,52	-43,05	0,28	20,34	1,02	-22,76
FDAf	-0,02	-1,52	0,03	-3,46	-0,81	67,22	0,40	29,11	-0,56	12,55
DIVMOf	-0,35	-32,86	-0,04	5,82	0,34	-28,65	0,49	35,86	0,91	-20,34
Lig f	0,46	43,05	-0,07	9,42	-0,72	60,35	0,19	13,94	-1,58	35,51
PBc	1,08	100,00	-0,27	36,03	-0,70	58,63	0,44	32,29	-2,14	48,02
FDNc	0,49	45,17	-0,75	100,00	-0,52	43,15	1,09	79,34	-3,04	68,25
FDAc	0,36	33,60	-0,26	34,23	-1,20	100,00	0,62	45,03	-3,27	73,37
DIVMOc	0,29	26,67	-0,57	75,59	-0,60	49,80	1,38	100,00	-2,26	50,71
Lig c	0,27	25,42	-0,49	65,14	-0,74	61,90	0,58	41,92	-4,46	100,00

MST: Produtividade de matéria seca total (kg ha⁻¹); %F: porcentagem de folhas; MSF: produtividade de matéria seca foliar (kg ha⁻¹); RFC: relação folha:colmo; Rebrota: notas de rebrota; PBf: proteína bruta da folha (%MS); FDNf: fibra em detergente neutro da folha (%MS); FDAf: fibra em detergente ácido da folha (%MS); DIVMOf: digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica da folha (%); Ligf: lignina da folha (%MS); PBc: proteína bruta do colmo (%MS); FDNc: fibra em detergente neutro do colmo (%MS); FDAc: fibra em detergente ácido do colmo (%MS); DIVMOc: digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica do colmo (%); Ligc: lignina do colmo (%MS).

Ganho relativo do ganho para o caráter selecionado indiretamente com o seu ganho direto em porcentagem.

Em plantas forrageiras, a seleção para caracteres agronômicos com ganhos indiretos para caracteres de valor nutritivo é desejável, porém, neste estudo, observaram-se ganhos indiretos expressivos somente para PBf e FDAf, a partir da seleção indireta de caracteres agronômicos e, portanto, os ganhos indiretos com a seleção para PBf foram no sentido de reduzir. Isto já era esperado devido à observação de correlação genética negativa entre esses caracteres. Para os demais caracteres de valor nutritivo, os ganhos indiretos tiveram uma proporção relativa inferior a 50%, comparados à seleção direta.

Para a continuidade no programa de melhoramento, faz-se necessária a seleção dos melhores genótipos e o índice de seleção pode ser adotado como procedimento para a seleção agregando-se vários caracteres ao mesmo tempo. Dentre as melhores progênies selecionadas pelos índices, seis são progênies apomíticas que podem prontamente ser utilizadas para compor ensaios agronômicos regionais e quatro são sexuais, para utilização em cruzamentos dentro do programa de melhoramento de *B. humidicola* (Tabela 6 e 7).

O ganho com a seleção para o índice 1 foi de 10,93% (Tabela 6) e, para o índice 2, foi de 14,96% (Tabela 7). Quando se considerou o ganho com a seleção de progênies pelo índice 1, para os caracteres MST, %F, MSF e rebrota os ganhos foram semelhantes aos respectivos ganhos diretos, porém, para RFC, o ganho foi 70% menor que o seu ganho direto. Este ganho semelhante é justificado pelas coincidências de progênies selecionadas pelo índice 1 relativo àquelas ranqueadas com base nos valores genotípicos para cada caractere separadamente (Tabela 6).

Tabela 6 Melhores progênies identificadas pelo índice 1, considerando pesos econômicos iguais entre os cinco caracteres agronômicos e ganho de seleção com base no índice e para os caracteres em separado para as progênies selecionadas com o índice de seleção, bem como a classificação das melhores progênies (entre parênteses) pelo valor genotípico predito para cada caráter separadamente

Ordem	Progênies	Índice 1	MST	%F	MSF	RFC	Rebrota
1	146 (A)	14,41	1337,93(1)	55,95(2)	643,41(1)	3,18(1)	3,41(1)
2	216 (S)	13,73	1255,17(9)	55,48(3)	606,91(4)	2,86(4)	3,24(3)
3	3 (A)	13,39	1229,00(11)	56,87(1)	564,06(9)	2,88(3)	2,97(18)
4	350 (S)	13,39	1292,91(5)	55,16(4)	628,16(2)	2,44(5)	3,02(11)
5	120 (A)	13,12	1268,40(7)	53,33(7)	566,38(8)	2,38(6)	3,22(4)
6	88 (A)	12,96	1323,51(3)	50,92(23)	584,57(6)	1,99(26)	3,32(2)
7	185 (S)	12,91	1313,34(4)	53,37(6)	611,82(3)	1,95(27)	3,00(15)
8	193 (A)	12,77	1257,21(8)	51,20(21)	581,89(7)	2,19(10)	3,11(6)
9	347 (A)	12,63	1218,35(12)	51,95(15)	525,34(18)	2,15(14)	3,21(5)
10	138 (S)	12,62	1209,64(14)	52,48(9)	546,63(12)	2,14(15)	3,10(8)
Média selecionados		13,19	1270,55	53,67	585,92	2,41	3,16
Média original		11,89	1125,90	50,51	507,15	2,05	2,87
Ganho com a seleção[#]		10,93	12,85	6,27	15,53	17,56	10,10

MST: Produtividade de matéria seca total (kg ha⁻¹); %F: porcentagem de folhas; MSF: produtividade de matéria seca foliar (kg ha⁻¹); RFC: relação folha:colmo; Rebrota: notas de rebrota.

A: modo de reprodução por apomixia; S: modo de reprodução sexual.

Considerando-se o índice 2, os ganhos para os caracteres agronômicos tiveram o mesmo comportamento do índice 1, ratificado pela coincidência de nove das dez progênies selecionadas entre os índices propostos (Tabela 7). Porém, para os caracteres Pbf e DIVMO_f, os ganhos foram negativos e, para FDN_f, o ganho foi praticamente nulo (Tabela 7). A explicação para esses ganhos negativos está na evidência de associação genética negativa entre caracteres agronômicos e de valor nutritivo incluídos no referido índice. Ademais, essas informações sugerem que, para a seleção de progênies que associem bom desempenho para esses caracteres (agronômicos e de valor nutritivo), é necessário avaliar-se um maior número de progênies, aumentando, assim, a probabilidade de se encontrar, dentro da população, recombinantes de interesse.

A testemunha BRS-Tupi ficou classificada na 16^a posição e o acesso sexual (H31) ficou na 45^a posição, pelo índice 1 e, pelo índice 2, na 20^a e na 32^a posição, respectivamente. Existem, hoje, 58 acessos de *B. humidicola* no banco de germoplasma da Embrapa Gado de Corte e apenas um acesso se reproduz sexualmente (CHIARI et al., 2007). Dessa forma, a seleção de quatro progênies sexuais aumenta em muito a possibilidade de sucesso, uma vez que o genitor feminino utilizado (H31) na obtenção dessas progênies pelo índice 1 mostrou-se superior somente a sete progênies, dentre as cinquenta avaliadas.

Tabela 7 Melhores progênies identificadas pelo índice 2, considerando pesos econômicos com importância proporcional de 70% para os cinco caracteres agrônômicos avaliados e 30% para os caracteres químicos proteína bruta, fibra em detergente neutro e digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica de folhas, ganho de seleção com base no índice e para os caracteres em separado para as progênies selecionadas com o índice de seleção, bem como a classificação das melhores progênies (entre parênteses) pelo valor genotípico predito separadamente para cada caráter

Ordem	Progênies	Índice 2	MST	%F	MSF	RFC	Rebrota	PBf	FDNf	DIVMOF
1	146(A)	6,90	1337,93(1)	55,95(2)	643,41(1)	3,18(1)	3,41(1)	8,65(49)	66,14(48)	55,48(38)
2	350(S)	6,61	1292,91(5)	55,16(4)	628,16(2)	2,44(5)	3,02(11)	8,61(50)	64,74(4)	57,55(8)
3	216(S)	6,59	1255,17(9)	55,48(3)	606,91(4)	2,86(4)	3,24(3)	8,71(45)	65,29(23)	55,33(40)
4	120(A)	6,33	1268,40(7)	53,33(7)	566,38(8)	2,38(6)	3,22(4)	9,03(29)	65,16(16)	55,65(36)
5	185(S)	6,18	1313,34(4)	53,37(6)	611,82(3)	1,95(27)	3,00(15)	8,69(48)	65,04(11)	56,79(15)
6	1(A)	6,16	1270,24(6)	51,73(19)	538,87(14)	2,01(23)	3,01(14)	9,06(27)	64,80(5)	57,95(5)
7	88(A)	6,12	1323,51(3)	50,92(23)	584,57(6)	1,99(26)	3,32(2)	9,31(8)	65,95(44)	54,91(48)
8	138(S)	6,08	1209,64(14)	52,48(9)	546,63(12)	2,14(15)	3,10(8)	9,08(23)	65,25(20)	56,72(16)
9	3(A)	6,00	1229,00(11)	56,87(1)	564,06(9)	2,88(3)	2,97(18)	8,32(52)	66,25(49)	54,96(47)
10	193(A)	6,00	1257,21(8)	51,20(21)	581,89(7)	2,19(10)	3,11(6)	8,84(39)	65,14(13)	55,44(39)
Média selecionados		6,30	1275,73	53,65	587,27	2,40	3,14	8,83	65,38	56,08
Média original		5,48	1125,90	50,51	507,15	2,05	2,87	9,03	65,44	56,24
Ganho com a seleção		14,96	13,31	6,21	15,80	17,08	9,44	-2,18	-0,10	-0,29

MST: Produtividade de matéria seca total (kg ha⁻¹); %F: porcentagem de folhas; MSF: produtividade de matéria seca foliar (kg ha⁻¹); RFC: relação folha:colmo; Rebrota: notas de rebrota; PBf: proteína bruta da folha (%MS); FDNf: fibra em detergente neutro da folha (%MS); DIVMOF: digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica da folha (%).

A: modo de reprodução por apomixia; S: modo de reprodução sexual.

Com isso fica evidente que a seleção visual inicialmente realizada entre as 364 progênies mostrou-se eficiente, pois as progênies ficaram bem classificadas entre os genitores. O desempenho inferior do acesso sexual (H31) para os caracteres agronômicos era esperado, pois este apresenta baixo desempenho para os caracteres avaliados. Apesar da inferioridade desse genitor, foi gerada alta variabilidade entre as progênies, o que mostra o potencial de variabilidade genética dentro desta espécie.

5 CONCLUSÕES

Houve variabilidade genética entre as progênes quantos aos caracteres agronômicos e de valor nutricional avaliados, demonstrando potencial de ganho com a seleção.

Nos cortes realizados, os caracteres agronômicos e os caracteres proteína bruta, fibra em detergente neutro, digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica de folha e lignina de colmo apresentaram alta repetibilidade, demonstrando a possibilidade de seleção precoce.

A associação genética dos caracteres agronômicos com os caracteres de valor nutritivo da forragem foi, em geral, baixa, exceto a proteína bruta, para a qual essa correlação foi moderada e negativa, indicando a dificuldade de obtenção de ganho desejado para essa característica ao se selecionar para os caracteres agronômicos.

Houve boa coincidência na seleção com o emprego do índice de seleção envolvendo apenas os caracteres agronômicos e aquele considerando conjuntamente os caracteres agronômicos e os principais caracteres de valor nutritivo, porém, com ganhos desfavoráveis para os caracteres proteína bruta, fibra em detergente neutro e digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica da folha.

REFERÊNCIAS

- ALVES, E. R.; CARNEIRO, V. T. C.; ARAÚJO, A. C. G. Direct evidence of pseudogamy in apomictic *Brachiaria brizantha* (Poaceae). **Sexual Plant Reproductive**, Heidelberg, v. 14, n. 4, p. 207-212, Dec. 2001.
- ARAÚJO, S. A. C.; DEMINICIS, B. B.; CAMPOS, P. R. S. S. Melhoramento genético de plantas forrageiras tropicais no Brasil. **Archivos de Zootecnia**, Córdoba, v. 57, n. 1, p. 61-76, jan./mar. 2008.
- BARBOSA, R. A. **Características morfofisiológicas e acúmulo de forragem em capim tanzânia (*Panicum maximum* Jacq. cv. tanzânia) submetido a frequências e intensidades de pastejo**. 2004. 119 p. Tese (Doutorado em Zootecnia) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2004.
- BARONI, C. E. S. et al. Desempenho de novilhos suplementados e terminados em pasto, na seca, e avaliação do pasto. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, Belo Horizonte, v. 62, p. 373-381, abr. 2010a.
- _____. 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**, Viçosa, v. 39, n. 1, p. 175-182, jan. 2010b.
- BASSO, K. C. et al. Avaliação de acessos de *Brachiaria brizantha* Stapf e estimativas de parâmetros genéticos para caracteres agronômicos. **Acta Scientiarum. Agronomy**, Maringá, v. 31, n. 1, p. 17-22, jan./mar. 2009.
- BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. Woodbury: Stemma, 2010. 400 p.
- BOLDRINI, K. R. ; PAGLIARINI, M. S. ; VALLE, C. B. do. Abnormal timing of cytokinesis in microsporogenesis of *Brachiaria humidicola* (Poaceae: Paniceae). **Journal of Genetics**, Bangalore. v. 85, n. 3, p. 225-228, Dec. 2006.
- _____. Meiotic behavior of a nonaploid accession endorses $x = 6$ for *Brachiaria humidicola* (Poaceae). **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 8, n. 4, p. 1444-1450, Dec. 2009.
- BOLDRINI, K. R. et al. Origin of a polyploidy accession of *Brachiaria humidicola* (Poaceae:Panicoideae:Paniceae). **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, n. 8, v. 3, p. 888-895, July. 2009.

BRÂNCIO, P. A. et al. Avaliação de três cultivares de *Panicum maximum* Jacq . sob pastejo: disponibilidade de forragem, altura do resíduo pós-pastejo e participação de folhas, colmos e material morto. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 32, n. 1, p. 55-63, jan./fev. 2003.

BRITO, C. J. F. de; RODELLA, R. A.; DESCHAMPS, F. C. Perfil químico da parede celular e suas implicações na digestibilidade de *Brachiaria brizantha* e *Brachiaria humidicola*. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 32, n. 6, p. 1835-1844, nov./dez. 2003.

BUENO, A. A. de O. **Características estruturais do dossel forrageiro, valor nutritivo e produção de forragem em pastos de capim-mombaça submetidos a regimes de lotação intermitente**. 2003. 124 p. (Mestrado em Ciência Animal e Pastagens) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2003.

CALISTO, V. et al. Desynapsis and precocious cytokinesis in *Brachiaria humidicola* (Poaceae) compromise meiotic division. **Journal of Genetics**, Bangalore, n. 87, v. 1, p. 27-31, Apr. 2008.

CARNEVALLI, R. A. **Dinâmica da rebrotação de pastos de capim-mombaça submetidos a regimes de desfolhação intermitente**. 2003. 136 p. (Doutorado em Ciência Animal e Pastagens) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2003.

CARNEVALLI, R. A. et al. Herbage production and grazing losses in *Panicum maximum* cv. Mombaça under four grazing managements. **Tropical Grasslands**, Brisbane, v. 40, p. 165 -176, June 2006.

CARVALHO, P.C. et al. Pastagens altas podem limitar o consumo dos animais. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 38., 2001, Piracicaba. **Anais...** Piracicaba: SBZ, 2001. 1 CD-ROM.

CHIARI, L. et al. **Estimativa da variabilidade genética em acessos de *Brachiaria humidicola* utilizando marcadores RAPD**. Campo Grande: Embrapa Gado de Corte, 2007. 24p. (Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento, 22).

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV, 2006. v. 2, 585 p.

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**, Maringá, v. 26, n. 4, p. 483-490, out./dez. 2004.

DA SILVA, C. S. da; NASCIMENTO JÚNIOR, D. do. Avanços na pesquisa com plantas forrageiras tropicais em pastagens: características morfofisiológicas e manejo do pastejo. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 36, p. 121-138, 2007. Suplemento especial.

DIAS-FILHO, M. B. **Degradação de pastagens**: processos, causas e estratégias de recuperação. Belém: EMBRAPA Amazônia Oriental, 2007. v. 3, 190 p.

DIAS-FILHO, M. B.; CARVALHO, C. J. Physiological and morphological responses of *Brachiaria* spp. to flooding. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 10, p. 1959-1966, Oct. 2000.

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. **Sistema brasileiro de classificação de solos**. Brasília, 1999. 412 p.

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.

_____. Valor nutritivo da forragem e produção animal em pastagens de *Brachiaria brizantha*. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 44, n. 1, p. 98-106, jan. 2009.

EUCLIDES, V. P. B.; MACEDO, M. C. M.; OLIVEIRA, M. P. Avaliação de diferentes métodos de amostragem para se estimar o valor nutritivo de forragens sob pastejo. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 21, n. 4, p. 691-701, jul./ago. 1992.

EUCLIDES, V. P. B. Produção intensiva de carne bovina em pasto. In: SIMPÓSIO DE PRODUÇÃO DE GADO DE CORTE, 2., 2001, Viçosa. **Anais...** Viçosa: SIMCORTE, 2001. p. 55-82.

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

FERREIRA, R. D. P. et al. Avaliação de cultivares de alfafa e estimativas de repetibilidade de caracteres forrageiros. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 34, n. 6, p. 995-1002, jun. 1999.

FLORES, R. S. et al. Desempenho animal e estrutura do dossel de *Brachiaria brizantha* cvs. Marandu e Xaraés submetidas a intensidade de pastejo. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 37, n. 8, p. 1355-1365, ago. 2008.

FONSECA, D. M. da; SANTOS, M. E. R. Diferimento de pastagens: estratégias e ações de manejo. In: SIMPÓSIO DE FORRAGICULTURA E PASTAGENS, 7., 2009, Lavras. **Anais...** Lavras: NEFOR, 2009. p. 65-88.

FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION. **Statistic**. Rome, 2007.
Disponível em:
<<http://faostat.fao.org/site/569/desktopDefault.aspx?PageID=569>>. Acesso em: 15 abr. 2010.

GERDES, L. et al. Avaliação de características de valor nutritivo das gramíneas forrageiras marandu, setária e tanzânia nas estações do ano. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 29, n. 4, p. 955-963, 2000.

GLOBALIZAÇÃO da pecuária. **Agroanalysis - Revista de Agronegócios da FGV**, Rio de Janeiro, v. 28, n. 11, p. 19-40, nov. 2008.

GOMIDE, J. A. et al. Consumo e produção de leite de vacas mestiças em pastagem de *Brachiaria decumbens* manejada sob duas ofertas diárias de forragem. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 30, n. 4, p. 1194-1199, jul./ago. 2001.

GONÇALVES, A. C. **Características morfogênicas e padrões de desfolhação em pastos de capim marandu submetidos a regimes de lotação contínua**. 2002. 124 p. Dissertação (Mestrado em Ciência Animal e Pastagens) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2002.

HODGSON, J.; DA SILVA, S. C. Options in tropical pasture management. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 39.; 2002, Recife. **Anais...** Recife: SBZ, 2002. p. 180-202.

HOLLAND, J. B. Estimating genotypic correlations and their standard errors using multivariate restricted maximum likelihood estimation with SAS Proc MIXED. **Crop Science**, Madison, v. 64, n. 2, p. 642-654, Mar./Apr. 2006.

HUGHES, N. R. G. et al. Shearing strength as an additional selection criteria for quality in *Brachiaria* ecotypes. **Journal of Agricultural Science**, Cambridge, v. 135, n. 2, p. 123-130, Oct. 2000.

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

_____. **Efetivo nacional de bovinos cresce 1,5% em 2009**. Rio de Janeiro, 2009. Disponível em: <http://www.ibge.gov.br/home/presidencia/noticias/noticia_visualiza.php?id_noticia=1761&id_pagina=1>. Acesso em: 3 dez. 2010.

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

LAPOINTE, S. L. et al. Antibiosis to spittlebugs (Homoptera: Cercopidae) in accessions of *Brachiaria*. **Journal of Economic Entomology**, Lanham, v. 85, n. 4, p. 1485-1490, Aug. 1992.

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

LEMAIRE, G. et al. Interactions between leaf lifespan and defoliation frequency in temperate and tropical pastures: a review. **Grass and Forage Science**, United Kingdom, v. 64, n. 4, p. 341-353, Dec. 2009.

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

MACEDO, M. C. M. Pastagens no ecossistema Cerrados: evolução das pesquisas para o desenvolvimento sustentável. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 42., 2005, Goiânia. **Anais...** Goiânia: SBZ, 2005. p. 56-84.

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

MARTÍNEZ, E. J.; QUARIN, C. L.; HAYWARD, M. D. Genetic control of apospory in apomictic *Paspalum* species. **Cytologia**, Japão, v. 64, n. 4, p. 425-433, Sept. 1999.

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

MARTUSCELLO, J. A. **Repetibilidade e seleção em *Panicum maximum* Jacq.** 2007. 111 p. Tese (Doutorado em Zootecnia) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2007.

MENDES-BONATO, A. B.; PAGLIARINI, M. S.; VALLE, C. B. do. Abnormal spindle orientations during microsporogenesis in an interspecific hybrid of *Brachiaria* (Gramineae). **Genetics and Molecular Biology**, São Paulo, v. 29, n. 1, p. 122-125, Jan./Mar. 2006.

MENDES-BONATO A. B. et al. Abnormal pollen mitoses (PMI and PM II) in an interspecific hybrid of *Brachiaria ruziziensis* and *B. decumbens*. **Journal of Genetecs**, Bangalore, v. 83, n. 3, p. 279-283, Dec. 2004.

_____. Chromosome number and microsporogenesis in *Brachiaria brizantha* (Gramineae). **Euphytica**, Wageningen, v. 125, n. 3, p. 419-442, June 2002.

_____. Cytogenetic evidence for genome elimination during microsporogenesis in interspecific hybrid between *Brachiaria ruziziensis* and *B. brizantha* (Poaceae). **Genetics and Molecular Biology**, São Paulo, v. 29, n. 4, p. 711-714, Oct./Dec. 2006.

MILES, J. W. Apomixis for cultivar development in tropical forage grasses. **Crop Science**, Madison, v.47, n. Suplemento 3, p.S238-S249, Dec. 2007.

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

MILES, J. W. et al. Inheritance of resistance to spittlebug (Homoptera: Cercopidae) in interespecific *Brachiaria* spp hybrids. **Journal of Economic Entomology**, Lanham, v. 88, n. 5, p.1477-1481, Oct. 1995.

MILES, J. W.; VALLE, C. B. do Manipulation of apomixis in *Brachiaria* breeding. In: MILES, J. W.; MAASS, B. L.; VALLE, C. B. do (Ed.). **Brachiaria: Biology, Agronomy and Improvement**. Colombia: Cati, 1996. p. 164-177.

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

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

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.

MONTEIRO, M. C. C.; LUCAS, E. D.; SOUTO, S. M. Estudo de seis espécies forrageiras do gênero *Brachiaria*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 9, n. 3, p. 17-20, mar. 1974.

NASCIMENTO JÚNIOR, D. do; DA SILVA, S. C.; ADESE, B. Perspectivas futuras do uso de gramíneas em pastejo. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 41., 2004, Campo Grande. **Anais...** Campo Grande: SBZ, 2004. 1 CD-ROM.

NITRONAV AGRICOMMERCE BRASIL. **Brachiaria híbrida cultivar Mulato II**. Disponível em: <<http://www.mulato2.com.br>>. Acesso em: 21 jan. 2010.

PACIULLO, D. S. C. et al. Composição química e digestibilidade in vitro de lâminas foliares e colmos de gramíneas forrageiras, em função do nível de inserção no perfilho, da idade e da estação de crescimento. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 30, n. 3, p. 964-974, mai./jun. 2001.

PEDREIRA, B. C. **Interceptação de luz, arquitetura e assimilação de carbono em dosséis de capim xaraés [*Brachiaria brizantha* (A. Rich.) Stapf. Cv. Xaraés] submetidos a estratégias de pastejo rotacionado.** 2006. 86 p. Dissertação (Mestrado em Ciência Animal e Pastagens) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2006.

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.

_____. Selection of interspecific *Brachiaria* hybrids to intensify milk production on pastures. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 5, n. 1, p. 99-104, Jan./Mar. 2005.

RAMALHO, M. A. P.; LAMBERT, E. de S. Biometria e o melhoramento de plantas na era genômica. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v. 3, n. 2, p. 228-249, mai./ago. 2004.

RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas.** 2. ed. Lavras: UFLA, 2005. 326 p.

RAMALHO, M. A. P.; FURTINI, I. F. Perspectivas de melhoramento de forrageiras tropicais no Brasil. In: SIMPÓSIO DE FORRAGICULTURA E PASTAGENS, 7., 2009, Lavras. **Anais...** Lavras: NEFOR, 2009. p. 89-97.

REGO, F. C. D. A. et al. Influência de variáveis químicas e estruturais do dossel sobre a taxa de ingestão instantânea em bovinos manejados em pastagens tropicais. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 35, n. 3, p. 691-698, mai./jun. 2006.

REIS, R. A. et al. Suplementação na estação chuvosa. In: SIMPÓSIO DE PECUÁRIA DE CORTE, 6., 2009, Lavras. **Anais...** Lavras: SIMPEC, 2009. p. 209-242.

RESENDE, F. D. de et al. Estratégias de suplementação na recria e terminação de bovinos de corte. In: SIMPÓSIO DE FORRAGICULTURA E PASTAGENS, 7., 2009, Lavras. **Anais...** Lavras: NEFOR, 2009. p. 157-184.

RESENDE, R. M. S. et al. Estimación de parâmetros genéticos e predição de valores genotípicos de cruzamentos interespecíficos em *Brachiaria*. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 39., 2002, Recife. **Resumos...** Recife: SBZ, 2002. 1 CD-ROM.

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

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

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

_____. **Software SELEGEN – REML/BLUP: Sistema estatístico e seleção computadorizada via modelos lineares mistos**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007a. 359 p.

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

RESENDE, R. M. S. et al. Selection efficiency in *Brachiaria* hybrids using a posteriori blocking. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 7, n. 3, p. 296-303, June/Sept. 2007.

REYES-PURATA, A. et al. Producción de materia seca y concentración de proteína en 21 genotipos del pasto humidícola *Brachiaria humidicola* (Rendle) Schweick. **Universidad y Ciencia. Trópico húmedo**, Tabasco, v. 25, n. 3, p. 213-224, Dec. 2009.

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

RISSO-PASCOTTO, C. et al. Asynchronous meiotic rhythm as the cause of selective chromosome elimination in an interspecific *Brachiaria* hybrid. **Plant Cell Reports**, Heidelberg, v. 22, n. 12, p. 945-950, July 2004.

RISSO-PASCOTTO, C.; PAGLIARINI, M. S.; VALLE, C. B. do
Microsporogenesis in *Brachiaria dictyoneura* (Fig. & De Not.) Stapf (Poaceae:
Paniceae). **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 5, n. 4, p.
837-845, Aug. 2006a.

SANTOS, M. E. R. et al. Estrutura do pasto de capim-braquiária com variação
de alturas. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 39, n. 10, p. 2125-2131,
out. 2010.

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

SBRISSIA, A. F.; DA SILVA, S. C. Compensação tamanho/densidade
populacional de perfilhos em pastos de capim-marandu. **Revista Brasileira de**
Zootecnia, Viçosa, v. 37, n. 1, p. 35-47, jan. 2008.

SBRISSIA, A. F. et al. Tiller size/density compensation in grazed Tifton 85
bermudagrass swards. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 38, n. 12,
p. 1459-1468, Dec. 2003.

SEIFFERT, N. F. **Gramíneas forrageiras do gênero *Brachiaria***. Campo
Grande: EMBRAPA Gado de Corte, 1980. 83 p. (Circular técnica, 01)

SENANAYAKE, S. G. J. N. Heritability of quality characters and their
correlations in palisade grass (*Brachiaria brizantha* Stapf). **Tropical**
Agriculture, Trinidad, v. 71, n. 4, p. 327-329, Oct. 1994.

SILVA, A. L. C. D. et al. Variabilidade e herdabilidade de caracteres
morfológicos em clones de capim-elefante na Zona da Mata de Pernambuco.
Revista Brasileira de Zootecnia, Viçosa, v. 39, n. 10, p. 2132-2140, out. 2010.

SILVEIRA NETO, S. Controle de insetos e outras pragas das pastagens. In:
SIMPÓSIO SOBRE O MANEJO DE PASTAGEM, 3., 1976, Piracicaba.
Anais... Piracicaba: FEALQ, 1976. p.137- 190.

SIMEÃO, R. M. et al. Avaliação genética em erva-mate pelo procedimento
BLUP individual multivariado sob interação genótipo x ambiente. **Pesquisa**
Agropecuária Brasileira, Brasília, v. 37, n. 11, p. 1589-1596, nov. 2002.

SIMIONI, C.; VALLE, C. B. do Chromosome duplication in *Brachiaria* (A .
Rich .) Stapf allows intraspecific crosses. **Crop Breeding and Applied**
Biotechnology, Londrina, v. 9, n. 4, p. 328-334, Oct./Dec. 2009.

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

_____. Repetibilidade de características agronômicas e número de cortes necessários para seleção de *Urochloa ruziziensis*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 45, n. 6, p. 579-584, jun. 2010.

STABILE, S. D. S. et al. Características de produção e qualidade nutricional de genótipos de capim-colonião colhidos em três estádios de maturidade. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 39, n. 7, p. 1418-1428, jul. 2010.

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

STEEL, R. G. D.; TORRIE, J. H.; MICKEY, D. A. **Principles and procedures of statistics a biometrical approach**. 3. ed. Boston: The McGraw-Hill Companies, 1997. 666p.

STOBBS, T. H. The effect of plant structure on the intake of tropical pastures. II. Differences in sward structure, nutritive value, and bite size of animals grazing *Setaria anceps* and *Chloris gayana* at various stages of growth. **Australian Journal Agricultural Research**, Australia, v. 24, n. 6, p. 821-829, Nov./Dec. 1973.

TRINDADE, J. K. D. 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**, Brasília, v. 42, n. 6, p. 883-890, jun. 2007.

TRINDADE, J. K. D. **Modificações na estrutura do pasto e no comportamento ingestivo de bovinos durante o rebaixamento do capim-marandu submetido a estratégias de pastejo rotacionado**. 2007. 162 p. Dissertação. (Mestrado em Ciência Animal e Pastagens) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2007.

THOMAS, D.; LAPOINTE, S. L. Testing new accessions of guinea grass (*Panicum maximum*) for acid soils and resistance to spittlebug (*Aeneolamia reducta*). **Tropical Grasslands**, Brisbane, v. 23, n. 4, p. 232-39, Dec. 1989.

UTSUNOMYIA, K. S.; PAGLIARINI, M. S.; VALLE, C. B. do. Chromosome transfer among meiocytes in *Brachiaria nigropedata* (Ficalho & Hiern) Stapf (Gramineae). **Cytologia**, Japão, v. 69, n. 4, p. 395-398, Sept. 2004.

VALÉRIO, J. R. et al. Pests and diseases of *Brachiaria*. In: MILES, J. W.; MAASS, B. L.; VALLE, C. B. do (Ed.). **Brachiaria: Biology, Agronomy, and Improvement**. Colombia: Cati, 1996. p. 87-105.

_____. Screening *Brachiaria* introductions for resistance to spittlebugs (Homoptera: Cercopidae). In: INTERNATIONAL GRASSLAND CONGRESS, 19., 2001, São Pedro. **Anais...** São Pedro: FEALQ, 2001. 1 CD-ROM.

VALÉRIO, J. R.; JELLER, H.; PEIXER, J. Seleção de introduções do gênero *Brachiaria* resistentes à cigarrinha *Zulia entreriana* (Berg) (Homoptera: Cercopidae). **Anais da Sociedade Entomológica**, Londrina, v. 26, n. 2, p. 383-387, aug. 1997.

VALLE, C. B. do, MACEDO, M. C. M., CALIXTO, S. Avaliação agrônômica de híbridos de *Brachiaria*. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 37., 2000, Viçosa. **Anais...** Viçosa: SBZ, 2000. 1 CD-ROM.

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

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

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, 2008. p. 13-53.

VAN SOEST, P. J. **Nutritional ecology of the ruminant**. Ithaca: Comstock Publishing, 1994. 476 p.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética Biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Revista Brasileira de Genética, 1992. 486 p.

VERGARA-LÓPEZ, J.; ARAUJO-FEBRES, O. Producción, composición química y degradabilidad ruminal *in situ* de *Brachiaria humidicola* (Rendle) Schweick en el bosque seco tropical. **Revista Científica**, Venezuela, v. 16, n. 3, p. 239-248, mai./jun. 2006.

ZEFERINO, C. V. **Morfogênese e dinâmica do acúmulo de forragem em pastos de capim- marandu [*Brachiaria brizantha* (Hochst. ex A. Rich) cv. Marandu] submetidos a regimes de lotação intermitente por bovinos de corte.** 2006. 193 p. Dissertação (Mestrado em Ciência Animal e Pastagens) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2006.

APÊNDICE A

Tabela 1A Estimativas das acurácias (Acgen) e herdabilidades individuais (h_i^2) para os caracteres agronômicos e de valor nutritivo com base na avaliação de progênies de *Brachiaria humidicola* em nove cortes

Cortes	MST		%F		MSF		RFC		Rebrota	
	Acgen	h_i^2	Acgen	h_i^2	Acgen	h_i^2	Acgen	h_i^2	Acgen	h_i^2
1	0,81	0,1927	0,89	0,4928	0,84	0,3698	0,87	0,4441	0,83	0,2139
2	0,60	0,0646	0,73	0,2203	0,36	0,0357	0,75	0,2437	0,55	0,0507
3	0,65	0,0853	0,72	0,2169	0,42	0,0518	0,43	0,0530	0,73	0,1226
4	0,67	0,0907	0,75	0,2485	0,66	0,1632	0,83	0,3526	-	-
5	0,57	0,0581	0,65	0,1543	0,57	0,1062	0,35	0,0344	0,85	0,2478
6	0,84	0,2342	0,84	0,3715	0,70	0,1973	0,86	0,4071	0,70	0,1050
7	0,82	0,2094	0,79	0,2951	0,80	0,3056	0,35	0,0328	0,83	0,2231
8	0,80	0,1835	0,86	0,4202	0,43	0,0545	0,85	0,3858	0,73	0,1279
9	0,66	0,0880	0,68	0,1731	0,72	0,2128	0,16	0,0063	-	-
Média	0,71	0,1341	0,77	0,2881	0,61	0,1663	0,60	0,2178	0,75	0,1559

Tabela 1A, continua

Cortes	PBf		FDNf		FDAf		DIVMOf		Ligf	
	Acgen	h_i^2	Acgen	h_i^2	Acgen	h_i^2	Acgen	h_i^2	Acgen	h_i^2
1	0,61	0,1285	0,60	0,1233	0,37	0,0386	0,40	0,0457	0,66	0,1590
2	0,48	0,0680	0,77	0,2661	0,33	0,0304	0,72	0,2120	0,54	0,0935
3	0,15	0,0073	0,57	0,1358	0,11	0,0039	0,22	0,0168	0,33	0,0404
4	0,67	0,1718	0,49	0,0749	0,37	0,0378	0,50	0,0778	0,12	0,0039
5	0,72	0,2074	0,73	0,2263	0,69	0,1864	0,66	0,1588	0,19	0,0091
6	0,57	0,1077	0,12	0,0039	0,43	0,0524	0,13	0,0045	0,15	0,0057
7	0,72	0,2159	0,64	0,1462	0,64	0,1465	0,62	0,1348	0,34	0,0322
8	0,67	0,1671	0,63	0,1421	0,61	0,1263	0,70	0,1969	0,43	0,0534
9	0,82	0,3347	0,53	0,0898	0,69	0,1884	0,77	0,2689	0,36	0,0350
Média	0,60	0,1565	0,57	0,1343	0,47	0,0901	0,53	0,1240	0,35	0,0480

Tabela 1A, conclusão

Cortes	PBc		FDNc		FDAc		DIVMOc		Ligc	
	Acgen	h_i^2	Acgen	h_i^2	Acgen	h_i^2	Acgen	h_i^2	Acgen	h_i^2
1	0,38	0,0395	0,36	0,0355	0,69	0,1859	0,56	0,1047	0,60	0,1205
2	0,35	0,0338	0,58	0,1147	0,56	0,1024	0,54	0,0946	0,65	0,1549
3	0,17	0,0097	0,14	0,0066	0,36	0,0468	0,37	0,0488	0,13	0,0054
4	0,39	0,0438	0,67	0,1719	0,69	0,1840	0,46	0,0627	0,63	0,1435
5	0,51	0,0815	0,13	0,0043	0,42	0,0511	0,46	0,0615	0,21	0,0115
6	0,33	0,0293	0,48	0,0700	0,59	0,1170	0,55	0,1001	0,58	0,1123
7	0,44	0,0580	0,49	0,0716	0,63	0,1392	0,41	0,0493	0,52	0,0833
8	0,69	0,1862	0,67	0,1684	0,76	0,2571	0,70	0,1978	0,55	0,0960
9	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Média	0,41	0,0602	0,44	0,0804	0,59	0,1354	0,51	0,0899	0,48	0,0909

MST: Produtividade de matéria seca total (kg ha⁻¹); %F: porcentagem de folhas; MSF: produtividade de matéria seca foliar (kg ha⁻¹); RFC: relação folha:colmo; Rebrotas: notas de rebrotas; PBf: proteína bruta da folha (%MS); FDNf: fibra em detergente neutro da folha (%MS); FDAf: fibra em detergente ácido da folha (%MS); DIVMOF: digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica da folha (%); Ligf: lignina da folha (%MS); PBc: proteína bruta do colmo (%MS); FDNc: fibra em detergente neutro do colmo (%MS); FDAc: fibra em detergente ácido do colmo (%MS); DIVMOc: digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica do colmo (%); Ligc: lignina do colmo (%MS).

ANEXO A

Rotina 1A Rotina utilizada para a estimação das correlações genéticas entre os caracteres agrônômicos e de valor nutritivo para as progênies de *B. humidicola* avaliadas em nove cortes, bem como os respectivos erros padrões. Adaptado de Holland (2006)

```

data dados;
input corte genotipo$ rep traita traitb;
datalines;
...
;
data ulisses; set dados;
trait='traita'; y=traita; output;
trait='traitb'; y=traitb; output;
drop traita traitb;
run;

% macro correlation(traitI,traitJ);
data subset; set ulisses;
if trait="&traitI" or trait="&traitJ";
proc mixed data=subset asycov covtest;
class trait corte genotipo rep;
model y = rep(trait) corte(trait) rep*corte(trait);
random trait/subject = genotipo type=un;
random trait/subject = genotipo*corte type=un;
repeated trait/subject = rep*genotipo*corte type=un;
ods output covparms=estmat asycov=covmat;
run;quit;

proc iml;
use estmat; read all into e;
use covmat; read all into cov;
*****;
***Genotypic Covariance and Variance Components***;
*****;
C=cov(1:3, 2:4);
CovG=e(1,1); VG1=e(1,1); VG2=e(1,1);
*Print CovG VG1 VG2;

```

```

start correl (C, CovG, VG1, VG2, RG, SERG);
*****;
***Genotypic Correlation and Standard Errors***;
*****;
RG = CovG/sqrt(VG1*VG2);
dg =(-1/(2*VG1))/(1/CovG)/(-1/(2*VG2));*//0//0//0;
VARRG =(RG**2)*dg`*C*dg;
SERG = sqrt(VARRG);
finish correl;

call correl (C, CovG, VG1, VG2, RG, SERG);
print 'Correlação genotípica entre &traitI e &traitJ';
print RG SERG;
quit;
run;

%mend correlation;
title "Correlação entre TraitA e TraitB";
%correlation (traita, traitb);
run;quit;

```