BRENA KELLY DA SILVA ALMEIDA

OPTIMIZING BREEDING STRATEGIES IN RUZIGRASS: SHADING EFFECT AND EXPERIMENTAL PLANNING

LAVRAS – MG
2024

BRENA KELLY DA SILVA ALMEIDA

OPTIMIZING BREEDING STRATEGIES IN RUZIGRASS: SHADING EFFECT AND EXPERIMENTAL PLANNING

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

Prof. Dr. José Airton Rodrigues Nunes
Orientador

Prof. Dra. Flávia Maria Avelar Gonçalves
Dr. Fausto Souza Sobrinho
Coorientador

LAVRAS – MG
2024

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

Almeida, Brena Kelly da Silva.
Optimizing breeding strategies in ruzigrass: shading effect and experimental planning / Brena Kelly da Silva Almeida. - 2024.
89 p.: il.

Orientador(a): José Airton Rodrigues Nunes.
Coorientador(a): Flávia Maria Avelar Gonçalves, Fausto Souza Sobrinho.
Tese (doutorado) - Universidade Federal de Lavras, 2024.
Bibliografia.

1. Efficiency of indirect selection for shade tolerance. 2. Number of replications and harvests. 3. Plot type. I. Nunes, José Airton Rodrigues. II. Gonçalves, Flávia Maria Avelar. III. Sobrinho, Fausto Souza. IV. Título.

BRENA KELLY DA SILVA ALMEIDA

OPTIMIZING BREEDING STRATEGIES IN RUZIGRASS: SHADING EFFECT AND EXPERIMENTAL PLANNING

OTIMIZAÇÃO DE ESTRATÉGIAS DE MELHORAMENTO EM *Urochloa ruziziensis*: EFEITO DO SOMBREAMENTO E PLANEJAMENTO EXPERIMENTAL

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

APROVADA em 27 de março de 2024.
Dr. José Airton Rodrigues Nunes, UFLA
Dr. Renato Ribeiro de Lima, UFLA
Dr. Fausto de Souza Sobrinho, EMBRAPA
Dr. Juarez Campolina Machado, EMBRAPA
Dr. Marco Aurélio Caldas de Pinho Pessoa Filho, EMBRAPA
Dr. Mário Henrique Murad Leite Andrade, UNIVERSITY OF MAINE

Prof. Dr. José Airton Rodrigues Nunes
Orientador

Prof. Dra. Flávia Maria Avelar Gonçalves
Dr. Fausto Souza Sobrinho
Coorientador

LAVRAS – MG
2024

Aos meus pais, José Rodrigues e Glaucineide (in memoriam), e aos meus avós, Geralda e Edgar (in memoriam), que me ensinaram o verdadeiro significado de amor, perseverança e determinação. Seus ensinamentos estarão sempre presentes em cada conquista minha.

Dedico

AGRADECIMENTOS

Primeiramente, agradeço a Deus por guiar meus passos, iluminar meu caminho e me dar forças para superar cada desafio, permitindo-me alcançar esta conquista.

Ao meu pai, pelo incentivo, amor e por acalmar meu coração com suas palavras simples, mas cheias de fé e ensinamentos. À minha mãe, que, mesmo ausente fisicamente, está sempre presente em minha vida.

À minha irmã e grande amiga Milena, ao meu irmão De Assis, ao meu sobrinho Gael, aos meus avós, e a todos os meus familiares, pelo apoio, paciência e compreensão nos muitos momentos em que estive ausente do convívio familiar.

Ao meu namorado Getúlio, pelo amor, companheirismo, apoio e constante motivação. Ter você ao meu lado foi essencial para minha perseverança e sucesso nesta etapa.

À Universidade Federal de Lavras (UFLA) e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas (PPGGM), pelo ensino de excelência e pela oportunidade de cursar o mestrado e doutorado.

Às agências de fomento CAPES, FAPEMIG e, em especial, ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pela concessão da bolsa de estudos e pelo apoio na realização deste trabalho.

Ao meu orientador, Prof. José Airton, pela orientação, paciência e valiosos ensinamentos. Sua experiência e conhecimento foram fundamentais para a conclusão deste trabalho e para a minha formação.

À minha coorientadora, Prof. Flávia Gonçalves, pela atenção, por todas as conversas, ensinamentos e apoio na condução deste trabalho e em meu doutorado.

A todos os professores do PPGGM, pelos conhecimentos transmitidos e pela contribuição para minha formação acadêmica, em especial ao professor Tiago Marçal, por sua ajuda e disposição em compartilhar seu conhecimento.

Ao meu primeiro orientador, Fernando Guedes, por todo o incentivo para eu fazer o mestrado e doutorado, e por me fazer acreditar que este seria um sonho possível.

Ao pesquisador Fausto e à Embrapa Gado de Leite, pela valiosa parceria, oportunidade de trabalhar com forrageiras e colaboração no desenvolvimento deste trabalho.

Aos membros da banca examinadora, Dr. Mário, Dr. Renato, Dr. Juarez, Dr. Marco e Dr. Fausto, pela participação e pelas valiosas contribuições.

Ao professor Esteban Rios da University of Florida, pela oportunidade do doutorado sanduíche na UF, pelos ensinamentos, paciência e confiança.

Aos amigos que me acolheram nos EUA, Bia, Mário, Cláudio, Pablo, Rebecca, André, Danyllo, Julia e Vinicius, por toda ajuda, amizade e apoio.

Aos amigos do GEN, pela convivência, amizade, conhecimentos compartilhados, conversas e momentos de descontração que tanto contribuíram para meu desenvolvimento pessoal e profissional.

Às amigas de república, Heloísa e Roxane, pela amizade, diversão, apoio e companhia em todos os momentos, e por tornarem os dias da pandemia mais leves.

A todos os funcionários de campo, secretárias e equipe de limpeza pelo apoio na condução do experimento e no dia a dia durante minha pós-graduação na UFLA.

Aos orientandos do Prof. José Airton e da Prof. Flávia, e a todos os amigos do GEN que estiveram presentes durante o desenvolvimento do meu experimento em Lavras. Foram três anos de dedicação, avaliações, trabalho em equipe e muito aprendizado. Sem vocês, nada disso seria possível. O apoio e a colaboração de cada um foram fundamentais para a realização deste trabalho. Juntos, formamos uma equipe incrível.

Muito obrigado a todos!

RESUMO GERAL

A pecuária brasileira é predominantemente realizada em pastagens, destacando a importância do melhoramento genético de espécies forrageiras, como a *Urochloa ruziziensis*. Esta espécie constitui-se numa alternativa promissora para obtenção de cultivares produtivas e de alta qualidade nutricional, além de adaptadas aos sistemas integrados de produção agropecuária (SIPA). O aumento da eficiência do programa de melhoramento de *U. ruziziensis* depende de informações que permitam a otimização de recursos disponíveis, como tamanho da parcela, definição do número otimizado de repetições e cortes, e do uso da seleção indireta para ambientes-alvo, a exemplo dos SIPA. Com base no exposto, os objetivos deste estudo foram avaliar o desempenho de clones de *U. ruziziensis* sob pleno sol e 50% de sombreamento e verificar a eficiência da seleção indireta para tolerância à sombra; definir o número otimizado de repetições e de cortes em ensaios com parcelas de uma planta; e comparar a performance de clones sob dois tipos de parcela, uma parcela de uma planta e outra formada a partir de oito plantas. Realizaram-se ensaios em casa de vegetação, em Juiz de Fora – MG, para avaliação de clones de *U. ruziziensis* sob pleno sol e 50% de sombreamento. Ademais, foram conduzidos dois experimentos de campo em Lavras-MG, um com parcelas de uma planta (SPP), considerando 24 repetições e outro com oito plantas formando uma cobertura vegetal (SWARD), considerando três repetições. Foram avaliadas as características altura de planta (ALT - cm), vigor (VIG - nota), produção de massa verde (PMV - g $plot^{-1}$) e capacidade de rebrota (REB - nota). Os dados foram analisados no software R e estimados parâmetros como componentes de variância, acurácia, herdabilidade, correlação de Spearman, índice de coincidência e ganho genético relativo. Concluiu-se que há viabilidade para praticar a seleção indireta de clones de *U. ruziziensis* para condições de sombreamento baseado na avaliação a pleno sol. Para atingir alta confiabilidade na seleção em ensaios SPP, pelo menos cinco repetições são recomendadas para avaliação das características ALT, REB e VIG, e 10 repetições para PMV. O número mínimo necessário de cortes para alcançar alta coincidência seletiva foi de cinco para as características avaliadas. O desempenho relativo dos clones não foi coincidente nos ensaios SPP e SWARD. A eficiência da seleção indireta de clones de *U. ruziziensis* para parcelas maiores baseada em parcela de uma única planta foi mais acentuada para as características VIG e REB.

Palavras-chave: *Urochloa ruziziensis*; acurácia; tipo de parcela; número de repetições; seleção indireta; melhoramento de forrageiras.

GENERAL ABSTRACT

Brazilian livestock farming is predominantly conducted on pastures, highlighting the importance of genetic breeding of forage species such as *Urochloa ruziziensis*. This species is a promising alternative for obtaining productive cultivars with high nutritional quality, adapted to integrated crop-livestock systems (ICLS). Increasing the efficiency of the *U. ruziziensis* breeding program depends on information that allows the optimization of available resources, such as plot size, the optimal number of replications and harvests, and the use of indirect selection for target environments, such as ICLS. Based on the above, the objectives of this study were to evaluate the performance of *U. ruziziensis* clones under full sun and 50% shading and verify the efficiency of indirect selection for shade tolerance; define the optimized number of replications and harvests in single-plant plot (SPP) trials; and compare the performance of clones under two types of plots: a single-plant plot and a plot formed from eight plants (SWARD). Greenhouse trials were conducted in Juiz de Fora, MG to evaluate *U. ruziziensis* clones under full sunlight and 50% shading. Additionally, two field experiments were conducted in Lavras, MG, one with single-plant plots (SPP) with 24 replications and another with eight plants forming a sward (SWARD) with three replications. Plant height (PH - cm), vigor scores (VS - score), fresh mass yield (FMY - g $plot^{-1}$), and regrowth capacity (RC - score) were evaluated. Data were analyzed using R software, and parameters such as variance components, accuracy, heritability, Spearman correlation, coincidence index, and relative genetic gain were estimated. It was concluded that indirect selection of *U. ruziziensis* clones for shading conditions based on full sun evaluation is feasible. To achieve high reliability in selection in SPP trials, at least five replications are recommended for evaluating PH, RC, and VS traits, and 10 replications for FMY. The minimum number of harvests needed to achieve high selective coincidence was five for the evaluated traits. The relative performance of the clones was not coincident in the SPP and SWARD trials. The efficiency of indirect selection of *U. ruziziensis* clones for larger plots based on single-plant plots was more pronounced for VS and RC traits.

Keywords: *Urochloa ruziziensis*; accuracy; plot type; number of replications; indirect selection; forage breeding.

INDICADORES DE IMPACTO

O melhoramento genético de plantas forrageiras tropicais, como a *Urochloa ruziziensis*, oferece importantes contribuições para a agropecuária e o desenvolvimento sustentável no Brasil, com impactos que vão além do campo científico. O primeiro artigo desta tese busca avaliar o desempenho de clones de *U. ruziziensis* em condições de pleno sol e sob 50% de sombreamento, além de verificar a eficácia da seleção indireta para tolerância à sombra. O segundo e o terceiro artigos têm como foco a otimização do uso de recursos experimentais, definindo um número otimizado de repetições e cortes em parcelas de uma planta (SPP), e comparando a performance seletiva de clones em SPP e em parcelas de oito plantas, que formam uma cobertura vegetal (SWARD). Esses estudos visam tornar o processo de avaliação mais eficiente e econômico, especialmente nas fases iniciais dos programas de melhoramento, que envolvem a análise de muitos genótipos. Economicamente, essa otimização possibilita a obtenção de resultados acurados com menor uso de área e tempo, favorecendo o desenvolvimento de cultivares e resultando em maiores benefícios para os produtores. A obtenção de cultivares mais tolerantes ao sombreamento, por exemplo, é ideal para sistemas integrados de produção, como o ILPF (Integração Lavoura-Pecuária-Floresta), que, além de aumentar a produtividade, reduz as emissões de gases de efeito estufa e contribui para a preservação do solo. A adoção do ILPF representa uma mudança no manejo da terra, incentivando práticas mais sustentáveis ao equilibrar a produção agrícola com a conservação ambiental. Socialmente, a condução de avaliações mais eficientes e econômicas em programas de melhoramento, aliada à geração de cultivares mais produtivas e adaptadas a diferentes condições, como pleno sol e sombreamento, fortalece a agropecuária, gerando emprego e renda nas áreas rurais, além de melhorar a qualidade de vida das famílias que dependem dessa atividade. Assim, a utilização de parcelas menores e de combinações otimizadas de repetições e cortes, que conciliam alta qualidade experimental e eficiência na seleção, bem como a seleção indireta para tolerância ao sombreamento com base em avaliações a pleno sol, resulta em avanços significativos no processo de avaliação em programas de melhoramento genético de *U. ruziziensis*. A busca por melhorias nos processos de experimentação e avaliação de genótipos possibilita atender às demandas da agropecuária brasileira, oferecendo cultivares superiores e promovendo avanços tecnológicos e econômicos que beneficiam tanto o meio ambiente quanto a sociedade.

IMPACT INDICATORS

The genetic improvement of tropical forage plants, such as *Urochloa ruziziensis,* offers significant contributions to agriculture and sustainable development in Brazil, with impacts extending beyond the scientific field. The first paper of this thesis aims to evaluate the performance of *U. ruziziensis* clones under full sun and 50% shade conditions, as well as to assess the effectiveness of indirect selection for shade tolerance. The second and third papers focus on optimizing the use of experimental resources by determining the optimize number of replications and harvests in single-plant plots (SPP) and comparing the selective performance of clones in SPP and in eight-plant plots, which form a sward (SWARD). These studies aim to make the evaluation process more efficient and cost-effective, particularly in the early stages of breeding programs, which involve the analysis of many genotypes. Economically, this optimization enables accurate results with reduced use of area and time, assisting the development of cultivars and resulting in greater benefits for producers. The development of cultivars more tolerant to shading, for example, is ideal for integrated agricultural production systems, such as integrated crop-livestock-forest (iCLF), which not only increases productivity but also reduces greenhouse gas emissions and contributes to soil preservation. The adoption of iCLF represents a shift in land management, encouraging more sustainable practices by balancing agricultural production with environmental conservation. Socially, the implementation of more efficient and cost-effective evaluations in breeding programs, combined with the development of more productive cultivars adapted to different conditions, such as full sunlight and shading, strengthens agriculture, generating employment and income in rural areas, while also improving the quality of life for families who rely on this activity. Thus, the use of optimized combinations of replications and harvest in single-plant plot trials, which balance high experimental quality and selection efficiency, as well as indirect selection for shade tolerance based on full sunlight evaluations, results in significant advances in the evaluation process within breeding programs of *U. ruziziensis*. The pursuit of improvements in experimentation and genotype evaluation processes meets the demands of Brazilian agriculture, providing superior cultivars and promoting technological and economic advancements that benefit both the environment and society.

SUMÁRIO

PRIMEIRA PARTE 12
1 INTRODUÇÃO GERAL 12
REFERÊNCIAS 15
SEGUNDA PARTE – ARTIGOS 22
ARTIGO 1- SHADING EFFECT ON THE PERFORMANCE OF RUZIGRASS CLONES 22
1 INTRODUCTION 24
2 MATERIALS AND METHODS 25
3 RESULTS 29
4 DISCUSSION 36
5 CONCLUSION 39
APPENDIX A 39
REFERENCES 41
ARTIGO 2 - OTIMIZAÇÃO DO NÚMERO DE REPETIÇÕES E DE CORTES PARA AVALIAÇÃO DE PARCELAS DE UMA PLANTA EM CLONES DE *Urochloa ruziziensis* 45
1 INTRODUÇÃO 47
2 MATERIAL E MÉTODOS 48
3 RESULTADOS 51
4 DISCUSSÃO 58
5 CONCLUSÃO 60
APÊNDICE B 61
REFERÊNCIAS 62
ARTIGO 3 - DESEMPENHO DE CLONES DE *Urochloa ruziziensis* SOB TIPOS DE PARCELA 65
1 INTRODUÇÃO 67
2 MATERIAL E MÉTODOS 68
3 RESULTADOS E DISCUSSÕES 73
4 CONCLUSÃO 82
APÊNDICE C 82
REFERÊNCIAS 86
TERCEIRA PARTE 88
1 CONSIDERAÇÕES FINAIS 88

PRIMEIRA PARTE

1 INTRODUÇÃO GERAL

A pecuária brasileira, é predominantemente conduzida em pastagens, uma forma econômica e prática de fornecer alimentos em sistemas de produção pecuária. Com cerca de 159 milhões de hectares de pastagens no país, sendo 112 milhões de pastagens cultivadas e 47 milhões de pastagens nativas (IBGE, 2017), o gênero Urochloa assume uma posição de destaque, abrangendo 90% das áreas de pastagem cultivadas em todo o território nacional (Jank *et al.*, 2014; Simeão, Silva e Valle, 2016; Valle *et al.*, 2008).

Dentro desse gênero, a *Urochloa ruziziensis* (Sinonímia: *Brachiaria ruziziensis*) desempenha um papel fundamental na ampliação da variabilidade genética em programas de melhoramento. Sendo uma espécie sexual e diploide, é estrategicamente utilizada como genitor feminina, tetraploidizada artificialmente, em cruzamentos controlados com espécies apomíticas, como *U. brizantha* e *U. decumbens* (Pagliarini *et al.*, 2008; Souza Sobrinho *et al.*, 2016; Timbó *et al.*, 2014; Valle *et al.*, 2022). Além disso, destaca-se por seus atributos agronômicos e qualidade nutricional, favorecendo seu uso em alimentação animal, sistemas de plantio direto e sistemas integrados de produção agropecuária (SIPA) (Lopes *et al.*, 2010; Marcelino *et al.*, 2020; Souza Sobrinho e Carneiro, 2009).

O SIPA representa uma abordagem promissora para atender à crescente demanda por produtos agrícolas, possibilitando o uso otimizado de áreas agrícolas e aumentando a eficiência e sustentabilidade dos sistemas de produção (Balbino *et al.*, 2011; Bungenstab *et al.*, 2019; Domiciano *et al.*, 2020; Gil, Siebold e Berger, 2015). Segundo (Vilela *et al.*, 2017), a *U. ruziziensis* é preferida por produtores de grãos para uso em sistemas de integração lavoura-pecuária (iLP) devido às suas vantagens em termos de manejo, controle eficaz e menor competição em comparação com outras espécies do mesmo gênero. Estudos anteriores também destacaram a adaptabilidade e produtividade dessa espécie em consórcio com milho em sistemas iLP (Pariz *et al.*, 2011) e a tolerância significativa a sombreamento artificial moderado (Faria *et al.*, 2018; Paciullo *et al.*, 2011).

Considerando o potencial promissor da *U. ruziziensis* em SIPA, a avaliação e seleção de materiais genéticos superiores são cruciais para superar as cultivares existentes. No entanto, a condução de avaliações em fases iniciais de melhoramento, envolvendo muitos genótipos, em ambientes com sombreamento artificial (Coradini *et al.*, 2021; Martuscello *et al.*, 2009;

Pezzopane *et al.*, 2022) ou natural (Gomes *et al.*, 2019; Pezzopane *et al.*, 2019, 2020) pode ser desafiadora para os melhoristas. Dessa forma, uma possível alternativa é selecionar os melhores genótipos para caracteres de interesse em condições de pleno sol nas fases iniciais e, posteriormente, avaliá-los em experimentos sob sombreamento com um número reduzido de genótipos, atenuando os desafios associados.

Independente do destino das cultivares, seja em monocultivo ou em SIPA, a condução dos materiais genéticos em programas de melhoramento deve ser realizada com precisão, visando reduzir o erro experimental e explorar a variabilidade genética existente para obter ganhos genéticos com a seleção. Para alcançar esses objetivos, é fundamental atender os princípios básicos da experimentação, como a determinação adequada do número de repetições, que são essenciais para estimar o erro experimental, melhorar a qualidade dos experimentos e a capacidade de detectar diferenças entre tratamentos (Casler, 2015; Ramalho, Ferreira e Oliveira, 2012; Resende e Souza Junior, 1997).

Segundo Resende (1995) e Resende et al. (2008a), parcelas menores, contendo apenas uma planta e várias repetições, são preferidas, proporcionando maior acurácia seletiva ($\hat{r}_{\hat{g}g}$) em comparação com aquelas contendo várias plantas por parcela e menos repetições. No entanto, devido às limitações em área experimental ou recursos disponíveis, torna-se impraticável avaliar experimentos com base no número desejável de repetições, de progênies e quantidade de plantas por parcela preconizadas pelos melhoristas (Silva Filho, 2013).

Além da definição do número de repetições e do tipo de parcela, no melhoramento de forrageiras perenes, o número de cortes também influencia na avaliação. Visto que a seleção de genótipos depende da avaliação de caracteres em medidas repetidas do mesmo indivíduo, ao longo de diversos cortes, estações e anos (Assis *et al.*, 2010; Fernandes *et al.*, 2017; Gezan e Carvalho, 2018). Assim, a possibilidade de realizar seleção nos estágios iniciais de desenvolvimento ou nos primeiros cortes avaliativos contribui para reduzir o ciclo de seleção, otimizando a eficiência dos programas de melhoramento (Cobb *et al.*, 2019; Ferreira *et al.*, 2020; Souza Sobrinho *et al.*, 2010). Portanto, a realização de pesquisas que busquem comparar os tipos de parcelas e otimizar o número de repetições e cortes, são relevantes, têm grande importância do ponto de vista genético, estatístico e prático para a condução efetiva dos programas e obtenção de cultivares superiores às pré-existentes (Dias *et al.*, 2013; Resende e Duarte, 2007; Silva Filho, 2013).

Diante do exposto, os objetivos do presente estudo foram: I. Avaliar o desempenho de clones de *Urochloa ruziziensis* expostos ao pleno sol (SUN) e a 50% de sombreamento (SHADE), além de verificar a eficiência da seleção indireta para tolerância à sombra. II.

Auxiliar pesquisadores na definição do número mínimo de repetições e cortes, bem como de combinações otimizadas, visando maximizar a qualidade experimental e a eficiência seletiva. III. Comparar a performance seletiva de clones de *Urochloa ruziziensis* em parcelas de uma planta (SPP) e em parcelas de oito plantas, formando uma cobertura vegetal (SWARD).

REFERÊNCIAS

ALLARD, R. W.; BRADSHAW, A. D. (1964) Implications of Genotype-Environmental Interactions in Applied Plant Breeding. **Crop Science**, v. 4, p. 503–508, 1964.

ASSIS, G. M. L. DE *et al.* Selection of alfalfa cultivars adapted for tropical environments with repeated measures using PROC MIXED of SAS® System. **Plant Genetic Resources: Characterisation and Utilisation**, v. 8, n. 1, p. 55–62, abr. 2010.

BALBINO, L. C. *et al.* Evolução tecnológica e arranjos produtivos de sistemas de integração lavoura-pecuária-floresta no Brasil. **Pesq. agropec. bras**, v. 46, p. i–xii, 2011.

BASSO, K. C. *et al.* Avaliação de acessos de *Brachiaria brizantha* Stapf e estimativas de parâmetros genéticos para caracteres agronômicos. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 31, p. 17–22, 2009.

BIELUCZYK, W. *et al.* Eucalyptus tree influence on spatial and temporal dynamics of fine-root growth in an integrated crop-livestock-forestry system in southeastern Brazil. **Rhizosphere**, v. 19, 1 set. 2021.

BORGES, W. L. B.; CALONEGO, J. C.; ROSOLEM, C. A. Impact of crop-livestock-forest integration on soil quality. **Agroforestry Systems**, v. 93, n. 6, p. 2111–2119, 1 dez. 2019.

BUBANS, V. E. *et al.* Plot size and number of repetitions in forage wheat. **Revista Caatinga**, v. 36, n. 1, p. 234–242, 2023.

BUNGENSTAB, D. J. *et al.* **ILPF: inovação com integração de lavoura, pecuária e floresta.** 1. ed. Brasília, DF: Embrapa, 2019.

BUTLER, D. **asreml: Fits the Linear Mixed Model.** R package version 4.1.0.176, 2022. Disponível em: <www.vsni.co.uk>

CARGNELUTTI FILHO, A. *et al.* Tamanho de parcela e número de repetições em ervilha forrageira. **Ciência Rural**, v. 45, n. 7, p. 1174–1182, 26 jun. 2015.

CARRILHO, P. H. M. *et al.* Vegetative and reproductive behavior of *Brachiaria decumbens* cv. Basilisk under different shade levels. **Cuban Journal of Agricultural Science**, v. 46, n. 1, p. 85–90, 2012.

CASLER, M. D. Fundamentals of experimental design: Guidelines for designing successful experiments. **Agronomy Journal**, v. 107, n. 2, p. 692–705, 1 mar. 2015.

CASLER, M. D. *et al.* Nitrogen Demand Associated with Increased Biomass Yield of Switchgrass and Big Bluestem: Implications for Future Breeding Strategies. **Bioenergy Research**, v. 13, n. 1, p. 120–131, 1 mar. 2020.

CASLER, M. D.; RAMSTEIN, G. P. Breeding for Biomass Yield in Switchgrass Using Surrogate Measures of Yield. **Bioenergy Research**, v. 11, n. 1, p. 1–12, 1 mar. 2017.

COBB, J. N. *et al.* Enhancing the rate of genetic gain in public-sector plant breeding programs: lessons from the breeder's equation. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 132, n. 3, p. 627–645, 1 mar. 2019.

CORADINI, F. *et al.* Respostas produtivas de acessos de *Paspalum spp*. ao sombreamento artificial. **Agrometeoros**, v. 29, 11 set. 2021.

CRUZ, P. J. R. DA *et al.* Shade effects on the hybrid Mavuno brachiariagrass (*Urochloa spp*.) as potential grass in agroforestry systems. **Agroforestry Systems**, v. 95, n. 6, p. 1105–1108, 1 ago. 2021.

DIAS, K. O. DAS G. **Estratégias de planejamento experimental no melhoramento de *Brachiaria ruziziensis***. LAVRAS: Universidade Federal de Lavras, 28 fev. 2013.

DIAS, K. O. G. *et al.* Tamanho de parcela e efeito de bordadura no melhoramento de *Urochloa ruziziensis*. **Pesquisa Agropecuaria Brasileira**, v. 48, n. 11, p. 1426–1431, 2013.

DIAS-FILHO, M. B. Growth and biomass allocations of the C4 grasses *Brachiaria brizantha* and *B. humificola* under shade. **Pesq. agropec. bras**, v. 35, n. 12, p. 2335–2341, 2000.

DOMICIANO, L. F. *et al.* Agroforestry systems: an alternative to intensify forage-based livestock in the Brazilian Amazon. **Agroforestry Systems**, v. 94, n. 5, p. 1839–1849, 1 out. 2020.

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, n. suppl spe, p. 151–168, 2010.

FARIA, B. M. *et al.* Growth and bromatological characteristics of *Brachiaria decumbens* and *Brachiaria ruziziensis* under shading and nitrogen. **Revista Ciencia Agronomica**, v. 49, n. 3, p. 529–536, 1 jul. 2018.

FERNANDES, F. D. *et al.* Repeatability, number of harvests, and phenotypic stability of dry matter yield and quality traits of *Panicum maximum* jacq. **Acta Scientiarum - Animal Sciences**, v. 39, n. 2, p. 149–155, 2017.

FERREIRA, F. M. *et al.* Estimates of repeatability coefficients and optimum number of measures for genetic selection of *Cynodon spp*. **Euphytica**, v. 216, n. 5, 1 maio 2020.

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

FIORUCCI, A. S.; FANKHAUSER, C. Plant Strategies for Enhancing Access to Sunlight. **Current Biology**, v. 27, n. 17, p. R931–R940, 11 set. 2017.

FONSECA, J. M. O. *et al.* Predictive approach to optimize the number of visual graders for indirect selection of high- yielding *Urochloa ruziziensis* genotypes. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 20, n. 3, p. 1–7, 2020.

GEZAN, S. A.; CARVALHO, M. Analysis of Repeated Measures for the Biological and Agricultural Sciences. *Em*: GLAZ, B.; YEATER, K. M. (Eds.). **Applied Statistics in Agricultural, Biological, and Environmental Sciences**. Madison: Wiley Online Library, 2018. p. 279–297.

GIL, J.; SIEBOLD, M.; BERGER, T. Adoption and development of integrated crop-livestock-forestry systems in Mato Grosso, Brazil. **Agriculture, Ecosystems and Environment**, v. 199, p. 394–406, 1 jan. 2015.

GOMES, F. J. *et al.* Shading effects on marandu palisadegrass in a silvopastoral system: Plant morphological and physiological responses. **Agronomy Journal**, v. 111, n. 5, p. 2332–2340, 1 set. 2019.

GOMES, F. J.; PEDREIRA, BRUNO C; *et al.* Microclimate effects on canopy characteristics of shaded palisadegrass pastures in a silvopastoral system in the Amazon biome of central Brazil. **European Journal of Agronomy**, v. 115, 1 abr. 2020.

GOMES, F. J.; PEDREIRA, BRUNO CARNEIRO; *et al.* Shading effects on canopy and tillering characteristics of continuously stocked palisadegrass in a silvopastoral system in the Amazon biome. **Grass and Forage Science**, v. 75, n. 3, p. 279–290, 1 set. 2020.

GÓMEZ, S.; GUENNI, O.; BRAVO DE GUENNI, L. Growth, leaf photosynthesis and canopy light use efficiency under differing irradiance and soil N supplies in the forage grass brachiaria decumbens stapf. **Grass and Forage Science**, v. 68, n. 3, p. 395–407, set. 2013.

GOMMERS, C. M. M. *et al.* Shade tolerance: When growing tall is not an option. **Trends in Plant Science**, v. 18, n. 2, p. 65–71, fev. 2013.

GUENNI, O. *et al.* Influence of low light intensity on growth and biomass allocation, leaf photosynthesis and canopy radiation interception and use in two forage species of Centrosema (DC.) Benth. **Grass and Forage Science**, v. 73, n. 4, p. 967–978, 1 dez. 2018.

GUENNI, O.; SEITER, S.; FIGUEROA, R. Growth responses of three Brachiaria species to light intensity and nitrogen supply. **Tropical Grasslands**, v. 42, p. 75–87, 2008.

IBGE. **Censo Agropecuário 2017: Tabelas - Resultados preliminares**. Disponível em: <https://www.ibge.gov.br/estatisticas/economicas/agricultura-e-pecuaria/21814-2017-censo-agropecuario.html?edicao=21858&t=resultados>. Acesso em: 28 fev. 2024.

JANK, L. *et al.* The value of improved pastures to Brazilian beef production. **Crop and Pasture Science**, v. 65, n. 11, p. 1132–1137, 2014.

JOSE, S.; WALTER, D.; KUMAR, B. M. Ecological considerations in sustainable silvopasture design and management. **Agroforestry Systems**, v. 93, n. 1, p. 317–331, 15 fev. 2019.

LÉDO, F. J. DA S. *et al.* Estimativas de repetibilidade para caracteres forrageiros em *Panicum maximum*. **Ciênc. agrotec.**, v. 32, n. 4, p. 1299–1303, 2008.

LIMA, D. DE P. *et al.* Shade induces contrasting light photosynthetic performance between Signal and Guinea Grasses. **Acta Scientiarum**, v. 44, p. 1–11, 2022.

LIMA, M. A. *et al.* Evaluation of a long-established silvopastoral *Brachiaria decumbens* system: Plant characteristics and feeding value for cattle. **Crop and Pasture Science**, v. 70, n. 9, p. 814–825, 2019.

LOPES, C. M. *et al.* Massa de forragem, composição morfológica e valor nutritivo de capim-braquiária submetido a níveis de sombreamento e fertilização. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinaria e Zootecnia**, v. 69, n. 1, p. 225–233, 2017.

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**, v. 62, n. 4, p. 883–888, 2010.

MALAVIYA, D. R. *et al.* Effects of shade on guinea grass genotypes *Megathyrsus maximus* (Poales: Poaceae). **Revista de Biología Tropical**, v. 68, n. 2, p. 563–572, jun. 2020.

MARCELINO, L. L. *et al.* Nutritive value of improved populations *Brachiaria ruziziensis*. **Semina:Ciencias Agrarias**, v. 41, n. 1, p. 323–333, 2020.

MARCOS DEON VILELA DE RESENDE. Delineamento de experimentos de seleção para maximização da acurácia seletiva e d progresso genético. **Revista Árvore**, v. 19, n. 4, p. 479–500, 1995.

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

MARTUSCELLO, J. A. *et al.* Produção de gramíneas do gênero Brachiaria sob níveis de sombreamento. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 38, n. 7, p. 1183–1190, 2009.

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

MORAES, A. DE *et al.* Research on Integrated Crop-Livestock Systems in Brazil. **Rev. Ciênc. Agron**, v. 45, p. 1024–1031, 2014.

PACIULLO, D. S. C. *et al.* The growth dynamics in Brachiaria species according to nitrogen dose and shade. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 40, p. 270–276, 2011.

PACIULLO, D. S. C. *et al.* Morphogenesis, biomass and nutritive value of *Panicum maximum* under different shade levels and fertilizer nitrogen rates. **Grass and Forage Science**, v. 72, n. 3, p. 590–600, 1 set. 2017.

PAGLIARINI, M. S. *et al.* Analysis of meiotic behavior in selecting potential genitors among diploid and artificially induced tetraploid accessions of *Brachiaria ruziziensis* (Poaceae). **Euphytica**, v. 164, n. 1, p. 181–187, 2008.

PARIZ, C. M. *et al.* Produtividade de grãos de milho e massa seca de braquiárias em consórcio no sistema de integração lavoura-pecuária. **Ciência Rural**, v. 41, n. 5, p. 875–882, 2011.

PATTERSON, H. D.; THOMPSON, R. Recovery of Inter-Block Information when Block Sizes are Unequal. **Biometrika**, v. 58, n. 3, p. 545, 1971.

PEZZOPANE, J. R. M. *et al.* Forage productivity and nutritive value during pasture renovation in integrated systems. **Agroforestry Systems**, v. 93, n. 1, p. 39–49, 15 fev. 2019.

PEZZOPANE, J. R. M. *et al.* Production and nutritive value of pastures in integrated livestock production systems: Shading and management effects. **Scientia Agricola**, v. 77, n. 2, 2020.

PEZZOPANE, J. R. M. *et al.* Seleção de acessos de *Paspalum spp*. para tolerância ao sombreamento. **(Embrapa Pecuária Sudeste. Boletim e Pesquisa e Desenvolvimento**, p. 1–17, dez. 2022.

PIMENTEL, R. M. *et al.* Ecofisiologia de plantas forrageiras. **PUBVET**, v. 10, n. 9, p. 666–679, set. 2016.

R CORE TEAM. **R: A Language and Environment for Statistical Computing** Vienna, Austria R Foundation for Statistical Computing, 31 out. 2022. Disponível em: <https://www.R-project.org/>

RAMALHO, M. A. P. *et al.* **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. 1. ed. Lavras: UFLA, 2012.

RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. DE. **Experimentação em Genética e Melhoramento de Plantas**. 3. ed. Lavras: UFLA, 2012.

RESENDE, M. D. V. *et al.* Experimentação e análise estatística no melhoramento de forrageiras. *Em*: RESENDE, R. M. S.; VALLE, C. B.; JANK, L. (Eds.). **Melhoramento de Forrageiras Tropicais**. 21. ed. Campo Grande: Embrapa Gado de Corte, 2008. p. 195–293.

RESENDE, M. D. V. DE; ALVES, R. S. Linear, generalized, hierarchical, bayesian and random regression mixed models in genetics/genomics in plant breeding. **Functional Plant Breeding Journal**, v. 2, n. 2, p. 1–31, 23 jun. 2020.

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

RESENDE, M. D. V. DE; SOUZA JUNIOR, C. LOPES DE. Número de repetições e tamanho da parcela para seleção de progênies de milho em solos sob cerrado e fértil. **Pesquisa Agropecuaria Brasileira**, v. 32, n. 8, p. 781–788, 1997.

ROBINS, J. G.; JENSEN, K. B. Comparison of space-plant versus sward plot selection in thickspike wheatgrass (Elymus lanceolatus). **Plant Breeding**, v. 138, n. 1, p. 114–120, 1 fev. 2019.

SANTOS, C. A. DOS *et al.* Influence of shade on productivity and nutritional value of Urochloa decumbens in silvopastoral systems using different spatial arrangements of eucalyptus cultivars. **Tropical Grasslands-Forrajes Tropicales**, v. 11, n. 2, p. 169–182, 2023.

SANTOS, H. G. DOS *et al.* **Sistema Brasileiro de Classificação de Solos**. 5. ed. Brasília, DF: Embrapa, 2018.

SANTOS, M. V. *et al.* Leaf anatomy of “Marandu” grass cultivated in plant arrangements in agrosilvopastoral systems. **Pesquisa Agropecuaria Brasileira**, v. 53, n. 12, p. 1320–1328, 1 dez. 2018.

SCHMIDT, P. *et al.* Heritability in plant breeding on a genotype-difference basis. **Genetics**, v. 212, n. 4, p. 991–1008, 1 ago. 2019.

SCHWARZ, G. Estimating a dimension of a model. **Ann Stat**, v. 6, n. 2, p. 461–464, 1978.

SILVA FILHO, J. L. DA. Optimizing the number of progenies and replications in plant breeding experiments. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 13, p. 151–157, 2013.

SIMEÃO, R. M. *et al.* Melhoramento de *Brachiaria ruziziensis* Germain & Evrard (sin. *Urochloa ruziziensis*) autotetraploide: resultados da avaliação genética de subpopulações, progênies e indivíduos. **Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento / Embrapa Gado de Corte**, n. December, p. 30, 2016.

SIMEÃO, R. M.; SILVA, A. S.; VALLE, C. B. Flowering traits in tetraploid *Brachiaria ruziziensis* breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 16, n. 2, p. 95–101, 2016.

SLATTERY, R. A. *et al.* The impacts of fluctuating light on crop performance. **Plant Physiology**, v. 176, n. 2, p. 990–1003, 1 fev. 2018.

SOUZA SOBRINHO, F. *et al.* Repetibilidade de características agronômicas e número de cortes necessários para seleção de *Urochloa ruziziensis*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 45, n. 6, p. 579–584, 2010.

SOUZA SOBRINHO, F. DE; CARNEIRO, H. Produtividade e qualidade da forragem de Brachiaria na Região Norte Fluminense. **Pesquisa Aplicada & Agrotecnologia**, v. 2, n. 3, p. 7–12, 2009.

SOUZA SOBRINHO, F. S. *et al.* Capítulo 21- Melhoramento genético de *Brachiaria ruziziensis*: histórico e estratégias. *Em*: MARTINS, C. B. *et al.* (Eds.). **Tópicos especiais em Ciência Animal IV**. Alegre, ES: CAUFES, 2016. p. 309–327.

SOUZA-SOBRINHO, F. DE *et al.* Estimativas de repetibilidade para produção de matéria seca em alfafa. **Ciência Rural**, v. 34, n. 2, p. 531–537, 2004.

STIRBET, A. *et al.* Photosynthesis: Basics, history and modelling. **Annals of Botany**, v. 126, n. 4, p. 511–537, 14 set. 2020.

TEIXEIRA, D. H. L. *et al.* Visual selection of *Urochloa ruziziensis* genotypes for green biomass yield. **Acta Scientiarum**, v. 42, p. 1–8, 2020.

TIMBÓ, A. L. DE O. *et al.* Obtaining tetraploid plants of ruzigrass (*Brachiaria ruziziensis*). **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 43, n. 3, p. 127–131, 2014.

TOEBE, M. *et al.* Plot size and number of replications for ryegrass experiments. **Ciencia Rural**, v. 50, n. 1, 2020.

TOEBE, M. *et al.* Plot size and number of replicates for experiments with forage sorghum. **Pesquisa Agropecuaria Brasileira**, v. 57, 2022.

TORRES, F. E. *et al.* Number of cuts for estimating forage productivity in *Panicum maximum*. **Original Article Biosci. J**, v. 32, n. 1, p. 172–178, 2016.

UMESH, M. R. *et al.* Shade tolerance response of legumes in terms of biomass accumulation, leaf photosynthesis, and chlorophyll pigment under reduced sunlight. **Crop Science**, v. 63, n. 1, p. 278–292, 1 jan. 2023.

VALLE, C. B. *et al.* Melhoramento genético de Brachiaria. *Em*: RESENDE, R. M. S.; VALLE, C. B.; JANK, L. (Eds.). **Melhoramento de Forrageiras Tropicais**. 21. ed. Campo Grande: Embrapa Gado de Corte, 2008. p. 13–53.

VALLE, C. B. *et al.* Gênero Brachiaria. *Em*: FONSECA, D. M.; MARTUSCELLO, J. A. (Eds.). **Plantas Forrageiras**. 2 ed. rev. e ampl ed. Viçosa: Ed. UFV, 2022. v. 2p. 23–76.

VILELA, L. *et al.* "Boi Safrinha" na Integração Lavoura-Pecuária no Oeste Baiano. **Embrapa Cerrados. Circular Técnica, 35**, p. 1–6, set. 2017.

WICKHAM, H. **ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis**Springer-Verlag New York, 2016. Disponível em: <https://ggplot2.tidyverse.org>

SEGUNDA PARTE – ARTIGOS

ARTIGO 1- SHADING EFFECT ON THE PERFORMANCE OF RUZIGRASS CLONES

EFEITO DO SOMBREAMENTO NO DESEMPENHO DE CLONES DE *Urochloa ruziziensis*

Artigo redigido conforme a norma NBR 6022 (ABNT, 2018) e formatado de acordo com o Manual da UFLA de apresentação de teses e dissertações.

ABSTRACT

Integrated agricultural production systems are effective and sustainable approaches to meet the growing demand for agricultural and forest products. However, selecting genotypes adapted to shading is challenging for breeders, particularly when evaluating numerous genotypes. This study aimed to assess the performance of *Urochloa ruziziensis* clones under full sun (SUN) and 50% shade (SHADE) and to verify the efficiency of indirect selection for shade tolerance. Two separate trials were conducted in Juiz de Fora, MG: one in 2016 with 27 clones and another in 2020 with 25 clones, along with two check cultivars. The evaluated traits were plant height, vigor score, dry matter yield, leaf dry matter yield, and stem dry matter yield. Data analysis was conducted using the software R with a mixed model approach. Genetic correlation estimates between shading conditions varied across harvests, showed high values in initial harvests, and declined in subsequent ones. Plant height was higher in the shade, while yield was higher in full sun. High positive Spearman correlations for traits in SUN and SHADE suggest the potential to select clones in sunlight for good performance under shaded conditions. Coincidence among clones selected in SUN and SHADE ranged from moderate to high. In conclusion, selecting *U. ruziziensis* clones with similar performance in full sun and 50% shade conditions is feasible. The indirect selection for shade tolerance based on full-sun evaluation is effective, considering the median to high estimates of rank correlation and coincidence index.

Keywords: *Urochloa ruziziensis*; indirect selection; artificial shading; integrated agricultural systems; plant breeding.

1 INTRODUCTION

Integrated agricultural production systems are promising options to meet the increasing demand for agricultural products and mitigate environmental impacts in the farming sector (Borges; Calonego; Rosolem, 2019; Bungenstab et al., 2019). These strategies integrate agricultural, livestock, and forestry activities. When managed properly, they have the potential to replace monoculture pasture systems and offer promising solutions for achieving more sustainable and economically viable production (Balbino et al., 2011; Domiciano et al., 2020; Gil; Siebold; Berger, 2015).

Integrated agricultural systems, such as integrated crop-livestock (iCL), livestock-forest (iLF), crop-forest (iCF), and crop-livestock-forest (iCLF) systems are more complex than scenarios where each agricultural activity operates independently. Despite this complexity, these systems hold the potential to enhance the sustainability of livestock production (Balbino *et al.*, 2011; Bungenstab *et al.*, 2019). Therefore, proper planning is essential to optimize the use of spatial and temporal resources, maximizing positive interactions and minimizing negative ones (competition) between soil, plants, and animals (Jose; Walter; Kumar, 2019; Moraes et al., 2014). Competition for environmental factors, such as light, water, and nutrients is present in integrated agricultural systems and can trigger morphophysiological changes in plants (Fiorucci e Fankhauser, 2017; Gomes *et al.*, 2019; Pimentel *et al.*, 2016).

The availability of sunlight in terms of quantity, quality, and duration is particularly significant among the factors influencing the productive potential of C4 metabolism plants, as it directly impacts photosynthesis (Guenni *et al.*, 2018; Lima *et al.*, 2022; Stirbet *et al.*, 2020). The plant's ability to tolerate shade varies among and within forage species and is related to the efficiency in converting light energy in chemical energy by photosynthesis. Therefore, to achieve success in integrated systems, it is crucial to properly select forage species, cultivars, and genotypes that are better adapted to low-light environments, persistent, and have good productivity capacity (Cruz, da *et al.*, 2021; Faria *et al.*, 2018; Martuscello *et al.*, 2009; Paciullo *et al.*, 2017; Umesh *et al.*, 2023).

Several species with good productivity and nutritional quality in the genera *Megathyrsus spp.* (Malaviya *et al.*, 2020; Paciullo *et al.*, 2017), *Paspalum spp.* (Coradini *et al.*, 2021) and *Urochloa spp.*(Faria *et al.*, 2018; Paciullo *et al.*, 2011) have been studied for shade tolerance to be used in integrated crop and livestock systems. Some species of the genus *Urochloa*, including *U. decumbens*, *U. brizantha* and *U. ruziziensis*, have demonstrated good adaptability under reduced light conditions (Gomes, Pedreira, Bruno Carneiro, *et al.*, 2020; Gomes,

Pedreira, Bruno C, *et al.*, 2020; Lima *et al.*, 2022, 2019; Lopes *et al.*, 2017). Faria et al. (2018) evaluated the tolerance of *U. ruziziensis* to three levels of artificial shading (0%, 36%, and 54%) and concluded that the species exhibits significant tolerance to moderate shading, a finding consistent with the observations made by Paciullo et al. (2011).

Studies for evaluation and selection of genotypes aimed at shading tolerance are commonly conducted under artificial shading (e.g., screens) or in naturally shaded areas within integrated systems (Coradini *et al.*, 2021; Guenni, Seiter e Figueroa, 2008; Pezzopane *et al.*, 2020, 2022). However, conducting evaluations in the early stages of breeding program, involving many genotypes in environments with artificial or natural shading can be challenging for breeders. Then, a possible alternative is to initially select the best genotypes for traits of interest under full sun conditions and subsequently evaluate them in shading experiments with fewer genotypes, mitigating the associated challenges. (Malaviya *et al.*, 2020) studied guinea grass (*Megathyrsus maximus*) genotypes under different shading intensities and identified genotypes suitable for both shaded and full sun conditions.

Therefore, the objective of this study was to assess the performance of *Urochloa ruziziensis* clones under full sun (SUN) and 50% shade (SHADE), as well as evaluate the effectiveness of indirect selection for shade tolerance.

2 MATERIALS AND METHODS

2.1 Location, experimental designs and genotypes description

The study was carried out at the experimental station of Embrapa Dairy Cattle, located in Juiz de Fora, Minas Gerais, Brazil. The station located at 883 meter above sea level, with geographical coordinates of 21°46'56"S latitude and 43°22'10"W longitude. The trials were conducted in a greenhouse, involving two light conditions, full sun (SUN) and 50% shade (SHADE) restriction. The shade restriction was achieved through the implementation of black shade nets (screens) with a light transmission rate of 50%. These screens were affixed to PVC frames positioned 2 meters above the benches, where the experimental pots were situated. Furthermore, supplementary screens were positioned on the sides to prevent direct sunlight exposure.

This study comprised two distinct trials, both conducted at the same location. The first trial took place from April 2016 to March 2017 and focused on evaluating 27 clones of *Urochloa ruziziensis*. The second trial occurred between April 2020 and November 2021 and involved the assessment of 25 distinct *U. ruziziensis* clones, different from those evaluated in

the first trial. All the clones utilized in both trials were obtained from the Genetic Breeding Program of Embrapa Dairy Cattle. The cultivars Marandu (*Urochloa brizantha*) and Basilisk (*Urochloa decumbens*) were employed as reference checks.

The clones used in the trials were obtained through vegetative propagation, utilizing stems with roots obtained from selected plants in the field. These stems were subdivided into smaller segments and planted in propagation tubes. Upon the establishment of the clones, they were transplanted from the propagation tubes into pots. To ensure uniformity before the beginning of the experimental phase, a standardization cutting was executed approximately 30 days post-transplanting. At the time of transplanting, base fertilization was conducted using the formula 08-28-16 (200 kg ha^{-1}), which was incorporated into the substrate.

Throughout the experimental period, topdressing fertilization was applied 15 days after each harvest using the formula 20-05-20 (20 kg of N ha^{-1} $harvest^{-1}$). No pesticides or herbicides were utilized, and irrigation practices were adjusted according to temperature conditions. During periods of elevated temperatures, the plants received extended irrigation sessions and a higher frequency of watering per day.

Each trial was arranged in a completely randomized design with three replications, and the experimental units consisted of three pots each. Biomass yield was measured by clipping the plants at 15 cm height in relation to the soil. In the first trial conducted in 2016, five harvests were performed, whereas in the second trial conducted in 2020, a total of twelve harvests were carried out.

2.2 Evaluated traits

In 2016, each individual trial was evaluated for three traits: plant height (HT - cm), vigor score (VIG), and dry matter yield (DMY – g $plot^{-1}$). In 2020, four traits were assessed HT, DMY, leaf dry matter (LDM - g $plot^{-1}$), and stem dry matter (SDM – g $plot^{-1}$). The HT was measured in centimeters using a graduated ruler from the base of the plant near the soil to the highest leaf, and this trait was not evaluated in harvest nine in 2020. The VIG was assessed by three evaluators using visual scores ranging from 1 to 5 based on the following rating scale: 1 - very bad, 2 - bad, 3 - regular, 4 - good, and 5 - very good for three. After cutting, the weight of fresh biomass yield was measured, and then the plant was separated into leaves and stems and placed in an oven at 65ºC for drying. After that, DMY, LDM, and SDM were then evaluated.

2.3 Statistical analysis

Analyses were performed for each harvest in each experiment and trait using the model:

$$\boldsymbol{y} = \boldsymbol{X\beta} + \boldsymbol{Z}_g\boldsymbol{u}_g + \boldsymbol{e}, \quad (1)$$

where: y is the vector of observations; β is the vector of fixed effects (shading levels); $\boldsymbol{u}_g$ is the vector of random effects of genotypes in each shading levels, with $g \sim N(0, G)$; e is the vector of random error, with $e \sim N(0, R)$. **G** is the genetic covariance matrix given by $\boldsymbol{G} = \boldsymbol{G}_s \otimes \boldsymbol{I}$ where $\boldsymbol{G}_s$ is a matrix of heterogeneous variances and genetic correlations among shading levels with $s(s+1)/2$ parameters, in which s is the number of shading levels. **R** is the covariance matrix of residuals given by $\boldsymbol{R} = \boldsymbol{I}\sigma_e^2$, and **I** is the identity matrix. $\boldsymbol{X}$, and $\boldsymbol{Z}$ are the incidence matrices for fixed and random effects, respectively.

Multi-harvest analysis was performed with different structures for the covariance matrices, using the following model:

$$y = \boldsymbol{X\beta} + \boldsymbol{Z}_g\boldsymbol{u}_g + \boldsymbol{Z}_{gs}\boldsymbol{u}_{gs} + \boldsymbol{Z}_{gh}\boldsymbol{u}_{gh} + \boldsymbol{Z}_{ghs}\boldsymbol{u}_{ghs} + \boldsymbol{e}, \quad (2)$$

where: y is the vector of observations; β is the vector of fixed effects (shading levels, harvest, and shading levels × harvests); $\boldsymbol{u}_g$ is the vector of random effects of genotypes, $g \sim N(0, \boldsymbol{I}_g\sigma_g^2)$; $\boldsymbol{u}_{gs}$ is the vector of random effects of genotypes × shading levels, $gs \sim N(0, \boldsymbol{I}_{gs}\sigma_{gs}^2)$; $\boldsymbol{u}_{gh}$ is the vector of random effects of genotypes × harvests, $gh \sim N(0, I_{gh}\sigma_{gh}^2)$; $\boldsymbol{u}_{ghs}$ is the vector of random effects of genotypes × harvests × shading levels, $ghs \sim N(0, \boldsymbol{I}_{ghs}\sigma_{ghs}^2)$; e is the vector of random error, with $e \sim N(0, R)$. The residual covariance matrix was given by $\boldsymbol{R} = diag(\boldsymbol{R}_{h_s} \otimes \boldsymbol{I})$, where: $\boldsymbol{R}_{h_s}$ is the residual covariance matrix between harvests within each shading level. **I** is the identity matrix, and $\otimes$ is the Kronecker product operator, $\boldsymbol{X}$, $\boldsymbol{Z}_g$, $\boldsymbol{Z}_{gs}$, $\boldsymbol{Z}_{gh}$, and $\boldsymbol{Z}_{ghs}$ are the incidence matrices associated with vectors $\boldsymbol{\beta}$, and $\boldsymbol{u}_g$, $\boldsymbol{u}_{gs}$, $\boldsymbol{u}_{gh}$, and $\boldsymbol{u}_{ghs}$, respectively.

To account for the residual variation $(\boldsymbol{R}_{h_s})$, we tested different covariance structures, including compound symmetry (CS), heteroscedastic compound symmetry (CS_H), first-order autoregressive (AR1), heterogeneous first-order autoregressive ($AR1_H$), exponential (EXP), and heterogeneous exponential (EXP_H). We assessed the goodness of fit of each model using the Bayesian information criterion – BIC (Schwarz, 1978), with the lowest BIC indicating the best fit.

The data were analyzed using a mixed model approach in the R environment, employing the ASReml-R 4.0 package (Butler, 2022; R Core Team, 2022). The estimation of variance components was performed using the residual maximum likelihood method (REML) (Patterson

e Thompson, 1971). The significance of these variance components was verified through the likelihood ratio test (LRT) at a 5% level of significance.

To estimate the accuracy ($r_{\hat{g}g}$) for each harvest within each shading level, the following estimator was employed:

$$\hat{r}_{\hat{g}g} = \sqrt{1 - \frac{\overline{PEV}}{\sigma_g^2}}$$

where $\overline{PEV}$ is the mean of the prediction error variance associated with the BLUPs of the genotypes, and σ_g^2 is the variance component of the genotypes.

Type B genetic correlations (r_g) indicate the similarity in performance of the genotypes under two light conditions, full sun and 50% shade, across harvests. These correlations were estimated using Model 1, assuming a **G** matrix with heterogeneous variances and genetic correlations between the light conditions (CORGH structure).

For the multi-harvest analysis for each trait, the broad-sense heritability (H^2) was estimated using the expression proposed by Cullis et al. (2006):

$$H^2 = 1 - \frac{\bar{v}_{BLUP}}{2\sigma_g^2}$$

where $\bar{v}_{BLUP}$ is the mean variance of a difference of two BLUPs for the genotypic effect.

To evaluate the performance of ruzigrass clones under different light conditions, SUN and SHADE, we computed the Spearman correlation among genotypes, clones and checks (r_s), and Spearman correlation (ρ_s) specifically among the ruzigrass clones, using the stats package (R CORE TEAM, 2022a). Additionally, we used the coincidence index (CI) to assess the relationship between BLUP means of clones across the two conditions. The CI was calculated considering selection intensities (IS) of 10%, 20%, 30%, 40%, and 50%, following the expression proposed by Hamblin & Zimmermann (1986):

$$CI = \frac{A - C}{B - C} \times 100$$

where A represents the agreement between the best clones selected in each light condition; B represents the number of selected clones in each selection proportion; C is the number of randomly selected clones (5% of the value of B). To facilitate the exploratory analysis, graphs were generated using the ggplot2 package (Wickham, 2016) within the R environment.

3 RESULTS

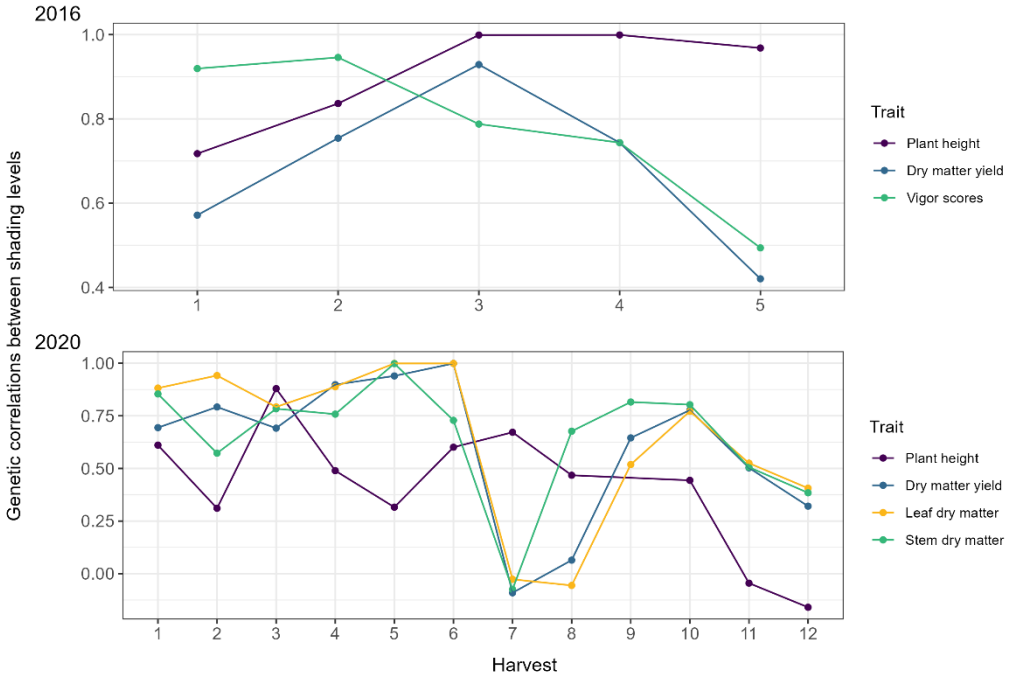
In the analysis of each harvest, significant genetic variance ($p < 0.05$) was detected for most traits across harvests under varying light conditions, as determined by the LRT test. Exceptions included HT in harvest 5 and DMY in harvests 2 and 4 from the 2016 study, as well as DMY and SDM in harvests 5 and 7, and LDM in harvest 5 from the 2020 study (Figure 1, Appendix A). For these traits, genetic variance was not significant under either full sun (0%) or shade (50%). The absence of genetic variance in these cases has implications for the estimation of other parameters, such as accuracy, correlation, and heritability.

The accuracy estimates ($r_{\hat{g}g}$) varied across harvests, traits, and light conditions. In the 2016 trial, the $r_{\hat{g}g}$ in the SUN condition ranged from 0.69 to 0.95, with a mean estimate of 0.84, while in the SHADE, the estimates ranged from 0.63 to 0.94, with a mean precision of 0.84 (Figure 1, Appendix A). These results indicate moderate to very high accuracy for all harvests under both conditions. In the 2020 trial, the $r_{\hat{g}g}$ for the SUN condition ranged from 0.27 to 0.98, with an average of 0.89. Similarly, the $r_{\hat{g}g}$ ranged from 0.30 to 0.98 in the SHADE condition, with an average precision of 0.85. The estimates in this trial ranged from low to very high values, suggesting variable experimental precision across harvests (Figure 1, Appendix A). Hence, the precision was similar between the two shading conditions in the trials.

The genetic correlation estimates between SUN and SHADE were estimated for each trait and harvest, revealing a differential performance of genetic association across the harvest. In the 2016 trial, the correlation estimates ranged from 0.72 to 1.00 for HT, 0.42 to 0.93 for DMY, and 0.49 to 0.95 for VIG. In the 2020 trial, the correlation estimates varied from -0.16 to 0.88 for H, -0.09 to 1.00 for DMY, -0.06 to 1.00 for LDM, and -0.07 to 1.00 for SDM. In general, correlation estimates are higher in early harvest times and decline with advancing harvest times (Figure 1).

These results suggest that during shorter periods of light restriction, the genetic performance of genotypes under SHADE was more similar that observed in full sunlight. However, there is a reduction in genetic correlation as the number of harvests increases, indicating a decrease in correlation over the limited exposure time to light (Figure 1). Thus, selection conducted in full sunlight may exhibit better performance in identifying genotypes intended for integrated systems with shorter time intervals.

Figure 1 - Type B genetic correlation estimates between each shading condition for traits evaluated in trials conducted in 2016 and 2020 under the full sun (0%) and shade level (50%).



Fonte: Almeida (2024)

For the multi-harvest analysis, the selection of variance and covariance structures for the residual matrix R_{h_s} was based on the criteria BIC to select the best model fit. In the 2016 trial, the heteroscedastic compound symmetry matrix (CS_H) provided the best fit for HT and DMY traits, while the compound symmetry matrix (CS) was optimal for VIG, as indicated by the lowest BIC values. In the 2020 trial, the heterogeneous autoregressive of order 1 matrix ($AR1_H$) exhibited the best fit for all evaluated traits. Showed that heterogeneous residual variances across harvests were prevalent for most traits, except for VIG (Table 1, Appendix A).

The genotypic variance (σ_g^2) was not significant for trait DMY in the 2016 trial. However, for all other traits in both trials, the genotypic variance showed significant effects, indicating a contribution of genetic factors to the observed variation (Table 1). In terms of the genotypic by shading interaction variance (σ_{gs}^2), it was not significant for any of the traits in the 2016 trial. In the 2020 trial, it was not significant for the trait SDM, but significant for the other evaluated traits (Table 1).

The genotype by harvest interaction variance (σ_{gh}^2) was significant for all traits in both trials. This indicates that the performance of genotypes varied across different harvests. Furthermore, the variance of the genotype by shading by harvest interaction was significant (σ_{gsh}^2) for all traits, except for H in the 2016 trial (Table 1). These results provide valuable insights into the contributions of different variance components to the observed variation in all

evaluated traits across the experimental trials. The estimates of the heritability for the genotypic effect in each trait were high, except for DMY in 2016 (Table 1).

Table 1- Summary of variance component estimates, with significance tests for each component conducted using the likelihood ratio test (LRT) at a 0.05 significance level and estimates of broad-sense heritability (H^2) for the genotypic effect in each trait.

TRIAL 2016				
Trait	**Component**	**Variance**	**LRT**	$\boldsymbol{H^2}$
Plant height (HT, cm)	σ_g^2	16.90	21.11^{***}	0.86
	σ_{gs}^2	0.40	0.09^{ns}	
	σ_{gh}^2	19.51	45.04^{***}	
	σ_{gsh}^2	0.97	0.27^{ns}	
Dry matter yield (DMY, g plot^{-1})	σ_g^2	1.35	0.61^{ns}	0.25
	σ_{gs}^2	0.00	0.00^{ns}	
	σ_{gh}^2	15.13	40.04^{***}	
	σ_{gsh}^2	3.83	12.04^{***}	
Vigor score (VIG, score)	σ_g^2	0.11	10.58^{***}	0.76
	σ_{gs}^2	0.02	1.41^{ns}	
	σ_{gh}^2	0.12	28.95^{***}	
	σ_{gsh}^2	0.06	16.71^{***}	
TRIAL 2020				
Trait	**Component**	**Variance**	**LRT**	H^2
Plant height (HT, cm)	σ_g^2	3.49	10.63^{***}	0.90
	σ_{gs}^2	1.65	22.01^{***}	
	σ_{gh}^2	2.29	14.41^{***}	
	σ_{gsh}^2	4.59	167.26^{***}	
Dry matter yield (DMY, g plot^{-1})	σ_g^2	1.66	15.44^{***}	0.90
	σ_{gs}^2	0.51	17.56^{***}	
	σ_{gh}^2	1.57	47.63^{***}	
	σ_{gsh}^2	1.02	77.94^{***}	
Leaf dry matter (LDM, g plot^{-1})	σ_g^2	1.15	22.49^{***}	0.91
	σ_{gs}^2	0.20	9.76^{***}	
	σ_{gh}^2	0.48	24.87^{***}	
	σ_{gsh}^2	0.46	56.66^{***}	
Stem dry matter (SDM, plot^{-1})	σ_g^2	0.10	22.85^{***}	0.86
	σ_{gs}^2	0.00	2.43^{ns}	
	σ_{gh}^2	0.34	67.91^{***}	
	σ_{gsh}^2	0.01	15.70^{***}	

σ_g^2 : genotypic variance, σ_{gs}^2: genotype by shading interaction variance, σ_{gh}^2: genotype by harvest interaction variance, and σ_{gsh}^2 genotype by shading by harvest interaction variance.

Fonte: Almeida (2024)

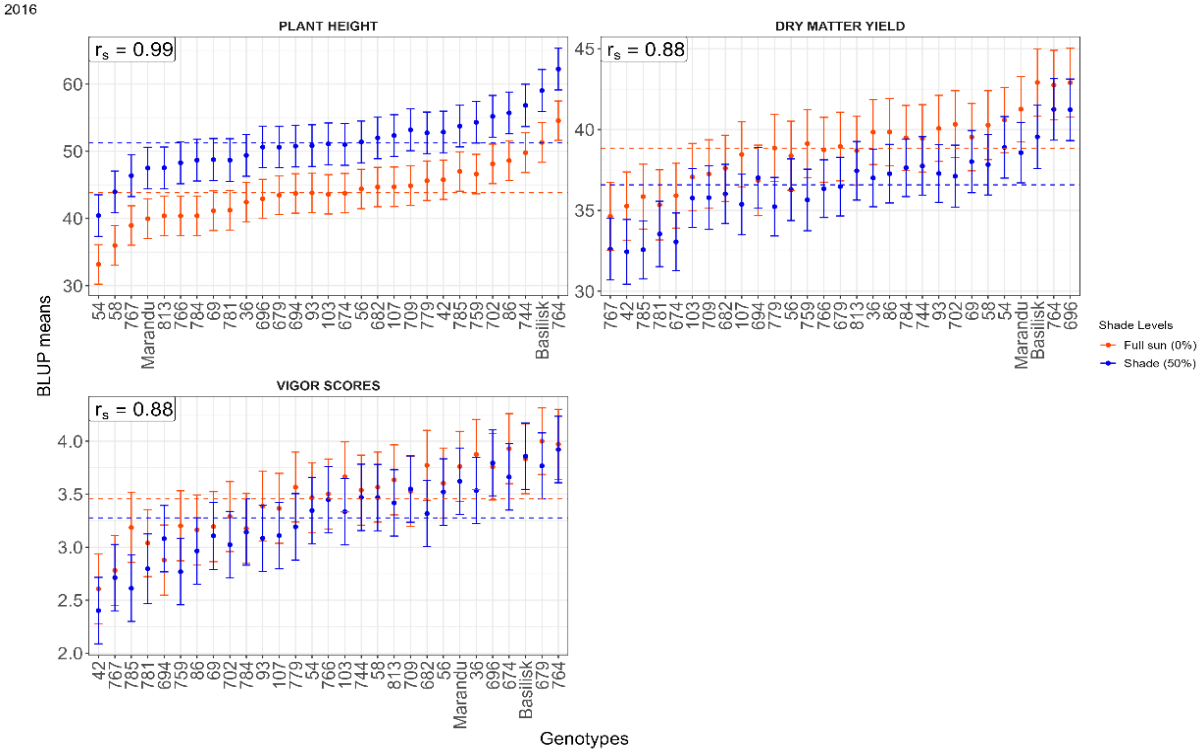
To assess the performance of different genotypes under shading conditions, we plotted the BLUP means along with their corresponding 95% confidence intervals (95%CI). Genotypes were ranked based on their BLUP means in full sun (SUN) and 50% shade (SHADE) conditions (Figure 2 and 3). Note that the genotypes evaluated in the 2016 trial outperformed those in 2020 for DMY and H traits in both shading conditions.

All traits, except for HT, exhibited superior performance in the SUN compared to SHADE conditions. In other words, sunlight restrictions reduced the average performance of genotypes for most of the traits. In both trials, SHADE consistently resulted in a reduction in the overall performance of the genotypes (Figure 2 and 3). During the 2016 trial, there was a decrease, in the average of 5.67% for DMY and 5.20% for vigor score (VIG) (Figure 2). In the trial in 2020, the reduction was more pronounced, reaching 26.05% for DMY, 26.49% LDM, and 25.32% SDM (Figure 3). Distinct behavior was observed for HT, where genotypes in SHADE higher than those in the SUN condition, with a difference of approximately 14.45% during the 2016 trial and 12.21% in the 2020 trial (Figure 2 and 3).

Furthermore, the results indicate that genotypes with 95%CI values in the SUN condition exceeding the mean of genotypes (indicated by the orange dotted line) tend to have 95% CI values above the mean (blue dotted line) in the SHADE condition as well, especially for traits with a high Spearman correlation (r_s) among BLUP means of the genotypes for the same trait under SUN and SHADE conditions. Notably, the cultivar Basilisk consistently exhibited good performance across all traits, while Marandu demonstrated consistent performance for the DMY trait in both trials and for LDM in 2020 (Figures 2 and 3).

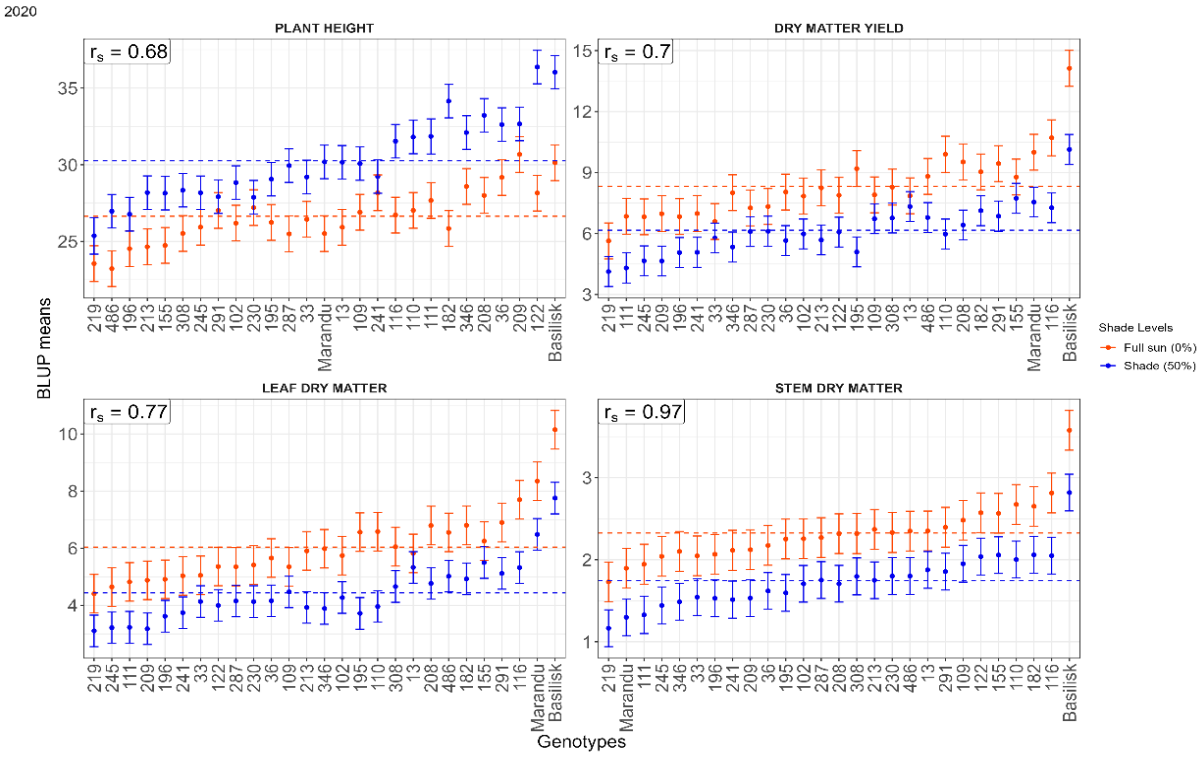
Moreover, these trials identified several clones of *U. ruziziensis* with consistent performance in both conditions. However, there were also examples where some clones performed well under SUN, such as clones 110, 208, and 195 ranked as the second, third, and sixth best, respectively, but occupied the 14th, 9th, and 19th positions under SHADE for the DMY trait in 2020. On the other hand, clones 155 and 13 were the top performers in the SHADE condition but did not rank as high (8th and 15th, respectively) under SUN for the same trait and year (Figures 2 and 3).

Figure 2 - Displaying the BLUP means for the trial in 2016, under full sun and 50% shade for plant height (cm), dry matter yield (g plot^{-1}), and vigor (score). The r_s is the Spearman correlation between genotypes (clones and checks) for the same trait in SUN and SHADE.



Fonte: Almeida (2024)

Figure 3 - Displaying BLUP means for the trial in 2020, under full sun and 50% shade for plant height (cm); dry matter yield (g plot^{-1}); leaf and stem dry matter (g plot^{-1}). The r_s is Spearman correlation between genotypes (clones and checks) for the same trait in SUN and SHADE.

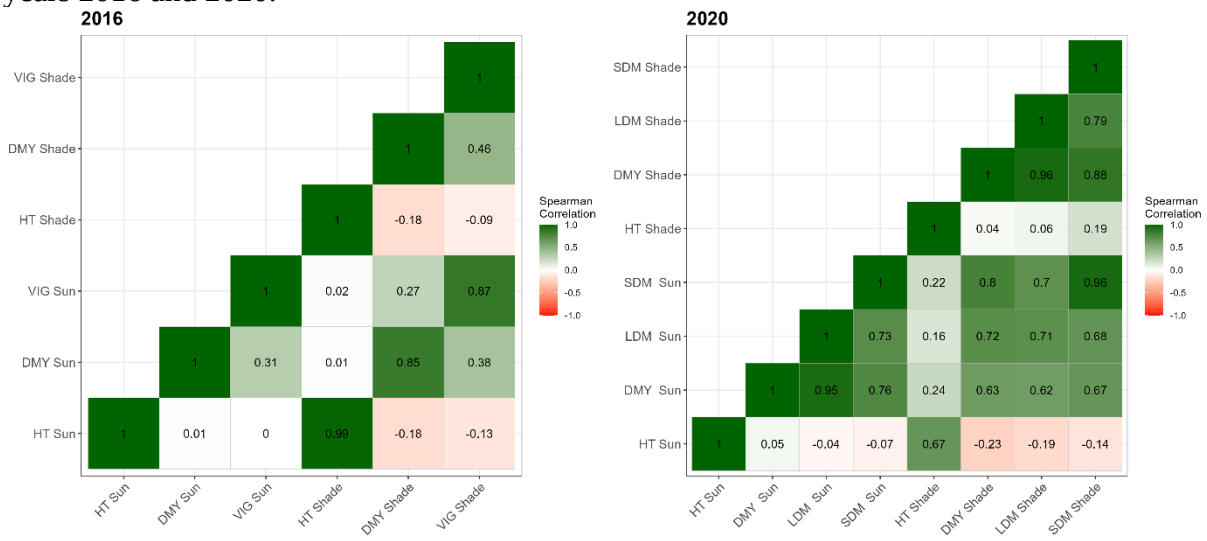


Fonte: Almeida (2024)

Additionally, Spearman's correlations (ρ_s) were calculated considering the BLUP means of 27 clones from the 2016 trial and 25 clones from the 2020 trial. The estimates showed considerable variability, ranging from negative to highly positive magnitudes (Figure 4). In the 2016 trial, it was observed that the rankings of the same trait evaluated under SUN and SHADE were highly and positively correlated (Figure 4). In the 2020 trial, all ρ_s estimates were positive, with a magnitude ranging from medium to high. Specifically, the correlations were 0.67 (HT), 0.63 (DMY), 0.71 (LDM), and 0.96 (SDM) (Figure 4), and these results aligned with the significance of σ^2_{gs} for the first three traits (Table 1). These findings suggest that clone selection in SUN can lead to comparable performance in SHADE.

As for the ρ_s between different traits within the same trial, it was observed that there were low magnitudes of negative correlations, while positive correlations were observed to range from low to medium in the 2016 trial. In 2020, negative correlations remained low estimates, while positive correlations ranged from low to high (Figure 4). These results suggest that ranking one trait does not substantially impact ordering another, especially in cases where the correlation is negative, causing one trait to decrease while the other increases.

Figure 4 - Spearman correlations between the BLUP means of the clones (ρ_s) across the SUN and SHADE conditions for the traits plant height (HT - cm), vigor score (VIG), dry matter yield (DMY - g/plot), leaves dry matter (LDM - g/plot), and stems dry matter (SDM - g/plot) in the years 2016 and 2020.



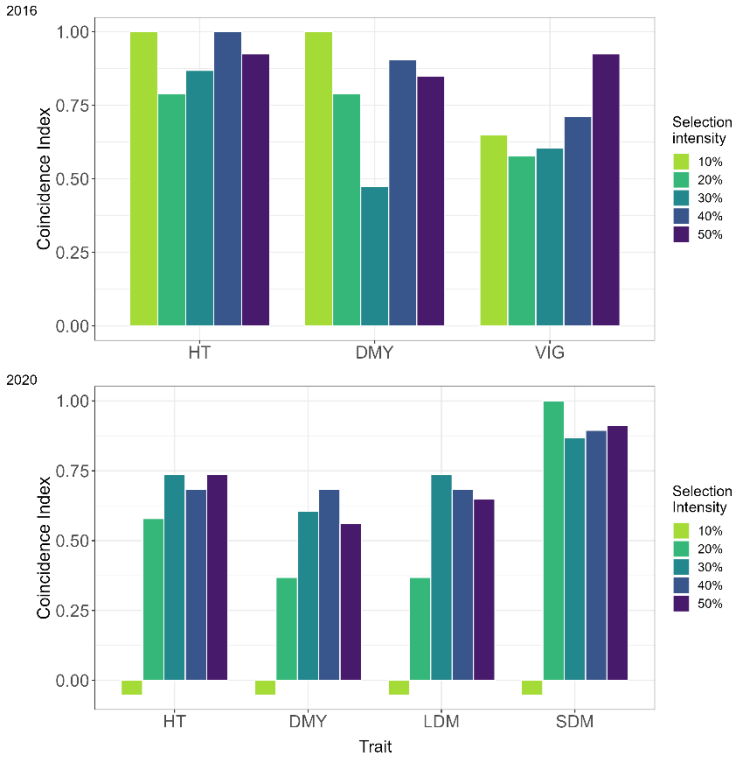
Fonte: Almeida (2024)

The agreement between the best clones in the SUN and SHADE conditions showed a moderate to high percentage, mainly as selection intensities or proportion of selected increased (Figure 5). In the 2016 trial, a high coincidence was observed among the three best ruzigrass clones (10%) selected in both SUN and SHADE. The percentage of genotypes selected between

the conditions of shade and sun ranged from 79% to 100% for HT, 47% to 100% for DMY, and 58% to 92% for VIG (Figure 5). These high estimates align with the non-significance observed in the variance of genotypes shading interaction (Table 1). These findings are relevant for breeding programs seeking to indirectly select clones in full sun, with good performance in shade conditions.

In the 2020 trial, the range of coincidence was from 0% to 74% for HT, 0% to 68% for DMY, 0% to 74% for LDM, and 0% to 100% for SDM. In this experiment, no coincidence was observed when selecting the top 3 clones (10%), suggesting that choosing clones under full sun conditions with a low proportion of selected clones (high selection intensity) could lead to misleading conclusions about the clones' performance under shading conditions (Figure 5). Therefore, the use of moderate selection intensities, i.e., increasing the proportion of selected individuals, would be more appropriate since, overall, agreement was better when moderate selection intensities were employed.

Figure 5 - Coincidence in the selection of top-performing ruzigrass clones under different shading conditions, represented by selection intensities ranging from 10% to 50%. The traits are plant height (HT), vigor score (VIG), dry matter yield (DMY) leaves dry matter (LDM) and stems dry matter.



Fonte: Almeida (2024)

4 DISCUSSION

The main objective of plant breeding is to increase genetic gain, and the accurate selection of the best genotypes is crucial to achieving this goal. Typically, genotype evaluations in plant breeding are conducted in field conditions, under sunlight. However, for selection to integrated crop and livestock systems, evaluations often take place in shaded environments, employing artificial (e.g., screens) or natural shading (e.g., trees) (Coradini *et al.*, 2021; Guenni, Seiter e Figueroa, 2008; Pezzopane *et al.*, 2020). Nevertheless, conducting these experiments can pose challenges for breeders, especially when dealing with many genotypes. Thus, this study aimed to evaluate the performance of ruzigrass (*Urochloa ruziziensis*) clones under full sun and 50% shade conditions and assess the efficacy of selecting in full sun to identify shade-tolerant genotypes.

The estimates of accuracy ($r_{\hat{g}g}$), varied from low to high across different harvests, trials, and shading levels, as defined by the classification proposed by Resende and Duarte (2007). High accuracy in the predictions indicates a strong correlation between the predicted values and the real genotypic values. Then, in the process of selection it is advisable to seek accuracy values above 70% (Resende e Alves, 2020).

Genetic correlation estimates between full sun (SUN) and 50% shade (SHADE) conditions varied across harvests. Initially, these estimates displayed high values that decreased in subsequent harvests (Figure 1). This dynamic can be attributed to the phenotypic acclimation of plants to prolonged shaded exposure, resulting to morphophysiological changes (Dias-Filho, 2000; Guenni, Seiter e Figueroa, 2008). Studies showed that increased exposure of plants to shade results in a proportional reduction in the availability of photosynthetically active radiation (PAR). This gradual reduction in PAR limits photosynthetic efficiency, negatively impacting on plant productive traits (Lima *et al.*, 2019; Slattery *et al.*, 2018). (Bieluczyk *et al.*, 2021) showed that low levels of PAR, particularly below 60%, affect root growth and can impact plant performance. These findings indicate that the photosynthetic and morphophysiological responses of forage plants vary concerning the level of shading and the duration of exposure to this condition. Collecting data from later harvests could be more informative about the genotype performance. Further studies with more harvests could unveil substantial changes in genotype performance over time. Subsequent studies, including more harvests, can help determine whether this pattern is consistent.

Another interesting aspect observed in the genetic correlation is that, during shorter periods of light restriction, the genetic performance of genotypes under shading conditions for

productive traits resembles that observed in full sunlight (Figure 1). Thus, selection conducted in full sunlight may exhibit better performance in identifying genotypes intended for integrated systems with shorter time intervals, such as integrated crop-livestock (iCL). Studies conducted by (Pariz *et al.*, 2011), evaluating the dry matter yield of *Urochloa* species in iCL systems, observed that *Urochloa ruziziensis* exhibits high adaptability and forage productivity when intercropped with corn in iCL systems. (Vilela *et al.*, 2017) emphasize the preference of grain producers for the use of *U. ruziziensis* due to its ease of management, control, and lower competitive capacity compared to other species in the genus.

In addition to by-harvest analysis, a multi-harvest approach confers robustness of genotypic performance assessment. In this perspective, the second part of the study incorporated a repeated measures analysis, or multi-harvest analysis, to combine results from all harvests. So, for the repeated measures models, the best error structures were compound Symmetry (CS), heteroscedastic (CS_H), and Heterogeneous autoregressive of order 1 ($AR1_H$) (Supplemental Table 1). Gezan et al. (2018) highlights the benefits of repeated measures analysis in experiments with the same experimental unit over time, such as more efficient analyses, information enrichment in correlated data, reduced standard error of the means, and increased statistical power. This analytical approach proves valuable for analyzing correlated data in scientific research, enabling the estimation of variance components, genetic parameters, and BLUP means predictions.

In the multi-harvest analysis, the results indicate a notable genetic diversity among the evaluated genotypes and high heritability for most traits (Table 1). Such observations directly affect plant breeding, suggesting that the trials were conducted with good precision and emphasizing the potential response to the selection of the genotypes evaluated (Resende e Alves, 2020; Schmidt *et al.*, 2019).

The traits related to yield stood out in full sun (SUN), while the height was higher under shading (Figure 3 and 4). These findings corroborate previous research with *Urochloa spp*, which also identified similar patterns in experiments with artificial shading (Coradini *et al.*, 2021; Cruz, da *et al.*, 2021; Martuscello *et al.*, 2009) and natural in the field (Gomes, Pedreira, Bruno Carneiro, *et al.*, 2020; Lima *et al.*, 2022; Santos *et al.*, 2023). According to (Gommers *et al.*, 2013), stem and petiole elongation, together with the reduction of lateral branches, are adaptive responses to low light conditions, characterizing a strategy known a shade avoidance, while the other strategy called "Shade tolerance," is more advantageous when there is a higher different height, as in agroforestry systems. These results demonstrate that plants subjected to

50% artificial shading demonstrated morphological and productivity alterations, resulting in increased height and decreased productivity.

The checks cultivars (Marandu and Basilisk) in this study consistently exhibited similar performance under full sun and 50% shade conditions. Both are widely used in production systems and identified as shade tolerant. Specifically, the cultivar Basilisk stood out, maintaining consistent performance among the top five genotypes across all evaluated traits, regardless of shading conditions (Figure 3 and 4). Previous research also confirms this cultivar's good performance at different shading levels (Carrilho *et al.*, 2012; Gómez, Guenni e Bravo de Guenni, 2013; Lima *et al.*, 2022, 2019; Lopes *et al.*, 2017). Concerning the cultivar Marandu, it consistently exhibited similar classification patterns under both SUN and SHADE conditions. This cultivar ranks among the top genotypes for the traits VIG, DMY, and LDM, while showing lower performance for HT and SDM. Thus, this cultivar demonstrates a prostrate growth habit with high leaf production in both shading conditions. Previous studies have also underscored the adaptability of this cultivar in low-light conditions (Domiciano *et al.*, 2020; Gomes, Pedreira, Bruno Carneiro, *et al.*, 2020; Gomes, Pedreira, Bruno C, *et al.*, 2020; Santos, M. V. *et al.*, 2018).

Regarding genotypes ranking under full sun and 50% shade for the same traits, Spearman correlation estimates (r_s) were positive and high, especially in 2016 (Figure 2) and for the SDM trait in 2020 (Figure 3), due to the no significance in the genotype by shading interaction variance (Table 1). For other traits, estimates were also high, above 0.68. Concerning the exclusive performance of ruzigrass clones, spearman correlations among the clones (ρ_s) exhibited relatively lower magnitudes than the genotypes' correlations (Figure 4) (Resende e Alves, 2020). High correlation estimates indicate consistent genotype ranking under full sun and 50% shade. However, lower estimates suggest that while consistency exists in classifications across different conditions, predictable and unpredictable local factors influence genotypic responses, resulting in variable performance for some clones under shading conditions (Allard e Bradshaw, 1964).

In this study, such variation and change in ranking can be observed in clones 155 and 13, which excelled under SHADE but were ranked 8th and 15th under SUN. Furthermore, clones 110 and 208 were ranked second and third best under SUN but occupied positions 14 and 9 under SHADE for the DMY trait in 2020. However, several clones of ruzigrass were also consistent in both shading conditions (Figures 2 and 3). Our results corroborate with a study conducted by (Malaviya *et al.*, 2020) evaluating guinea grass (*Megathyrsus maximus*) under full sun and 50 % Shade, in which the high productivity genotypes under full sun conditions

were also more abundant in shaded conditions. Nonetheless, some genotypes did not present this pattern, such as IG 97-5 and IG 01-93, ranked 8th and 15th under sun exposure but occupied the first and second positions under 50% shading.

Overall, agreement between clones under full sun and 50% shade ranged from moderate to high, particularly as selection intensities (SI) increased, indicating that clones selected at one shading level performed well at the other (Figure 4). However, using higher selection intensities is advisable to minimize selection errors. Studies conducted by (Coradini *et al.*, 2021) evaluating fourteen accessions of *Paspalum spp.* in pots under four levels of artificial shading (0%, 45%, 59%, and 76%) observed, through the Tukey test at 5%, that 11 of the 14 accessions (about 80%) showed productive performance similar under full sun and shading of up to 59%, the coincidence was more affected under intense shading (75%). (Pezzopane *et al.*, 2020), evaluating the same species in pots, also found coincident performance between full sun and moderate levels of shading (30% and 60%) but with a low agreement for more intense levels (80%).

5 CONCLUSION

Selecting ruzigrass clones with similar performance in full sun and 50% shade conditions is feasible. However, future evaluations, involving a more genotypes in environments with natural shading, are recommended.

The indirect selection for shade tolerance based on full-sun evaluation is effective, considering the median to high estimates of rank correlation and coincidence index.

APPENDIX A

Table 1 - Bayesian Information Criterion (BIC) values for residual variance matrix (R_{h_s}) structures in the multi-harvest analysis.

(Continua)

TRIAL 2016			
Matrix	Plant Height	Dry Matter Yield	Vigor Score
CS	4491.07	3865.69	**152.36**
CS_H	**4457.73**	**3617.26**	177.06
AR1	4492.89	3865.81	152.72
$AR1_H$	4457.96	3617.44	178.31
EXP	4503.86	3867.11	156.11
EXP_H	4468.28	3618.14	182.86

Table 1 - Bayesian Information Criterion (BIC) values for residual variance matrix (R_{h_s}) structures in the multi-harvest analysis.

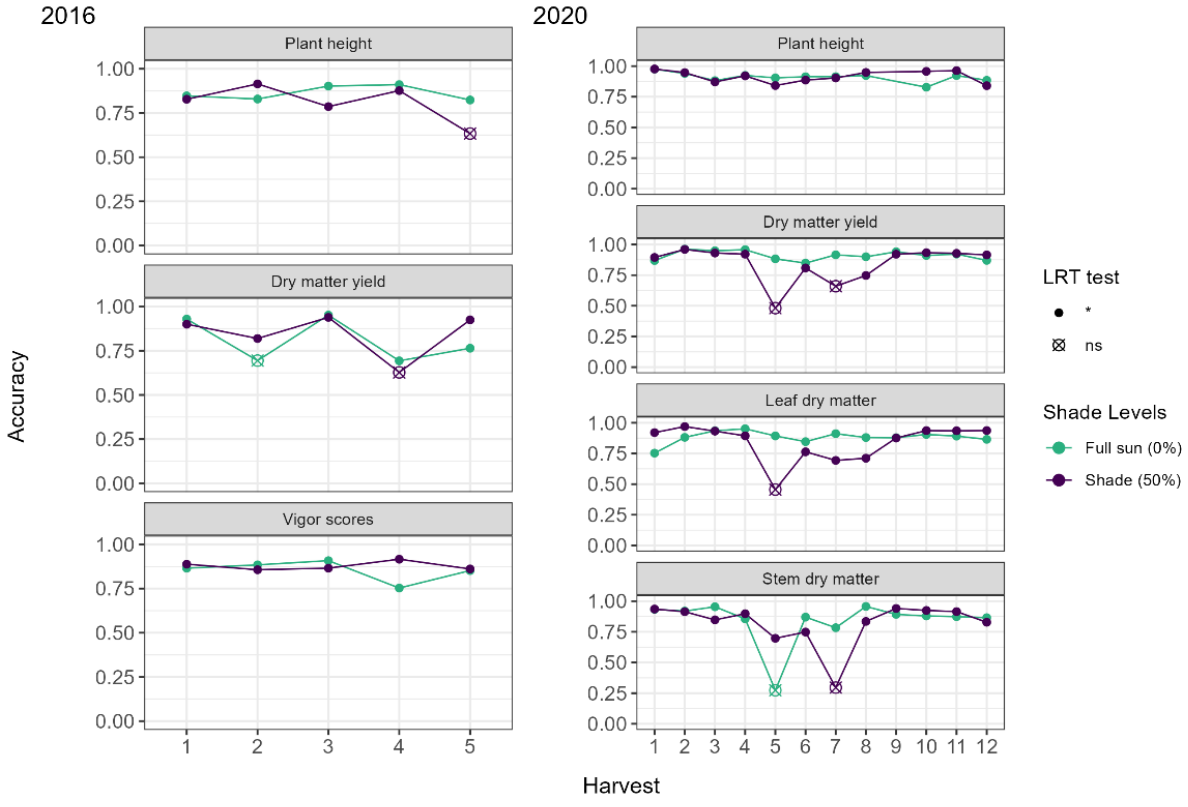
(Conclusão)

Matrix	TRIAL 2020			
	Plant Height	Dry Matter Yield	Leaves Dry Matter	Stems Dry Matter
CS	6466.66	5599.89	4266.08	2813.79
CS_H	6278.37	5248.12	4106.75	1508.07
AR1	6370.62	5527.68	4182.08	2792.31
$AR1_H$	**6207.46**	**5114.47**	**3979.08**	**1491.64**
EXP	6375.77	5481.92	4145.59	2776.64
EXP_H	6242.65	5127.40	3983.43	1493.68

CS: compound symmetry; CS_H: heterogeneous compound symmetry; AR1: first-order autoregressive; $AR1_H$: heterogeneous autoregressive; EXP: exponential, and EXP_H: heterogeneous exponential.

Fonte: Almeida (2024)

Figure 1 - Accuracy estimates ($r_{\hat{g}g}$) for each harvest for traits assessed in 2016 and 2020 trials under full sun (0%) and shade (50%). The symbols * and ns indicate the significance and non-significance of genetic variance estimated by LRT at a 0.05 probability level.



Fonte: Almeida (2024)

REFERENCES

ALLARD, R. W.; BRADSHAW, A. D. (1964) Implications of Genotype-Environmental Interactions in Applied Plant Breeding. **Crop Science**, v. 4, p. 503–508, 1964.

BALBINO, L. C. *et al.* Evolução tecnológica e arranjos produtivos de sistemas de integração lavoura-pecuária-floresta no Brasil. **Pesq. agropec. bras**, v. 46, p. i–xii, 2011.

BIELUCZYK, W. *et al.* Eucalyptus tree influence on spatial and temporal dynamics of fine-root growth in an integrated crop-livestock-forestry system in southeastern Brazil. **Rhizosphere**, v. 19, 1 set. 2021.

BORGES, W. L. B.; CALONEGO, J. C.; ROSOLEM, C. A. Impact of crop-livestock-forest integration on soil quality. **Agroforestry Systems**, v. 93, n. 6, p. 2111–2119, 1 dez. 2019.

BUNGENSTAB, D. J. *et al.* **ILPF: inovação com integração de lavoura, pecuária e floresta.** 1. ed. Brasília, DF: Embrapa, 2019.

BUTLER, D. **asreml: Fits the Linear Mixed Model.**R package version 4.1.0.176, , 2022. Disponível em: <www.vsni.co.uk>

CARRILHO, P. H. M. *et al.* Vegetative and reproductive behavior of *Brachiaria decumbens* cv. Basilisk under different shade levels. **Cuban Journal of Agricultural Science**, v. 46, n. 1, p. 85–90, 2012.

CORADINI, F. *et al.* Respostas produtivas de acessos de *Paspalum spp*. ao sombreamento artificial. **Agrometeoros**, v. 29, 11 set. 2021.

CRUZ, P. J. R. DA *et al.* Shade effects on the hybrid Mavuno brachiariagrass (*Urochloa spp.*) as potential grass in agroforestry systems. **Agroforestry Systems**, v. 95, n. 6, p. 1105–1108, 1 ago. 2021.

DIAS-FILHO, M. B. Growth and biomass allocations of the C4 grasses *Brachiaria brizantha* and *B. humificola* under shade. **Pesq. agropec. bras**, v. 35, n. 12, p. 2335–2341, 2000.

DOMICIANO, L. F. *et al.* Agroforestry systems: an alternative to intensify forage-based livestock in the Brazilian Amazon. **Agroforestry Systems**, v. 94, n. 5, p. 1839–1849, 1 out. 2020.

FARIA, B. M. *et al.* Growth and bromatological characteristics of *Brachiaria decumbens* and *Brachiaria ruziziensis* under shading and nitrogen. **Revista Ciencia Agronomica**, v. 49, n. 3, p. 529–536, 1 jul. 2018.

FIORUCCI, A. S.; FANKHAUSER, C. Plant Strategies for Enhancing Access to Sunlight. **Current Biology**, v. 27, n. 17, p. R931–R940, 11 set. 2017.

GEZAN, S. A.; CARVALHO, M. Analysis of Repeated Measures for the Biological and Agricultural Sciences. *Em*: GLAZ, B.; YEATER, K. M. (Eds.). **Applied Statistics in Agricultural, Biological, and Environmental Sciences**. Madison: Wiley Online Library, 2018. p. 279–297.

GIL, J.; SIEBOLD, M.; BERGER, T. Adoption and development of integrated crop-livestock-forestry systems in Mato Grosso, Brazil. **Agriculture, Ecosystems and Environment**, v. 199, p. 394–406, 1 jan. 2015.

GOMES, F. J. *et al.* Shading effects on marandu palisadegrass in a silvopastoral system: Plant morphological and physiological responses. **Agronomy Journal**, v. 111, n. 5, p. 2332–2340, 1 set. 2019.

GOMES, F. J.; PEDREIRA, BRUNO C; *et al.* Microclimate effects on canopy characteristics of shaded palisadegrass pastures in a silvopastoral system in the Amazon biome of central Brazil. **European Journal of Agronomy**, v. 115, 1 abr. 2020.

GOMES, F. J.; PEDREIRA, BRUNO CARNEIRO; *et al.* Shading effects on canopy and tillering characteristics of continuously stocked palisadegrass in a silvopastoral system in the Amazon biome. **Grass and Forage Science**, v. 75, n. 3, p. 279–290, 1 set. 2020.

GÓMEZ, S.; GUENNI, O.; BRAVO DE GUENNI, L. Growth, leaf photosynthesis and canopy light use efficiency under differing irradiance and soil N supplies in the forage grass *brachiaria decumbens* stapf. **Grass and Forage Science**, v. 68, n. 3, p. 395–407, set. 2013.

GOMMERS, C. M. M. *et al.* Shade tolerance: When growing tall is not an option. **Trends in Plant Science**, v. 18, n. 2, p. 65–71, fev. 2013.

GUENNI, O. *et al.* Influence of low light intensity on growth and biomass allocation, leaf photosynthesis and canopy radiation interception and use in two forage species of Centrosema (DC.) Benth. **Grass and Forage Science**, v. 73, n. 4, p. 967–978, 1 dez. 2018.

GUENNI, O.; SEITER, S.; FIGUEROA, R. Growth responses of three Brachiaria species to light intensity and nitrogen supply. **Tropical Grasslands**, v. 42, p. 75–87, 2008.

JOSE, S.; WALTER, D.; KUMAR, B. M. Ecological considerations in sustainable silvopasture design and management. **Agroforestry Systems**, v. 93, n. 1, p. 317–331, 15 fev. 2019.

LIMA, D. DE P. *et al.* Shade induces contrasting light photosynthetic performance between Signal and Guinea Grasses. **Acta Scientiarum**, v. 44, p. 1–11, 2022.

LIMA, M. A. *et al.* Evaluation of a long-established silvopastoral *Brachiaria decumbens* system: Plant characteristics and feeding value for cattle. **Crop and Pasture Science**, v. 70, n. 9, p. 814–825, 2019.

LOPES, C. M. *et al.* Massa de forragem, composição morfológica e valor nutritivo de capim-braquiária submetido a níveis de sombreamento e fertilização. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinaria e Zootecnia**, v. 69, n. 1, p. 225–233, 2017.

MALAVIYA, D. R. *et al.* Effects of shade on guinea grass genotypes *Megathyrsus maximus* (Poales: Poaceae). **Revista de Biología Tropical**, v. 68, n. 2, p. 563–572, jun. 2020.

MARTUSCELLO, J. A. *et al.* Produção de gramíneas do gênero Brachiaria sob níveis de sombreamento. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 38, n. 7, p. 1183–1190, 2009.

MORAES, A. DE *et al.* Research on Integrated Crop-Livestock Systems in Brazil. **Rev. Ciênc. Agron**, v. 45, p. 1024–1031, 2014.

PACIULLO, D. S. C. *et al.* The growth dynamics in Brachiaria species according to nitrogen dose and shade. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 40, p. 270–276, 2011.

PACIULLO, D. S. C. *et al.* Morphogenesis, biomass and nutritive value of Panicum maximum under different shade levels and fertilizer nitrogen rates. **Grass and Forage Science**, v. 72, n. 3, p. 590–600, 1 set. 2017.

PARIZ, C. M. *et al.* Produtividade de grãos de milho e massa seca de braquiárias em consórcio no sistema de integração lavoura-pecuária. **Ciência Rural**, v. 41, n. 5, p. 875–882, 2011.

PATTERSON, H. D.; THOMPSON, R. Recovery of Inter-Block Information when Block Sizes are Unequal. **Biometrika**, v. 58, n. 3, p. 545, 1971.

PEZZOPANE, J. R. M. *et al.* Production and nutritive value of pastures in integrated livestock production systems: Shading and management effects. **Scientia Agricola**, v. 77, n. 2, 2020.

PEZZOPANE, J. R. M. *et al.* Seleção de acessos de *Paspalum spp*. para tolerância ao sombreamento. **(Embrapa Pecuária Sudeste. Boletim e Pesquisa e Desenvolvimento**, p. 1–17, dez. 2022.

PIMENTEL, R. M. *et al.* Ecofisiologia de plantas forrageiras. **PUBVET**, v. 10, n. 9, p. 666–679, set. 2016.

R CORE TEAM. **R: A Language and Environment for Statistical Computing**Vienna, Austria R Foundation for Statistical Computing, 31 out. 2022. Disponível em: <https://www.R-project.org/>

RESENDE, M. D. V. DE; ALVES, R. S. Linear, generalized, hierarchical, bayesian and random regression mixed models in genetics/genomics in plant breeding. **Functional Plant Breeding Journal**, v. 2, n. 2, p. 1–31, 23 jun. 2020.

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

SANTOS, C. A. DOS *et al.* Influence of shade on productivity and nutritional value of Urochloa decumbens in silvopastoral systems using different spatial arrangements of eucalyptus cultivars. **Tropical Grasslands-Forrajes Tropicales**, v. 11, n. 2, p. 169–182, 2023.

SANTOS, M. V. *et al.* Leaf anatomy of "Marandu" grass cultivated in plant arrangements in agrosilvopastoral systems. **Pesquisa Agropecuaria Brasileira**, v. 53, n. 12, p. 1320–1328, 1 dez. 2018.

SCHMIDT, P. *et al.* Heritability in plant breeding on a genotype-difference basis. **Genetics**, v. 212, n. 4, p. 991–1008, 1 ago. 2019.

SCHWARZ, G. Estimating a dimension of a model. **Ann Stat**, v. 6, n. 2, p. 461–464, 1978.

SLATTERY, R. A. *et al.* The impacts of fluctuating light on crop performance. **Plant Physiology**, v. 176, n. 2, p. 990–1003, 1 fev. 2018.

STIRBET, A. *et al.* Photosynthesis: Basics, history and modelling. **Annals of Botany**, v. 126, n. 4, p. 511–537, 14 set. 2020.

UMESH, M. R. *et al.* Shade tolerance response of legumes in terms of biomass accumulation, leaf photosynthesis, and chlorophyll pigment under reduced sunlight. **Crop Science**, v. 63, n. 1, p. 278–292, 1 jan. 2023.

VILELA, L. *et al.* “Boi Safrinha” na Integração Lavoura-Pecuária no Oeste Baiano. **Embrapa Cerrados. Circular Técnica, 35**, p. 1–6, set. 2017.

ARTIGO 2 - OTIMIZAÇÃO DO NÚMERO DE REPETIÇÕES E DE CORTES PARA AVALIAÇÃO DE PARCELAS DE UMA PLANTA EM CLONES DE *Urochloa ruziziensis*

Artigo redigido conforme a NBR 6022 (ABNT, 2018) e formatado de acordo com o Manual da UFLA de apresentação de teses e dissertações.

RESUMO

No melhoramento de plantas, a determinação precisa do número de repetições é essencial para minimizar o erro experimental e otimizar uso de recursos. Em forrageiras perenes sujeitas a avaliações contínuas no mesmo indivíduo ao longo do tempo, a escolha do número de cortes também influencia na eficiência da avaliação e seleção. Este estudo tem como objetivo definir números ideais de repetições e cortes em parcelas de uma planta (SPP), visando de maximizar a eficiência seletiva e a acurácia em experimentos. Foram avaliados 16 clones de *Urochloa ruziziensis* e duas cultivares de testemunhas (Marandu e Basilisk) em delineamento de blocos completos com 24 repetições, submetidos a oito cortes. Foram obtidas 100 reamostragens, variando número de repetições de 3 a 24 e cortes de 2 a 8. Os parâmetros estimados nas reamostragens incluíram acurácia ($\hat{r}_{\hat{g}g}$), correlação de Spearman (ρ_s), índice de coincidência (IC) e ganho genético relativo (GR). Observou-se um aumento nas estimativas dos parâmetros para todos os caracteres com o incremento de repetições e cortes. Conclui-se que para atingir alta confiabilidade na seleção em ensaios SPP, pelo menos cinco repetições são recomendadas para avaliação das características altura de planta, rebrota e vigor, e 10 repetições para peso massa verde. O número mínimo necessário de cortes para alcançar alta coincidência seletiva foi de cinco para as características avaliadas. É possível determinar combinações otimizadas de repetições e cortes em ensaios de SPP, que conciliem alta qualidade experimental e eficiência na seleção.

Palavras-chave: *Brachiaria ruziziensis*; melhoramento de forrageiras; acurácia; eficiência experimental; otimização de recursos.

1 INTRODUÇÃO

Os programas de melhoramento genético têm como objetivos aumentar o ganho genético e obter cultivares que superem as pré-existentes. Para alcançar esses objetivos, são necessários cuidados rigorosos na condução de ensaios experimentais em campo, visando minimizar o erro experimental e explorar ao máximo a variabilidade genética disponível, a fim de maximizar os ganhos genéticos por meio da seleção (Ramalho, Ferreira e Oliveira, 2012). Nesse contexto, o planejamento experimental e a aplicação de procedimentos estatísticos acurados são fundamentais na avaliação de materiais genéticos, permitindo inferências mais precisas sobre os valores genotípicos, sua ordenação e a seleção com maior confiabilidade (Resende e Duarte, 2007).

De acordo com Resende et al. (2008a), a avaliação em parcelas menores com apenas uma planta e várias repetições é mais eficiente, em comparação com parcelas que contêm várias plantas e menos repetições. A utilização de repetições em experimentos permite estimar o erro experimental, que é representado pela variância entre as parcelas que recebem o mesmo tratamento. Quanto menor for esse erro, maiores serão as chances de detectar diferenças significativas entre os tratamentos, o que eleva o poder dos testes, qualidade experimental e confiabilidade seletiva. Assim, a determinação adequada do número de repetições é crucial para minimizar o erro experimental, fornecendo estimativas cada vez mais próximas do verdadeiro valor dos materiais genéticos avaliados (Casler, 2015; Ramalho, Ferreira e Oliveira, 2012; Resende e Duarte, 2007).

Em forrageiras perenes, como *Urochloa ruziziensis*, além da definição do número de repetições, outro fator que influencia na eficiência da avaliação é o número de cortes. Visto que a comparação e seleção de materiais genéticos dependem da avaliação de caracteres de interesse em medidas repetidas sobre o mesmo indivíduo, ao longo de diversos cortes, estações e anos (Assis *et al.*, 2010; Fernandes *et al.*, 2017; Gezan e Carvalho, 2018). Assim, a possibilidade de realizar seleção nos estágios iniciais de desenvolvimento ou nos primeiros cortes avaliativos contribui para a redução do ciclo de seleção, otimizando a eficiência dos programas ao encurtar o tempo necessário para obter uma cultivar e, consequentemente, maximizar o ganho genético com a seleção (Cobb *et al.*, 2019; Ferreira *et al.*, 2020; Souza Sobrinho *et al.*, 2010). Resende e Alves (2020), destacam que é possível alcançar alta confiabilidade seletiva e acurácia utilizando um número adequado de repetições e cortes.

Diante disso, este estudo tem como objetivos definir o número otimizado de repetições para atingir alta confiabilidade seletiva em experimentos com parcelas de uma planta,

identificar o número mínimo de cortes necessário para alcançar alta coincidência seletiva e fornecer combinações otimizadas de repetições e cortes que maximizem a qualidade experimental e a eficiência seletiva em experimentos futuros.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Local

O experimento foi conduzido no campo experimental da Universidade Federal de Lavras (UFLA), localizado na cidade de Lavras, na mesorregião do Campo das Vertentes do estado de Minas Gerais. O município está situado a uma altitude média de 918 metros, nas coordenadas geográficas 21º14'06" de latitude Sul e 44º58'06" de longitude Oeste. A região apresenta um clima Cwa mesotérmico, segundo a classificação de Köppen. Esse clima é caracterizado por invernos secos e frios, bem como verões chuvosos com temperaturas moderadamente altas. A temperatura média anual é de 19,9ºC, com uma precipitação anual acumulada média de 1.435 mm. O tipo de solo na área experimental é o Latossolo Vermelho-Amarelo (Santos et al., 2018).

2.2 Genótipos avaliados e delineamento experimental

Foram avaliados 18 genótipos, sendo 16 clones de *Urochloa ruziziensis* provenientes do quarto ciclo de seleção recorrente intrapopulacional conduzido pelo programa de melhoramento genético da Embrapa Gado de Leite, e duas testemunhas, as cultivares Marandu (*Urochloa brizantha*) e Basilisk (*Urochloa decumbens*).

Os genótipos foram obtidos por meio de propagação vegetativa, utilizando colmos que apresentavam raízes. Esses colmos foram subdivididos em segmentos menores e plantados em tubetes, sendo o processo realizado na Embrapa Gado de Leite, em Juiz de Fora, Minas Gerais em janeiro de 2020. Posteriormente, as mudas enraizadas foram transplantadas para o campo experimental da UFLA em 20/03/2020, onde o experimento foi conduzido. Após o transplante e a estabilização das mudas, um corte de uniformização foi realizado em 26/11/2020, com o objetivo de garantir a uniformidade antes do início da fase de avaliação experimental. O experimento foi implantado no delineamento experimental de blocos completos casualizados (DBC) com 24 repetições, e parcela de uma planta (Single Plant Plot - SPP), com espaçamento entre covas de 1 m e área da parcela de 0,49 m².

2.3 Condução do experimento

A adubação de plantio foi realizada com uma dosagem de 350 kg ha^{-1} do formulado comercial 8(N): 28(P_2O_5): 16(K_2O). A quantidade de adubo por cova foi calculada com base

na área da parcela e na dosagem de adubo por hectare. As adubações de cobertura consistiram em 1 ton ha^{-1} do formulado 20(N): 05(P_2O_5):20(K_2O), dividida em quatro aplicações ao longo dos cortes durante o período chuvoso. Outros tratos culturais, como controle mecânico e químico de plantas daninhas, manutenção do tamanho da parcela, e monitoramento de pragas e doenças, foram realizados durante a condução do experimento.

Após o corte de uniformização em novembro de 2020, foram realizados oito cortes de avaliação nos dias 15/01/2021, 25/02/2021, 14/04/2021, 24/11/2021, 20/01/2022, 21/04/2022, 16/12/2022 e 28/03/2023. Esses cortes foram efetuados com auxílio de roçadora motorizada a aproximadamente 10 cm do nível do solo, quando o dossel de, pelo menos, metade das parcelas estava, em média, com 40 cm de altura.

2.4 Caracteres avaliados

Foram avaliados quatro caracteres ao longo dos oito cortes. A altura de planta (ALT - cm) e o vigor da planta (VIG - nota) avaliado visualmente por três avaliadores utilizando uma escala de notas de 1 a 5 (1 – muito ruim, 2 – ruim, 3 – regular, 4 – bom e 5 – muito bom) (TEIXEIRA et al., 2020). A produção de massa verde (PMV - kg $parcela^{-1}$) mensurada a partir do corte usando um Roçadeira a Gasolina nas parcelas, seguida pela colheita manual e pesagem da biomassa verde com auxílio de balança portátil. A capacidade de rebrota (REB - nota) foi avaliada sete dias após o corte, utilizando uma escala de notas de 1 a 6, que combina notas de densidade de rebrota em porcentagem de perfilhos rebrotados (1- menos de 20%, 2- 20%-40%, 3- 40%-60%, 4- 60%-80%, 5- mais de 80%) e velocidade de rebrota, com base no crescimento dos perfilhos rebrotadas (pouco, médio e grande), conforme apresentado na Tabela 1 (Basso *et al.*, 2009; Figueiredo, Nunes e Valle, 2012).

Tabela 1 – Notas da capacidade de rebrota em função da densidade, em porcentagem de perfilhos (1- menos de 20%, 2- 20%-40%, 3- 40%-60%, 4- 60%-80%, 5- mais de 80%), e velocidade de rebrota, em termos do crescimento dos perfilhos (pouco, médio e alta).

Densidade	**Velocidade**		
	Pouco	**Média**	**Alta**
1	0	1	2
2	1	2	3
3	2	3	4
4	3	4	5
5	4	5	6

Fonte: Figueiredo, Nunes e Valle (2012).

2.5 Análise estatística

Foram realizadas as análises dos dados de cada característica por corte de acordo com o seguinte modelo linear misto na forma matricial:

$$y = \mathbf{1}\boldsymbol{\mu} + \boldsymbol{X}_r\boldsymbol{\beta}_r + \boldsymbol{Z}_g\boldsymbol{u}_g + \boldsymbol{e} \qquad (1)$$

em que: $\boldsymbol{y}$ é o vetor de dados fenotípicos; $\boldsymbol{\mu}$ é uma constante associada aos dados; $\boldsymbol{\beta}_r$ é o vetor de efeitos fixos dos blocos; $\boldsymbol{u}_g$ vetor de efeitos aleatórios dos genótipos, $u_g \sim N(0, \boldsymbol{I}_g\sigma_g^2)$; e é o vetor dos erros, $e \sim N(0, \boldsymbol{I}_e\sigma_e^2)$. σ_g^2 e σ_e^2 são os componentes de variância associados aos efeitos aleatórios de genótipos e erros. $\boldsymbol{I}_g$ e $\boldsymbol{I}_e$ são as matrizes identidade na dimensão dos efeitos aleatórios. **1** é um vetor de uns da dimensão dos dados e $\boldsymbol{X}_r$ e $\boldsymbol{Z}_g$ são as matrizes de delineamento dos efeitos de repetições e genótipos, respectivamente.

Foram realizadas as análises dos múltiplos cortes, de acordo com o modelo a seguir:

$$\boldsymbol{y} = \mathbf{1}\mu + \boldsymbol{X}_c\boldsymbol{\beta}_c + \boldsymbol{X}_r\boldsymbol{\beta}_r + \boldsymbol{X}_{cr}\boldsymbol{\beta}_{cr} + \boldsymbol{Z}_g\boldsymbol{u}_g + \boldsymbol{Z}_{gr}\boldsymbol{u}_{gr} + \boldsymbol{Z}_{gc}\boldsymbol{u}_{gc} + \boldsymbol{e} \quad (2)$$

em que: $\boldsymbol{y}$ é o vetor de dados fenotípicos de todos os cortes; $\boldsymbol{\mu}$ é uma constante associada aos dados; $\boldsymbol{\beta}_c$ é o vetor de efeitos fixos dos cortes; $\boldsymbol{\beta}_r$ é o vetor de efeitos fixos das repetições; $\boldsymbol{\beta}_{cr}$ é o vetor de efeitos fixos da interação cortes x repetições; $\boldsymbol{u}_g$ é o vetor de efeitos aleatórios dos genótipos, $\boldsymbol{u}_g \sim N(0, \boldsymbol{I}_g\sigma_g^2)$; $\boldsymbol{u}_{gr}$ é o vetor de efeitos aleatórios da interação genótipos × repetições, $\boldsymbol{u}_{gr} \sim N(0, \boldsymbol{I}_{gr}\sigma_{gr}^2)$; $\boldsymbol{u}_{gc}$ é o vetor de efeitos aleatórios de genótipos × cortes, $\boldsymbol{u}_{gc} \sim N(0, \boldsymbol{I}_{gc}\sigma_{gc}^2)$; $\boldsymbol{e}$ é o vetor dos erros, com $e \sim N(0, \boldsymbol{I}_e\sigma_e^2)$. σ_g^2, σ_{gr}^2, σ_{gc}^2 e σ_e^2 são os componentes de variância associados aos efeitos aleatórios do modelo. $\boldsymbol{I}_g$, $\boldsymbol{I}_{gr}$, $\boldsymbol{I}_{gc}$ e $\boldsymbol{I}_e$ são as matrizes identidade na dimensão dos efeitos aleatórios. **1** é um vetor de uns da dimensão dos dados, $\boldsymbol{X}_c$, $\boldsymbol{X}_r$, $\boldsymbol{X}_{cr}$, $\boldsymbol{Z}_g$, $\boldsymbol{Z}_{gr}$ e $\boldsymbol{Z}_{gc}$ são as matrizes de incidência dos efeitos do modelo.

O Modelo 2 foi utilizado para analisar o efeito do número de repetições e cortes nas estimativas dos parâmetros genéticos. Para isso, foram realizadas um total de 100 reamostragens sem reposição para cada número de repetições, variando de 3 a 23, considerando o número de 2 a 8 cortes sequenciais.

Os dados foram analisados utilizando a abordagem de modelos mistos no software R usando o pacote ASReml-R 4.0 (Butler, 2022; R Core Team, 2022). Em cada reamostragem, as estimativas dos componentes de variância foram obtidas por meio do método da máxima verossimilhança residual (REML) e foram preditos os E-BLUP (*empirical best linear unbiased predictor*) dos valores genotípicos e respectivos erros de predição. Para analisar a precisão experimental e a confiabilidade na seleção, foi estimada a acurácia seletiva ($\hat{r}_{\hat{g}g}$) dos genótipos utilizando o seguinte estimador:

$$\hat{r}_{\hat{g}g} = \sqrt{1 - \frac{\overline{PEV}}{\sigma_g^2}}$$

em que: $\overline{PEV}$ é a média da variância do erro de predição associada aos E-BLUPs dos genótipos e σ_g^2 é a variância de genótipos.

Com o intuito de avaliar a concordância classificatória dos genótipos a partir do experimento base (24 repetições e 8 cortes) com as reamostragens efetuadas a partir das combinações de 3 a 23 repetições e 2 a 8 cortes sequenciais, foram obtidas as médias das 100 reamostragens da correlação de Spearman (ρ_s) entre os E-BLUPs do experimento base e cada reamostragem. Adicionalmente, foram estimados os valores médios do índice de coincidência (IC) e do ganho genético relativo (GR), considerando os cinco melhores genótipos selecionados (proporção de seleção de 25%) com base nos E-BLUPs do experimento base e em cada reamostragem.

O IC foi calculado usando a expressão $IC = \frac{A}{B}$, em que A é o número de genótipos coincidentes entre os cinco melhores selecionados no experimento base e em cada reamostragem, e B é o total de genótipos selecionados (cinco). O GR foi determinado pelo seguinte estimador:

$$GR = \frac{GS_{g/g'}}{GS_g}$$

em que: GS_g é o ganho genético com a seleção dos cinco melhores genótipos no experimento base (g), calculado pela média dos respectivos E-BLUPs; $GS_{g/g'}$ é o ganho genético com a seleção dos cinco melhores genótipos em cada reamostragem (g'), calculado pela média dos E-BLUPs dos respectivos genótipos a partir do experimento base.

A visualização das estimativas dos parâmetros foi realizada de forma gráfica, utilizando o pacote ggplot2 (Wickham, 2016). A determinação do número otimizado de repetições e cortes foi realizada mediante inspeção visual baseada em limiares almejados dos parâmetros estimados, bem como na redução gradual nas diferenças entre os valores das estimativas.

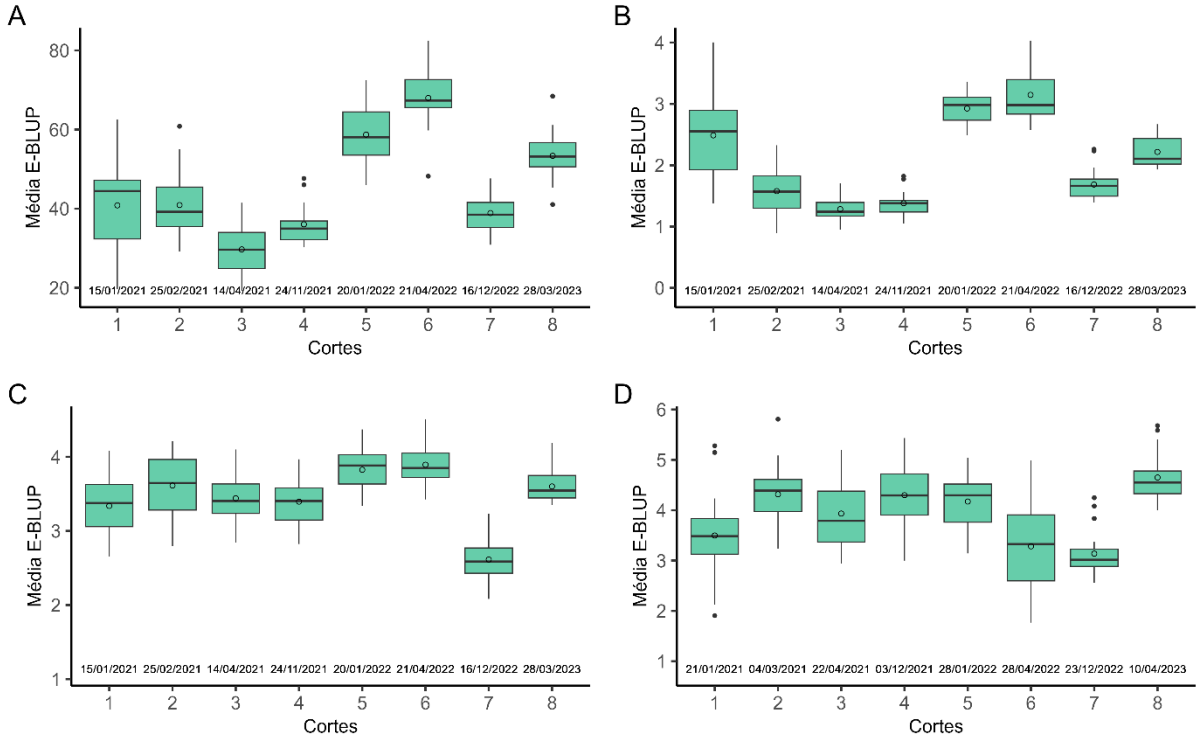
3 RESULTADOS

A variância genética foi significativa pelo teste LRT ($p < 0,05$) em todos os cortes para todas as características avaliadas no experimento. A acurácia seletiva ($\hat{r}_{\hat{g}g}$) na média de genótipo variou de 0,91 a 0,96 para a altura de plantas (ALT), de 0,85 a 0,95 para a produção de massa verde (PMV), de 0,88 a 0,95 para o vigor (VIG) e de 0,91 a 0,96 para a capacidade

de rebrota (REB) (Tabela 1, Apêndice B). Esses resultados evidenciam uma elevada precisão e confiabilidade na seleção com base nos dados experimentais (Resende e Duarte, 2007).

Em geral, as médias E-BLUPs dos genótipos estão distribuídas simetricamente, e apresentam poucos outliers em cada corte, para todas as características (Figura 1). Observa-se que a dispersão foi variável para cada corte, com baixa amplitude de variação em alguns cortes, especialmente para o caráter PMV (Figura 1B). Nota-se para as características ALT, PMV e VIG, médias mais elevadas nos cortes 5 e 6, enquanto os cortes 3, 4 e 7 exibem médias mais baixas (Figura 1).

Figura 1 - Boxplot das médias E-BLUPs dos genótipos para as características A (altura - cm), B (produção de massa verde - kg parcela-1), C (vigor - nota) e D (capacidade de rebrota - nota) ao longo dos oito cortes de avaliação. O símbolo "o" indica a média geral.

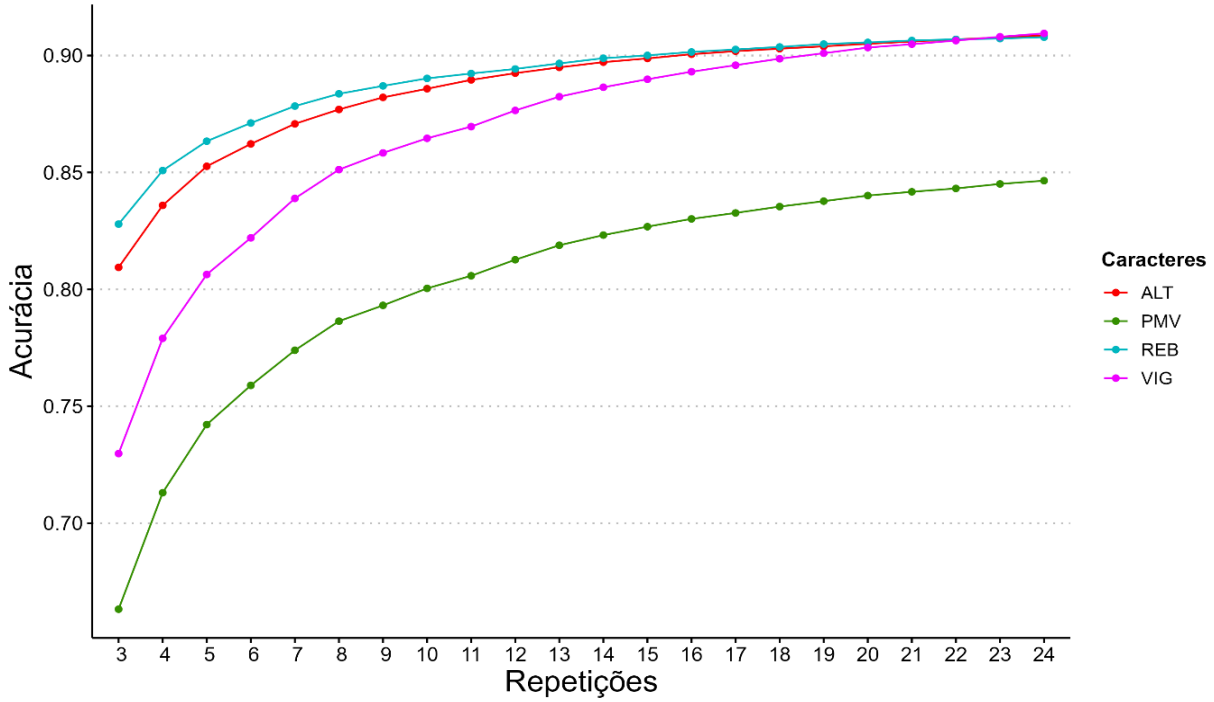


Fonte: Almeida (2024)

Observou-se um aumento nas estimativas da $\hat{r}_{\hat{g}g}$ para todos os caracteres à medida que o número de repetições aumentou (Figura 2), mostrando um incremento na precisão com o acréscimo do número de repetições. O caráter PMV apresentou estimativas de $\hat{r}_{\hat{g}g}$ de menor magnitude em comparação com os demais caracteres, com média variando de 0,66 com três repetições a aproximadamente 0,85 com 24 repetições. Contudo, com 10 repetições, a $\hat{r}_{\hat{g}g}$ para esse caráter foi de 0,80, havendo um aumento menos expressivo nas repetições subsequentes (Figura 2). As estimativas para os demais caracteres foram de alta magnitude, variando de 0,81

a 0,91 para ALT, de 0,73 a 0,91 para VIG e de 0,83 a 0,91 para REB. Observou-se estimativas de acurácia muito alta ($\hat{r}_{\hat{g}g}$ > 0.90) a partir de 16, 19 e 15 repetições, respectivamente.

Figura 2 - Estimativas da acurácia na média de genótipo para ALT (altura - cm), PMV (produção de massa verde - kg parcela^{-1}), REB (capacidade de rebrota - nota) e VIG (vigor - nota) na média das reamostragens envolvendo os oito cortes de avaliação, considerando um número de repetições variando de 3 a 24.



Fonte: Almeida (2024)

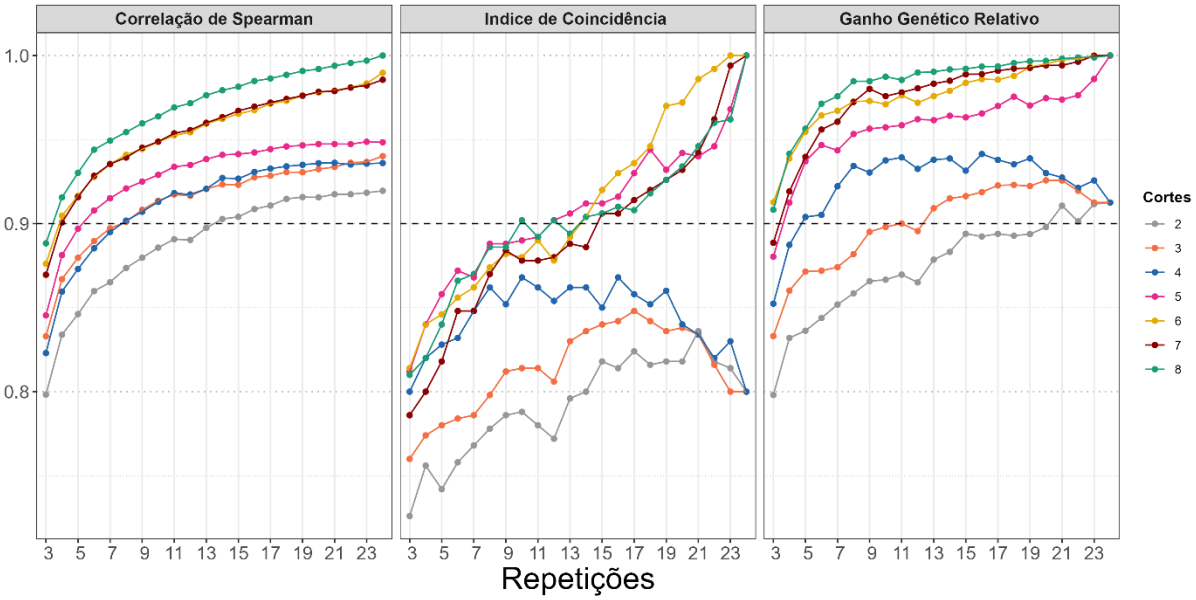
Observou-se um aumento expressivo na correlação de Spearman (ρ_s) para o caráter ALT conforme o número de repetições e cortes aumentou (Figura 3). Em todos os números de cortes analisados, foi possível alcançar uma concordância classificatória dos genótipos acima de 0,80 a partir de quatro repetições, e superior a 0,90 para números maiores de repetições. Concordância nessa magnitude variou conforme o número de repetições, sendo também influenciada pela quantidade de cortes realizados. Em experimentos com apenas dois cortes, foram necessárias pelo menos 14 repetições para atingir uma ρ_s de 0,90, enquanto em experimentos com oito cortes, quatro repetições já foram suficientes (Figura 3).

Para todos os números de cortes, foi possível atingir uma concordância classificatória dos genótipos acima de 0,80 a partir de quatro repetições, e acima de 0,90 para números maiores de repetições. Concordância nessa magnitude variou com o número de repetições a depender, ainda, do número de cortes realizados. Em experimento com apenas 2 cortes, foram necessárias

pelo menos 14 repetições para atingir ρ_s de 0,90, enquanto com 8 cortes, quatro repetições foram suficientes (Figura 3).

Verifica-se, em geral, um aumento nas estimativas do índice de coincidência (IC) e ganho genético relativo (GR) à medida que tanto o número de repetições quanto o número de cortes aumentam, excetuando-se os casos com apenas dois, três ou quatro cortes (Figura 3). As estimativas do IC foram mais elevadas em função do número de repetições, principalmente em combinações com mais de quatro cortes. Isso sugere que, para atingir uma maior coincidência com os 25% melhores genótipos selecionados no experimento base, são necessários pelo menos 5 cortes. Para atingir um IC acima de 0,90, seria necessário um maior número de repetições do que observado para ρ_s, ficando esse número em torno de 15 repetições para 5 a 8 cortes (Figura 3). Considerando o GR, foi observado um aumento constante na magnitude das estimativas a partir de 5 cortes, sendo que estimativas acima de 0,90 são observadas mesmo com apenas 4 repetições. Valores de GR nessa magnitude indicam que os cinco melhores genótipos selecionados nas amostragens representam mais de 90% do ganho que seria obtido com a seleção no experimento base (Figura 3).

Figura 3 – Estimativas médias de 100 reamostragens da correlação de Spearman (ρ_s), índice de coincidência (IC) e ganho genético relativo (GR) entre os E-BLUPs dos genótipos no experimento base (24 repetições e 8 cortes) e nas combinações de 3 a 24 repetições e 2 a 8 cortes sequenciais para altura de plantas (ALT).



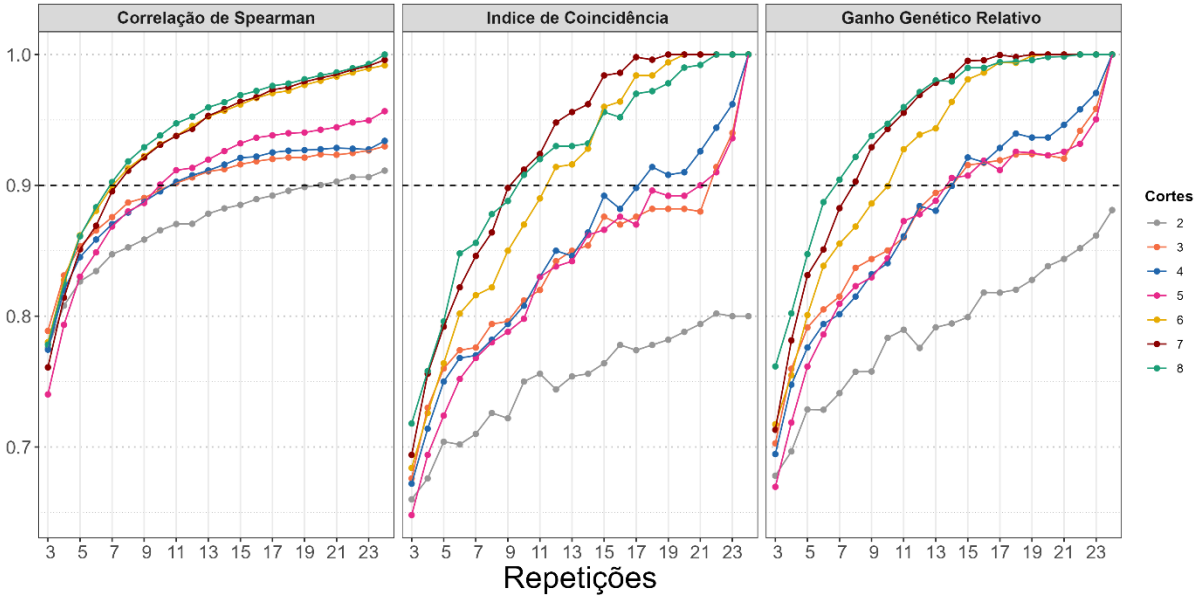
Fonte: Almeida (2024)

Na Figura 4 estão apresentadas as estimativas de ρ_s, IC e GR referentes ao caráter PMV. Observa-se um aumento na ρ_s à medida que se aumenta o número de repetições e de cortes, indicando um incremento na concordância classificatória dessas reamostragens com o

experimento base. Os cortes exibiram um padrão de agrupamento em três categorias com 2 (C1), 3 a 5 (C2) e 6 a 8 (C3). Assim, foram necessárias aproximadamente 8, 12 e 21 repetições para atingir uma concordância classificatória dos genótipos acima de 0,9 para C3, C2 e C1, respectivamente.

Quanto ao IC e GR obtidos com os 25% melhores genótipos, também, foi observado um padrão de agrupamento semelhante ao da ρ_s, evidenciando um aumento nas estimativas à medida que o número de repetições e de cortes aumentam (Figura 4). Em relação às estimativas de IC, essas foram maiores para a categoria C3, alcançado 0,9 de coincidência por volta de 10 a 12 repetições. Para C2, foram necessários 18 a 22 repetições para que os cortes atingissem IC de 0,9, enquanto para C1 esse patamar não foi atingido. No parâmetro GR, foram necessárias entre 7 e 10 repetições para atingir uma estimativa de 0,9 para C3, 14 repetições para C2, e com 2 cortes esse valor não foi alcançado, ressaltando que pelo menos dois cortes devem ser realizados (Figura 4).

Figura 4 - Estimativas médias de 100 reamostragens da correlação de Spearman (ρ_s), índice de coincidência (IC) e ganho genético relativo (GR) entre os E-BLUPs dos genótipos no experimento base (24 repetições e 8 cortes) e nas combinações de 3 a 24 repetições e 2 a 8 cortes sequenciais para produção de massa verde (PMV).

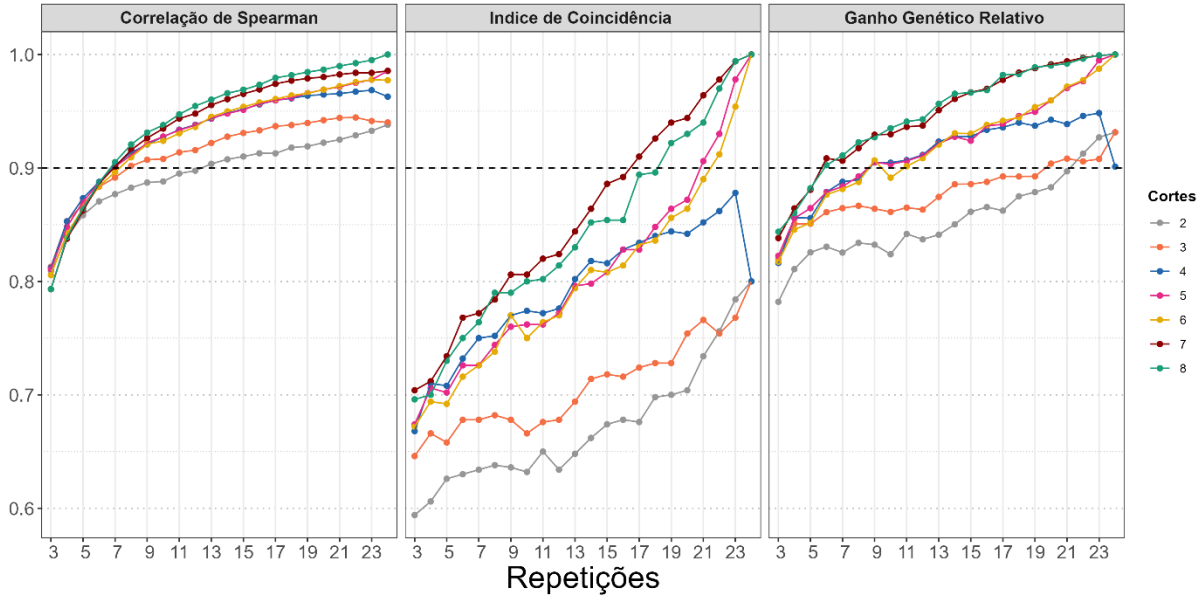


Fonte: Almeida (2024)

Na Figura 5 estão apresentadas as estimativas de ρ_s, IC e GR para o caráter VIG. Observa-se um aumento significativo na correlação ρ_s à medida que tanto o número de repetições quanto o de cortes aumentam. Visando alcançar uma concordância classificatória dos genótipos acima de 0,9, foram necessárias 8 repetições quando realizados mais de 3 cortes, e 13 repetições para dois cortes.

Para os parâmetros IC e GR, verificou-se um aumento nas estimativas, principalmente quando foram realizados mais de cinco cortes (Figura 5). Para esses números de cortes, constata-se que o IC requer um maior número de repetições para atingir uma coincidência de 0,90 entre os genótipos selecionados nas amostragens e no experimento base, variando de 17 a 22 repetições, enquanto o GR atinge esse patamar com número de repetições entre seis e nove. Para números de cortes de dois a quatro, o IC não alcança estimativas de 0,9, e o GR requer pelo menos 9, 20 e 22 repetições para atingir esse valor para 4, 3 e 2 cortes, respectivamente. Contudo, com a realização de 5 cortes ou mais é possível atingir um GR de 0,90 com 9 repetições.

Figura 5 - Estimativas médias de 100 reamostragens da correlação de Spearman (ρ_s), índice de coincidência (IC) e ganho genético relativo (GR) entre os E-BLUPs dos genótipos no experimento base (24 repetições e 8 cortes) e nas combinações de 3 a 24 repetições e 2 a 8 cortes sequenciais para nota de vigor (VIG).



Fonte: Almeida (2024)

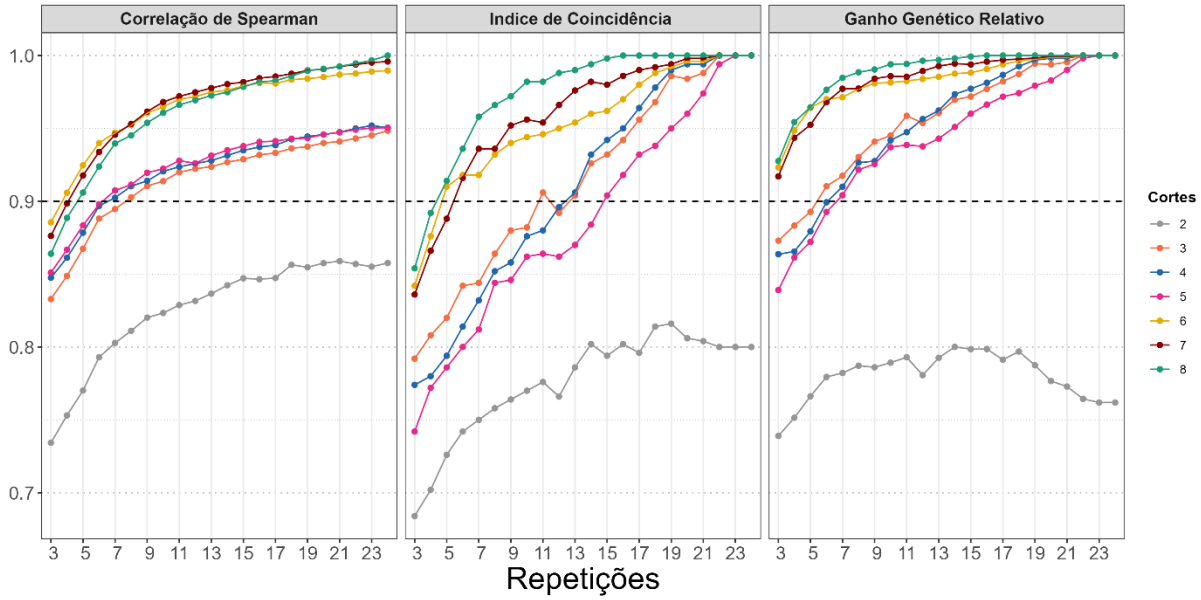
Na Figura 6 estão apresentadas as estimativas dos ρ_s, IC e GR referentes ao caráter REB. Verifica-se para esse caráter um comportamento análogo ao observado para PMV, mostrando que os cortes exibiram um padrão de agrupamento em três categorias com 2 (C1), 3 a 5 (C2) e 6 a 8 (C3) cortes, para os parâmetros analisados. Na categoria C1, que contém dois cortes, nenhum dos parâmetros atingiu uma estimativa de 0,90, indicando que o uso de dois cortes para a avaliação desse caráter não é recomendado.

Para as outras categorias, ocorreu um aumento na concordância classificatória dos genótipos com o experimento base à medida que os números de repetições e cortes aumentam

nas reamostragens (Figura 6). Nota-se que foram necessárias aproximadamente 5 e 8 repetições para atingir uma ρ_s acima de 0,90 para as categorias C3 e C2, respectivamente.

Com relação aos parâmetros IC e GR, observaram-se altas estimativas, principalmente para a C3, que apresenta de 6 a 8 cortes (Figura 6). Para essa categoria, estimativas de IC acima de 0,90 de coincidência entre os 25% melhores genótipos foram alcançadas a partir de 6 repetições. Já GR nessa magnitude foi alcançado com 3 repetições. Para a categoria C2, foram necessárias 15 repetições para que os cortes atingissem IC de 0,90, enquanto para GR esse patamar foi atingido com 7 repetições (Figura 6).

Figura 6 - Estimativas médias de 100 reamostragens da correlação de Spearman (ρ_s), índice de coincidência (IC) e ganho genético relativo (GR) entre os E-BLUPs dos genótipos no experimento base (24 repetições e 8 cortes) e nas combinações de 3 a 24 repetições e 2 a 8 cortes sequenciais para capacidade de rebrota (REB).



Fonte: Almeida (2024)

Os resultados apresentados nas Figuras 3 a 6 proporcionaram uma compreensão ampla do impacto do número de repetições e cortes nas estimativas dos parâmetros ρ_s, IC e GR para as características ALT, PMV, VIG e REB. Evidenciando a viabilidade de empregar várias combinações de número de repetições e de cortes em parcelas de uma planta (SPP), como eficiência seletiva equiparável ao experimento base que contém informações mais robustas (24 repetições e 8 cortes) e estimativas de $\hat{r}_{\hat{g}g}$ em torno de 0,91 para ALT, REB e VIG, e 0,85 para PMV (FIGURA 2).

4 DISCUSSÃO

A $\hat{r}_{\hat{g}g}$ média apresentou magnitudes altas a muito altas para altura da planta (ALT), vigor (VIG) e capacidade de rebrota (REB), e magnitudes moderadas a altas para produção de massa verde (PMV) (Figura 2), conforme a classificação proposta por Resende e Duarte (2007). Vale ressaltar que esse parâmetro é influenciado diretamente pela magnitude da variação residual, número de repetições e controle genético dos caracteres, explicando o aumento progressivo com o aumento no número de repetições e as menores estimativas observadas para PMV, um caráter quantitativo de herança genética complexa, e comumente muito influenciado pelas condições ambientais (Ramalho *et al.*, 2012; Valle *et al.*, 2022).

Estudo conduzido por (Dias, 2013) com *Brachiaria ruziziensis*, ressaltou a eficácia de quatro repetições na avaliação da altura de plantas e produção de matéria seca em dois cortes, alcançando coeficiente de determinação (R^2) superiores a 81%, o que indica uma acurácia acima de 90%. Contudo, os resultados do presente trabalho, realizado com oito cortes, mostram que a utilização de quatro repetições resultou em estimativas de acurácia inferiores às observadas por Dias (2013). Para atingir uma $\hat{r}_{\hat{g}g}$ de 0,90 para altura de plantas, foram necessárias 16 repetições, enquanto esse patamar não foi alcançado para a produção de matéria verde (Figura 2). Estudos com outras culturas forrageiras, como ervilha forrageira (Cargnelutti Filho *et al.*, 2015), azevém (Toebe *et al.*, 2020), sorgo-forrageiro (Toebe *et al.*, 2022) e trigo forrageiro (Bubans *et al.*, 2023), identificaram um número de repetições variando de 4 a 8 como suficientes para detectar diferenças significativas entre os tratamentos avaliados.

A definição do número de repetições e sua distribuição é uma tarefa desafiadora no planejamento experimental, influenciando diretamente a precisão e a capacidade de detectar diferenças entre tratamentos (Casler, 2015). Resende e Alves (2020) recomendam que uma precisão de 90%, deveria ser um referencial em experimentos para avaliar ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU), independentemente da espécie e da característica avaliada. No entanto, indicam que, para o processo de avaliação e seleção em programas de melhoramento, é desejável buscar valores de precisão acima de 70%, o que proporciona uma alta confiabilidade seletiva. Nesse contexto, destaca-se a utilidade da Figura 2 como ferramenta de apoio ao planejamento experimental, facilitando a determinação do número ideal de repetições para um experimento com oito cortes, com base na média desejada da $\hat{r}_{\hat{g}g}$, considerando também a disponibilidade de recursos do pesquisador para conduzir o experimento.

Para determinar o número otimizado de repetições, outros parâmetros mais diretamente ligados à eficiência da seleção, além da acurácia, foram também estimados, a exemplo da

correlação classificatória de Spearman (ρ_s), índice de coincidência (IC) e ganho genético relativo (GR). Estes parâmetros refletem mais intrinsecamente o interesse do melhorista na medida que foi utilizado como referência toda a informação contida nos dados coletados no ensaio de parcelas de planta única concernente às 24 repetições e oito cortes. Acredita-se que este volume de dados amostral nos forneça uma referência robusta e prática para fins de ordenamento dos clones de *U. ruziziensis* com base no valor genético mais próximo do real. Adicionalmente, também se reconhece que haja uma limitação natural imposta pelos próprios dados em estudos baseados em reamostragem dessa natureza.

Em estudos com plantas forrageiras perenes, como *Urochloa ruziziensis*, além da definição do número de repetições, outro fator que influencia na eficácia da avaliação e no ganho genético é o número de cortes. Neste estudo com *U. ruziziensis*, observamos que para os caracteres produção de massa verde e rebrota, valores a partir de três cortes podem ser utilizados, enquanto para altura de plantas e vigor, a partir de cinco cortes são indicados para obter maior eficácia na seleção. No entanto, quando se deseja reduzir o número de repetições no experimento, indica-se de seis a oito cortes (Figuras 3, 4, 5 e 6). Esses resultados corroboram com o observado por Souza Sobrinho et al. (2010) com a mesma espécie forrageira avaliada em delineamento em blocos ao acaso, com duas repetições. Os autores constataram que são necessários, em média, 7,25 cortes (7-8) para discriminação dos genótipos para altura e massa de matéria verde, com 80% de confiabilidade.

Os resultados observados neste trabalho também são consistentes com outras pesquisas publicadas em diferentes espécies de forrageiras, que buscam definir o número ideal de cortes para discriminar os materiais genéticos com uma confiabilidade seletiva superior a 0,80 para caracteres relevantes no melhoramento de plantas. Em *Cynodon* spp., Ferreira et al. (2020) sugeriram pelo menos três cortes para realizar a seleção simultânea de genótipos superiores com base em características como altura da planta, peso verde, matéria seca e vigor da planta. Em *Panicum* spp., Martuscello et al. (2007, 2015) observaram que, cinco cortes são suficientes para avaliar a superioridade relativa dos híbridos e acessos para todos os caracteres agronômicas avaliados. Lédo et al. (2008) recomendam a realização de 10 cortes para discriminar genótipos dessa espécie, enquanto Fernandes et al. (2017), Torres et al. (2016) indicam a necessidade de cinco a sete cortes para avaliação de características relacionadas a matéria seca da foragem. Souza Sobrinho et al. (2004), para esse mesmo caráter, constataram que a realização de apenas quatro cortes, em média, foi suficiente para conhecer o real valor genotípico de cultivares de alfafa testadas.

A seleção em plantas perenes durante o estágio inicial de desenvolvimento ou nos primeiros cortes avaliativos pode encurtar significativamente o ciclo de melhoramento, resultando em maiores ganhos genéticos para o programa de melhoramento (Cobb *et al.*, 2019; Ferreira *et al.*, 2020). Embora acelerar os ciclos de melhoramento seja reconhecido como uma estratégia eficaz para aumentar a taxa de ganho genético, essa abordagem tem recebido menos atenção em comparação com outros três parâmetros fundamentais na equação do melhorista: herdabilidade, intensidade de seleção e variância genética aditiva (Cobb *et al.*, 2019). Todavia, todos esses parâmetros devem ser melhorados juntos, visando aumentar o ganho genético em programas de melhoramento.

Conforme o exposto, o emprego de reamostragem e obtenção de estimativas de diferentes parâmetros alinhados com a eficiência da seleção efetuada (Figuras 3, 4, 5 e 6), podem auxiliar no planejamento experimental, permitindo ao pesquisador escolher entre os diversos números de repetições e cortes, alinhando-se à característica a ser avaliada, à disponibilidade de material genético, aos recursos disponíveis e ao tempo necessário para a execução da pesquisa em campo e, com isso, contribuir para aumentar o ganho genético.

5 CONCLUSÃO

Para atingir alta confiabilidade na seleção ($\hat{r}_{\hat{g}g} \geq 0{,}80$), pelo menos cinco repetições são recomendadas para avaliação das características ALT, REB e VIG, e 10 repetições para PMV. O número mínimo necessário de cortes para alcançar alta coincidência seletiva foi de cinco para as características avaliadas. É possível determinar combinações otimizadas de repetições e cortes em ensaios de parcela de uma única planta, que conciliem alta qualidade experimental e eficiência na seleção. Vale ressaltar que a escolha por um menor número de cortes requer um incremento de repetições a fim de atingir um nível de concordância na seleção almejado.

APÊNDICE B

Tabela 1 - Estimativas da média geral, variância genética (σ_g^2), e acurácia seletiva ($\hat{r}_{\hat{g}g}$) para cada corte e características avaliadas no experimento SPP. O símbolo * indica a significância genética estimada pelo teste de razão de verossimilhança (LRT) a um nível de probabilidade de 0,05.

Característica	Harvest	σ_g^2	$\hat{r}_{\hat{g}g}$	Característica	Harvest	σ_g^2	$\hat{r}_{\hat{g}g}$
Altura (cm)	1	110,65*	0,95	Vigor (Nota 1 - 5)	1	0,17*	0,95
	2	75,96*	0,95		2	0,17*	0,95
	3	40,04*	0,96		3	0,12*	0,94
	4	26,87*	0,93		4	0,11*	0,93
	5	54,90*	0,94		5	0,10*	0,93
	6	54,98*	0,95		6	0,09*	0,92
	7	28,06*	0,91		7	0,10*	0,89
	8	42,71*	0,93		8	0,06*	0,88
Produção de Massa Verde (kg parcela^{-1})	1	0,51*	0,95	Rebrota (Nota 1 – 6)	1	0,82*	0,96
	2	0,14*	0,95		2	0,38*	0,93
	3	0,04*	0,93		3	0,52*	0,95
	4	0,05*	0,91		4	0,46*	0,94
	5	0,07*	0,85		5	0,36*	0,93
	6	0,22*	0,94		6	0,90*	0,95
	7	0,08*	0,90		7	0,26*	0,91
	8	0,08*	0,89		8	0,26*	0,91

Fonte: Almeida (2024)

REFERÊNCIAS

BASSO, K. C. et al. Avaliação de acessos de *Brachiaria brizantha* Stapf e estimativas de parâmetros genéticos para caracteres agronômicos. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 31, p. 17–22, 2009.

BUBANS, V. E. et al. Plot size and number of repetitions in forage wheat. **Revista Caatinga**, v. 36, n. 1, p. 234–242, 2023.

BUTLER, D. **asreml: Fits the Linear Mixed Model.** R package version 4.1.0.176, 2022. Disponível em: <www.vsni.co.uk>

CARGNELUTTI FILHO, A. et al. Tamanho de parcela e número de repetições em ervilha forrageira. **Ciencia Rural**, v. 45, n. 7, p. 1174–1182, 26 jun. 2015.

CASLER, M. D. Fundamentals of experimental design: Guidelines for designing successful experiments. **Agronomy Journal**, v. 107, n. 2, p. 692–705, 1 mar. 2015.

COBB, J. N. et al. **Enhancing the rate of genetic gain in public-sector plant breeding programs: lessons from the breeder's equation**. **Theoretical and Applied Genetics**Springer Verlag,, 1 mar. 2019.

DE ASSIS, G. M. L. et al. Selection of alfalfa cultivars adapted for tropical environments with repeated measures using PROC MIXED of SAS® System. **Plant Genetic Resources: Characterisation and Utilisation**, v. 8, n. 1, p. 55–62, abr. 2010.

DIAS, K. O. DAS G. **Estratégias de planejamento experimental no melhoramento de Brachiaria ruziziensis**. Dissertação (mestrado)—[s.l.] Universidade Federal de Lavras, 2013.

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, n. suppl spe, p. 151–168, 2010.

FERNANDES, F. D. et al. Repeatability, number of harvests, and phenotypic stability of dry matter yield and quality traits of Panicum maximum jacq. **Acta Scientiarum - Animal Sciences**, v. 39, n. 2, p. 149–155, 2017.

FERREIRA, F. M. et al. Estimates of repeatability coefficients and optimum number of measures for genetic selection of Cynodon spp. **Euphytica**, v. 216, n. 5, 1 maio 2020.

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

FONSECA, J. M. O. et al. Predictive approach to optimize the number of visual graders for indirect selection of high- yielding Urochloa ruziziensis genotypes. v. 20, n. 3, p. 1–7, 2020.

GEZAN, S. A. et al. Chapter 10: Analysis of Repeated Measures for the Biological and Agricultural Sciences. Em: [s.l: s.n.].

IBGE. **Censo Agropecuário 2017: Tabelas - Resultados preliminares**. Disponível em: <https://www.ibge.gov.br/estatisticas/economicas/agricultura-e-pecuaria/21814-2017-censo-agropecuario.html?edicao=21858&t=resultados>. Acesso em: 28 fev. 2024.

JANK, L. et al. The value of improved pastures to Brazilian beef production. **Crop and Pasture Science**, v. 65, n. 11, p. 1132–1137, 2014.

LÉDO, F. J. DA S. et al. ESTIMATIVAS DE REPETIBILIDADE PARA CARACTERES FORRAGEIROS EM Panicum maximum. **Ciênc. agrotec.**, v. 32, n. 4, p. 1299–1303, 2008.

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**, v. 62, n. 4, p. 883–888, 2010.

MARCELINO, L. L. et al. Nutritive value of improved populations Brachiaria ruziziensis. **Semina:Ciencias Agrarias**, v. 41, n. 1, p. 323–333, 2020.

MARCOS DEON VILELA DE RESENDE. Delineamento de experimentos de seleção para maximização da acurácia seletiva e d progresso genético. **Revista Árvore**, v. 19, n. 4, p. 479–500, 1995.

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

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

PAGLIARINI, M. S. et al. Analysis of meiotic behavior in selecting potential genitors among diploid and artificially induced tetraploid accessions of Brachiaria ruziziensis (Poaceae). **Euphytica**, v. 164, n. 1, p. 181–187, 2008.

R CORE TEAM. **R: A Language and Environment for Statistical Computing**. Vienna, Austria R Foundation for Statistical Computing, 31 out. 2022. Disponível em: <https://www.R-project.org/>

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

RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. DE. **Experimentação em Genética e Melhoramento de Plantas**. Lavras: UFLA, 2012.

RESENDE, M. D. V. DE; ALVES, R. S. LINEAR, GENERALIZED, HIERARCHICAL, BAYESIAN AND RANDOM REGRESSION MIXED MODELS IN GENETICS/GENOMICS IN PLANT BREEDING. **Functional Plant Breeding Journal**, v. 2, n. 2, p. 1–31, 16 out. 2020.

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

RESENDE, M. D. V. et al. Experimentação e análise estatística no melhoramento de forrageiras. Em: RESENDE, R. M. S.; VALLE, C. B.; JANK, L. (Eds.). **Melhoramento de Forrageiras Tropicais**. 21. ed. Campo Grande: Embrapa Gado de Corte, 2008. p. 195–293.

SANTOS, H. G. DOS et al. **Sistema Brasileiro de Classificação de Solos**. 5. ed. Brasília, DF: Embrapa, 2018.

SIMEÃO, R. M. et al. Melhoramento de Brachiaria ruziziensis Germain & Evrard (sin. Urochloa ruziziensis) autotetraploide: resultados da avaliação genética de subpopulações, progênies e indivíduos. n. December, 2016.

SIMEÃO, R. M.; SILVA, A. S.; VALLE, C. B. Flowering traits in tetraploid Brachiaria ruziziensis breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 16, n. 2, p. 95–101, 2016.

SOUSA SOBRINHO, F. S. et al. Capítulo 21- Melhoramento genético de Brachiaria ruziziensis: histórico e estratégias. Em: MARTINS, C. B. et al. (Eds.). **Tópicos especiais em Ciência Animal IV**. Alegre, ES: CAUFES, 2016. p. 309–327.

SOUZA SOBRINHO, F. DE; CARNEIRO, H. Produtividade e qualidade da forragem de Brachiaria na Região Norte Fluminense. **Pesquisa Aplicada & Agrotecnologia**, v. 2, n. 3, p. 7–12, 2009.

SOUZA SOBRINHO, F. et al. Repetibilidade de características agronômicas e número de cortes necessários para seleção de Urochloa ruziziensis. **Pesquisa Agropecuaria Brasileira**, v. 45, n. 6, p. 579–584, 2010.

SOUZA-SOBRINHO, F. DE et al. Estimativas de repetibilidade para produção de matéria seca em alfafa. **Ciência Rural**, v. 34, n. 2, p. 531–537, 2004.

TEIXEIRA, D. H. L. et al. Visual selection of Urochloa ruziziensis genotypes for green biomass yield. **Acta Scientiarum - Agronomy**, v. 42, p. 1–8, 2020.

TIMBÓ, A. L. DE O. et al. Obtaining tetraploid plants of ruzigrass (Brachiaria ruziziensis). **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 43, n. 3, p. 127–131, 2014.

TOEBE, M. et al. Plot size and number of replications for ryegrass experiments. **Ciencia Rural**, v. 50, n. 1, 2020.

TOEBE, M. et al. Plot size and number of replicates for experiments with forage sorghum. **Pesquisa Agropecuaria Brasileira**, v. 57, 2022.

TORRES, F. E. et al. NUMBER OF CUTS FOR ESTIMATING FORAGE PRODUCTIVITY IN Panicum maximum. **Original Article Biosci. J**, v. 32, n. 1, p. 172–178, 2016.

VALLE, C. B. et al. Melhoramento genético de Brachiaria. Em: RESENDE, R. M. S.; VALLE, C. B.; JANK, L. (Eds.). **Melhoramento de Forrageiras Tropicais**. 21. ed. Campo Grande: Embrapa Gado de Corte, 2008. p. 13–53.

VALLE, C. B. et al. CAPÍTULO 2 Gênero Brachiaria. Em: **Plantas Forrageiras**. 2 ed. rev. e ampl ed. Viçosa: Editora UFV, 2022. v. 2p. 23–76.

WICKHAM, H. **ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis**. Springer-Verlag New York, 2016. Disponível em: <https://ggplot2.tidyverse.org>

ARTIGO 3 - DESEMPENHO DE CLONES DE *Urochloa ruziziensis* SOB TIPOS DE PARCELA

Artigo redigido conforme a NBR 6022 (ABNT, 2018) e formatado de acordo com o Manual da UFLA de apresentação de teses e dissertações.

RESUMO

Avaliação de forrageiras, como *Urochloa ruziziensis*, nas fases iniciais de melhoramento genético é comum em parcelas menores, muitas vezes com apenas uma planta, para avaliação da performance agronômica. Contudo, essas avaliações podem apresentar limitações na concordância classificatória com parcelas maiores e competitivas. Este estudo teve como objetivo avaliar a confiabilidade da seleção e o desempenho de clones de *U. ruziziensis* em parcelas de uma única planta (SPP) e em parcelas de várias plantas formando uma cobertura vegetal (SWARD), além de avaliar a eficiência da seleção indireta baseada em SPP. Foram avaliados 16 clones e duas cultivares, em dois experimentos conduzidos simultaneamente. O primeiro experimento utilizou delineamento alfa-látice 6 x 3 com 3 repetições, com parcelas compostas por duas linhas contendo oito plantas (SWARD), formando uma cobertura vegetal de 3,92 m². O segundo foi em delineamento de blocos completos casualizados (DBC) com 24 repetições, utilizando SPP com 0,49 m². Observou-se variância genética significativa e altas estimativas de acurácia para quase todos os caracteres, exceto para produção de massa verde (PMV) no experimento SWARD. As correlações de Spearman foram altas para vigor (VIG) e rebrota (REB) e médias para PMV e altura (ALT). Conclui-se que a confiabilidade da seleção em SPP foi superior à observada em SWARD para ALT, PMV e VIG. Em geral, a resposta dos clones não foi coincidente sob os dois tipos de parcelas. A eficiência da seleção indireta em SWARD baseada em SPP foi mais acentuada para VIG e REB.

Palavras-chave: *Brachiaria ruziziensis*; acurácia; seleção indireta; melhoramento de forrageiras.

1 INTRODUÇÃO

A avaliação de forrageiras perenes, como *Urochloa ruziziensis*, nas fases iniciais de programas de melhoramento genético, quando há muitos genótipos em estudo, geralmente ocorre em parcelas menores, muitas vezes contendo apenas uma planta, submetidas a cortes para avaliação da performance agronômica (Euclides *et al.*, 2010; Fonseca *et al.*, 2020; Simeão *et al.*, 2016; Simeão, Silva e Valle, 2016; Teixeira *et al.*, 2020). Em fases mais avançadas, os genótipos selecionados passam por avaliações em parcelas maiores e ensaios direcionados para o desempenho animal (Jank *et al.*, 2014; Valle *et al.*, 2022).

Informações experimentais, como o tamanho, tipo e espaçamento entre plantas das unidades experimentais, variam amplamente dentro e entre os programas de melhoramento (Casler, 2015). Esses detalhes experimentais auxiliam sobremaneira os melhoristas na tomada de decisão quanto ao número de genótipos e/ou de repetições nos ensaios, otimizando o uso dos recursos disponíveis (Silva Filho, 2013). Dessa forma, o uso de parcelas menores pode ser uma alternativa para otimizar o uso de recursos.

Segundo Resende et al. (2008), experimentos com uma planta por parcela podem proporcionar maiores estimativas de acurácia seletiva e herdabilidade devido ao aumento no número de repetições, além de melhor controle local e atenuação dos efeitos de competição entre as plantas. No entanto, mensurar a biomassa forrageira em condições sem competição pode não refletir a produção real de forragem em parcelas de cobertura (SWARD) e em pastagens, o que pode limitar o progresso no aumento do rendimento de forragem (Casler *et al.*, 2020).

Segundo Casler e Rema (2017), plantios em parcelas espaçadas podem resultar em um ambiente não natural, em que os genótipos individuais não competem entre si, comprometendo a representatividade das avaliações para o melhoramento de forrageiras. Além disso, Robins e Jensen (2019) relatam sobre a importância de medir os caracteres desejados sob condições que simulem mais adequadamente o ambiente de pastejo (i.e., SWARD), uma vez que avaliações em tipos de parcelas mais espaçadas podem ter limitações na concordância de classificação e correlação genética, questionando, portanto, sua validade para o melhoramento de forrageiras.

Este estudo teve como objetivo avaliar a confiabilidade da seleção e o desempenho de clones de *U. ruziziensis* em parcelas de uma única planta (SPP) e parcelas de várias plantas, formando uma cobertura vegetal (SWARD), bem como avaliar a eficiência da seleção indireta baseada em parcelas de uma única planta.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Local

Os experimentos para comparação dos dois tipos de parcelas foram conduzidos no campo experimental da Universidade Federal de Lavras (UFLA), localizado na cidade de Lavras, na mesorregião do Campo das Vertentes do estado de Minas Gerais. O município está situado a uma altitude média de 918 metros, nas coordenadas geográficas 21º14'06" de latitude Sul e 44º58'06" de longitude Oeste. A região apresenta um clima Cwa mesotérmico, segundo a classificação de Köppen. Esse clima é caracterizado por invernos secos e frios, bem como verões chuvosos com temperaturas moderadamente altas. A temperatura média anual é de 19,9ºC, com uma precipitação anual acumulada média de 1.435 mm. O tipo de solo na área experimental é o Latossolo Vermelho-Amarelo (Santos, Humberto Gonçalves dos et al., 2018).

2.2 Genótipos avaliados e delineamento experimental

Foram avaliados 18 genótipos, sendo 16 clones de *Urochloa ruziziensis* provenientes do quarto ciclo de seleção recorrente intrapopulacional conduzido pelo programa de melhoramento genético da Embrapa Gado de Leite, e duas testemunhas, as cultivares Marandu (*Urochloa brizantha*) e Basilisk (*Urochloa decumbens*).

Os genótipos foram obtidos por meio de propagação vegetativa, utilizando colmos que apresentavam raízes. Esses colmos foram subdivididos em segmentos menores e plantados em tubetes, sendo o processo realizado na Embrapa Gado de Leite, em Juiz de Fora, Minas Gerais em janeiro de 2020. Posteriormente, as mudas enraizadas foram transplantadas para o campo experimental da UFLA em 20/03/2020, onde o experimento foi conduzido. Após o transplante e a estabilização das mudas, um corte de uniformização foi realizado em 26/11/2020, com o objetivo de garantir a uniformidade antes do início da fase de avaliação experimental.

Foram conduzidos simultaneamente dois experimentos, um para cada tipo de parcela, na mesma área experimental, submetidos aos mesmos manejos. O primeiro foi conduzido no delineamento alfa-látice 6 x 3 com 3 repetições, e layout com seis linhas e nove colunas. As parcelas foram compostas por duas linhas contendo oito plantas, com dimensões de 2,8 m de comprimento por 1,4 m de largura, e espaçamento entre parcelas de 1,0 m, resultando em uma área de cobertura vegetal de 3,92 m² por parcela (Sward Plot – SWARD). O experimento totalizou 54 parcelas, englobando 432 plantas.

O segundo experimento foi conduzido no delineamento experimental de blocos completos casualizados (DBC) com 24 repetições, o layout da área consistiu em nove linhas por 48 colunas, utilizando parcelas de uma única planta (Single Plant Plot - SPP). As parcelas

do SPP possuíam dimensões de 0,7 m x 0,7 m (0,49 m²) espaçadas de 1,0 m. A escolha de 24 repetições visou assegurar uma equivalência no número de plantas avaliadas em relação ao primeiro experimento (SWARD), totalizando 432 parcelas. A partir deste ponto, os dois experimentos serão referidos como SWARD e SPP.

2.3 Condução dos experimentos

A adubação de plantio foi realizada com uma dose de 350 kg ha^{-1} do formulado comercial 8(N): 28(P_2O_5): 16(K_2O). A quantidade de adubo por cova foi calculada com base na área da parcela e na dosagem de adubo por hectare. As adubações de cobertura consistiram em 1,0 ton ha^{-1} do formulado 20(N): 05(P_2O_5): 20(K_2O), dividida em quatro aplicações ao longo dos cortes durante o período chuvoso. Outros tratos culturais, como controle mecânico e químico de plantas daninhas, manutenção do tamanho da parcela, e monitoramento de pragas e doenças, foram realizados durante a condução dos experimentos.

Após o corte de uniformização em novembro de 2020, foram realizados oito cortes de avaliação no experimento SPP nos dias 15/01/21, 25/02/21, 14/04/21, 24/11/21, 20/01/22, 21/04/22, 16/12/22 e 28/03/23. No SWARD, os cortes foram efetuados nos dias 14/01/21, 02/03/21, 14/04/21, 25/11/21, 21/01/22, 21/04/22, 15/12/22 e 27/03/23. Todos os cortes foram efetuados com o auxílio de roçadora motorizada, a uma altura aproximada de 10 cm em relação ao nível do solo, esses foram realizados quando o dossel de metade das parcelas atingia, em média, 40 cm de altura.

2.4 Caracteres avaliados

Foram avaliados quatro caracteres ao longo dos oito cortes. A altura de planta (ALT - cm) foi mensurada com auxílio de régua graduada. O vigor da planta (VIG - nota) foi avaliado visualmente por três avaliadores utilizando uma escala de notas de 1 a 5 (1 – muito ruim, 2 – ruim, 3 – regular, 4 – bom e 5 – muito bom) (Teixeira *et al.*, 2020). A produção de massa verde (PMV - kg $parcela^{-1}$) foi mensurada a partir do corte das parcelas usando roçadora motorizada e posterior pesagem da biomassa verde com auxílio de balança portátil. A capacidade de rebrota (REB - nota) foi avaliada sete dias após o corte, utilizando uma escala de notas de 1 a 6, que combina notas de densidade de rebrota em porcentagem de perfilhos rebrotados (1- menos de 20%, 2- 20%-40%, 3- 40%-60%, 4- 60%-80%, 5- mais de 80%) e velocidade de rebrota, com base no crescimento dos perfilhos rebrotadas (pouco, médio e grande), conforme apresentado na Tabela 1 (BASSO et al., 2009; FIGUEIREDO; NUNES; VALLE, 2012).

Tabela 1 - Notas da capacidade de rebrota em função da densidade, em porcentagem de perfilhos (1- menos de 20%, 2- 20%-40%, 3- 40%-60%, 4- 60%-80%, 5- mais de 80%), e velocidade de rebrota, em termos do crescimento dos perfilhos (pouco, médio e alta).

Densidade	**Velocidade**		
	Pouco	**Média**	**Alta**
1	0	1	2
2	1	2	3
3	2	3	4
4	3	4	5
5	4	5	6

Fonte: Figueiredo, Nunes e Valle (2012).

2.5 Análise estatística

No experimento SWARD, não foi constatada eficiência da sub-blocagem do alfa-látice. Dessa forma, o experimento foi analisado como delineamento de blocos completos casualizados (DBC). Inicialmente, foram realizadas as análises dos dados de cada característica por corte e para cada tipo de parcela, de acordo com o seguinte modelo linear misto na forma matricial:

$$y = \mathbf{1}\mu + \boldsymbol{X}_r\boldsymbol{\beta}_r + \boldsymbol{Z}_g\boldsymbol{u}_g + \boldsymbol{e} \qquad (1)$$

em que: $\boldsymbol{y}$ é o vetor de dados fenotípicos; μ é uma constante associada aos dados; $\boldsymbol{\beta}_r$ é o vetor de efeitos fixos dos blocos; $\boldsymbol{u}_g$ vetor de efeitos aleatórios dos genótipos, $\boldsymbol{u}_g \sim N(0, I_g\sigma_g^2)$; e é o vetor dos erros, $e \sim N(0, \boldsymbol{I}_e\sigma_e^2)$. σ_g^2 e σ_e^2 são os componentes de variância associados aos efeitos aleatórios de genótipos e erros. $\boldsymbol{I}_g$ e $\boldsymbol{I}_e$ são as matrizes identidade na dimensão dos efeitos aleatórios. **1** é um vetor de uns da dimensão dos dados e $\boldsymbol{X}_r$ e $\boldsymbol{Z}_g$ são as matrizes de delineamento dos efeitos de repetições e genótipos, respectivamente.

Posteriormente, foram realizadas as análises dos múltiplos cortes, de acordo com o modelo a seguir:

$$\boldsymbol{y} = \mathbf{1}\mu + \boldsymbol{X}_c\boldsymbol{\beta}_c + \boldsymbol{X}_r\boldsymbol{\beta}_r + \boldsymbol{X}_{cr}\boldsymbol{\beta}_{cr} + \boldsymbol{Z}_g\boldsymbol{u}_g + \boldsymbol{e} \qquad (2)$$

em que: $\boldsymbol{y}$ é o vetor de dados fenotípicos de todos os cortes; $\boldsymbol{\mu}$ é uma constante associada aos dados; $\boldsymbol{\beta}_c$ é o vetor de efeitos fixos dos cortes; $\boldsymbol{\beta}_r$ é o vetor de efeitos fixos dos blocos; $\boldsymbol{\beta}_{cr}$ é o vetor de efeitos fixos da interação cortes x repetições; $\boldsymbol{u}_g$ é o vetor dos efeitos aleatórios dos genótipos ao longo dos cortes, $\boldsymbol{u}_g \sim N(0, \boldsymbol{G})$; A matriz de covariâncias genéticas $\boldsymbol{G}$ é dada por: $\boldsymbol{G} = \boldsymbol{G}_c \otimes \boldsymbol{I}_g$, em que $\boldsymbol{G}_c$ é a matriz de covariâncias entre cortes e $\boldsymbol{I}_g$ é matriz identidade da ordem do número de genótipos; $\boldsymbol{e}$: é o vetor dos erros, sendo $\boldsymbol{e} \sim N(0, \boldsymbol{R})$, sendo a matriz de covariâncias residuais $\boldsymbol{R}$ é dada por: $\boldsymbol{R} = diag(\boldsymbol{R}_c \otimes \boldsymbol{AR}_{1L} \otimes \boldsymbol{AR}_{1C})$, em que: $\boldsymbol{R}_c$ é a matriz de covariâncias residuais entre cortes, $\boldsymbol{AR}_1$ são matrizes autorregressivas de primeira ordem

nas linhas e colunas. **1** é um vetor de uns da dimensão dos dados, X_c, X_r, X_{cr}, e Z_g são as matrizes de incidência dos efeitos do modelo. O símbolo $\otimes$ representa o produto de Kronecker.

A seleção das estruturas de covariância ($\boldsymbol{G}$ e $\boldsymbol{R}$) foi realizada hierarquicamente, utilizando o Critério de Informação Bayesiana (BIC) (SCHWARZ, 1978). Inicialmente, o modelo foi ajustado para a estrutura de covariância residual $\boldsymbol{R}$, assumindo uma matriz de covariância do tipo simetria composta para os efeitos genéticos. Nesse contexto, selecionamos o modelo que apresentou o melhor ajuste entre oito estruturas de $\boldsymbol{R}_c$ (Tabela 2). Depois, o modelo escolhido foi ajustado para a modelagem espacial, considerando as matrizes AR_{1L} nas linhas, AR_{1C} nas colunas, e ambas simultaneamente $AR_{1L} \otimes AR_{1C}$. Posteriormente, o modelo selecionado para $\boldsymbol{R}$ foi analisado, assumindo as oito estruturas de covariância genética (G_c) apresentadas na Tabela 2, mais um modelo de simetria composta na forma explicita.

Tabela 2 - Estruturas de variância e covariância ajustadas para efeitos genéticos (G_c) e residuais (R_c).

Modelo	**Descrição**
CS	Simetria composta
CSH	Simetria composta com variâncias heterogêneas
AR1	Autorregressivas de primeira ordem
AR1H	Autorregressivas de primeira ordem com variâncias heterogêneas
EXP	Exponencial
EXPH	Exponencial com variâncias heterogêneas

Fonte: Almeida (2024)

Após a seleção do modelo com melhor ajuste para a estrutura de covariâncias residuais e genéticas foi feito uma análise conjunta dos dois tipos de parcelas de acordo com o modelo a seguir:

$$\boldsymbol{y} = \mathbf{1}\mu + \boldsymbol{X}_t\boldsymbol{\beta}_t + \boldsymbol{X}_{r_t}\boldsymbol{\beta}_{r_t} + \boldsymbol{X}_c\boldsymbol{\beta}_c + \boldsymbol{X}_{ct}\boldsymbol{\beta}_{ct} + \boldsymbol{X}_{ctr}\boldsymbol{\beta}_{ctr} + \boldsymbol{Z}_g\boldsymbol{u}_g + \boldsymbol{Z}_{gc}\boldsymbol{u}_{gc} + \boldsymbol{Z}_{gct}\boldsymbol{u}_{gct} + \boldsymbol{e} \quad (3)$$

em que: $\boldsymbol{y}$ é o vetor de dados fenotípicos de todos os cortes; $\boldsymbol{\mu}$ é uma constante associada aos dados; $\boldsymbol{\beta}_t$ é o vetor de efeitos fixos dos tipos de parcela; $\boldsymbol{\beta}_{r_t}$ é o vetor de efeitos fixos dos blocos dentro de cada tipo de parcela; $\boldsymbol{\beta}_c$ é o vetor de efeitos fixos dos cortes; $\boldsymbol{\beta}_{ct}$ é o vetor de efeitos fixos da interação cortes × tipos de parcela; $\boldsymbol{\beta}_{ctr}$ é o vetor de efeitos fixos da interação tripla cortes × tipos de parcelas × repetições; $\boldsymbol{u}_g$ é o vetor dos efeitos aleatórios dos genótipos ao longo dos cortes e tipos de parcela, $\boldsymbol{u}_g \sim N(0, \boldsymbol{G})$; $\boldsymbol{G}$ é a matriz de covariâncias genéticas selecionadas no modelo 2 o; $\boldsymbol{u}_{gc}$ é o vetor de efeitos aleatórios da interação genótipos × cortes, $\boldsymbol{u}_{gc} \sim N\left(0,\ \boldsymbol{I}_{gc}\sigma^2_{gc}\right)$; $\boldsymbol{u}_{gct}$ é o vetor de efeitos aleatórios da interação genótipos × cortes × tipos

de parcela, $\boldsymbol{u}_{gct} \sim N\left(0,\ \boldsymbol{I}_{gct}\sigma^2_{gct}\right)$; $\boldsymbol{e}$: é o vetor dos erros, sendo $\boldsymbol{e} \sim N(0, \boldsymbol{R})$. $\boldsymbol{R}$ são as matrizes de covariâncias residuais selecionadas no modelo 2. σ^2_{gc}, e σ^2_{gct} são os componentes de variância associados aos efeitos aleatórios do modelo. $\boldsymbol{I}_{gc}$ e $\boldsymbol{I}_{gct}$ são as matrizes identidade na dimensão dos efeitos aleatórios. **1** é um vetor de uns da dimensão dos dados, $\boldsymbol{X}_t$, $\boldsymbol{X}_{r_t}$, $\boldsymbol{X}_c$, $\boldsymbol{X}_{ct}$, $\boldsymbol{X}_{ctr}$, $\boldsymbol{Z}_g$, $\boldsymbol{Z}_{gc}$ e $\boldsymbol{Z}_{gct}$ são as matrizes de incidência dos efeitos do modelo.

Os dados foram analisados utilizando a abordagem de modelos mistos no software R usando o pacote ASReml-R 4.0 (BUTLER, 2022; R CORE TEAM, 2022b). A partir dos modelos definidos, as estimativas dos componentes de variância foram obtidas por meio do método da máxima verossimilhança residual (REML) e foram preditos os E-BLUP (*empirical best linear unbiased predictor*) dos valores genotípicos e respectivos erros de predição para cada tipo de parcela, bem como para análise conjunta dos dois tipos de parcela. Adicionalmente, a significância dos componentes de variância foi verificada por meio do teste da razão de verossimilhança (LRT) ao nível de 5% de significância.

Para analisar a precisão experimental e a confiabilidade na seleção, para todos os caracteres em cada tipo de parcela e na análise conjunta, foram estimadas a acurácia seletiva ($\hat{r}_{\hat{g}g}$) e a herdabilidade generalizada no sentido amplo (H^2) proposta por Cullis, Smith e Coombes (2006), utilizando os seguintes estimadores:

$$\hat{r}_{\hat{g}g} = \sqrt{1 - \frac{\overline{PEV}}{\sigma^2_g}}$$

$$H^2 = 1 - \frac{\bar{v}_{BLUP}}{2\sigma^2_g}$$

em que: $\overline{PEV}$ é a média da variância do erro de predição associada aos E-BLUPs dos genótipos; σ^2_g é a variância de genótipos e $\bar{v}_{BLUP}$ é a variância média de uma diferença de dois E-BLUPs.

A comparação para fins seletivos entre os tipos de parcela (SWARD e SPP) foi verificada para cada característica, por meio das estimativas da correlação de Spearman (ρ_s) dos genótipos. Além disso, foram estimados o índice de coincidência (IC) e o ganho genético relativo (GR), considerando os cinco melhores genótipos selecionados (proporção de seleção de 25%) com base nos E-BLUPs do experimento em parcela SWARD e em SPP. Esses parâmetros também foram estimados considerando apenas os clones de *U. ruzizensis*, excluindo-se as testemunhas.

O IC foi calculado usando a expressão $IC = \frac{A}{B}$, em que A é o número de genótipos coincidentes entre os cinco melhores selecionados no experimento SWARD e em SPP, e B é o total de genótipos selecionados (cinco). O GR foi determinado pelo seguinte estimador:

$$GR = \frac{GS_{g/g'}}{GS_g}$$

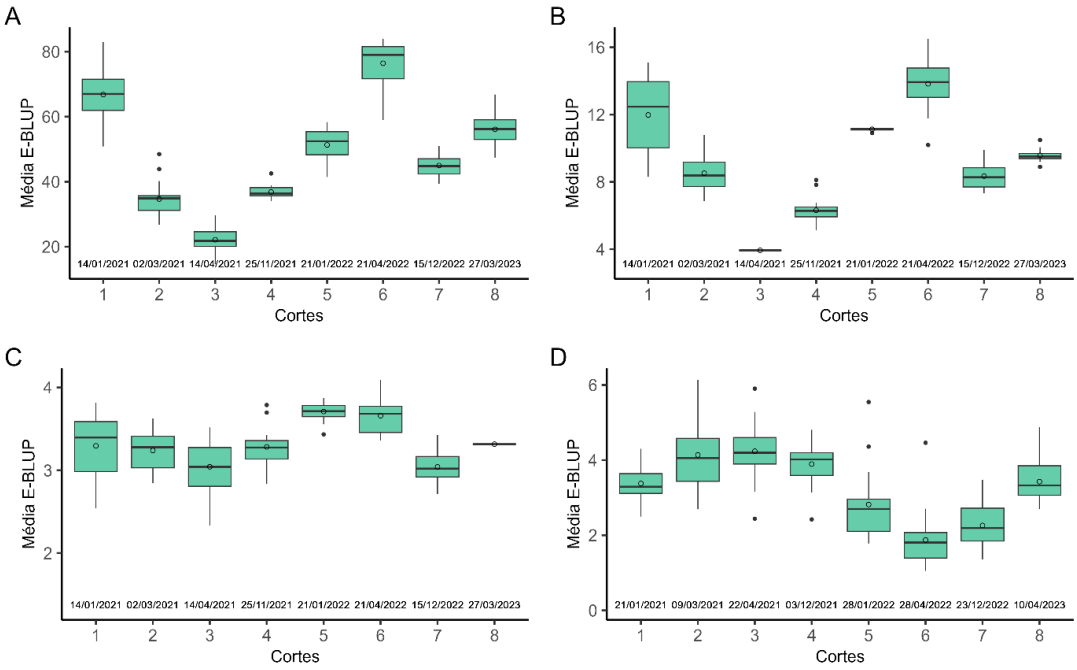
em que: GS_g é o ganho genético com a seleção dos cinco melhores genótipos no experimento com parcela SWARD (g), calculado pela média dos respectivos E-BLUPs; $GS_{g/g'}$ é o ganho genético com a seleção dos cinco melhores genótipos no experimento SPP (g'), calculado pela média dos E-BLUPs dos respectivos genótipos no experimento SWARD. Para obter as correlações genéticas (ρ_g) entre os dois tipos de parcelas, o Modelo 3 foi executado assumindo uma matriz de variâncias heterogêneas e correlações genéticas entre os tipos de parcelas (CORGH).

Para realizar uma comparação entre os experimentos considerando um número de repetições menor que 24 para o experimento SPP, conduzimos um estudo de reamostragem, considerando número de repetições variando de 3 a 24, como oito cortes. Foram estimados a $\hat{r}_{\hat{g}g}$, ρ_g, IC e GR para analisar o desempenho seletivo entre os E-BLUPs dos tipos de parcelas SWARD e SPP. A visualização das estimativas dos parâmetros e das predições foi realizada por meio de tabelas e de forma gráfica, utilizando o pacote ggplot2 (WICKHAM, 2016).

3 RESULTADOS E DISCUSSÕES

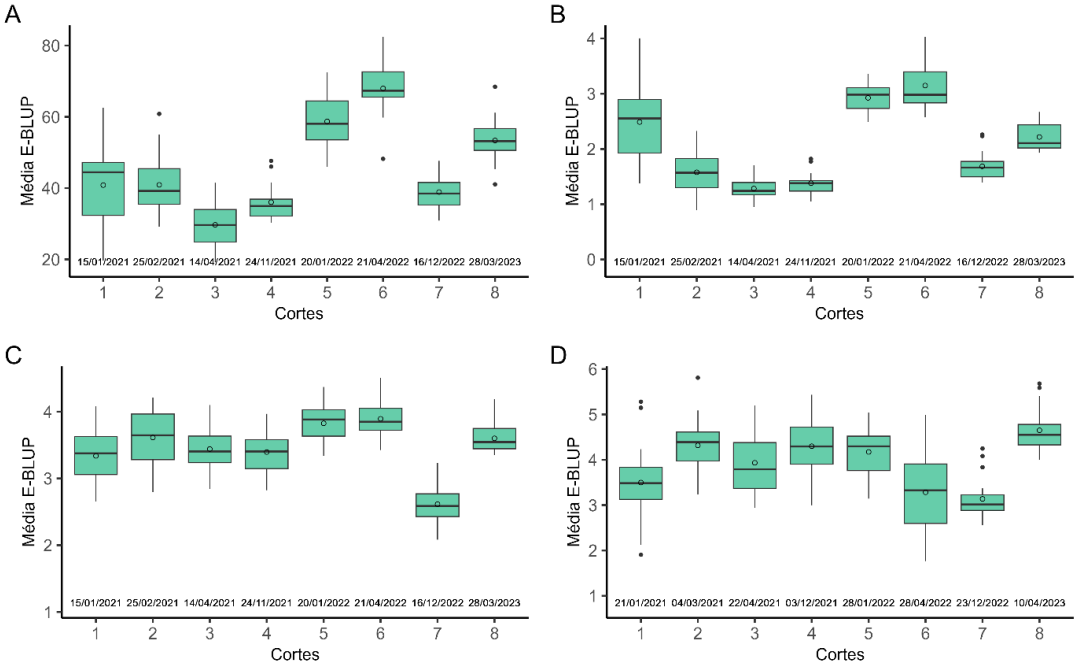
Em todos os cortes e para todas as características avaliadas no ensaio SPP, observou-se variância genética significativa entre os genótipos, indicada pelo teste LRT ($p < 0,05$). No ensaio SWARD, não foram identificadas diferenças significativas ($P > 0,05$) entre os genótipos para os caracteres altura (ALT), produção de massa verde (PMV) e vigor (VIG) em alguns cortes (Tabela 3, Apêndice C). A acurácia seletiva ($\hat{r}_{\hat{g}g}$) na média dos genótipos variou de 0,85 a 0,96 no experimento em SPP e de 0 a 0,93 no experimento SWARD (Tabela 1, Apêndice C), indicando uma melhor qualidade experimental no SPP. As figuras 1 e 2 mostram a existência de efeito de corte, bem como dispersões variáveis ao longo dos cortes de avaliação e baixa ou nula amplitude de variação para os cortes cuja variância genética foi não significativa.

Figura 1 - Boxplot das médias E-BLUPs dos genótipos para as características A (altura - cm), B (produção de massa verde - kg parcela^{-1}), C (vigor - nota) e D (capacidade de rebrota - nota) ao longo dos oito cortes no experimento SWARD. O símbolo “o” indica a média geral.



Fonte: Almeida (2024)

Figura 2 - Boxplot das médias E-BLUPs dos genótipos para as características A (altura - cm), B (produção de massa verde - kg parcela^{-1}), C (vigor - nota) e D (capacidade de rebrota - nota) ao longo dos oito cortes no experimento SPP. O símbolo “o” indica a média geral.



Fonte: Almeida (2024)

Além da análise por corte, realizamos uma análise de medidas repetidas em cada tipo de parcela, escolhendo o modelo com base no critério de BIC (Tabela 1 e 2, Apêndice C). Os

modelos com estruturas autorregressivas de primeira ordem com variâncias heterogêneas (AR1H) demonstraram melhor ajuste (menor estimativa de BIC) para a matriz de covariância residual na maioria dos caracteres. A única exceção foi observada na rebrota do ensaio com a parcela SWARD, onde o modelo autorregressivo de primeira ordem com variâncias homogêneas (AR1) se mostrou mais adequado (Tabela 1, Apêndice C) para modelar a variação temporal dos cortes. Além disso, notou-se que a incorporação de modelagem espacial foi eficiente em ambos os experimentos (Tabela 1, Apêndice C). Além disso, observou-se que a incorporação de modelagem espacial foi eficiente em ambos os experimentos (Tabela 1, Apêndice C).

Quanto à modelagem das matrizes de covariâncias genéticas (G), as menores estimativas de BIC foram observadas para a matriz de simetria composta (CS) (Tabela 2, Apêndice C). Dessa forma, optamos por utilizar a estrutura CS de forma explícita para obter diretamente estimativas das componentes de variância genética e da interação genótipos × cortes. Essa abordagem analítica é mais eficiente para analisar dados correlacionados em pesquisas científicas, permitindo a obtenção de estimativas de componentes de variância, parâmetros genéticos e predições de médias BLUP, com menores erros padrão das médias e aumento do poder estatístico (Gezan e Carvalho, 2018).

A variância da interação genótipo x corte σ^2_{gc} foi significativa para todos os caracteres, em ambos os tipos de parcela, indicando que o desempenho dos genótipos não foi coincidente ao longo dos cortes (Tabela 3). Enquanto a variância genética (σ^2_g) foi significativa para todos os caracteres, exceto para PMV no experimento SWARD, o que pode afetar negativamente a interpretação de parâmetros como acurácia, herdabilidade, correlação e ganho genético com a seleção, para esse caráter, uma vez que dependem da variabilidade genética existente na população avaliada (Ramalho *et al.*, 2012).

O ensaio em SWARD foi realizado com parcelas de 3,92 m² e três repetições, tamanho próximo ao sugerido por Dias et al. (2013) para uma precisão experimental adequada, sem prejudicar o desempenho e a classificação de progênies de meio-irmãos de *U. ruziziensis* avaliadas em quatro repetições para produção de matéria seca. Isso sugere que o uso de apenas três repetições pode não ser suficiente para detectar diferenças genéticas estatisticamente significativas entre os genótipos avaliados no experimento SWARD.

As estimativas de $\hat{r}_{\hat{g}g}$ e herdabilidade em sentido amplo (H^2) foram superiores no experimento SPP em relação ao ensaio SWARD para todos os caracteres (Tabela 3). Essa diferença não apenas reflete a influência do tipo de parcela, mas também pode ser atribuída ao

maior número de repetições utilizado no SPP. aumento no número de repetições tem um impacto direto na redução do erro experimental e no aumento da exploração da variabilidade genética, resultando em melhorias nas estimativas de $\hat{r}_{\hat{g}g}$ e H^2 (Ramalho, Ferreira e Oliveira, 2012; Resende e Duarte, 2007). Considerando isso, inferir sobre a confiabilidade da seleção com diferentes números de repetições é uma estratégia interessante para comparar os tipos de parcelas (Figuras 3 a 4).

Tabela 3 - Estimativas da variância genética (σ_g^2), variância da interação genótipos x cortes (σ_{gc}^2), acurácia seletiva ($\hat{r}_{\hat{g}g}$) e herdabilidade em sentido amplo (H^2) para ALT (altura - cm), PMV (produção de massa verde - kg parcela^{-1}), VIG (vigor - nota) e REB (capacidade de rebrota - nota) nos experimentos SWARD e SPP.

	ALT		**PMV**		**VIG**		**REB**	
	SWARD	**SPP**	**SWARD**	**SPP**	**SWARD**	**SPP**	**SWARD**	**SPP**
σ_g^2	15.389***	30.351***	0.075^{ns}	0.061***	0.056***	0.076***	0.426***	0.3111***
σ_{gc}^2	16.881***	22.779***	0.909***	0.071***	0.049***	0.041***	0.274***	0.196***
$\hat{r}_{\hat{g}g}$	0.810	0.917	0.295	0.877	0.729	0.915	0.906	0.927
H^2	0.694	0.890	0.092	0.814	0.563	0.884	0.868	0.911

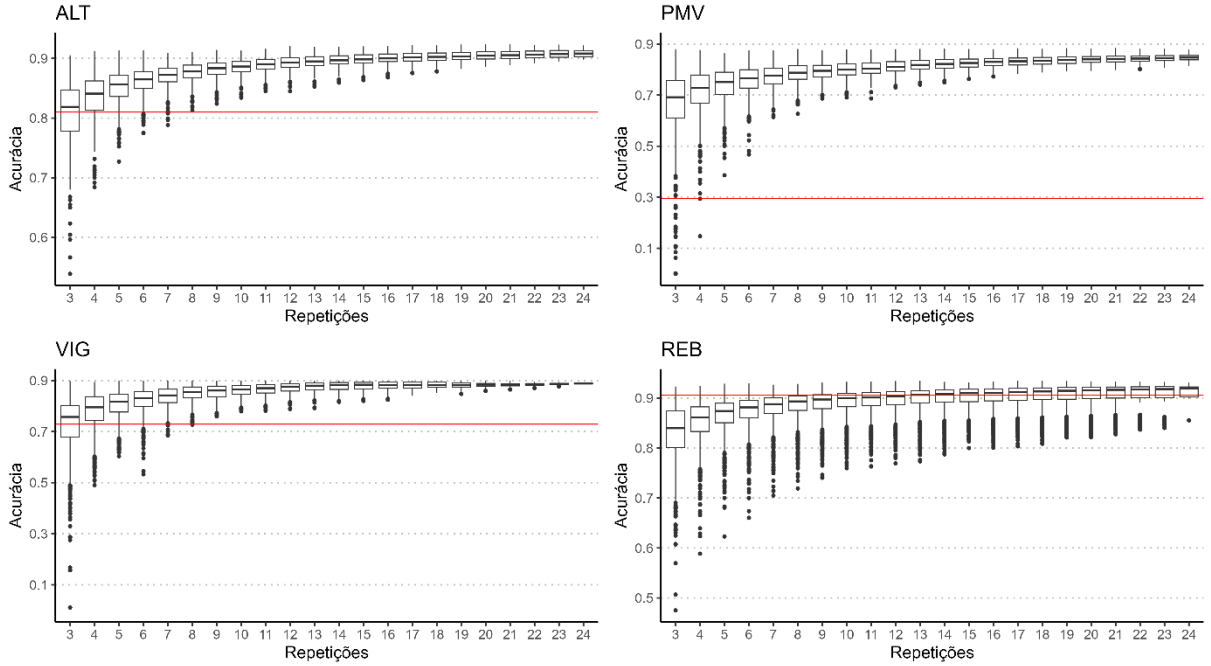
^{ns}não significativo e ***significativo a 1% de probabilidade pelo teste de razão de verossimilhança (LRT). SWARD: experimento com parcela de oito plantas, formando uma cobertura vegetal. SPP: experimento parcela de uma planta.

Fonte: Almeida (2024)

Nas Figuras 3 e 4, são apresentadas as estimativas de $\hat{r}_{\hat{g}g}$ e H^2obtidas por meio de 100 reamostragens, considerando um número variável de repetições de 3 a 24, ao longo dos oito cortes de avaliação. Com menos repetições, as estimativas dos parâmetros $\hat{r}_{\hat{g}g}$ e H^2 são compatíveis nos dois tipos de parcelas, porém, o aumento no número de repetições no ensaio SPP resulta em um incremento dessas estimativas. Para os caracteres ALT, PMV e VIG, a partir de quatro repetições, pelo menos 75% das reamostragens superam as estimativas de $\hat{r}_{\hat{g}g}$ e H^2 observadas no experimento SWARD, indicando alta confiabilidade da seleção mesmo considerando diferentes números de repetições no experimento SPP. No caso da capacidade de rebrota, esse caráter apresentou altas estimativas de $\hat{r}_{\hat{g}g}$ e H^2 em ambos os experimentos, e durante o estudo de reamostragem, houve uma maior flutuação das estimativas. Assim, só foi possível alcançar pelo menos 50% (mediana) das reamostragens acima dos valores observados no experimento SWARD com 12 repetições, enquanto para atingir 75% (terceiro quartil), um maior número de repetições foi necessário (Figuras 3 e 4).

As magnitudes de $\hat{r}_{\hat{g}g}$ e H^2 foram predominantemente altas a muito altas para todos os caracteres no ensaio SPP, independentemente do número de repetições considerado. No ensaio SWARD, as magnitudes foram similares as SPP para os caracteres ALT, VIG e REB, enquanto para PMV foram de baixa magnitude (Resende e Alves, 2020; Resende e Duarte, 2007). A confiabilidade seletiva foi superior no experimento SPP para todos os caracteres e aumentou com o incremento do número de repetições, corroborando com (Resende *et al.*, 2008), que indicam que o uso de parcelas com uma planta e várias repetições proporciona maior acurácia em comparação àquelas com várias plantas por parcela e menos repetições.

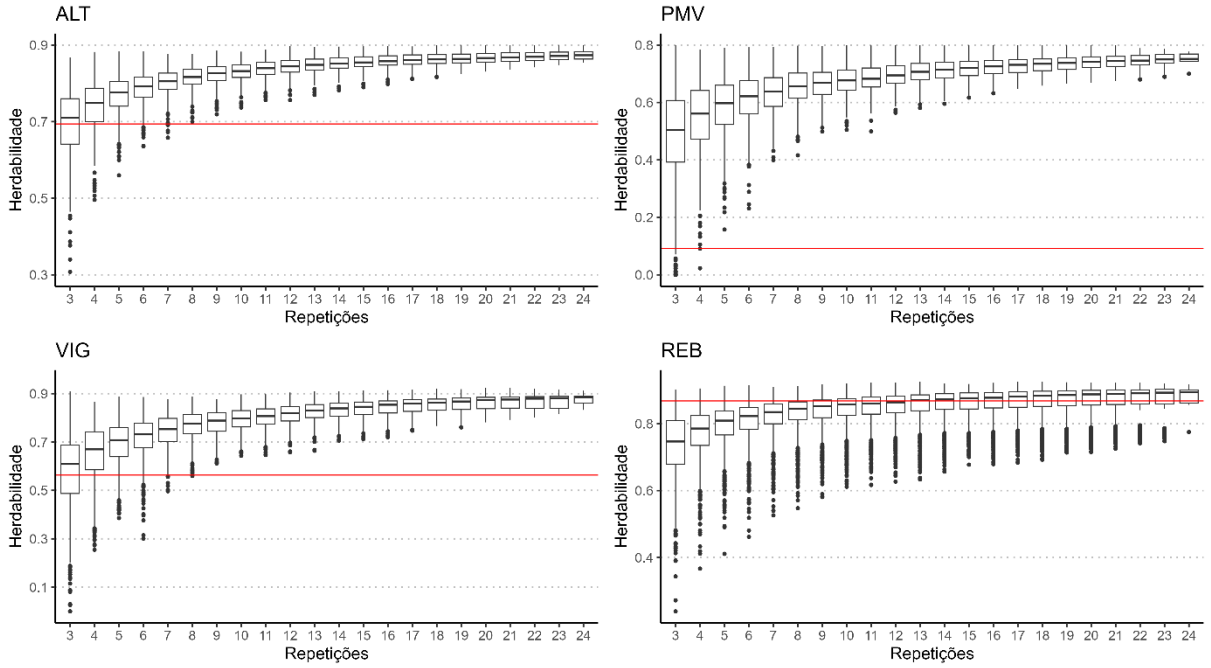
Figura 3 - Boxplot das estimativas de acurácia seletiva ($\hat{r}_{\hat{g}g}$) para os caracteres ALT (altura), PMV (produção de massa verde), REB (capacidade de rebrota) e VIG (vigor) no experimento SPP, obtida através de 100 reamostragens com repetições variando de 3 a 24 nos oito cortes de avaliação. A linha vermelha representa a acurácia no experimento SWARD.



Fonte: Almeida (2024)

Figura 4 - Boxplot das estimativas de herdabilidade (H^2) para os caracteres ALT (altura), PMV (produção de massa verde), REB (capacidade de rebrota) e VIG (vigor) no experimento SPP,

obtida através de 100 reamostragens com repetições variando de 3 a 24 nos oito cortes de avaliação. A linha vermelha representa a herdabilidade no experimento SWARD.



Fonte: Almeida (2024)

Na Tabela 4, observa-se que as estimativas de correlação de Spearman (ρ_s) dos genótipos nos dois tipos de parcelas SWARD e SPP foram significativas a 1% de probabilidade para as características ALT, VIG e REB, enquanto para PMV não foi identificada significância. Estimativas maiores de ρ_s foram observadas ao considerar os 18 genótipos em comparação com os 16 clones, indicando uma maior concordância classificatória na presença das testemunhas. Comportamento análogo foi observado para índice de coincidência (IC) e ganho genético relativo (GR) entre os 25% selecionados, com maiores estimativas dos parâmetros observadas para VIG e REB, sugerindo uma maior coincidência classificatória entre os tipos de parcelas para esses dois caracteres (Tabela 4).

Valores relativamente altos de GR foram observados para o caráter PMV (Tabela 4), consequência da não significância da σ_g^2 no experimento SWARD (Tabela 3). Nesse contexto, o cálculo do GR é derivado do ganho genético com a seleção (GS) dos cinco melhores genótipos no experimento SPP, calculado pela média dos E-BLUPs dos respectivos genótipos no experimento SWARD, em relação ao GS dos cinco melhores genótipos no experimento com parcela SWARD, calculado pela média dos respectivos E-BLUPs. Dessa forma, independentemente dos genótipos selecionados, os ganhos com a seleção tendem a ser próximos, devido à ausência ou baixa variabilidade genética entre os genótipos. Portanto, a

presença de variabilidade é crucial para a estimativa correta desse parâmetro (Ramalho *et al.*, 2012).

Tabela 4 – Estimativas da correlação de Spearman (ρ_s), índice de coincidência (IC), e ganho genético relativo (GR), entre parcelas de oito plantas, formando uma cobertura vegetal (SWARD), e parcela de uma planta (SPP) para os caracteres altura (ALT), produção de massa verde (PMV), vigor (VIG) e capacidade de rebrota (REB).

	ALT		**PMV**		**VIG**		**REB**	
	Genótipos	Clones	Genótipos	Clones	Genótipos	Clones	Genótipos	Clones
ρ_s	0,69*	0,59*	0,46ns	0,24ns	0,78*	0,76*	0,68*	0,59*
IC	0,40	0,25	0,60	0,50	0,80	0,75	0,80	0,75
GR	0,64	0,64	0,75	0,74	0,74	0,69	0,82	0,71

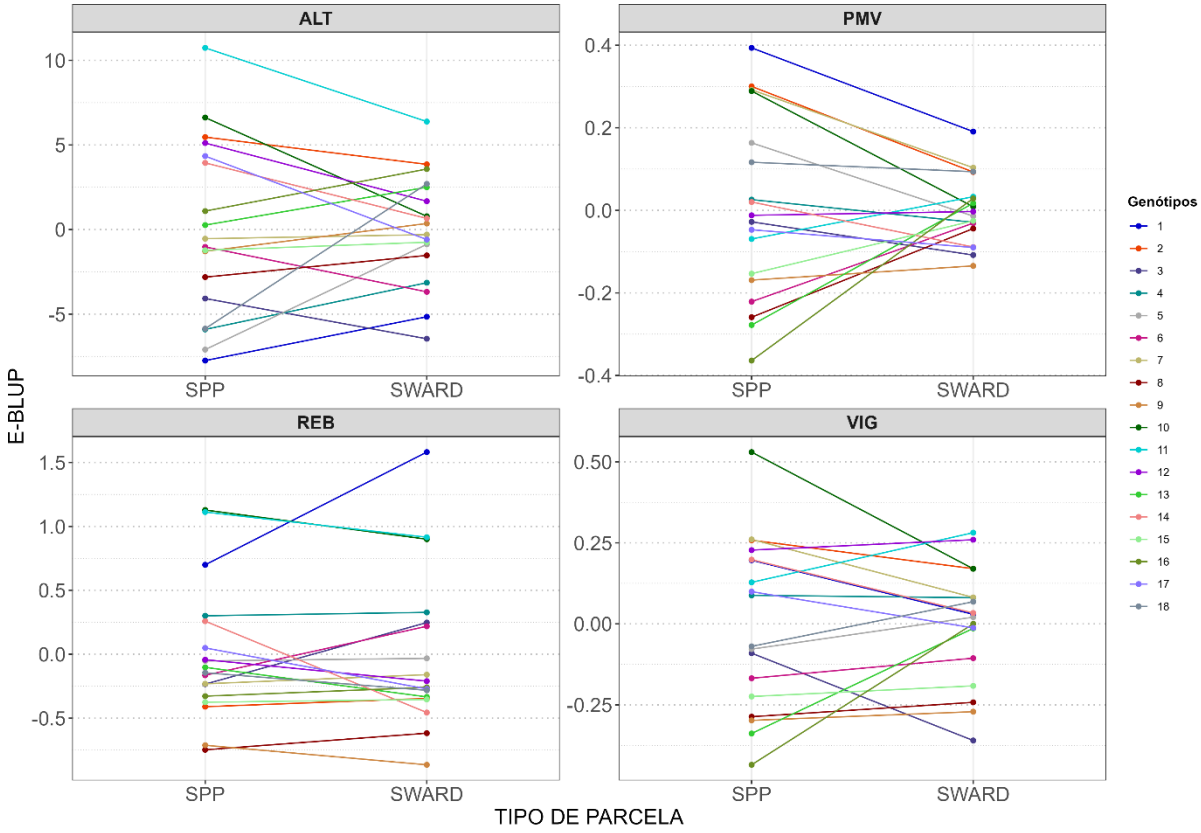
nsnão significativo e *significativo a 1% de probabilidade.

Fonte: Almeida (2024)

O comportamento classificatório dos 18 genótipos avaliados nos experimentos em parcelas SPP e SWARD pode ser visualizado no gráfico de interação na Figura 5. Ressalta-se que os genótipos 1 e 2 representam as cultivares Marandu e Basilisk, respectivamente, utilizadas como testemunhas nos experimentos, enquanto os valores de 3 a 18 indicam os clones de *U. ruziziensis*. Observa-se um comportamento não coincidente para a maioria dos genótipos nos experimentos SPP e SWARD em todos os caracteres avaliados, indicando a presença de interação (Figura 5). Além disso, destaca-se uma maior amplitude de variação dos E-BLUPs para o experimento SPP, exceto para o caráter REB. Para o caráter PMV no tipo de parcela SWARD, nota-se uma redução das predições E-BLUPs, atribuível à não significância da variância genética para esse caráter nesse tipo de parcela, inviabilizando a seleção e a obtenção de ganhos nesse conjunto de genótipos (Figura 5).

Figura 5 - Gráfico de interação exibindo o comportamento dos E-BLUPs dos genótipos nos tipos de parcela SWARD e SPP para os caracteres ALT (altura), PMV (produção de massa

verde), REB (capacidade de rebrota) e VIG (vigor). Os genótipos 1 (Marandu) e 2 (Basilisk) são as testemunhas, enquanto os valores de 3 a 18 representam os clones de *U. ruziziensis*.



Fonte: Almeida (2024)

Na análise conjunta entre os dois tipos de parcelas, o componente σ_g^2 foi significativo para os caracteres ALT, VIG e REB, mas não significativo para PMV (Tabela 5). Essa falta de significância pode ser atribuída à ausência de variabilidade genética observada no experimento SWARD (Tabela 3). Além disso, o caráter PMV também não apresentou significância para a variância da interação genótipos × tipos de parcela (σ_{gt}^2) e variância da interação tripla genótipos × cortes × tipo de parcela (σ_{gct}^2) (Tabela 5). Enquanto a σ_{gt}^2 foi significativa para ALT e REB, a σ_{gct}^2 também mostrou significância para esses caracteres, bem como para VIG.

As estimativas de correlações genéticas (ρ_g) advindas do uso de estrutura de CORGH entre os tipos de parcelas foram 0,66 para ALT, 0,62 para PMV, 0,95 para VIG e 0,89 para REB. Nota-se que esses dois últimos caracteres apresentaram estimativas ρ_g de alta magnitude, indicando uma forte relação genética entre os genótipos avaliados nos experimentos com parcelas SWARD e SPP. Essa alta magnitude está em concordância com a não significância da σ_{gt}^2 para VIG e com a baixa magnitude dessa interação (0,05) para REB, que, mesmo apresentando significância, é bem menor do que os outros componentes de variância para esse caráter.

Tabela 5 - Estimativas dos componentes de variância advindas da análise conjunta dos dois tipos de parcelas, e dos parâmetros genéticos acurácia ($\hat{r}_{\hat{g}g}$), herdabilidade sentido amplo (H^2) e correlação genética (ρ_g).

Parâmetros	Características			
	ALT	PMV	VIG	REB
σ_g^2	14.67^{*}	0.05^{ns}	0.06^{***}	0.32^{***}
σ_{gt}^2	9.24^{***}	0.01^{ns}	0.00^{ns}	0.05^{*}
σ_{gc}^2	19.57^{***}	0.07^{***}	0.03^{***}	0.11^{***}
σ_{gct}^2	1.69^{*}	0.00ns	0.01^{***}	0.10^{***}
$\hat{r}_{\hat{g}g}$	0.82	0.89	0.97	0.95
H^2	0.68	0.79	0.93	0.90
ρ_g	0.66	0.62	0.95	0.89

^{ns}não significativo, *significativo a 5% de probabilidade, ***significativo a 1% de probabilidade pelo teste de razão de verossimilhança (LRT). σ_g^2: variância genética; σ_{gt}^2: variância da interação genótipos × tipos de parcela; σ_{gc}^2: variância da interação genótipos × cortes e σ_{gct}^2: variância da interação tripla genótipos × cortes × tipo de parcela.

Fonte: Almeida (2024)

As correlações de Spearman (ρ_s) e genéticas (ρ_g) foram de altas para os caracteres VIG e REB, e médias para PMV e ALT (Resende e Alves, 2020), com o índice de coincidência seguindo um padrão semelhante (Tabelas 4 e 5). Observou-se que no geral o desempenho relativo dos clones não foi consistente nos ensaios SPP e SWARD (Figura 5).

As estimativas moderadas para PMV e ALT podem ser atribuídas à baixa diversidade entre os genótipos, corroborando com Casler e Ramstein (2017) ao comparar três tipos de parcelas para uma população elite de switchgrass (*Panicum virgatum L.*), evidenciando correlações baixas e positivas entre os tipos de parcelas. Isso sugere que, embora seja possível o progresso genético, os ganhos resultantes da seleção indireta em parcelas sem competição tendem a ser menores do que os obtidos em parcelas de cobertura (SWARD), como medida direta do rendimento de biomassa. Mesmo considerando as vantagens do uso de medidas de seleção indireta, os autores consideram que parcelas espaçadas ou em linhas são menos eficientes na seleção. Robins e Jensen (2019) também observaram baixas a moderadas estimativas de correlação de Spearman entre características dentro e entre avaliações em diferentes tipos de parcelas, reforçando a ideia de que parcelas sem competição são menos eficientes na seleção.

A alta magnitude das correlações, do índice de coincidência e do ganho genético relativo para VIG e REB (Tabelas 4 e 5), juntamente com a não significância da interação genótipo x corte para VIG e baixa magnitude dessa interação para REB (Tabela 5), sugerem uma maior

eficiência da seleção indireta de clones de *U. ruziziensis* em SPP para obter ganhos em SWARD para essas características. Casler e Santen (2010) apud Casler e Ramstein (2017) destacam que a distinção entre parcelas com ou sem competição entre plantas pode ser usada como método de classificação de caracteres simples ou complexos, indicando que características simples podem ser efetivamente medidas em plantas espaçadas e obter ganhos genéticos em parcelas de pasto (i.e., SWARD), enquanto a eficiência pode ser menor para características mais complexas, como o rendimento de biomassa.

4 CONCLUSÃO

A confiabilidade da seleção em ensaios com parcela de uma única planta foi superior à observada em ensaios com parcelas de várias plantas para as características ALT, PMV e VIG.

Em geral, a resposta relativa dos clones não foi coincidente sob parcelas de uma única planta e aquela constituída por oito plantas.

A eficiência da seleção indireta de clones de *U. ruziziensis* para parcelas maiores, baseada em parcela de uma única planta, foi mais acentuada para as características VIG e REB.

APÊNDICE C

Tabela 1 – Estimativas do Critério de Informação Bayesiana (BIC) para a seleção da melhor matriz de covariância Residual (R) para análise em experimentos de parcela de uma planta (SPP) e com oito plantas, formando uma cobertura vegetal (SWARD). Valores em negrito indicam os modelos selecionados.

(Continua)

Característica	Matriz R	BIC	
		SWARD	SPP
Altura (cm)	CS	2310.72	18059.23
	CSH	2292.99	17857.56
	AR1	2307.52	17943.38
	AR1H	2286.14	17756.61
	EXP	2311.86	17993.29
	EXPH	2295.64	17773.58
	AR1: AR_{1L}	2304.42	17947.79
	AR1: AR_{1C}	2307.09	17938.14
	AR1: AR_{1L}: AR_{1C}	2301.72	17942.28
	AR1H: AR_{1L}	2284.43	17761.24
	AR1H: AR_{1C}	2285.73	**17752.85**
	AR1H: AR_{1L}: AR_{1C}	**2281.49**	17757.32

Tabela 1 – Estimativas do Critério de Informação Bayesiana (BIC) para a seleção da melhor matriz de covariância Residual (R) para análise em experimentos de parcela de uma planta (SPP) e com oito plantas, formando uma cobertura vegetal (SWARD). Valores em negrito indicam os modelos selecionados.

(Conclusão)

Produção de Massa Verde (kg parcela^{-1})	CS	1192.57	-39.64
	CSH	1118.15	-633.19
	AR1	1184.57	-332.07
	AR1H	1122.53	-997.82
	EXP	1200.28	-144.11
	EXPH	1133.10	-871.12
	AR1: AR_{1L}	1154.54	-324.94
	AR1: AR_{1C}	1178.90	-370.94
	AR1: AR_{1L}: AR_{1C}	1150.30	-364.43
	AR1H: AR_{1L}	**1107.04**	-990.60
	AR1H: AR_{1C}	1126.78	**-1026.62**
	AR1H: AR_{1L}: AR_{1C}	1111.43	-1019.77
Vigor (Nota 1 - 5)	CS	-504.26	-817.65
	CSH	-574.29	-991.21
	AR1	-512.26	-1135.60
	AR1H	-578.67	-1453.21
	EXP	-496.54	-1364.26
	EXPH	-563.73	-1422.42
	AR1: AR_{1L}	-542.29	-1137.65
	AR1: AR_{1C}	-517.93	-1159.98
	AR1: AR_{1L}: AR_{1C}	-546.52	-1163.74
	AR1H: AR_{1L}	**-589.79**	-1421.58
	AR1H: AR_{1C}	-570.05	-1461.56
	AR1H: AR_{1L}: AR_{1C}	-585.40	**-1462.34**
Rebrota (Nota 1 – 6)	CS	55.39	3321.02
	CSH	78.30	3316.09
	AR1	53.13	3281.97
	AR1H	73.07	3271.35
	EXP	72.14	3289.44
	EXPH	91.33	3292.80
	AR1: AR_{1L}	53.01	3243.19
	AR1: AR_{1C}	37.30	3272.94
	AR1: AR_{1L}: AR_{1C}	**31.86**	3231.65
	AR1H: AR_{1L}	66.03	3236.88
	AR1H: AR_{1C}	51.90	3264.81
	AR1H: AR_{1L}: AR_{1C}	44.45	**3228.01**

ID: Identidade; DIAG: Diagonal; CS: Simetria composta; CSH: Simetria composta com variâncias heterogêneas; AR1: Autorregressivas de primeira ordem; AR1H: Autorregressivas de primeira ordem com variâncias heterogêneas; EXP: Exponencial; EXPH: Exponencial com variâncias heterogêneas; AR_{1L} e AR_{1C} são matrizes autorregressivas de primeira ordem nas linhas e colunas.

Fonte: Almeida (2024)

Tabela 2 - Estimativas do Critério de Informação Bayesiana (BIC) para a seleção da melhor matriz de covariância genética (G), combinada com a matriz residual previamente selecionada, para análise em experimentos de parcela de uma planta (SPP) e com oito plantas, formando uma cobertura vegetal (SWARD).

Característica	Matriz G	SWARD		SPP	
		Matriz R selecionada	BIC	Matriz R selecionada	BIC
Altura (cm)	ID	AR1H: AR_{1L}: AR_{1C}	2287.98	AR1H: AR_{1C}	17806.14
	DIAG		2318.50		17850.04
	INTERAÇÃO		**2281.49**		**17752.85**
	CS		**2281.49**		**17752.85**
	CSH		2310.47		17793.11
	AR1		2292.44		17766.90
	AR1H		2317.60		17809.82
	EXP		2292.44		17766.90
	EXPH		2317.60		17809.82
Produção de Massa Verde (kg parcela-^{1})	ID	AR1H: AR_{1L}	1102.65	AR1H: AR_{1C}	-999.47
	DIAG		1119.27		-991.14
	INTERAÇÃO		**1101.09**		**-1026.62**
	CS		**1101.09**		**-1026.62**
	CSH		1123.89		-1026.17
	AR1		1107.04		-1014.46
	AR1H		1121.46		-1004.40
	EXP		1107.10		-1014.46
	EXPH		1125.28		-1004.40
Vigor (Nota 1 - 5)	ID	AR1H: AR_{1L}	-589.79	AR1H: AR_{1L}: AR_{1C}	-1407.48
	DIAG		-577.55		-1357.22
	INTERAÇÃO		**-595.73**		**-1462.34**
	CS		**-595.73**		**-1462.34**
	CSH		-572.94		-1411.66
	AR1		-594.18		-1442.26
	AR1H		-575.36		-1395.99
	EXP		-589.72		-1442.26
	EXPH		-571.54		-1395.99
Rebrota (Nota 1 – 6)	ID	AR1: AR_{1L}: AR_{1C}	46.06	AR1H: AR_{1L}: AR_{1C}	3293.43
	DIAG		76.50		3338.02
	INTERAÇÃO		**44.45**		**3228.01**
	CS		**44.45**		**3228.01**
	CSH		74.57		3259.99
	AR1		49.94		3246.86
	AR1H		81.50		3273.43
	EXP		52.07		3246.86
	EXPH		81.50		3273.43

ID: Identidade; DIAG: Diagonal; CS: Simetria composta; CSH: Simetria composta com variâncias heterogêneas; AR1: Autorregressivas de primeira ordem; AR1H: Autorregressivas de primeira ordem com variâncias heterogêneas; EXP: Exponencial; EXPH: Exponencial com variâncias heterogêneas; AR_{1L} e AR_{1C} são matrizes autorregressivas de primeira ordem nas linhas e colunas.

Fonte: Almeida (2024)

Tabela 3 - Estimativas da média geral, variância genética (σ_g^2), e acurácia seletiva ($\hat{r}_{\hat{g}g}$) para cada corte e características avaliadas no experimento SPP e SWARD. O símbolo * indica a significância genética estimada pelo teste de razão de verossimilhança (LRT) a um nível de probabilidade de 0,05.

Característica	Harvest	SWARD		SPP	
		σ_g^2	$\hat{r}_{\hat{g}g}$	σ_g^2	$\hat{r}_{\hat{g}g}$
Altura (cm)	1	85,56*	0,84	110,65*	0,95
	2	34,92*	0,89	75,96*	0,95
	3	16,58*	0,93	40,04*	0,96
	4	12,36ns	0,56	26,87*	0,93
	5	37,77*	0,79	54,90*	0,94
	6	57,08*	0,88	54,98*	0,95
	7	21,37*	0,7	28,06*	0,91
	8	39,14*	0,75	42,71*	0,93
Produção de Massa Verde (kg parcela^{-1})	1	7,17*	0,84	0,51*	0,95
	2	1,71*	0,78	0,14*	0,95
	3	0,01ns	0,14	0,04*	0,93
	4	1,15*	0,66	0,05*	0,91
	5	0,12ns	0,25	0,07*	0,85
	6	3,36*	0,82	0,22*	0,94
	7	1,24*	0,69	0,08*	0,90
	8	0,48ns	0,51	0,08*	0,89
Vigor (Nota 1 - 5)	1	0,21*	0,82	0,17*	0,95
	2	0,10*	0,70	0,17*	0,95
	3	0,13*	0,87	0,12*	0,94
	4	0,11ns	0,64	0,11*	0,93
	5	0,04ns	0,55	0,10*	0,93
	6	0,07*	0,76	0,09*	0,92
	7	0,08ns	0,65	0,10*	0,89
	8	0,00ns	0,00	0,06*	0,88
Rebrota (Nota 1 – 6)	1	0,34*	0,79	0,82*	0,96
	2	0,96*	0,90	0,38*	0,93
	3	0,78*	0,88	0,52*	0,95
	4	0,59*	0,80	0,46*	0,94
	5	1,04*	0,91	0,36*	0,93
	6	0,74*	0,91	0,90*	0,95
	7	0,58*	0,81	0,26*	0,91
	8	0,48*	0,80	0,26*	0,91

Fonte: Almeida (2024)

REFERÊNCIAS

BASSO, K. C. *et al.* Avaliação de acessos de Brachiaria brizantha Stapf e estimativas de parâmetros genéticos para caracteres agronômicos. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 31, p. 17–22, 2009.

CASLER, M. D. Fundamentals of experimental design: Guidelines for designing successful experiments. **Agronomy Journal**, v. 107, n. 2, p. 692–705, 1 mar. 2015.

CASLER, M. D. *et al.* Nitrogen Demand Associated with Increased Biomass Yield of Switchgrass and Big Bluestem: Implications for Future Breeding Strategies. **Bioenergy Research**, v. 13, n. 1, p. 120–131, 1 mar. 2020.

CASLER, M. D.; RAMSTEIN, G. P. Breeding for Biomass Yield in Switchgrass Using Surrogate Measures of Yield. **Bioenergy Research**, v. 11, n. 1, p. 1–12, 1 mar. 2017.

DIAS, K. O. G. *et al.* Tamanho de parcela e efeito de bordadura no melhoramento de urochloa ruziziensis. **Pesquisa Agropecuaria Brasileira**, v. 48, n. 11, p. 1426–1431, 2013.

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, n. suppl spe, p. 151–168, 2010.

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

FONSECA, J. M. O. *et al.* Predictive approach to optimize the number of visual graders for indirect selection of high- yielding Urochloa ruziziensis genotypes. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 20, n. 3, p. 1–7, 2020.

GEZAN, S. A.; CARVALHO, M. Analysis of Repeated Measures for the Biological and Agricultural Sciences. *Em*: GLAZ, B.; YEATER, K. M. (Eds.). **Applied Statistics in Agricultural, Biological, and Environmental Sciences**. Madison: Wiley Online Library, 2018. p. 279–297.

JANK, L. *et al.* The value of improved pastures to Brazilian beef production. **Crop and Pasture Science**, v. 65, n. 11, p. 1132–1137, 2014.

RAMALHO, M. A. P. *et al.* **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. 1. ed. Lavras: UFLA, 2012.

RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. DE. **Experimentação em Genética e Melhoramento de Plantas**. 3. ed. Lavras: UFLA, 2012.

RESENDE, M. D. V. *et al.* Experimentação e análise estatística no melhoramento de forrageiras. *Em*: RESENDE, R. M. S.; VALLE, C. B.; JANK, L. (Eds.). **Melhoramento de Forrageiras Tropicais**. 21. ed. Campo Grande: Embrapa Gado de Corte, 2008. p. 195–293.

RESENDE, M. D. V. DE; ALVES, R. S. Linear, generalized, hierarchical, bayesian and random regression mixed models in genetics/genomics in plant breeding. **Functional Plant Breeding Journal**, v. 2, n. 2, p. 1–31, 23 jun. 2020.

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

ROBINS, J. G.; JENSEN, K. B. Comparison of space-plant versus sward plot selection in thickspike wheatgrass (Elymus lanceolatus). **Plant Breeding**, v. 138, n. 1, p. 114–120, 1 fev. 2019.

SANTOS, H. G. DOS *et al.* **Sistema Brasileiro de Classificação de Solos**. 5. ed. Brasília, DF: Embrapa, 2018.

SILVA FILHO, J. L. DA. Optimizing the number of progenies and replications in plant breeding experiments. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 13, p. 151–157, 2013.

SIMEÃO, R. M. *et al.* Melhoramento de Brachiaria ruziziensis Germain & Evrard (sin. Urochloa ruziziensis) autotetraploide: resultados da avaliação genética de subpopulações, progênies e indivíduos. **Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento / Embrapa Gado de Corte**, n. December, p. 30, 2016.

SIMEÃO, R. M.; SILVA, A. S.; VALLE, C. B. Flowering traits in tetraploid Brachiaria ruziziensis breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 16, n. 2, p. 95–101, 2016.

TEIXEIRA, D. H. L. *et al.* Visual selection of Urochloa ruziziensis genotypes for green biomass yield. **Acta Scientiarum**, v. 42, p. 1–8, 2020.

VALLE, C. B. *et al.* Gênero Brachiaria. *Em*: FONSECA, D. M.; MARTUSCELLO, J. A. (Eds.). **Plantas Forrageiras**. 2 ed. rev. e ampl ed. Viçosa: Ed. UFV, 2022. v. 2p. 23–76.

TERCEIRA PARTE

1 CONSIDERAÇÕES FINAIS

A tese foi subdividida em três artigos, cada um abordando aspectos distintos da avaliação de clones de *Urochloa ruziziensis*. O primeiro artigo conclui que é viável selecionar clones com desempenho similar em condições de pleno sol e 50% de sombreamento, e que a seleção indireta para tolerância à sombra, baseada na avaliação a pleno sol, é eficaz. O segundo foca na otimização dos recursos experimentais, recomendando pelo menos cinco repetições para as características de altura, rebrote e vigor, e 10 repetições para peso de matéria verde, além de cinco cortes para garantir alta coincidência seletiva em ensaios com parcelas de uma única planta. O estudo também demonstra que é possível otimizar combinações de repetições e cortes para aumentar a eficiência na seleção. O terceiro artigo mostra que a confiabilidade da seleção em ensaios com parcelas de uma única planta (SPP) foi superior à observada em parcelas maiores (SWARD) para as características de altura, peso de matéria verde e vigor. Além disso, a resposta relativa dos clones não foi coincidente entre SPP e SWARD, sendo a eficiência da seleção indireta de clones, com base em SPP, mais acentuada para as características de vigor e rebrote. Esses estudos visam tornar o processo de avaliação mais eficiente e econômico, nas fases iniciais dos programas de melhoramento genético, que envolvem a avaliação de muitos genótipos. Os resultados obtidos proporcionam avanços na avaliação e seleção de clones com implicações diretas no desenvolvimento de cultivares.