


PAULO MÁRCIO BEBER



**PARÂMETROS GENÉTICOS, SELEÇÃO E DIVERSIDADE DE HÍBRIDOS
DE *Panicum maximum* AVALIADOS NO BIOMA AMAZÔNIA**

RIO BRANCO - AC

2018

PAULO MÁRCIO BEBER

**PARÂMETROS GENÉTICOS, SELEÇÃO E DIVERSIDADE DE HÍBRIDOS
DE *Panicum maximum* AVALIADOS NO BIOMA AMAZÔNIA**

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia da Universidade Federal do Acre, como exigência para obtenção do título de Doutor em Agronomia/Produção Vegetal.

Orientadora: Dra. Giselle Mariano Lessa de Assis

RIO BRANCO - AC

2018

Ficha catalográfica elaborada pela Biblioteca Central da UFAC

B387p Beber, Paulo Márcio, 1986-
Parâmetros genéticos, seleção e diversidade de híbridos de *Panicum maximum* avaliados no bioma Amazônia / Paulo Márcio Beber. – 2018.
125 f.: il.; 30 cm.

Tese (Doutorado) – Universidade Federal do Acre, Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Rio Branco, 2018.

Incluem referências bibliográficas.

Orientador: Prof. Dra. Giselle Mariano Lessa de Assis.

1. Forrageira tropical. 2. Amazônia – Bioma. 3. Agronomia. I. Título.

CDD: 630

PAULO MÁRCIO BEBER

PARÂMETROS GENÉTICOS, SELEÇÃO E DIVERSIDADE DE HÍBRIDOS DE
Panicum maximum AVALIADOS NO BIOMA AMAZÔNIA

Tese apresentada ao Programa de Pós-graduação em Produção Vegetal, da Universidade Federal do Acre, como parte das exigências para a obtenção do título de Doutor em Produção Vegetal.

APROVADA em 21 de fevereiro de 2018.

BANCA EXAMINADORA



Dra. Giselle Marjano Lessa de Assis (Orientadora)
Embrapa Acre



Dr. Vanderley Borges dos Santos (Membro)
Universidade Federal do Acre



Dra. Lidianne Assis Silva (Membro)
Universidade Federal do Acre



Dr. Carlos Mauricio Soares de Andrade (Membro)
Embrapa Acre



Dra. Liana Jank (Membro)
Embrapa Gado de Corte

Aos meus pais

Paulo Oscar Beber e Nadir Maria Bianchini

que me direcionaram sempre para os estudos e me ensinaram a viver com ética e dignidade.

À minha querida esposa e meu filho

Maralina Torres da Silva e Paulo Davi Torres Beber

pela paciência, companheirismo e compreensão na ausência nessa etapa de minha formação.

Ao meu novo filho

Paulo Bernardo Torres Beber

nascido as vésperas da minha defesa.

Dedico.

AGRADECIMENTOS

A Deus, pela vida, proteção, saúde e força para estar sempre seguindo na busca de conhecimento.

À minha família, pelo amor, carinho e paciência em mais essa etapa de formação profissional.

Ao Instituto Federal do Acre, pela liberação nos três últimos semestres para dedicação exclusiva no curso, essencial para o término das atividades.

À Universidade Federal do Acre, pela realização do Curso de Doutorado em Agronomia / Produção Vegetal.

À Embrapa Acre, pela disponibilização de toda a estrutura da Unidade para estudo e realização do experimento.

À Dra. Giselle Mariano Lessa de Assis, pelo aceite em me orientar, apoio, paciência e dedicação a este trabalho. Foi uma excelente escolha e aprendizado ter trabalhado com a senhora.

Ao amigo e Analista da Embrapa Acre, Rafael de Melo Clemêncio, pela amizade, indicação junto à orientação, pelos cuidados e empenho na condução e avaliação do experimento.

À CAPES (Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior), pela concessão da bolsa de estudos, indispensável no decorrer do curso.

À FAPAC (Fundação de Ambaro à Pesquisa do Estado do Acre), pela concessão de ajuda financeira.

Às colegas de doutorado, Daniela Popim Miqueloni e Cleia Florentino dos Santos, pelos anos de convívio, apoio, trocas de conhecimentos e conversas.

A todos os colegas do Curso de Doutorado, pela convivência e trocas de experiências.

A todos os professores do Curso de Doutorado em Agronomia, pelos conhecimentos transmitidos.

Enfim, a todos que contribuíram de alguma forma para a realização desse curso, que era apenas um sonho e hoje é realidade.

Meu muito obrigado!

RESUMO

A espécie *Panicum maximum* destaca-se na pecuária brasileira pela formação de pastagens produtivas e de boa qualidade nutricional. O desenvolvimento de novas cultivares no Brasil é realizado pelo Programa de Melhoramento Genético de *Panicum maximum* da Embrapa, que detém um banco de germoplasma dessa espécie e promove o cruzamento intraespecífico de plantas apomíticas com sexuais tetraploidizadas. Uma das etapas do programa de melhoramento são os ensaios regionais nos diferentes biomas brasileiros e a Embrapa Acre é a responsável pela avaliação no bioma Amazônia. Neste estudo, objetivou-se estimar os parâmetros genéticos, selecionar os genótipos superiores, caracterizar morfológicamente e conhecer a diversidade genética de híbridos de *Panicum maximum* avaliados sob cortes no bioma Amazônia. O experimento foi instalado em dezembro de 2012 no campo experimental da Embrapa Acre, em Latossolo Vermelho Distrófico, no delineamento em blocos completos ao acaso com quatro repetições. Foram avaliados 20 híbridos intraespecíficos e as cultivares Mombaça e Tanzânia-1 como testemunhas. Realizaram-se 16 cortes com avaliação entre maio de 2013 e março de 2015. Foram avaliadas 10 variáveis agronômicas, considerando as 16 avaliações; quatro bromatológicas, nos sete primeiros cortes; e oito de caracterização morfológica avaliada antes do 13º corte. Foram estimados os parâmetros genéticos e preditos os valores genotípicos pela metodologia de modelos mistos via REML/BLUP das variáveis agronômicas e bromatológicas, considerando todas as avaliações e separadas por época chuvosa e seca. Obteve-se também a correlação de Pearson com base nos valores genotípicos. A partir dos índices de seleção por soma de postos e o livre de pesos e parâmetros, selecionaram-se os melhores híbridos considerando quatro variáveis. Para o estudo de diversidade, realizou-se o agrupamento de otimização de Tocher e análise de componentes principais com base nas variáveis agronômicas e o agrupamento de Scott-Knott das variáveis de caracterização morfológica após análise de variância. Houve variabilidade genética significativa para todas as variáveis, exceto proteína bruta, o que permite ganhos genéticos. As herdabilidades individuais no sentido amplo foram de baixa a moderada magnitude. Não houve expressivas diferenças nas estimativas dos parâmetros entre as análises, permitindo a seleção na seca. As repetibilidades foram de baixas a moderadas, mas permitiu inferir no número mínimo de cortes com confiabilidade de 80% para as

variáveis agronômicas dentro das avaliações realizadas. Houve correlações significativas e de alta magnitude que possibilitam a seleção indireta entre rebrota e porcentagem de folha na análise conjunta e produções de matéria seca total e de folha na estação seca. Os índices por soma de postos e o livre de pesos e parâmetros foram concordantes na escolha dos sete melhores híbridos que possibilitou obter ganhos genéticos para as variáveis agronômicas. Observou-se variabilidade genética para todas as características morfológicas, com destaque para altura com maior número de grupos. O método de Tocher e a análise de componentes principais apresentaram consistência na formação dos grupos pelas variáveis agronômicas, com influência parcial do parentesco. Os parâmetros estimados indicam sucesso nessa fase do melhoramento da espécie *Panicum maximum* com seleção para as próximas etapas de avaliação dos genótipos C12, C55, B97, C10, B126, B44 e C53. Há diversidade genética entre os genótipos, mesmo entre irmãos completos, com diferentes características morfológicas e agronômicas que possibilitam a seleção de híbridos superiores à cv. Mombaça.

Palavras-chave: Apomixia. Forrageira tropical. Melhoramento de forrageiras.

ABSTRACT

The species *Panicum maximum* stands out in the Brazilian livestock industry in the formation of productive pastures with good nutritional quality. The development of new cultivars in Brazil is carried out by the Embrapa *Panicum maximum* Genetic Improvement Program, which has a germplasm bank of this species and promotes intraspecific crosses of apomictic plants with tetraploidized sexual plants. One of the stages of the breeding program is the regional trials in the different Brazilian biomes and Embrapa Acre is responsible for the evaluation in the Amazon biome. In this study, the objectives were to estimate the genetic parameters, select superior genotypes, characterize morphologically and know the genetic diversity of *P. maximum* hybrids evaluated under cuts in the Amazon biome. The experiment was installed in December 2012 in the experimental field of Embrapa Acre, in Distrophic Red Latosol, in a completely randomized block design with four replicates. Twenty intraspecific hybrids and the controls cultivars Mombaça and Tanzânia-1 were evaluated. Sixteen harvests were evaluated between May 2013 and March 2015. Ten agronomic variables were evaluated, considering the 16 evaluations; four bromatologic, in the first seven cuts; and eight of morphological characterization evaluated before the 13th cut. The genetic parameters of the agronomic and bromatological variables were estimated, and the genotypic values were predicted by the mixed models methodology via REML/BLUP, considering all the evaluations and separately for the rainy and dry seasons. Pearson correlation was also obtained based on genotypic values. From the selection indexes by sum of ranks and multiplicative, the best hybrids were selected considering four variables. For the study of diversity, Tocher optimization grouping and principal component analysis were performed based on the agronomic variables and the Scott-Knott grouping of the morphological characterization variables after analysis of variance. There was significant genetic variability for all variables except crude protein, which allows for genetic gains. The individual broad sense heritabilities were of low to moderate magnitude. There were no significant differences in the estimates of the parameters among the analyses, allowing selection in the dry season. Repeatabilities were low to moderate, but allowed to infer in the minimum number of harvests with 80% reliability for the agronomic variables within the evaluations done. There were significant and high magnitude correlations that allow for the indirect selection between regrowth and leaf percentage in the joint analysis and dry matter and leaf dry matter

production in the dry season. The indexes by sum of ranks and the free from weights and parameters were concordant in the choice of the seven best hybrids that made possible to obtain genetic gains for the agronomic variables. Genetic variability was observed for all morphological characteristics, especially for plant height with a greater number of groups. The Tocher method and principal components analysis showed consistency in the formation of groups by agronomic variables, with partial influence of kinship. The estimated parameters indicate success in this phase of *Panicum maximum* breeding with selection for the next stages of evaluation the genotypes C12, C55, B97, C10, B126, B44 and C53. There is genetic diversity among the genotypes, even among complete siblings, with different morphological and agronomic characteristics that allow the selection of hybrids superior to cv. Mombaça.

Key words: Apomixis. Forage breeding. Tropical forage.

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1 – Precipitação média mensal acumulada e temperatura média das máximas e das mínimas de 2005 a 2015 em Rio Branco, Acre. Fonte: Instituto Nacional de Meteorologia – INMET (2016) 39
- Figura 2 – Dispersão gráfica entre os valores genotípicos de produção de matéria seca de folha (PMSF) e altura de 22 genótipos de *Panicum maximum* avaliados em 16 cortes (2013-2015) no bioma Amazônia em Rio Branco, Acre 86
- Figura 3 – Dispersão bidimensional de 22 genótipos de *Panicum maximum* segundo seus escores obtidos a partir de oito variáveis agronômicas avaliados em 16 cortes de 2013 a 2015 em Rio Branco, AC 104
- Figura 4 – Dispersão das médias fenotípicas das variáveis de caracterização morfológica de 22 genótipos de *Panicum maximum* avaliados em Rio Branco, AC: A – comprimento do internódio x diâmetro do colmo; B – largura da folha x diâmetro do colmo; C – comprimento da folha x diâmetro do colmo 105
- Figura 5 – Dispersão das médias fenotípicas das variáveis de caracterização morfológica de 22 genótipos de *Panicum maximum* avaliados em Rio Branco, AC: A – comprimento do internódio x altura; B – comprimento da folha x altura; C – comprimento da folha x comprimento do internódio 106

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 –	Relação dos híbridos apomíticos de <i>Panicum maximum</i> avaliados (2013-2015) em Rio Branco, Acre	40
Tabela 2 –	Características químicas e físicas do Latossolo Vermelho Distrófico do experimento de <i>Panicum maximum</i> em Rio Branco, Acre (2012)	40
Tabela 3 –	Intervalos, datas e época do ano dos 16 cortes realizados em genótipos de <i>Panicum maximum</i> em Rio Branco, Acre	41
Tabela 4 –	Variância genotípica (V_g), variância de ambiente permanente (V_{perm}), variância da interação genótipo x corte (V_{gc}), herdabilidade individual no sentido amplo (h^2_g), coeficiente de determinação dos efeitos de ambiente permanente ($C2_{perm}$), coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x corte ($C2_{gc}$), correlação genotípica dos cortes (rgc), herdabilidade da média de genótipos (h^2_{mg}), acurácia seletiva (Ac_{gen}), repetibilidade ao nível de parcela (r), média geral do experimento (\bar{X}), maior valor genotípico (MaiorVG) e menor valor genotípico (MenorVG) de 22 genótipos de <i>Panicum maximum</i> avaliados (2013-2015) em Rio Branco, Acre	46
Tabela 5 –	Número mínimo de cortes necessários para atingir coeficiente de determinação de 80% com base nos valores de repetibilidade ao nível de parcela de variáveis agronômicas e bromatológicas de 22 genótipos de <i>Panicum maximum</i> avaliados (2013-2015) em Rio Branco, Acre	52
Tabela 6 –	Variância genotípica (V_g), variância residual (V_e), variância fenotípica (V_f), herdabilidade individual no sentido amplo (h^2_g), herdabilidade da média de genótipos (h^2_{mg}), acurácia seletiva (Ac_{gen}), coeficiente de variação genotípica ($CV_{gi}\%$), coeficiente de variação residual ($CV_e\%$), coeficiente de variação relativa (CV_r), média geral do experimento (\bar{X}), maior valor genotípico (MaiorVG) e menor valor genotípico (MenorVG) de 22 genótipos de <i>Panicum maximum</i> avaliados (2013-2015) em Rio Branco, Acre	54
Tabela 7 –	Coeficientes de correlação de Pearson entre as variáveis agronômicas e bromatológicas estimados a partir dos valores genotípicos de 22 genótipos de <i>Panicum maximum</i> avaliados (2013-2015) em Rio Branco, Acre	56
Tabela 8 –	Relação dos híbridos apomíticos de <i>Panicum maximum</i> avaliados (2013-2015) em Rio Branco, Acre	70

Tabela 9 – Variância genotípica (V_g), herdabilidade individual no sentido amplo (h^2g), acurácia seletiva (Ac_{gen}), média geral, maior valor genotípico (MaiorVG), menor valor genotípico (MenorVG) e diferença percentual entre maior e menor valor genotípico de características agronômicas e bromatológicas avaliadas em 22 genótipos de <i>Panicum maximum</i> por dois anos (2013-2015) em Rio Branco, Acre	76
Tabela 10 – Valores genotípicos, ranqueamento pelo índice de seleção com base na soma de postos e índice livre de pesos e parâmetros de 22 genótipos de <i>Panicum maximum</i> avaliados em 16 cortes (2013-2015) em Rio Branco, Acre	79
Tabela 11 – Médias dos genótipos selecionados, média geral do experimento e da melhor testemunha (Mombaça) e ganho em porcentagem alcançado em diversas características com base na seleção das variáveis PMSF, PMSFs, RB, e MF utilizando os valores genotípicos de 22 genótipos de <i>Panicum maximum</i> avaliados em 16 cortes (2013-2015) em Rio Branco, Acre	81
Tabela 12 – Relação dos híbridos apomíticos de <i>Panicum maximum</i> avaliados (2013-2015) em Rio Branco, Acre	95
Tabela 13 – Agrupamento de médias fenotípicas pelo teste de Scott-Knott ($p < 0,05$) dos caracteres quantitativos largura da folha (LF), comprimento da folha (CF), diâmetro do colmo + bainha (DC), comprimento do internódio (CI), altura na caracterização (ALTc), e as características qualitativas porte da folha (PF), densidade comparativa de pelos na lâmina foliar (DEL) e densidade comparativa dos pelos na bainha (DEB) de 22 genótipos de <i>Panicum maximum</i> avaliados (2014) em Rio Branco, Acre	100
Tabela 14 – Agrupamento de Tocher com base nos valores genotípicos de variáveis agronômicas de 22 genótipos de <i>Panicum maximum</i> avaliados em Rio Branco, Acre, por 2 anos (2013-2015) e as médias fenotípicas dos grupos formados	101
Tabela 15 – Autovalores e autovetores da matriz de correlação genética dos genótipos para cada componente principal (CP) com base nos valores genotípicos obtidos de 16 cortes (2013-2015) de 22 genótipos de <i>Panicum maximum</i> avaliados em Rio Branco, Acre	103
Tabela 16 – Características morfológicas dos híbridos superiores de <i>Panicum maximum</i> alocados no grupo 3 pelo método de Tocher, e da cultivar Mombaça, avaliados (2014) em Rio Branco, Acre	108

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	14
2 REVISÃO DE LITERATURA	17
2.1 IMPORTÂNCIA DA ESPÉCIE <i>Panicum maximum</i>	18
2.2 MELHORAMENTO DA ESPÉCIE <i>Panicum maximum</i>	19
2.2.1 Apomixia no melhoramento de <i>Panicum maximum</i>	20
2.2.2 Objetivos do melhoramento e critérios de seleção em <i>Panicum maximum</i>	21
2.2.3 Etapas do melhoramento de <i>Panicum maximum</i>	23
2.3 USO DA METODOLOGIA DE MODELOS MISTOS VIA REML/BLUP NO MELHORAMENTO DE PLANTAS FORRAGEIRAS.....	25
2.4 ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS E ÍNDICE DE SELEÇÃO EM <i>Panicum maximum</i>	29
3 CAPÍTULO I	34
ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM HÍBRIDOS DE <i>Panicum maximum</i> NO BIOMA AMAZÔNIA.....	34
RESUMO	35
ABSTRACT	36
1 INTRODUÇÃO	37
2 MATERIAL E MÉTODOS	39
3 RESULTADOS E DISCUSSÃO	45
4 CONCLUSÕES	60
REFERÊNCIAS	61
3 CAPÍTULO II	65
SELEÇÃO DE HÍBRIDOS DE <i>Panicum maximum</i> PARA O BIOMA AMAZÔNIA	65
RESUMO	66
ABSTRACT	67
1 INTRODUÇÃO	68

2 MATERIAL E MÉTODOS	70
3 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	75
4 CONCLUSÕES	87
REFERÊNCIAS.....	88
3 CAPÍTULO III	91
CARACTERIZAÇÃO E DIVERSIDADE DE HÍBRIDOS DE <i>Panicum maximum</i> AVALIADOS NO BIOMA AMAZÔNIA.....	91
RESUMO.....	92
ABSTRACT	93
1 INTRODUÇÃO	94
2 MATERIAL E MÉTODOS	95
3 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	99
4 CONCLUSÕES	110
REFERÊNCIAS.....	111
5 CONCLUSÕES FINAIS	114
REFERÊNCIAS.....	115

1 INTRODUÇÃO

O melhoramento genético vegetal é um dos grandes responsáveis pelo aumento de produtividade, adaptabilidade, tolerância e/ou resistência a pragas e doenças das diversas espécies agrícolas utilizadas no mundo. A partir da seleção e cruzamentos é possível identificar, criar e lançar no mercado sementes de espécies melhoradas para as mais diversas e desejáveis características.

Para a espécie *Panicum maximum* Jacq., isso vem ocorrendo devido à sua grande variabilidade genética e ao intenso trabalho dos programas de melhoramento, que permitiu o lançamento de várias cultivares. Dentre as mais conhecidas, destacam-se a Tanzânia-1, Mombaça, Tobiata, Massai, o híbrido Atlas e mais recentemente BRS Zuri, BRS Tamani e BRS Quênia. O grande interesse dos pecuaristas em implantarem pastagens com esta espécie deve-se ao elevado desempenho produtivo e ao lançamento comercial de novas cultivares obtidas por meio do melhoramento (SOUZA et al., 2006).

O ganho no melhoramento via introdução de acessos, apesar de mais simples e rápido, é finito, visto que se baseia na avaliação da capacidade produtiva e adaptativa dos genótipos coletados na natureza (JANK et al., 2011), principalmente nos centros de origem e diversidade da espécie, como ocorreu com as primeiras cultivares lançadas no mercado brasileiro. Atualmente, o melhoramento via recombinação genética passa a constituir a melhor opção para a geração de novas cultivares mais competitivas (VALLE et al., 2009).

Dentro do processo de melhoramento desta espécie existem várias fases antes do lançamento de uma nova cultivar. Segundo Araújo et al. (2008), nas fases iniciais, os genótipos são avaliados sob corte em pequenas parcelas para variáveis relacionadas à produção de forragem e ênfase à tolerância/resistência ao ataque de pragas e doenças. Em seguida, os selecionados são avaliados sob cortes em ensaios regionais (5 a 7 locais), onde a adaptação a diferentes condições ambientais é averiguada. A seguir, os genótipos selecionados são avaliados em grandes ensaios de pastejo onde a produção por animal e por área é mensurada. Depois dessa fase, os genótipos selecionados sob pastejo, já nomeados para registro e em fase de pré-lançamento, são validados em fazendas.

Para que a pecuária brasileira continue a aumentar sua produtividade é essencial a disponibilização de novas cultivares que mantenham alta produção sob

pastejo, tolerância ou resistência a doenças e pragas, boa composição bromatológica com elevada digestibilidade.

O Brasil possui aproximadamente 130 milhões de hectares de pastagens cultivadas com forrageiras tropicais, dos quais estima-se que oito milhões são renovados anualmente e mais quatro milhões para rotação com lavouras e integração silvícola (PESKE, 2016), que demandam grandes quantidades de sementes. A espécie *P. maximum* é cultivada em cerca de 20 milhões de hectares (VALLE et al., 2009) onde as cultivares Tanzânia-1 e Mombaça ocupam a segunda e terceira posições na comercialização de sementes (JANK et al., 2008). A área destinada para produção de sementes de quatro cultivares de *P. maximum* (Mombaça, Tanzânia-1, Massai e Aruana) na safra 2011/12 foi de 20.424 hectares, participando com 16,74% (617 toneladas) nas exportações de sementes de forrageiras tropicais no Brasil (JANK et al., 2014). Na safra 2012/2013, a área com essas cultivares já alcançavam 34.905 hectares (JOSÉ, 2013).

O mercado brasileiro para forrageiras tropicais oferta poucas cultivares, quando comparadas às forrageiras temperadas, o que pode ser um problema para a sustentabilidade produtiva, já que a maioria possui reprodução clonal e sérios problemas já ocorreram devido aos imensos monocultivos forrageiros. Entre essas ocorrências podem ser citados os ataques de cigarrinhas das pastagens em *Brachiaria decumbens* cv. Basilisk, a síndrome da morte do capim cv. Marandu (*Brachiaria brizantha*) e o ataque do fungo *Bipolaris maydis*, causador da mancha foliar na cv. Tanzânia-1 (*P. maximum*), que trouxeram grandes prejuízos com a reforma de pastagens. Assim, a diversificação das pastagens com genótipos selecionados para as adversidades da atualidade diminui os riscos de grandes perdas.

Com o objetivo de atender à demanda de novas cultivares de forrageiras, o programa de melhoramento de *P. maximum*, coordenado pela Embrapa Gado de Corte, vêm avaliando diversos híbridos obtidos a partir do cruzamento de genótipos apomíticos com genótipos sexuais tetraploidizados, em blocos de cruzamento em campo. Na condução do programa, existem genótipos sendo avaliados em cada etapa do melhoramento na busca de, periodicamente, estarem sendo lançadas novas cultivares com características de interesse (VALLE et al., 2009).

Em um dos ciclos de melhoramento, 320 híbridos foram avaliados na Embrapa Gado de Corte e 20 foram selecionados para avaliação em rede nacional em unidades localizadas nos biomas Cerrado, Mata Atlântica, Pampa e Amazônia.

Assim, este trabalho no Bioma Amazônia é parte da rede de avaliação de 20 híbridos, submetidos a cortes periódicos para obtenção das estimativas dos parâmetros genéticos, valores genotípicos e seleção. A identificação dos melhores híbridos permitirá a condução futura dos experimentos sob pastejo, com possível lançamento de novas cultivares mais produtivas e adaptadas às condições locais. Isso porque, a escolha de genótipos com adaptações específicas são possibilidades que norteiam os futuros lançamentos de forrageiras.

Dessa forma, objetivou-se com este trabalho estimar os parâmetros genéticos, selecionar os genótipos superiores, caracterizar morfológicamente e conhecer a diversidade genética de híbridos de *P. maximum* avaliados sob corte no bioma Amazônia.

2 REVISÃO DE LITERATURA

O Brasil possui aproximadamente 220 milhões de hectares de pastagens. Destas, 70 milhões são cultivadas na Amazônia (BARBOSA et al, 2015), em sua maioria com espécies exóticas e de reprodução clonal, o que pode se tornar sério problema com o surgimento de pragas e doenças, como o que ocorre com a síndrome da morte do brizantão (ANDRADE; VALENTIM, 2007).

A produção brasileira de carne vem crescendo apoiada, principalmente, no aumento em produtividade, com grande queda na abertura de novas áreas para pastagens, o que permitiu uma economia no desmatamento por volta de 525 milhões de hectares de 1950 a 2006 (MARTHA JR. et al., 2012). O ganho em produtividade tem ocorrido devido ao melhoramento genético, sanidade e nutrição dos animais, melhor manejo e adubação das pastagens e do lançamento de novas cultivares de forrageiras melhoradas (DIAS-FILHO, 2016).

Entre as forrageiras tropicais utilizadas pelos produtores brasileiros está o *P. maximum*, gramínea de alto valor nutritivo, capaz de alcançar elevadas produtividades, sendo bastante empregada em sistemas intensivos de produção a pasto. A obtenção de híbridos a partir do cruzamento entre plantas sexuais e apomíticas de *P. maximum* constitui alternativa viável para obtenção de forrageiras superiores quanto à produção vegetal e, conseqüentemente, à produção animal (MARTUSCELLO et al., 2007). A busca por cultivares melhor adaptadas e mais produtivas é a base do sucesso do setor primário. No processo de melhoramento de forrageiras tropicais no Brasil, uma das fases é o teste de adaptação às diferentes regiões brasileiras, visando identificar os melhores genótipos em cada uma.

Para identificar os genótipos que se destacam em determinada região são necessárias avaliações periódicas, por meio de cortes, de modo a mensurar o comportamento dos mesmos para as diversas características fenotípicas de interesse, podendo-se estimar a variabilidade e a repetibilidade das variáveis na população em avaliação. A determinação do número de cortes necessários para garantir a seleção de genótipos superiores é um dos desafios a ser vencido (CARGNELUTTI FILHO et al., 2004).

A cultivar comercial mais tradicional de *P. maximum* no Brasil foi a Colômbio que juntamente com a Sempre-verde foram destaque na formação das primeiras pastagens cultivadas (DIAS-FILHO, 2016). Segundo Veloso (2012), durante muito

tempo, a cultivar Colonião foi considerada a melhor na engorda de bovinos no Brasil central, mas o desconhecimento sobre o manejo adequado dessa espécie e as exigências específicas influenciaram fortemente para a degradação dessas pastagens. De acordo ainda com esse autor, na década de 80, início dos trabalhos de melhoramento genético de *P. maximum*, ressurgiu o interesse de técnicos e pecuaristas pela espécie e, juntamente com a novidade, veio a maior conscientização pela importância do manejo da pastagem e reposição da fertilidade do solo para manutenção das mesmas.

No Brasil, as cultivares de *P. maximum* mais utilizadas são a Tanzânia-1, Mombaça e Massai, que são mais produtivas que o Colonião e tem elevado os índices pecuários brasileiros (VALLE et al., 2009). O Instituto de Zootecnia, em 1989, lançou o IZ-5 mais conhecida como cv. Aruana. Em nome do Instituto Agrônomo de Campinas (IAC) consta as cultivares Centauro, Centenário e Tobiatã. A empresa Matsuda tem registrada as cultivares Áries, Makueni e MG12 Paredão. Recentemente, foram lançadas pela Embrapa a BRS Zuri em 2014, a BRS Tamani em 2015 e BRS Quênia em 2017. No Registro Nacional de Cultivares – RNC do Ministério da Agricultura constam 22 registros para *P. maximum* (MAPA, 2017).

2.1 IMPORTÂNCIA DA ESPÉCIE *Panicum maximum*

Esta espécie forrageira é de grande destaque no setor pecuário devido à sua prolificidade, sua adaptação às diferentes condições climáticas e edáficas, alta palatabilidade, qualidade da forragem, tolerância ao pastejo (PESSIM et al., 2010) e elevada percentagem de folhas (87% para BRS Zuri e 90% para BRS Tamani) (EMBRAPA, 2014; 2015). É a espécie forrageira mais produtiva propagada por sementes no mercado brasileiro, se adapta a diferentes regiões, entretanto, é exigente em fertilidade, que é recompensada com alta produtividade quando da utilização de adubação e manejo adequado (JANK et al., 2008; JANK et al., 2010). A falta de adubação, principalmente nitrogenada, pode causar perdas de produtividade de forragem da ordem de 21 a 52%, podendo alcançar valores de até 68% no segundo ano sem adubação (JANK et al., 2010).

As principais cultivares desta espécie são recomendadas para sistemas intensificados de produção, com manejo do pastejo rotacionado, em solos de média a alta fertilidade e com adubação nitrogenada de manutenção (GOMIDE et al., 2016).

De acordo com Jank et al. (2010), dentre as principais cultivares utilizadas no mercado brasileiro, a produtividade de matéria verde pode variar de 59 a 165 t ha⁻¹ ano⁻¹, a produção de matéria seca de 15,5 a 33 t ha⁻¹ ano⁻¹ e porcentagem de folha de 62 a 82%. O ganho de peso diário médio anual por animal alcançado pelas cultivares Mombaça e Tanzânia-1 variaram de 430 a 470 g (EUCLIDES, 2000), com média na seca de 130 a 140 g e na chuva de 570 a 615 g, com taxa de lotação de 1,0 UA ha⁻¹ na seca e 3,0 UA ha⁻¹ na chuva, totalizando produtividade de peso vivo de 700 a 820 kg ha⁻¹ ano⁻¹ (BARBOSA et al., 2015).

A cultivar BRS Zuri, lançada em 2014, alcançou produção anual de matéria seca de 21,8 t ha⁻¹ ano⁻¹, taxa de lotação de 2,6 e 3,6 UA ha⁻¹, ganho de peso de 520 e 540 g animal⁻¹ dia⁻¹ e produtividade animal de 390 e 500 kg peso vivo ha⁻¹, respectivamente nos períodos de seca e chuva no bioma Amazônia (EMBRAPA, 2014). A cultivar BRS Tamani atingiu produção anual de 15 t ha⁻¹ ano⁻¹ de matéria seca de folha, permitindo taxa de lotação de 1,56 e 3,2 UA ha⁻¹, ganho de peso de 275 e 808 g animal⁻¹ dia⁻¹ e produtividade animal de 84 e 597 kg de peso vivo ha⁻¹, respectivamente nos períodos de seca e chuva, no Distrito Federal (EMBRAPA, 2015).

A qualidade nutricional é destaque nesta espécie e conforme Fernandes et al. (2014), avaliando diversas cultivares, acessos e híbridos no Cerrado brasileiro, encontraram valores médios de 13,5% de proteína bruta, 73% de fibra em detergente neutro, 37% de fibra em detergente ácido e 66% de digestibilidade *in vitro* no segundo ano de avaliação.

Com a atual dificuldade de abertura de novas áreas e a pressão de plantios agrícolas sob as áreas de pastagens, a intensificação da pecuária é essencial e passa pela utilização de espécies responsivas e altamente produtivas, como *P. maximum*.

2.2 MELHORAMENTO DA ESPÉCIE *Panicum maximum*

O melhoramento genético de *P. maximum* é recente, iniciando-se no Brasil em 1982, quando a Embrapa Gado de Corte recebeu da instituição francesa ORSTOM (*Institut Français de Recherche Scientifique pour le Développement em Cooperação*), sua coleção com 426 acessos apomíticos e 417 plantas sexuais (JANK et al., 2008).

Inicialmente, o melhoramento dessa espécie ocorreu com a seleção a partir da variabilidade natural na coleção, selecionando os melhores encontrados entre os 426

genótipos apomíticos. Segundo Ematne (2016), essa coleção foi avaliada e os melhores genótipos permitiram o lançamento de quatro cultivares (Tanzânia-1, Mombaça, Massai e BRS Zuri). Esse método é o mais simples e rápido, mas é finito, visto que se baseia apenas na avaliação da capacidade adaptativa de materiais coletados na natureza (VALLE et al., 2009).

Dessa forma, o avanço no desenvolvimento de cultivares diferenciadas em *P. maximum*, está no processo de cruzamento de plantas sexuais tetraploidizadas com apomíticas. Esse modo reprodutivo por apomixia em *P. maximum* está ligado a um gene dominante (SAVIDAN, 1983), onde as progênes têm 50% de chance de serem apomíticas quando cruzadas com plantas sexuais, assim fixando o genótipo, sendo facilmente reproduzida e podendo entrar nos ensaios de seleção (VALLE et al., 2009). A obtenção desses híbridos intraespecíficos tem sido a estratégia para obter novos genótipos e aumentar a oferta de cultivares no mercado desta forrageira, isso porque, segundo Jank et al. (2008), torna-se fundamental a diversificação das pastagens com forrageiras mais adaptadas e competitivas para atenuar os problemas causados pelo monocultivo.

2.2.1 Apomixia no melhoramento de *Panicum maximum*

A espécie *P. maximum* apresenta indivíduos que se reproduzem de forma sexuada e assexuada, sendo esta última por apomixia. A apomixia é um método de reprodução vegetativo por sementes, já que o embrião não é fecundado e todas as sementes formadas são clones da planta mãe (JANK et al., 2008; JANK et al., 2010).

A apomixia nesta espécie, assim como em outras gramíneas forrageiras, é uma combinação de uma aposporia seguida de uma partenogênese (SAVIDAN, 1982). Na aposporia, uma célula somática (célula do nucelo) se desenvolve, enquanto os gametas reduzidos se degeneram. Os sacos apospóricos se distinguem facilmente pela estrutura em comparação ao resultado de processos sexuais normais. Os apospóricos apresentam apenas quatro núcleos (uma oosfera, duas sinérgides e um núcleo polar) e os sexuais, oito núcleos (uma oosfera, dois núcleos polares, duas sinérgides e três antípodas) (JANK et al., 2010).

Os genótipos apomíticos de *P. maximum* são tetraploides ($2n=4x=32$) e os sexuais são diploides ($2n=16$). Assim, para que fosse possível o cruzamento entre os diferentes genótipos, plantas sexuais tiveram a duplicação de seus cromossomos com

colchicina. Dessa forma, as plantas sexuais tetraploidizadas recebem o pólen das plantas apomíticas permitindo a geração de variabilidade (SAVIDAN, 1982).

Por apresentar reprodução apomítica, a presença de genótipos com reprodução sexual no programa de melhoramento dessa espécie foi fundamental. Assim, recentemente, iniciou-se o uso da seleção recorrente para melhorar a população sexual tetraploidizadas que será utilizada na hibridação com acessos apomíticos. Do cruzamento entre genótipos apomíticos e sexuais, a parte da descendência que mantiver a apomixia segue para a seleção de novas cultivares e as plantas sexuais podem ser utilizadas para melhorar a população sexual (EMATNE, 2016).

Dentro dos programas de melhoramento de espécies apomíticas, existe o interesse em manter a característica de reprodução por apomixia por fixar rapidamente o genótipo, facilitar a produção de sementes e possibilitar a formação de pastagens homogêneas. As cultivares BRS Tamani e BRS Quênia foram os primeiros híbridos apomíticos de *P. maximum* registrados e lançados no mercado brasileiro com base nos procedimentos citados anteriormente (JANK et al., 2017).

2.2.2 Objetivos do melhoramento e critérios de seleção em *Panicum maximum*

O melhoramento de forrageiras tem objetivos semelhantes aos das demais culturas. Os principais são o aumento da produtividade e da qualidade, a resistência a pragas e doenças, a produção de sementes de boa qualidade, o uso eficiente de fertilizantes, a adaptação a estresses edáficos e climáticos e capacidade de rebrota. Porém, forrageiras têm o adicional do consumo animal, uma vez que seu valor é mensurado quando convertido em proteína e produtos animais de alto valor agregado, como carne, leite, couro e peles, portanto, de mensuração indireta (VALLE et al., 2009), o que cria mais uma etapa de avaliação no processo de lançamento de novas cultivares.

Na escolha dos melhores genótipos forrageiros, a característica produção de matéria seca de folha é uma das principais, isso porque é de fundamental importância na alimentação dos ruminantes, pois as folhas apresentam melhor qualidade bromatológica e maior digestibilidade em relação ao colmo. Teles et al. (2011), avaliando a produção e composição química da *B. brizantha* cv. MG-4 sob efeito de adubação com NPK encontrou valores médios de proteína bruta 67% maior na folha

em comparação ao colmo. Ribeiro et al. (2012), avaliando a composição bromatológica do capim Coastcross (*Cynodon dactylon*) em consórcio e sob diferentes níveis de adubação, verificaram que os valores médios para proteína bruta da folha foram 107% maiores que no colmo, para fibra em detergente neutro da folha foram 8% menores que do colmo e para a digestibilidade *in vitro* da matéria seca da folha foram 15% maiores que do colmo.

A seleção com base neste critério torna o processo de melhoramento mais eficiente, pois, ao final, a avaliação de ganho de peso do animal é o principal indicador de uso de determinado genótipo (MARTUSCELLO et al., 2007) e *P. maximum* apresenta grande porcentagem de folhas, com valores acima de 80% (JANK et al., 2010), alcançando 87% para BRS Zuri (EMBRAPA, 2014), 90% para BRS Tamani (EMBRAPA, 2015) e 86% para BRS Quênia (JANK et al., 2017).

Considerando o aspecto de ataque de pragas nas cultivares de forrageiras, este é sempre considerado na seleção dos genótipos. Isso por que o lançamento de genótipos resistentes ou tolerantes é o meio mais barato para se evitar tais problemas. Em forrageiras tropicais são relatados problemas sérios em relação ao ataque de cigarrinhas-das-pastagens, principalmente, em *Brachiaria decumbens* cv. Basilik. De forma geral, as principais cultivares de *P. maximum* são resistentes ao ataque das cigarrinhas-das-pastagens e não tem apresentado grandes problemas (JANK et al., 2010). A cv. BRS Quênia apresentou alto nível de antibiose para as principais espécies de cigarrinhas (*Notozulia entreriana*, *Deois flavopicta*, *Mahanarva fimbriolata* e *Mahanarva* sp) em nível comparado à cv. Tanzânia-1 (JANK et al., 2017). No entanto, embora pouco relatado na literatura (FAZOLIN et al., 2016), tem-se observado o ataque de cigarrinhas do gênero *Mahanarva* em pastagens de Mombaça nos estados do Acre e Rondônia. De acordo com Jank et al. (2017), outro inseto que apresentou problema para *P. maximum* foi o ataque da lagarta desfolhadora Curuquerê-dos-capinzais (*Mocis latipes*) no Acre, com população média de 3,8 lagartas m⁻² na BRS Quênia e 10,8 lagartas m⁻² na cv. Tanzânia-1.

Quanto ao aspecto resistência a doenças, a que tem chamado maior atenção em *P. maximum* é a mancha foliar causada pelo fungo *Bipolaris maydis*. Essa é considerada a principal doença da espécie e tem orientado a seleção dos novos genótipos já que a cv. Tanzânia-1 apresenta suscetibilidade (MARCOS et al., 2015; MARTINEZ et al., 2010). As cultivares BRS Tamani e BRS Quênia apresentaram tolerância intermediária semelhante à cv. Mombaça e superior à cv. Tanzânia-1

(EMBRAPA, 2015; JANK et al., 2017). A cv. BRS Zuri é a que apresenta alto grau de tolerância a essa doença (EMBRAPA, 2014).

Outro objetivo importante observado no melhoramento de *P. maximum* é aumentar a produção de sementes de alta qualidade, isso porque todos os esforços dispensados no melhoramento são oferecidos aos produtores por meio das sementes das forrageiras. Mesmo que exista outras formas de propagação, o uso das sementes é facilitador e preferível na implantação, renovação e recuperação das pastagens. Assim, a característica produção de sementes com qualidade recebe atenção especial. Além do mais, produzir sementes de *P. maximum*, igualmente para a maioria das gramíneas forrageiras tropicais, é tarefa difícil devido à floração muito heterogênea, maturação irregular das sementes e o desprendimento fácil das sementes das panículas (TORRES et al., 2009).

No melhoramento dessa espécie, além das variáveis já mencionadas, várias frentes de pesquisa ocorrem buscando identificar potencialidades que auxiliem o setor agropecuário e os programas de melhoramento. Dentre eles, pode-se destacar a seleção de genótipos tolerantes ao sombreamento para utilização dessa forrageira em sistemas silvipastoris (VICTOR et al., 2015); resistência ou tolerância dos híbridos ao fungo *Bipolaris maydis* considerado a principal doença (MARCOS et al., 2015); número mínimo de cortes e em qual estação é possível obter sucesso na seleção dos melhores híbridos (BRAZ et al., 2015; MARTUSCELLO et al., 2015); resposta à produção de matéria seca ao uso de fósforo e calcário identificando genótipos com melhor resposta e aqueles menos exigentes (BRAGA et al., 2014); identificação de genótipos tolerantes a solos mal drenados (SILVA et al., 2009); entre outros.

2.2.3 Etapas do melhoramento de *Panicum maximum*

Os programas de melhoramento de forrageiras tropicais são divididos em diversas etapas: geração da variabilidade, seleção agrônômica e bromatológica dos genótipos; ensaio multilocal visando avaliar adaptação e desempenho; ensaio sob pastejo; e multiplicação e comercialização de sementes. De maneira mais detalhada, no melhoramento de *P. maximum*, pode-se descrever as etapas seguintes (JANK et al., 2008; JANK et al., 2014; VALLE et al., 2009):

Disponibilidade de germoplasma – os acessos presentes no banco de germoplasma coletados na natureza foram caracterizados para o modo reprodutivo,

nível de ploidia, diversidade genética, marcadores moleculares, entre outros.

Acessos apomíticos e sexuais – os genótipos apomíticos (tetraploides) são avaliados em pequenas parcelas para variáveis agronômicas, presença de pragas e doenças, produção de sementes e valor nutritivo. Os sexuais (diploides) sofreram duplicação cromossômica para serem cruzados com os genótipos apomíticos. As plantas sexuais tetraploidizadas são então usadas no programa de seleção recorrente recíproca e em cruzamentos com os apomíticos elite ou mesmo outros sexuais. Dos cruzamentos são obtidos até 2000 híbridos em cada caso, sendo que os apomíticos mais vigorosos seguem para a próxima fase.

Fase I – nessa fase, os acessos mais vigorosos ou os melhores híbridos gerados (100 a 200 genótipos) são melhor avaliados (com repetições) sob cortes com base também em outras características que não foram avaliadas na fase anterior, como produção de sementes, sob estresses abióticos e bióticos, resposta à adubação e outros.

Fase II – também conhecida como avaliação multilocal ou ensaios regionais, onde os melhores genótipos selecionados (20 a 25) são avaliados sob cortes por pelo menos dois anos visando, principalmente, verificar a adaptação e desempenho em diferentes condições edafoclimáticas. Após a seleção de menor número de genótipos (8 a 10), também realizada em vários locais, os genótipos são testados para condições específicas como tolerância a solos mal drenados, baixa luminosidade para uso em sistemas silvipastoris, entre outras.

Fase III – poucos genótipos (1 a 3) são avaliados em experimentos maiores denominados VCU (valor de cultivo e uso) sob corte e sob pastejo para determinar o desempenho animal individual e por área e a resistência da planta sob pisoteio.

Registro e proteção – confirmada a superioridade, os genótipos são identificados, registrados, protegidos e realiza-se o marketing para lançamento como cultivar.

O processo geral leva de 8 a 10 anos, uma vez que cada fase dura pelo menos dois anos de avaliação e um ano entre elas para a multiplicação das sementes (JANK et al., 2014). Mas, o intervalo entre o lançamento das novas cultivares não ocorre a cada 10 anos, pois após o início do processo, existem sempre genótipos em cada fase de avaliação e funciona como uma linha de produção (VALLE et al., 2009).

Analisando todo o processo é possível resumir que nas primeiras fases do melhoramento busca-se maior produtividade de matéria seca de folha, rápida rebrota,

resistência a doenças e pragas, boa qualidade bromatológica, boa adaptação às condições edafoclimáticas, em especial àquelas não favoráveis à produção vegetal como acidez, baixa fertilidade, seca e encharcamento do solo. Nas fases seguintes avalia-se a produção animal e a persistência das pastagens.

O lançamento de novas cultivares dessa espécie vem fortalecer e aumentar a segurança ao setor produtivo de carne e leite, isso porque, segundo Valle et al. (2009), grande parte das pastagens brasileiras encontram-se estabelecidas com pequeno número de cultivares diferentes e essas de reprodução apomítica, representando extensos monocultivos clonais pouco diversificados e altamente vulneráveis geneticamente.

2.3 USO DA METODOLOGIA DE MODELOS MISTOS VIA REML/BLUP NO MELHORAMENTO DE PLANTAS FORRAGEIRAS

O melhoramento genético de plantas envolve técnicas de avaliação genética com base na predição de valores genotípicos e estimação dos parâmetros genéticos. Para predizer esses valores e definir os métodos de seleção é preciso conhecer os componentes de variância. Para que a seleção seja eficiente e acurada, os parâmetros genéticos precisam ser estimados com a maior precisão e acurácia possíveis (SANTOS, 2009).

Segundo Resende (2000), para o melhoramento genético de plantas perenes faz-se necessário o uso de técnicas de avaliação genética que permitam a predição dos valores genéticos aditivos e genotípicos dos candidatos à seleção permitindo uma escolha mais acurada. Essas técnicas são relevantes no melhoramento intrapopulacional e interpopulacional visando a utilização de híbridos heteróticos. Ao final, a avaliação dos genótipos forrageiros em experimentos de campo possui dois objetivos principais, que são inferir sobre os valores genotípicos e ranquear os materiais com base nesses valores (RESENDE et al., 2008).

A análise estatística dos dados em melhoramento de forrageiras envolve muitas vezes experimentos em ensaios regionais em vários locais e com várias medições ao longo do tempo. O primeiro método de análise para esse tipo de dados iniciou-se com Fisher (Anova), que possibilitou ganhos no melhoramento de plantas. Entretanto, a sua estatística baseada na análise de variância apresentou grande desvantagem para o melhoramento genético na comparação dos genótipos por fazer inferência nas

médias fenotípicas (Resende et al., 2008).

Outro problema do uso da Anova em experimentos de melhoramento de plantas, em especial as forrageiras perenes, é quando envolve o uso de dados desbalanceados, medidas repetidas no tempo e conseqüentemente a dependência dos erros, que no caso da Anova é preciso que sejam independentes. Conforme Duarte e Vencovsky (2001), a ocorrência de desbalanceamento não planejado ou o uso de delineamentos não ortogonais (blocos incompletos balanceados ou parcialmente balanceados ou aumentados) é comum nas fases iniciais do melhoramento, quando se tem muitos genótipos em avaliação, o que pode gerar classificações genotípicas diferenciadas. Assim, como alternativa aos problemas encontrados com a análise de variância surge a metodologia de modelos mistos (RESENDE et al., 2008).

A metodologia de modelos mistos reúne diversos modelos estatísticos e recebe este nome por que agrega efeitos aleatórios e fixos (exceto a constante μ que é sempre fixa e o erro que é sempre aleatório) no mesmo modelo (CAMARINHA FILHO, 2003). Mas, a decisão na escolha de um efeito fixo ou aleatório não é óbvia e para tal é necessário analisar várias questões (DUARTE, 2000). Segundo Camarinha Filho (2003), dentro de um modelo misto de determinado experimento os fatores podem ser classificados em função do interesse do pesquisador. Se for considerado fixo, o interesse será estimar e testar hipóteses sobre combinações lineares dos níveis do mesmo. Caso o efeito seja aleatório, o interesse residirá na estimação de componentes de variância e covariância associada a esse fator, já que seus níveis são considerados como uma amostra aleatória de certa população que se deseja avaliar.

Para Piepho (1994), a escolha não é pessoal, mas sim se os níveis do fator assumidos advêm de uma distribuição de probabilidades. Segundo o mesmo autor, no caso dos blocos, se esses podem ser considerados como amostra de uma população, esse poderia ter efeito aleatório, mas raramente pode-se assumir com propriedade, já que seria difícil definir o limite geográfico dessa população. Ainda que os blocos possam ser assumidos como uma amostra da população, é difícil definir que seja uma amostra aleatória. Os blocos também são sistematizados, o que contraria a aleatorização. Definir blocos como fixo confinaria a população apenas a este experimento. O mesmo autor admite a dificuldade dessa escolha e sugere reduzir a inferência dos resultados e adotar o bloco como fixo.

No caso do efeito para os tratamentos (genótipos), de acordo com Resende et al. (2008), a relevância maior está na escolha dos estimadores/preditores mais acurados e de mínimo erro quadrático médio. Assim, os estimadores do tipo *shrinkage*, que não assumem aleatoriedade, mas propiciam, com o aumento do número de tratamentos, uma transição natural de efeito fixo para completamente aleatório, são os mais indicados. Dessa forma, a metodologia BLUP (*Best Linear Unbiased Prediction*), traduzido, Melhor Predição Linear Não Viesada, é a melhor escolha pela facilidade de implementação e por ser estendida para casos não balanceados.

O BLUP é atualmente o mais utilizado para predição dos efeitos aleatórios de um modelo de análise com modelo misto. Esse processo envolve montar e solucionar equações para cada efeito de ambiente e para cada indivíduo a ser avaliado (CANDIDO, 2009). O procedimento BLUP ajusta os dados para os efeitos ambientais identificáveis (bloco, ano de medição, local de plantio, dentre outros) e, simultaneamente, prediz os valores genéticos dos indivíduos (RESENDE, 2002).

Para a predição de valores genéticos é necessário o conhecimento dos parâmetros genéticos populacionais (HENDERSON, 1984), o que na prática não se conhece. Dessa forma, esses precisam ser estimados com a maior precisão possível para que possam substituir corretamente os valores paramétricos (DIAS; RESENDE, 2001). O procedimento recomendado para estimação dos parâmetros genéticos é o Método da Máxima Verossimilhança Restrita – REML (*Restricted Maximum Likelihood*). Este método é eficiente no estudo das várias fontes de variação associadas à avaliação de experimentos de campo, permitindo desdobrar a variação fenotípica em seus vários componentes genéticos, ambientais e de interação genótipo x ambiente (STURION; RESENDE, 2010).

A metodologia de modelos mistos por meio do método REML/BLUP implementou modificações na estimação dos parâmetros genéticos, onde anteriormente, pelo método dos quadrados mínimos, as covariâncias eram estimadas e interpretadas pelas suas esperanças matemáticas, gerando os componentes de variância que precisavam primeiramente atender aos pressupostos de aditividade do modelo, distribuição normal dos dados, independência e homogeneidade. Por meio do REML/BLUP, os componentes de variância do modelo linear misto podem ser estimados diretamente no conjunto de dados (FRITSCH NETO, 2008).

A utilização dessa metodologia tem se tornado possível devido à sua

implementação em sistemas estatísticos-computacionais pois requerem soluções interativas a partir de algoritmos, já que se baseiam fortemente em álgebra linear numérica visando a obtenção da solução interativa das equações de modelo misto (obtenção do BLUP) e no cálculo numérico para a maximização/minimização de funções de várias variáveis visando a obtenção das estimativas REML (RESENDE, 2000). Nos cálculos, os componentes de variância interagem nas equações de modelo misto do BLUP até a convergência para um valor adequado. Na maioria das vezes, a estimação dos componentes de variância e a predição de valores genéticos são realizados, simultaneamente, pelo procedimento REML/BLUP (Resende, 2002).

O método REML/BLUP é uma ferramenta flexível para a estimação de parâmetros genéticos e apresenta as seguintes vantagens (DIAS; RESENDE, 2001):

- pode ser aplicado a dados desbalanceados;
- permite utilizar, simultaneamente, grande número de informações, provenientes de diferentes gerações, locais e idades, gerando estimativas mais precisas;
- não exige dados obtidos sob estruturas rígidas de experimentação, podendo ser aplicada a dados obtidos normalmente nos programas de melhoramento, os quais não precisam estar associados a delineamentos, bastando que se tenha informações sobre a genealogia dos indivíduos;
- pode permitir a estimação dos efeitos de dominância e epistáticos, além dos aditivos, pois utiliza maior número de relações de parentesco;
- permite a estimação da acurácia seletiva e do intervalo de confiança do valor genético predito de cada indivíduo;
- permite o ajuste de vários modelos alternativos, podendo-se escolher o que melhor se ajusta aos dados, e ao mesmo tempo é parcimonioso (apresenta menor número de parâmetros);
- permite o desenvolvimento de programas nacionais de avaliação genética, onde os indivíduos pertencentes a diferentes programas de melhoramento podem ser comparados, fato que permite ordenamento único para cada país, ou melhor, ordenamentos para cada ambiente, mas contendo todos os indivíduos em avaliação no país, mesmo aqueles que não estão sendo avaliados diretamente no específico ambiente. Esta última vantagem permite elevar a taxa global de melhoramento da espécie.

Em melhoramento de forrageiras, essa metodologia já está presente em

diversas publicações como Assis et al. (2008), selecionando genótipos de amendoim forrageiro para produção de biomassa, Lédo et al. (2008), estimando repetibilidade para caracteres forrageiros em *Panicum maximum*, Figueiredo et al. (2012), selecionando progênies de *Brachiaria humidicola*, Fernandes et al. (2014), estudando a produção de forragem e valores nutritivos de genótipos de *P. maximum* no cerrado, Simeão et al. (2016), na avaliação e seleção de *Brachiaria ruziziensis*, entre muitos outros.

2.4 ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS E ÍNDICE DE SELEÇÃO EM *Panicum maximum*

O melhoramento de *P. maximum* no Brasil é um processo recente quando comparado à outras espécies agrícolas e são poucos os estudos publicados na literatura. O conhecimento dos parâmetros genéticos é importante para a tomada de decisão na escolha das estratégias e o destino do programa de melhoramento (JANK et al., 2008).

Uma ferramenta importante no melhoramento genético são as estimativas de herdabilidade, que expressam a acurácia do processo seletivo e a confiabilidade com que os fenótipos representam os genótipos, dessa forma, determinando os ganhos com seleção e constituindo um dos principais parâmetros genéticos (NEGREIROS, 2006). Características com maiores coeficientes de herdabilidade respondem rapidamente à seleção, com isso, a escolha do melhor método de seleção pode ser auxiliada pela estimativa do coeficiente de herdabilidade (MARTUSCELLO, 2007). Para espécies que se reproduzem por apomixia, a herdabilidade no sentido amplo, normalmente maior que a herdabilidade no sentido restrito é de grande interesse para os melhoristas, pois todos os tipos de ação e interação gênica são usualmente explorados (BUENO et al., 2006).

As pastagens são cultivadas com o intuito de se manterem produtivas por muito anos. Dessa forma, as espécies forrageiras utilizadas são plantas perenes que estão constantemente produzindo e sendo consumida sua biomassa. Assim, na escolha de determinado genótipo como uma nova cultivar, espera-se que a superioridade observada continue por longo período em diferentes e constantes colheitas. Para comprovar esse potencial são realizadas avaliações sucessivas de uma mesma característica no mesmo indivíduo durante determinado tempo, no mínimo dois anos para forrageiras, uma vez que, espera-se a superioridade inicial do indivíduo

mantenha-se ao longo das medições, respeitadas as condições ambientais das estações do ano. Isto é verificado pelo coeficiente de repetibilidade da característica estudada. Estatisticamente é a correlação entre as medidas obtidas no mesmo indivíduo tomadas ao longo do tempo ou do espaço (CRUZ et al., 2012).

A repetibilidade também expressa a proporção da variância total que ocorre devido às variações proporcionadas pelo genótipo e alterações atribuídas ao ambiente (CARGNELUTTI FILHO et al., 2004). Segundo os mesmos autores, esse parâmetro expressa o valor máximo que a herdabilidade pode atingir, pois representa a proporção da variância fenotípica que é atribuída às diferenças genéticas, confundidas com os efeitos permanentes que atuam no genótipo. Dessa forma, o número de cortes necessários para prever o valor real do indivíduo é aquele em que os efeitos temporários do ambiente sobre o caráter tendem a se cancelarem.

Quando a repetibilidade apresenta baixos valores ($<0,30$; RESENDE, 2002), é necessário um grande número de avaliações para se alcançar valor de determinação satisfatório (acima de 80%; RESENDE, 2002). Por outro lado, quando uma determinada característica apresenta alta repetibilidade ($>0,60$; RESENDE, 2002), há indicativo de pouco ganho em acurácia com o aumento do número de medidas repetidas. Ao aumentar o número de medidas tomadas para determinada característica, diminui-se a variância temporária causada pelo ambiente e reduz-se também a variância fenotípica, melhorando o coeficiente de repetibilidade. Ressalta-se que, quando a variância ambiental temporária é baixa e a repetibilidade é alta, o aumento no número de tomada de dados pouco acrescentará na melhoria da inferência do valor genotípico do indivíduo. No entanto, se o valor da repetibilidade é baixo, aumentando o número de avaliações, haverá aumento do valor (MARTUSCELLO et al., 2007).

Para *P. maximum*, diversos trabalhos sobre repetibilidade e herdabilidade estão publicados. Resende et al. (2004), realizando análise biométrica de progênies tetraploides de *P. maximum* oriundas do cruzamento de cinco acessos apomíticos e três sexuais, usando modelos mistos, verificaram, pelos efeitos de dominância das características de produção de matéria seca, que a melhor estratégia de melhoramento é explorando a heterose. Esses mesmos autores encontraram baixa magnitude para os valores de herdabilidade no sentido amplo (0,14-0,20) e para repetibilidades individuais (0,15-0,20), sendo que após três anos de avaliação não justificam a continuidade das avaliações devido ao baixo incremento.

Martuscello et al. (2007) avaliaram a repetibilidade de caracteres agrônômicos

em híbridos de *P. maximum* colhidos de 10 plantas sexuais que receberam pólen naturalmente de acessos apomíticos. Pelos métodos da análise de variância, componente principais e análise estrutural obtiveram, após cinco cortes, coeficientes oscilando entre 0,51 e 0,86 para todas as características avaliadas. Estes foram considerados altos, assim como os coeficientes de determinação (83,96 a 96,88%), concluindo que os cinco cortes são suficientes para escolha dos melhores genótipos. Os autores também observaram que as estimativas dos coeficientes de repetibilidade pelo método da análise de variância foram quase sempre menores que as obtidas pelos demais métodos. Mesmo assim, as estimativas obtidas pelas quatro metodologias comprovaram acurácia e alta regularidade da superioridade dos indivíduos.

Como já mencionado, a repetibilidade permite obter o número mínimo de avaliações para inferir com confiança nos resultados. Esses resultados são variados nas publicações e dependentes dos coeficientes de determinação empregados, mas auxiliam nas tomadas de decisões de experimentos futuros. Cargnelutti Filho et. al (2004), estudando a repetibilidade de caracteres forrageiros em cinco genótipos de *P. maximum* com e sem restrição à luz solar verificaram que oito avaliações são suficientes para inferir com 80% de confiança em todas as variáveis analisadas.

Com o mesmo objetivo, Braz et al. (2015) concluíram que seis cortes seriam necessários para a seleção acurada dos genótipos com 85% de coeficiente de determinação com relação às variáveis matéria seca de folha, porcentagem de folha e incidência de *Bipolaris maydis* em uma população de 320 híbridos.

Lédo et al. (2008) concluíram que 10 cortes permitem a seleção com 85% de confiabilidade para a maioria das características de produção analisadas (produção de matéria verde de forragem, produção de matéria seca total e folha, porcentagem de folha e altura das plantas) na avaliação de 23 diferentes genótipos de *P. maximum*.

Outra importante análise a ser realizada é a correlação genética entre as variáveis obtidas, pois segundo Cedillo et al. (2008), esta é de natureza hereditária e assim de grande importância para o melhoramento vegetal. O conhecimento da associação entre os caracteres traz grande auxílio no melhoramento, em especial quando a seleção em um deles é difícil, em razão da baixa herdabilidade ou problemas de medição e identificação (CRUZ et al., 2012).

A correlação varia de -1 a 1 e é positiva quando as duas variáveis seguem na mesma direção e negativa quando em direções opostas. A correlação alta (>0,66, segundo Resende (2015)) na comparação de dois caracteres indica que a alteração

em uma variável, via seleção, promove alterações significativas na outra na forma de resposta correlacionada, podendo ser na mesma direção ou opostas (correlações negativas). Contudo, um coeficiente de correlação igual a zero não significa falta de correlação entre as duas variáveis, mas apenas a ausência de relação linear entre elas (CRUZ et al., 2012).

O conhecimento das correlações é importante para a seleção indireta e de multicaracterísticas (BASSO et al., 2009). Estes últimos autores encontraram, na avaliação de acessos de *B. brizantha*, correlação positiva alta entre os caracteres acúmulo de matéria seca total com matéria seca de folhas. Esse resultado possibilita a seleção indireta entre essas variáveis e também o possível descarte da variável de maior dificuldade de obtenção nos próximos experimentos visando economia de recurso e tempo. No entanto, de acordo com Cruz et al. (2012), é preciso ter cuidado no uso das correlações na seleção indireta caso um caráter correlacionar-se negativamente com alguns e positivamente com outros, podendo causar mudanças indesejáveis.

Após a realização dos cortes, estimação dos parâmetros genéticos e obtenção dos valores genotípicos para as diversas variáveis, o melhorista precisa selecionar os genótipos de interesse. Para aumentar a possibilidade de sucesso no programa de melhoramento, a seleção simultânea de características de importância econômica se faz necessário (CRUZ et al., 2012). Essa não é uma tarefa fácil, ainda mais quando se têm inúmeras variáveis e estas apresentam correlação desfavorável. Um exemplo dessa dificuldade é o que ocorreu entre as variáveis de produção de matéria seca e os seus valores bromatológicos, obtidos por Matias et al. (2016), em híbridos de *Brachiaria decumbens*. A correlação negativa entre produção de matéria seca e digestibilidade dificulta o aumento simultâneo dessas duas características de interesse na população avaliada.

Dessa forma, para auxiliar a escolha dos genótipos, o uso dos índices de seleção torna-se importante. Essa ferramenta permite combinar as múltiplas informações de modo que seja possível a seleção simultânea com base em um complexo de variáveis que reúna vários atributos de interesse econômico já que a seleção com base em uma, ou poucas características, tem se mostrado inadequado (CRUZ et al., 2014).

Existem várias propostas de índices de seleção descritos na literatura (CRUZ et al., 2012). Dentre eles destacam-se o índice com base na soma de postos (ou ranks) proposto por Mulamba e Mock (1978), e o índice livre de pesos e livre de

parâmetros (ou índice multiplicativo) proposto por Elston (1963). Estes dois índices apresentam como vantagens a dispensa da necessidade de estimar as variâncias e covariâncias fenotípicas e genotípicas, e de estabelecer pesos econômicos relativos aos vários caracteres (CRUZ et al., 2012; CRUZ et al., 2014).

O índice com base na soma de postos é realizado a partir do ranqueamento dos genótipos para cada variável, na ordem favorável à seleção. Após a classificação são somadas as posições de cada material nas diferentes variáveis. O valor da soma de cada genótipo é então ranqueado em ordem crescente. Os primeiros colocados são os melhores por esse índice (MULAMBA, MOCK, 1978).

O índice livre de pesos e parâmetros consiste em estabelecer um valor mínimo desejado para as características, subtraindo o valor médio de cada genótipo do valor de referência. Aqueles com valor abaixo do estabelecido terão resultado nulo. Após realizar tal procedimento para todas as variáveis estas são multiplicadas e o valor final ranqueado. Todos aqueles genótipos que para alguma característica tiverem sua média fora do padrão determinado terá seu valor final zerado (ELSTON, 1963). Esse índice também é denominado de multiplicativo pois é aplicado da seguinte forma (CRUZ et al., 2012):

$$I = \omega_1 \omega_2 \omega_3 \dots \omega_n,$$

onde I = índice livre de pesos e parâmetros e;

$$\omega_j = x_j - k_j,$$

em que x_j = valor médio predito do indivíduo j ; k_j = valor mínimo estabelecido.

O índice multiplicativo foi utilizado com sucesso por Assis et al. (2008) na seleção de genótipos de amendoim forrageiro para cobertura de solo e produção de biomassa aérea com a modificação no uso de valores genotípicos ao invés dos fenotípicos. Freitas et al. (2013) destacaram sucesso no ganho genético com o uso do índice por soma de postos na seleção de progênies de milho-pipoca, em avaliação realizada por uma safra em dois locais no Rio de Janeiro.

Vasconcelos et al. (2010) objetivando comparar diferentes critérios de seleção no ganho genético em genótipos de alfafa, concluíram que os índices de Mulamba e Mock e Elston estão entre os mais adequados nesse tipo de estudo.

3 CAPÍTULO I

ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM HÍBRIDOS DE
Panicum maximum NO BIOMA AMAZÔNIA

RESUMO

O lançamento de cultivares superiores de *Panicum maximum* têm auxiliado no sucesso da pecuária brasileira. O desenvolvimento de novas cultivares depende das estratégias estabelecidas pelo programa de melhoramento genético dessa espécie. A estimação dos parâmetros genéticos é fundamental para se conhecer a natureza e o controle dos caracteres de interesse. Assim, objetivou-se com este trabalho estimar os parâmetros genéticos para caracteres agronômicos e bromatológicos em híbridos intraespecíficos de *P. maximum*, avaliados no bioma Amazônia, considerando duas diferentes estações climáticas. O experimento foi implantado em dezembro de 2012 no campo experimental da Embrapa Acre, em delineamento de blocos ao acaso com quatro repetições. Foram avaliados 20 híbridos, oriundos da Embrapa Gado de Corte, e as cultivares Tanzânia-1 e Mombaça, como testemunhas. Realizaram-se 16 cortes entre 2013 e 2015, sendo 11 no período de chuva e 5 na seca. Avaliaram-se 10 variáveis agronômicas e 4 bromatológicas. Os dados foram analisados pela metodologia de modelos mistos via REML/BLUP. Houve variabilidade para todas as variáveis ($p < 0,05$), exceto proteína bruta da lâmina foliar. As herdabilidades individuais no sentido amplo apresentaram de baixa a moderada magnitudes. Não houve expressivas diferenças nos parâmetros entre as análises por época do ano e a conjunta, permitindo também a seleção na seca. As repetibilidades individuais foram de baixas a moderadas, mas permitem inferir sobre o real valor dos genótipos com confiabilidade de 80% para as variáveis agronômicas com as avaliações realizadas. Houve correlações significativas e de alta magnitude que possibilitam a seleção indireta entre rebrota e porcentagem de folha na análise conjunta e produção de matéria seca total e de folha na estação seca. Existe variabilidade genotípica que permite obter sucesso na seleção de híbridos de *P. maximum* no bioma Amazônia.

Palavras-chaves: Forrageira tropical. Melhoramento genético. Modelo misto.

ABSTRACT

The release of superior cultivars of *Panicum maximum* has helped in the success of the Brazilian livestock industry. The development of new cultivars depends on the strategies established by the breeding program. The estimation of the genetic parameters is fundamental to know the nature and the control of the characters of interest. Thus, the objective of this work was to estimate the genetic parameters for agronomic and bromatological characters in intraspecific hybrids of *P. maximum*, evaluated in the Amazon biome, considering two different climatic seasons. The experiment was implemented in December 2012 in the experimental field of Embrapa Acre, in a randomized block design with four replicates. Twenty hybrids from Embrapa Gado de Corte were evaluated with Tanzânia-1 and Mombaça cultivars as controls. Sixteen harvests occurred between 2013 and 2015, 11 in the rainy season and 5 in the dry season. Ten agronomic and four bromatological variables were evaluated. The data were analyzed by mixed model methodology via REML/BLUP. There was variability for all variables ($p < 0.05$), except leaf blade crude protein. Broad-sense individual heritabilities were of low to moderate magnitudes. There were no significant differences in the parameters between the analyses by season of the year and the joint analyses, allowing also for selection in the dry season. The individual repeatabilities were low to moderate, but allowed to infer about the true value of the genotypes with 80% reliability for the agronomic variables with the evaluations performed. There were significant and high magnitude correlations that allow for the indirect selection between regrowth and leaf percentage in the joint analysis and total dry matter and leaf dry matter productions in the dry season. There is genotypic variability that allows to obtain success in the selection of hybrids of *P. maximum* in the Amazon biome.

Key words: Genetic improvement. Mixed model. Tropical forage.

1 INTRODUÇÃO

A pecuária no Brasil é realizada principalmente em pastagens (JANK et al., 2014), o que as tornam extremamente importantes para a economia brasileira. Elas ocupam 220 milhões de hectares (25,83% do território nacional), o que comporta o maior rebanho bovino comercial do mundo e permite ser o maior exportador em toneladas de carne e faturamento (BARBOSA et al., 2015). O efetivo de bovinos alcançou 215,2 milhões de cabeças com contínuo crescimento (IBGE, 2015) e diminuição da área ocupada nos últimos anos devido ao aumento da produtividade (JANK et al., 2014).

Outro movimento importante na pecuária brasileira é a expansão para a região Norte, empurrada pelo deslocamento das fronteiras agrícolas graças ao bom desempenho e lucratividade nas regiões sul, sudeste e centro-oeste. A ocupação com pastagens na Amazônia brasileira já soma 70 milhões de hectares (BARBOSA et al., 2015). Entretanto, o crescimento da pecuária na região Norte não tem sido exclusivamente pelo desmatamento, já que entre 1996 e 2006 o incremento de novas áreas respondeu por apenas 6% do aumento, enquanto que o aumento da taxa de lotação contribuiu com 35%, dos quais, cerca de 65% foi devido à melhoria do desempenho animal (MARTHA JR. et al., 2012).

Considerando esse grande potencial econômico de produção animal a pasto, várias linhas de pesquisa (manejo, nutrição, reprodução) vêm sendo desenvolvidas para corrigir e melhorar a eficiência da cadeia produtiva e, dentre elas, destaca-se o melhoramento genético das plantas forrageiras, visando aumentar a produtividade e diversificar os pastos (BRAZ et al., 2013). A grande maioria das pastagens implantadas são compostas por poucas cultivares de, principalmente, dois gêneros de reprodução apomítica (*Brachiaria* e *Panicum*). Isso cria grandes monocultivos clonais (JANK et al., 2011), fato demonstrado pela produção de sementes das principais cultivares registradas, onde apenas 13 cultivares possuem 97,3% da área de plantio, respondendo por 99% da receita (JANK et al., 2014).

Visando o lançamento de novas cultivares melhoradas, a Embrapa Gado de Corte vem realizando diversos trabalhos de hibridação nos programas de melhoramento de forrageiras tropicais. A espécie *Panicum maximum* Jacq. ganha destaque nesse cenário por ser a espécie mais produtiva propagada por sementes e responder satisfatoriamente à intensificação da pecuária (VALLE et al., 2009).

A avaliação sob cortes, em vários locais, durante dois anos, são etapas do programa de melhoramento da espécie, e a Embrapa Acre participa realizando avaliações no bioma Amazônia, de onde foram obtidos os dados deste trabalho.

Nesta situação, as estratégias de melhoramento são definidas de forma mais eficiente se as estimativas dos parâmetros genéticos forem confiáveis. A obtenção dos parâmetros genéticos é fundamental por permitir identificar a natureza da ação dos genes no controle das variáveis quantitativas e avaliar a eficiência de estratégias de melhoramento para ganhos genéticos e manutenção de uma base genética adequada (CRUZ et al., 2014). De acordo com Jank et al. (2008), os parâmetros genéticos são importantes para a escolha da melhor estratégia de melhoramento a ser usada, quais genótipos serão selecionados e o seu destino dentro do programa de melhoramento, entretanto, os relatos na literatura para *P. maximum* são escassos.

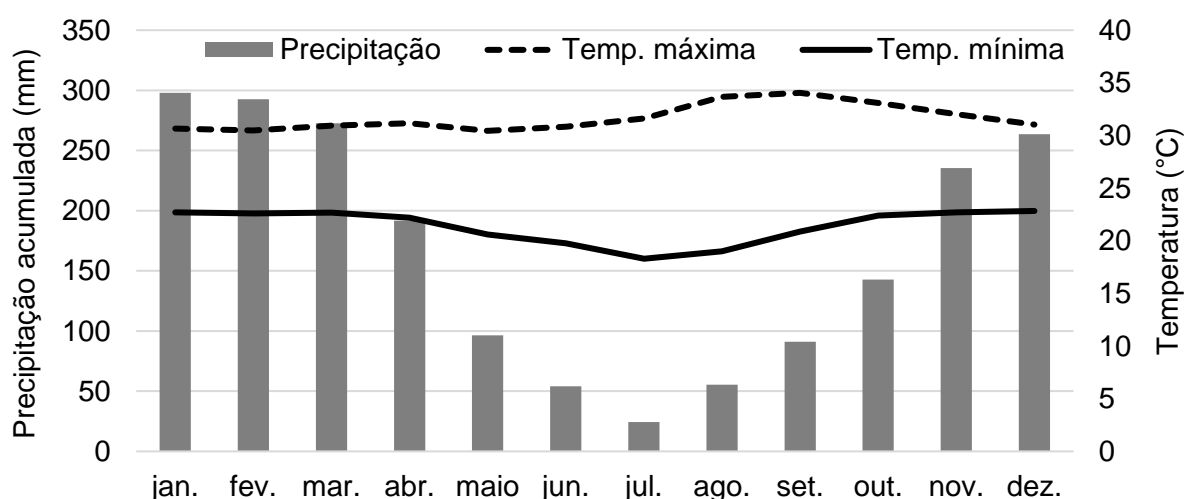
Considerando a experimentação em campo, que naturalmente está ligada ao desbalanceamento dos dados e às medidas repetidas ao longo do tempo de experimentação (plantas perenes), o procedimento ótimo de avaliação genotípica é o REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor previsão linear não viciada), denominado metodologia de modelos mistos (RESENDE et al., 2008).

Objetivou-se com este trabalho, estimar os parâmetros genéticos para caracteres agrônômicos e bromatológicos em híbridos intraespecíficos de *P. maximum*, avaliados no bioma Amazônia, considerando duas diferentes estações climáticas.

2 MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido no Campo Experimental da Embrapa Acre, no município de Rio Branco, Acre, localizado a 10°1' S e 67°42' W (WGS 84), à altitude de 160 m. O clima é do tipo Am2 (quente e úmido) (COSTA et al., 2012), conforme a classificação de Köppen, com temperatura média das máximas de 31,7 °C e das mínimas de 21,4 °C, umidade relativa média de 84,3% e precipitação média anual de 2.018 mm, conforme média dos anos de 2005 a 2015 (INMET, 2016). A região possui duas estações bem definidas, estação chuvosa (outubro a maio) e estação seca (junho a setembro) com distribuição pluviométrica ao longo do ano, conforme Figura 1.

Figura 1 – Precipitação média mensal acumulada e temperatura média das máximas e das mínimas de 2005 a 2015 em Rio Branco, Acre. Fonte: Instituto Nacional de Meteorologia – INMET (2016)



Foram avaliados 20 híbridos intraespecíficos oriundos do programa de melhoramento de *P. maximum* da Embrapa Gado de Corte, que estavam em rede nacional de avaliação (ensaio regional) visando o futuro lançamento de novas cultivares. Estes são filhos das plantas sexuais tetraploidizadas S10 e S12 e das cultivares apomíticas Mombaça e Tanzânia-1 (Tabela 1).

Os genótipos S10 e S12 são oriundos do ORSTOM (*Institut Français de Recherche Scientifique pour le Développement em Coopération*) e foram recebidos juntamente com a coleção de acessos apomíticos em 1982. Foram avaliados visualmente e selecionados na Embrapa Gado de Corte pelo vigor e arquitetura da

planta. Ganham destaque no Programa de Melhoramento pois renderam os maiores números de híbridos nos cruzamentos. Essas plantas apresentam porte médio, até 1,40 m de altura e folhas decumbentes de largura média, em torno de 2,5 cm.

Tabela 1 – Relação dos híbridos apomíticos de *Panicum maximum* avaliados (2013-2015) em Rio Branco, Acre

Cruzamentos	Híbridos
S10 X Tanzânia-1	A51, A62, A78, A105, A124, A125
S10 X Mombaça	B11, B16, B44, B46, B53, B55, B57, B97, B126, C10, C12, C53, C55
S12 X Tanzânia-1	DE6

Para implantação do experimento realizou-se a análise química e física do solo com posterior preparo convencional da área e correção da acidez com a aplicação e incorporação de 0,55 t ha⁻¹ de calcário dolomítico com base no método da elevação da saturação por bases com V₂ = 60%. A adubação de plantio foi realizada com base no resultado da análise química do solo (Tabela 2) onde foram aplicados 60 kg ha⁻¹ de P₂O₅, 40 kg ha⁻¹ de K₂O e 40 kg ha⁻¹ de FTE (*Fritted Trace Elements*). As adubações de cobertura, com a aplicação de 25 kg ha⁻¹ de nitrogênio na forma de sulfato de amônia, foram realizadas após cada corte.

Tabela 2 – Características químicas e físicas do Latossolo Vermelho Distrófico do experimento de *Panicum maximum* em Rio Branco, Acre (2012)

pH H ₂ O	Ca ⁺²	Mg ⁺²	K ⁺	Al ⁺³	Al ⁺³ +H ⁺	P mg dm ⁻³	C g kg ⁻¹
	----- Cmol _c dm ⁻³ -----						
5,52	1,63	0,71	0,18	0,35	2,60	2,30	8,26
SB	CTC (pH7)	CTC Efetiva	V (%)	m (%)	Argila (%)	Silte (%)	Areia (%)
2,52	5,12	2,87	49,25	12,04	18	25	57

O delineamento experimental foi o de blocos completos ao acaso com 4 repetições, com 20 híbridos e mais as cultivares Tanzânia-1 e Mombaça, como testemunhas. As parcelas consistiram de uma linha de 3 metros, espaçadas 1,5 m entre linhas e 1,0 m entre parcelas, sendo considerados 6 m² de área útil. Foram estabelecidas pela semeadura de 1,35 kg ha⁻¹ de sementes puras viáveis a um centímetro de profundidade, em 4 de dezembro de 2012. Todo o experimento foi circundado por bordadura com parcelas de mesma dimensão com a cultivar Tanzânia-1.

O controle de plantas invasoras foi realizado com o herbicida glifosato (4 L ha⁻¹) antes da semeadura e com capinas manuais durante a condução do experimento.

Aos 40 dias após semeadura realizou-se o replantio com mudas dos mesmos genótipos que estavam mantidos em casa de vegetação, cobrindo algumas falhas de germinação. Aos 60, 90 e 120 dias da implantação, procederam-se os cortes de uniformização a 25 cm de altura. Posteriormente, foram realizados 16 cortes com avaliação, durante dois anos (2013 a 2015), e intervalos variados conforme crescimento vegetativo e a época do ano (Tabela 3).

Tabela 3 – Intervalos, datas e época do ano dos 16 cortes realizados em genótipos de *Panicum maximum* em Rio Branco, Acre

Ordem dos cortes	Data dos cortes	Intervalo entre cortes (dias)	Estação do ano
1	14/05/2013	42	Chuva
2	18/06/2013	35	Seca
3	24/07/2013	36	Seca
4	01/10/2013	68	Seca
5	06/11/2013	35	Chuva
6	10/12/2013	33	Chuva
7	22/01/2014	42	Chuva
8	11/03/2014	47	Chuva
9	22/04/2014	41	Chuva
10	03/06/2014	41	Chuva
11	05/08/2014	62	Seca
12	21/10/2014	76	Seca
13	02/12/2014	41	Chuva
14	06/01/2015	34	Chuva
15	11/02/2015	35	Chuva
16	24/03/2015	40	Chuva

As variáveis obtidas antes de cada corte foram altura das plantas, medidas em dois pontos da parcela com auxílio de trena, e ocorrência de mancha foliar, avaliada visualmente atribuindo-se nota de 0 a 5 (0, 1, 3, 6, 13 e 26% de mancha nas folhas), adaptado de Martinez et al. (2010), comparando-se os genótipos conforme a porcentagem de manchas nas folhas. Após o corte, a forragem era colhida e a massa verde da parcela pesada com auxílio de tripé e balança digital. Desta, uma amostra era retirada e transportada ao Laboratório de Bromatologia da Embrapa Acre.

No laboratório, parte da amostra sofreu a separação dos componentes

botânicos em lâmina foliar, colmo + bainha, matéria morta e estrutura reprodutiva. No restante da amostra, o teor de matéria seca foi verificado através da secagem do material em estufa à 55° C por 72 horas. Dessa forma, determinou-se a massa seca dos componentes morfológicos para obtenção da porcentagem de folha (%Folha) e, conseqüentemente, da produção de matéria seca total (PMST) e produção de matéria seca de folha (lâmina foliar) (PMSF), em kg ha⁻¹. Com os valores de PMST e PMSF por corte e com o intervalo entre cortes foram calculadas as relações percentuais de produtividade (taxa de acúmulo de matéria seca total e de folha) entre as estações de seca e chuva para cada genótipo a partir da seguinte equação:

$$R(\%) = (TASi/TACi) 100,$$

em que $TASi$ = taxa de acúmulo médio dos cortes de seca no genótipo i , e $TACi$ = taxa de acúmulo médio dos cortes de chuva no genótipo i , onde:

$$TAi = PMSi/IC,$$

em que PMS = produção de matéria seca no genótipo i , e IC = intervalo entre cortes (dias).

As variáveis de relação percentual entre as taxas de acúmulo de matéria seca total ($R(\%)T$) e de folha ($R(\%)F$) entre os períodos seco e chuvoso, foram propostas de forma a explicitar a distribuição da produtividade ao longo do ano, visando auxiliar a seleção dos genótipos com menor estacionalidade produtiva.

Com base na produção total acumulada ao longo dos 16 cortes, também foi calculada a produção anual de matéria seca total (PMSTA) e de folha (PMSFA) para cada genótipo.

Amostras das lâminas foliares foram enviadas para a Embrapa Gado de Corte para análise bromatológica pela técnica da espectrofotometria de refletância no infravermelho proximal (NIRS) (MARTEN et al. 1985). Essas análises foram realizadas em todos os genótipos nos sete primeiros cortes e obtidos os valores em g kg⁻¹ de proteína bruta (PB), fibra em detergente neutro (FDN), fibra em detergente ácido (FDA) e digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica (DIVMO).

No sétimo dia após o corte das parcelas era realizada a avaliação visual da densidade de rebrota atribuindo-se notas de 1 a 5 (20, 40, 60, 80 e 100% de perfilhos rebrotados) e velocidade de rebrota com notas de 1 a 3 (baixa, média e alta velocidade de rebrota). Com a combinação desses dois valores estabeleceu-se para a variável rebrota uma escala com notas de 0 a 6, conforme utilizado por Basso et al. (2009) e Figueiredo et al. (2012).

Para estimação dos parâmetros genéticos, utilizou-se o método de máxima verossimilhança restrita (REML) e os valores genotípicos foram preditos pelo método da melhor predição linear não-viesada (BLUP), conforme metodologia de modelos mistos, com auxílio do programa Selegen-REML/BLUP (RESENDE, 2016). Procedeu-se, primeiramente, à análise individual de cada corte para verificação da homogeneidade das variâncias residuais pelo teste de Hartley, conforme utilizado por Simeão et al. (2016), com posterior correção dos dados conforme recomendado por Resende et al. (2008). Conforme estes autores, os valores fenotípicos de cada corte são multiplicados por h_{gi}/h_{gm} , onde h_{gi} é a raiz quadrada da herdabilidade no corte i e h_{gm} é a raiz quadrada da média das herdabilidades de todos os cortes, nos casos em que a razão entre a maior e menor variância residual foi maior que três (RESENDE, 2007).

O modelo estatístico utilizado para análise dos cortes individuais foi:

$$y = Xr + Zg + e,$$

em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos), somados à média geral, g é o vetor de efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), e e o vetor de resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Após a correção dos dados, os parâmetros genéticos foram estimados pelo modelo misto linear:

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

onde y é o vetor de dados, m é o vetor dos efeitos das combinações medição-repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de ambiente permanente (parcelas) (aleatórios), i é o vetor dos efeitos da interação genótipos x medições e e é o vetor de resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

As análises foram realizadas com todos os cortes em conjunto e separados por período de chuva e seca. Para separação dos cortes nos períodos de seca considerou-se aqueles realizados entre os meses de junho a setembro e que tivessem o maior número de dias de acúmulo dentro desses meses.

Os parâmetros estimados foram variância genotípica (V_g), variância de ambiente permanente (V_{perm}), variância da interação genótipo x corte (V_{gc}), variância residual (V_e), variância fenotípica (V_f), herdabilidade individual no sentido amplo (h^2_g), coeficiente de determinação dos efeitos de ambiente permanente

(C2perm), coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x corte (C2gc), correlação genotípica dos cortes (rgc), herdabilidade da média de genótipos (h^2_{mg}), acurácia seletiva (Acgen), repetibilidade ao nível de parcela (r) e a correlação simples entre os valores genotípicos preditos.

Para testar a significância dos componentes de variância dos efeitos de genótipos, da interação genótipo x cortes e de ambiente permanente e seus respectivos coeficientes de determinação procedeu-se à análise de deviance (ANADEV), conforme recomendado por Resende et al. (2008).

Após a obtenção do coeficiente de repetibilidade, estimou-se o número mínimo de avaliações necessárias para prever o valor real dos indivíduos, com base no coeficiente de determinação de 80% (RESENDE, 2002).

Para obtenção dos coeficientes de correlação de Pearson e sua significância pelo teste t, utilizou-se os valores genotípicos no Programa Genes (CRUZ, 2013).

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

As variáveis PB e FDA na análise conjunta de todos os cortes, as variáveis bromatológicas na chuva, PB e FDA na seca e rebrota na chuva e seca apresentaram homogeneidade de variância residual entre os cortes. Todas as demais variáveis apresentaram heterogeneidade de variância residual e necessitaram de transformação dos dados. A presença de heterogeneidade na variância residual entre os cortes individuais está presente nas avaliações de forrageiras como relatado também por Figueiredo et al. (2012) e Simeão et al. (2016). Isso ocorre, provavelmente, pelas diferentes condições ambientais a que estão submetidos os genótipos ao longo dos cortes, bem como da herança genética das características relacionadas. Assim, conforme Resende et al. (2008), a transformação dos dados é importante, pois na análise conjunta por REML/BLUP os dados de todas as colheitas são ponderados por uma herdabilidade média dos cortes.

Os componentes de variância genotípica (V_g), de ambiente permanente (V_{perm}) e da interação genótipo x corte (V_{gc}) foram significativos ($p < 0,05$) para todas as variáveis agronômicas na análise conjunta e nos cortes separados por estação (seca e chuva), exceto de ambiente permanente para %Folha (Tabela 4).

Para as variáveis bromatológicas na análise dos sete cortes não houve variabilidade genotípica para PB, de ambiente permanente para FDN e DIVMO e para a interação genótipo x corte apenas FDA não foi significativa ($p > 0,05$). Na análise de chuva, houve variabilidade genotípica para FDN e DIVMO, de ambiente permanente para PB e FDA e de interação apenas para PB ($p < 0,01$). Na seca houve variabilidade genotípica para FDN, FDA e DIVMO, de ambiente permanente para PB e da interação genótipo x corte para DIVMO ($p < 0,05$) (Tabela 4).

A significância obtida pela análise de deviance para as variâncias genotípicas de todas as variáveis agronômicas e para a maioria das bromatológicas (Tabela 4) expressa a existência de variabilidade entre os híbridos avaliados, o que possibilita ganhos com a seleção. Fato não observado para PB, impossibilitando a seleção para aumento do teor dessa variável nessa população. Conforme Jank (1995), essa baixa variabilidade para PB está presente no banco de germoplasma da espécie e não foi critério de seleção dos acessos, visto que todos os valores foram altos, acima de 12% na lâmina foliar e de 7% no colmo. O mesmo ocorreu para DIVMO, que apesar de ter apresentado variabilidade nos acessos, esta foi considerada baixa para ser usada

Tabela 4 – Variância genotípica (Vg), variância de ambiente permanente (Vperm), variância da interação genótipo x corte (Vgc), herdabilidade individual no sentido amplo (h²g), coeficiente de determinação dos efeitos de ambiente permanente (C2perm), coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x corte (C2gc), correlação genotípica dos cortes (rgc), herdabilidade da média de genótipos (h2mg), acurácia seletiva (Acgen), repetibilidade ao nível de parcela (r), média geral do experimento (\bar{X}), maior valor genotípico (MaiorVG) e menor valor genotípico (MenorVG) de 22 genótipos de *Panicum maximum* avaliados (2013-2015) em Rio Branco, Acre

Parâmetros	----- Análise conjunta – 16 cortes -----						--- Análise conjunta – 7 cortes ---			
	PMST	PMSF	%Folha	RB	ALT	MF	PB	FDN	FDA	DIVMO
Vg	37539,2**	35055,6**	17,85**	0,24**	23,77**	0,10**	0,08 ^{ns}	0,71**	0,30**	1,43**
Vperm	37520,1**	21471,9**	0,92 ^{ns}	0,02**	13,83**	0,02**	0,22**	0,06 ^{ns}	0,24**	0,33 ^{ns}
Vgc	48893,1**	32515,3**	31,84**	0,25**	19,96**	0,05**	0,10**	0,27**	0,01 ^{ns}	1,02**
h ² g	0,194**	0,220**	0,194**	0,272**	0,278**	0,410**	0,074 ^{ns}	0,222**	0,123**	0,173**
C2perm	0,194**	0,134**	0,010 ^{ns}	0,023**	0,162**	0,083**	0,195**	0,020 ^{ns}	0,099**	0,040 ^{ns}
C2gc	0,252**	0,204**	0,345**	0,280**	0,233**	0,225**	0,087**	0,085**	0,006 ^{ns}	0,124**
Rgc	0,434	0,519	0,359	0,493	0,544	0,646	0,460	0,724	0,954	0,584
h2mg	0,735	0,805	0,862	0,901	0,822	0,912	0,468	0,844	0,699	0,771
Acgen	0,857	0,897	0,928	0,949	0,906	0,955	0,684	0,919	0,836	0,878
R	0,387	0,354	0,204	0,296	0,440	0,494	0,269	0,242	0,222	0,214
\bar{X}	2339,87	1928,84	82,67	3,26	85,09	0,16	112,13	723,42	432,96	528,69
MaiorVG	2602,74	2186,62	88,90	3,99	91,91	1,07	118,11	739,44	441,94	552,81
MenorVG	1993,65	1588,35	74,65	2,56	77,28	0,01	109,57	708,92	424,05	507,11
Parâmetros	----- Análise de chuva – 11 cortes -----						--- Análise de chuva – 4 cortes ---			
	PMST	PMSF	%Folha	RB	ALT	MF	PB	FDN	FDA	DIVMO
Vg	43089,6**	35531,9**	25,14**	0,29**	29,32**	0,08**	0,04 ^{ns}	0,68**	0,15 ^{ns}	1,89**
Vperm	38979,3**	18451,7**	0,65 ^{ns}	0,02*	15,23**	0,02**	0,19**	0,24 ^{ns}	0,33*	0,32 ^{ns}
Vgc	58260,8**	39157,1**	34,17**	0,27**	17,93**	0,06**	0,14**	0,02 ^{ns}	0,02 ^{ns}	0,40 ^{ns}
h ² g	0,193**	0,198**	0,236**	0,310**	0,311**	0,342**	0,036 ^{ns}	0,210**	0,059 ^{ns}	0,195**
C2perm	0,175**	0,103**	0,006 ^{ns}	0,016*	0,162**	0,097**	0,183**	0,074 ^{ns}	0,128*	0,034 ^{ns}
C2gc	0,262**	0,218**	0,321**	0,297**	0,190**	0,269**	0,133**	0,006 ^{ns}	0,008 ^{ns}	0,042 ^{ns}
Rgc	0,425	0,476	0,424	0,510	0,621	0,559	0,212	0,974	0,874	0,824
h2mg	0,718	0,778	0,853	0,886	0,826	0,861	0,231	0,766	0,409	0,751
Acgen	0,847	0,882	0,924	0,941	0,909	0,928	0,481	0,875	0,640	0,867
R	0,368	0,300	0,242	0,326	0,473	0,438	0,219	0,284	0,186	0,229
\bar{X}	2530,41	1998,89	80,83	3,24	90,69	0,14	103,00	759,11	443,65	558,44
MaiorVG	2856,52	2262,77	87,96	3,99	97,99	0,94	106,22	769,60	448,49	585,32
MenorVG	2198,26	1706,38	71,49	2,56	81,71	0,02	101,57	746,70	438,49	535,64
Parâmetros	----- Análise de seca – 5 cortes -----						--- Análise de seca – 3 cortes ---			
	PMST	PMSF	%Folha	RB	ALT	MF	PB	FDN	FDA	DIVMO
Vg	32879,8**	32192,9**	5,73**	0,15**	19,70**	0,13**	0,09 ^{ns}	0,86**	0,48**	1,16**
Vperm	34605,8**	25517,9**	1,18 ^{ns}	0,08**	11,83**	0,02**	0,32**	0,12 ^{ns}	0,14 ^{ns}	0,33 ^{ns}
Vgc	23041,7**	21879,0**	3,23**	0,11**	15,67**	0,04**	0,10 ^{ns}	0,10 ^{ns}	0,01 ^{ns}	0,87**
h ² g	0,244**	0,264**	0,181**	0,191**	0,303**	0,507**	0,072 ^{ns}	0,271**	0,224**	0,187**
C2perm	0,257**	0,210**	0,037 ^{ns}	0,104**	0,182**	0,075**	0,274**	0,038 ^{ns}	0,063 ^{ns}	0,053 ^{ns}
C2gc	0,171**	0,180**	0,102**	0,140**	0,241**	0,165**	0,081 ^{ns}	0,031 ^{ns}	0,004 ^{ns}	0,141**
Rgc	0,588	0,595	0,640	0,576	0,557	0,754	0,471	0,899	0,981	0,570
h2mg	0,680	0,714	0,739	0,698	0,738	0,887	0,334	0,784	0,746	0,626
Acgen	0,825	0,845	0,860	0,835	0,859	0,942	0,578	0,885	0,864	0,791
R	0,501	0,474	0,218	0,295	0,485	0,581	0,346	0,309	0,288	0,240
\bar{X}	1936,77	1789,15	91,68	3,34	72,30	0,20	124,33	750,89	418,73	524,07
MaiorVG	2192,01	2030,59	95,21	4,02	80,37	1,21	128,08	770,06	429,32	539,71
MenorVG	1604,16	1417,54	88,21	2,79	64,66	0,02	122,45	734,75	407,05	507,84

PMST – Produção de matéria seca total (kg ha⁻¹), PMSF – produção de matéria seca de folha (kg ha⁻¹), % Folha – porcentagem de folha, RB - rebrota (nota de 1 a 6), ALT – altura (cm), MF – mancha foliar (nota 0 a 5) PB – proteína bruta da folha (g kg⁻¹), FDN – fibra em detergente neutro da folha (g kg⁻¹), FDA – fibra em detergente ácido da folha (g kg⁻¹) e DIVMO – digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica da folha (g kg⁻¹). Qui-quadrado tabelado: 3,84 e 6,63 para os níveis de significância de 5% (*) e 1% (**), respectivamente e (^{ns}) não significativo.

como critério de seleção. Essas informações dos acessos, e agora dos híbridos, indicam maior dificuldade para melhoria da qualidade nutricional dessa espécie.

Esse problema também é relatado para outras gramíneas forrageiras. Figueiredo et al. (2012) não obtiveram variância genotípica significativa para PB do caule e Assis et al. (2014) para PB, FDN, FDA e lignina em genótipos de *Brachiaria humidicola*. Os últimos autores indicam a necessidade de estratégias diferenciadas pela busca da variabilidade genética para essas características.

O valor médio de PB encontrado, na análise de chuva (103 g kg^{-1}), está acima do mínimo de 80 g kg^{-1} recomendado para nutrição de ruminantes (LENG, 1990). Apesar dessa variável não apresentar grande preocupação nessa espécie, é desejável o aumento desse teor. Para os genótipos avaliados visando melhorias na qualidade nutricional, é possível a seleção pelas variáveis FDN, FDA e DIVMO que apresentaram variabilidade para a maioria das análises realizadas.

A falta de variabilidade genotípica para a variável PB pode estar relacionada também a problemas na obtenção dessa variável, já que uma pequena amostra era retirada da biomassa da parcela e mesmo com todo cuidado para que essa fosse representativa, o aumento ou diminuição de folhas jovens e velhas na amostragem pode causar aumento do erro experimental. Isso pode ter sido responsável pela moderada acurácia seletiva, já que as demais variáveis obtiveram acurácia de magnitude alta a muito alta, conforme classes estabelecidas por Resende e Duarte (2007), indicando a boa qualidade experimental. A baixa precisão experimental impossibilita que pequenas diferenças entre os genótipos sejam identificadas (CARGNELUTTI FILHO et al., 2012).

A presença de variância de ambiente permanente (V_{perm}) para as variáveis agronômicas e algumas bromatológicas está provavelmente associada à presença de microclima ou condições de solo que favorecem o desenvolvimento das plantas conforme citado por Braz et al. (2013), uma vez que, mesmo com todo o preparo e cuidado para homogeneização, algumas condições fogem ao controle em experimentos de campo.

A variância da interação genótipo x corte (V_{gc}) foi significativa ($p < 0,05$) para todas as variáveis agronômicas em todas as análises (conjunta e por estação), indicando que o ranqueamento dos híbridos não foi uniforme entre os cortes. Conforme Resende et al. (2008), essa situação é problemática para o melhorista. Todavia, esse resultado indica a possibilidade de selecionar genótipos mais

adaptados à determinada época do ano. É importante destacar que mesmo a separação dos cortes por época de chuva e seca não foi suficiente para eliminar essa interação, onde destacaram-se as variáveis PMST, %Folha e RB na análise conjunta e PMST, PMSF e %Folha na análise de chuva onde o coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x corte (C2gc) foi maior que a herdabilidade individual no sentido amplo (h^2g), indicando maior participação da interação na variância fenotípica para essas variáveis. Entretanto, observou-se que na análise de seca o C2gc foi menor que h^2g para todas as variáveis, exceto PB, FDN e FDA que não apresentaram interação significativa, demonstrando a diminuição da interação genótipo x corte nessa época do ano.

Matias et al. (2016) e Mateus et al. (2013) em *Brachiaria decumbens*, Figueiredo et al. (2012) em *B. humidicola* e Léo et al. (2008) em *P. maximum*, também obtiveram significância para a interação genótipo x corte. Esses resultados, segundo os últimos autores, fortalecem a importância de conhecer a influência ambiental e a repetibilidade para determinar o número mínimo de cortes para predição do valor real dos genótipos e posterior seleção.

Os coeficientes de determinação dos efeitos de ambiente permanente (C2perm) apresentaram valores menores que das herdabilidades individuais, exceto para PMST na análise conjunta e de seca, FDA na análise de chuva e PB nas três análises, indicando menor participação da variância de ambiente permanente em comparação à variância genotípica na variância fenotípica, o que é desejável.

Em geral, os valores de herdabilidade individual foram de moderada magnitude, conforme classificação de Resende (2002), alta apenas para MF na seca com o maior valor (0,507) e baixo apenas para FDA (0,123) na análise bromatológica conjunta. Os valores de herdabilidade para produção de matéria seca total e de folha estão próximos aos encontrados por Braz et al. (2013) em ambiente mais seco, indicando consistência nas estimativas. Esse parâmetro genético em sentido amplo reflete a proporção da variância fenotípica dos genótipos devida aos efeitos genotípicos (HOLLAND et al., 2003) e demonstra o grau de dificuldade em melhorar determinadas características.

Apesar das baixas herdabilidades individuais comumente encontradas para caracteres produtivos em forrageiras perenes (RESENDE et al., 2004), maiores valores vêm sendo observados para a espécie, variando de 0,31 a 0,76 para produção de matéria seca de lâminas foliares, porém em condições diversas, como

sombreamento e menor número de cortes em diferentes trabalhos (RESENDE et al., 2008). Além de sofrer influência das condições do meio, a herdabilidade também varia de acordo com a forma de estimação, relacionada ao modelo e arranjos utilizados na análise, bem como dos eventuais desbalanceamentos, frequentes em ensaios com plantas perenes (RESENDE, 2002; HOLLAND et al., 2003).

Para as variáveis bromatológicas, os valores de herdabilidade individual estão abaixo dos apresentados por Matias et al. (2016) na avaliação de híbridos de *B. decumbens* para PB (0,306) e FDN (0,335) na análise conjunta, e acima para DIVMO (0,139). Apesar do mesmo número de cortes, isso se deve ao elevado número de híbridos analisados, mais de mil, o que possibilitou a captação de grande grau de variabilidade e maiores herdabilidades. De maneira geral nas forrageiras tropicais, observa-se menor variação genética para os caracteres bromatológicos em relação aos agrônômicos, assim como constatado por Simeão et al. (2016) para *Brachiaria ruziziensis*, acarretando maior dificuldade de seleção.

A correlação genotípica através dos cortes (rgc) apresentou maior magnitude para as características bromatológicas, exceto PB em todas as análises e DIVMO no período de seca e na análise conjunta. Isso indica menor oscilação entre os genótipos ao longo dos cortes e, mesmo com baixa repetibilidade para essas variáveis, é possível realizar a seleção dos híbridos superiores (MATIAS et al., 2016).

Para as variáveis agrônômicas, os maiores valores para rgc foram obtidos na estação seca, exceto ALT, assim com menor oscilação no ranqueamento dos genótipos no decorrer dos 5 cortes, possivelmente devido à condição de menor disponibilidade hídrica, fator limitador no desenvolvimento das plantas, e menor número de cortes. É importante destacar que a maior coincidência do ranqueamento dos genótipos entre os cortes de seca possibilita a seleção dos mais tolerantes ao déficit hídrico. Para a análise conjunta, os valores de PMST, PMSF, %Folha, RB, ALT e MF para rgc foram moderados a altos, com o ranqueamento dos genótipos ao longo dos 16 cortes coincidindo entre 36% para %Folha e 65% para MF, o que reflete a influência ambiental nestas características (BRAZ et al., 2015).

As herdabilidades médias foram de alta magnitude para todas as variáveis, independente dos períodos de avaliação, exceto para PB em todas as análises e FDA na chuva. A melhora desse parâmetro em comparação às herdabilidades individuais se deve à redução dos efeitos ambientais pelo número de repetições e de cortes (RESENDE et al., 2001), sendo indicada sua utilização na seleção de clones (MAIA

et al., 2009). As variáveis que apresentaram maiores valores foram mancha foliar na análise conjunta (0,912) e na seca (0,861) e rebrota (0,886) na análise de chuva. Os valores obtidos para esse parâmetro reforçam a possibilidade de altos ganhos com a seleção para todas as variáveis, exceto PB e FDA.

A acurácia de seleção (Acgen), foi de alta a muito alta, conforme Resende e Duarte (2007), para todas as variáveis, exceto PB e FDA, indicando boa precisão experimental. De acordo com estes autores, esse parâmetro é o mais adequado para verificar a qualidade do experimento por considerar a variação residual, o número de repetições e a proporção entre as variações genética e residual associadas à variável em questão. Estas relações indicam a correlação entre o valor genotípico verdadeiro dos tratamentos e o predito com as informações experimentais.

Os teores de PB apresentaram valores genotípicos maiores nos cortes de seca em comparação aos de água (Tabela 4), possivelmente devido ao estabelecimento das plantas, já que as análises bromatológicas de seca foram realizadas primeiramente, após implantação do experimento. A redução nos teores médios de proteína bruta ao longo dos sete cortes (dados não apresentados) também foi observada por Fernandes et al. (2014), do primeiro para o segundo ano de avaliação em genótipos de *P. maximum*.

A média geral de %Folha dos genótipos apresentou maiores valores (91,68%) na estação seca, assim como observado por Jank et al. (2017) para as cultivares Mombaça, Tanzânia-1 e BRS Quênia, causado provavelmente, pelo menor crescimento dos colmos nesse período devido à restrição hídrica. Na análise de chuva e conjunta, os valores estão próximos aos descritos por Fernandes et al. (2014) de 80% para a cv. Mombaça. De acordo com o mesmo autor, apesar dessa variável ser de grande importância, ela precisa estar associada à produção total final de matéria seca de lâminas foliares, assim garantindo a escolha dos genótipos mais produtivos.

Conforme a classificação de Resende (2002), a repetibilidade ao nível de parcelas na análise conjunta e do período de chuva foi considerada de baixa (variáveis bromatológicas, %Folha e RB) a média (PMST, PMSF, ALT e MF). Para o período de seca, os valores das variáveis relacionadas à produção de matéria seca foram maiores, principalmente PMST e MF, apesar de apresentarem moderada magnitude.

Os valores de repetibilidade obtidos para as variáveis produção de matéria seca total e de folha estão abaixo dos encontrados por Resende et al. (2004) que relataram valores de 0,64 para ambas variáveis na avaliação de 79 híbridos de *P. maximum* em

dois anos, também utilizando a metodologia de modelos mistos. Os resultados publicados por Martuscello et al. (2007) também estão acima, e oscilaram de 0,51 a 0,61 para matéria seca total e 0,70 a 0,86 para matéria seca de folha na avaliação de híbridos de *P. maximum*, a partir de quatro metodologias diferentes, em cinco cortes, em Mato Grosso do Sul. Fernandes et al. (2017), analisando dois experimentos conduzidos no Distrito Federal, cerrado brasileiro, obtiveram valores variando de 0,25 a 0,42 e 0,39 a 0,54, respectivamente, para produção de matéria seca total e de folha com 12 cortes no primeiro experimento e 16 no segundo experimento, também por quatro metodologias diferentes.

Os híbridos avaliados no segundo experimento de Fernandes et al., 2017, são os mesmos desse trabalho, onde observam-se valores próximos (0,391 a 0,547), apesar de serem obtidos por diferentes metodologias e em biomas diferentes. Estes resultados refletem a influência ambiental nestas características, bem como da forma de estimação, que, como ocorre com a herdabilidade, sujeita a repetibilidade às variações do meio, mostrando a importância de se considerar as diferentes épocas de avaliação (BRAZ et al., 2015; SIMEÃO et al., 2016).

A variável PMSF destaca-se nas seleções de novas cultivares de *P. maximum*, pois a lâmina foliar apresenta maior digestibilidade em relação ao colmo que está incluído na variável PMST e reflete na avaliação de ganho de peso dos animais (MARTUSCELLO et al. 2007). Entretanto, de acordo com Fernandes et al., 2017, essas variáveis têm controle multigênico, sendo muito influenciada pelas condições ambientais, o que pode levar a ganhos moderados na seleção devido às baixas e médias herdabilidades, além de exigir grande número de cortes para seleção eficiente. No entanto, para os híbridos de *P. maximum*, as herdabilidades médias para essas variáveis foram de magnitude alta o que pode levar a altos ganhos com a seleção, e apresentaram número mínimo de cortes (80% de confiabilidade) de 7 e 8 (Tabela 5) para PMST e PMSF, respectivamente, valor relativamente baixo por se tratar de uma cultura perene, onde dentro de apenas um ano foi possível de ser realizado na região Amazônica.

O parâmetro repetibilidade indica quando é possível prever o valor real dos genótipos com base em um coeficiente de determinação desejado, que varia de acordo com as etapas de avaliações (MARTUSCELLO et al., 2007; RESENDE; DUARTE, 2007). Com as repetibilidades obtidas neste estudo e estimadas seriam necessários, no mínimo, 3 e, no máximo, 17 avaliações para seleção com coeficiente de determinação de 80% (Tabela 5).

Tabela 5 – Número mínimo de cortes necessários para atingir coeficiente de determinação de 80% com base nos valores de repetibilidade ao nível de parcela de variáveis agrônômicas e bromatológicas de 22 genótipos de *Panicum maximum* avaliados (2013-2015) em Rio Branco, Acre

Análise	PMST	PMSF	%Folha	RB	ALT	MF	PB	FDN	FDA	DIVMO
Conjunta	7	8	16	10	5	4	11	13	14	15
Chuva	7	10	13	9	5	5	14	10	17	14
Seca	4	5	14	10	5	3	8	9	10	13

PMST - Produção de matéria seca total (kg ha^{-1}), PMSF - produção de matéria seca de folha (kg ha^{-1}), %Folha - porcentagem de folha, RB - rebrota (nota de 1 a 6), ALT - altura (cm), MF - mancha foliar (nota 0 a 5); PB - proteína bruta da folha (g kg^{-1}), FDN - fibra em detergente neutro da folha (g kg^{-1}), FDA - fibra em detergente ácido da folha (g kg^{-1}) e DIVMO - digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica da folha (g kg^{-1}).

Na análise conjunta, a estimativa do número de cortes necessários para seleção com confiabilidade de 80% para PMST, PMSF, ALT e MF foi de 7, 8, 5 e 4 cortes, respectivamente. Estes números refletem a influência ambiental associada ao genótipo na expressão fenotípica ao longo do tempo, o que orienta as estratégias de avaliação e seleção, como observado por Léo et al. (2008) avaliando genótipos de *P. maximum* em que, com 10 cortes, obtiveram seleção de genótipos com 85% de confiabilidade. Martuscello et al. (2007), em híbridos de *P. maximum*, indicaram cinco medições como suficientes para uma seleção acurada para as variáveis produção de matéria verde, matéria seca total e de folha e porcentagem de folha. Braz et al. (2015), também em híbridos de *P. maximum*, determinaram seis cortes como adequados para a seleção dos genótipos avaliados para os caracteres produção de matéria seca total e de folha, incidência de *Bipolaris maydis* e altura da planta.

Para as variáveis bromatológicas, as estimativas de números mínimos de cortes foram maiores, de 8 a 17 entre as diferentes análises (conjunta, seca e chuva). Esses resultados indicam não ser possível inferir com alta confiabilidade na seleção dessas características, já que foram realizadas análises em sete cortes. Uma possibilidade seria, em futuros experimentos, realizar maior número de análises bromatológicas, considerando que, com a utilização da técnica da espectrofotometria de refletância no infravermelho proximal (NIRS), ficou mais rápido e barato realizar esse tipo de análise. No entanto, o custo/benefício dessa estratégia deve ser avaliado com cautela, considerando as demais ações e avaliações do programa de melhoramento.

A obtenção do número mínimo de cortes para seleção acurada tem grande importância na fase inicial do melhoramento, pois devido ao grande número de genótipos, haveria a possibilidade de otimização de tempo e recursos nas avaliações. Na região Amazônica, oito cortes foram realizados em um ano de avaliação, e com base na análise conjunta já seria possível selecionar os genótipos com confiabilidade de 80% para as variáveis PMST, PMSF, ALT e MF permitindo a economia de tempo e recursos nessa fase do programa de melhoramento dessa espécie.

O número mínimo de cortes na seca possibilita conhecer o tempo necessário para seleção com alta confiabilidade em objetivos específicos como maior PMSF nas condições de déficit hídrico. Nesse período, as variáveis PMST, PMSF, ALT e MF necessitaram de 4, 5, 5 e 3 cortes, onde precisariam de dois anos de avaliação para serem atingidos. Para essas variáveis é possível selecionar com confiabilidade os híbridos com os cortes de seca realizados no experimento.

Os valores médios de produção anual (PMSTA e PMSFA) encontrados neste trabalho (Tabela 6) demonstram o grande potencial produtivo desta espécie no bioma Amazônia, que alcançaram valores superiores aos obtidos por Fernandes et al. (2014), que avaliaram diversos genótipos e cultivares de *P. maximum* no bioma Cerrado. A maior produção de biomassa encontrada no bioma Amazônia é provavelmente reflexo das condições ambientais propícias (temperatura e precipitação), uso de adubação nitrogenada (25 kg ha⁻¹ de N após cada corte) e, conseqüentemente, maior número de cortes.

As variáveis PMSTA e PMSFA, por serem obtidas da PMST e PMSF, mantiveram a significância da variabilidade genotípica, mas com moderada (0,426) e alta (0,540) herdabilidade individual, respectivamente. O melhor genótipo produziu 27% a mais do que o pior genótipo no ranqueamento para PMSTA. Essa variável pode ser de grande importância para uso da espécie na produção de biomassa também para geração de energia onde são importantes as características produção de matéria seca total, de folha e celulose (JANK et al., 2010).

As variáveis R(%)T e R(%)F apresentaram diferença significativa ($p < 0,01$) entre os genótipos, com possibilidade de seleção daqueles que possuem maior uniformidade produtiva ao longo do ano. A taxa de acúmulo médio de matéria seca total e de folha dos cortes em cada período (seca e chuva), foram utilizadas visando estabelecer um critério equitativo na comparação da produtividade dos períodos, já

que o período de chuva são 8 meses e o de seca 4 meses do ano. A estacionalidade na região Amazônica é causada, principalmente, devido à restrição hídrica.

Tabela 6 – Variância genotípica (Vg), variância residual (Ve), variância fenotípica (Vf), herdabilidade individual no sentido amplo (h²g), herdabilidade da média de genótipos (h²mg), acurácia seletiva (Acgen), coeficiente de variação genotípica (CVgi%), coeficiente de variação residual (CVe%), coeficiente de variação relativa (CVr), média geral do experimento (\bar{X}), maior valor genotípico (MaiorVG) e menor valor genotípico (MenorVG) de 22 genótipos de *Panicum maximum* avaliados (2013-2015) em Rio Branco, Acre

Parâmetros	PMSTA	PMSFA	R(%)T	R(%)F
Vg	2205188,15**	2138712,26**	12,21**	10,31**
Ve	2967308,70	1820764,49	14,80	18,26
Vf	5172496,85	3959476,75	27,02	28,58
h ² g	0,426**	0,540**	0,452**	0,361**
h ² mg	0,748	0,825	0,767	0,693
Acgen	0,865	0,908	0,876	0,832
\bar{X}	19213,65	16143,83	61,01	69,38
MaiorVG	21108,94	18268,98	65,80	74,85
MenorVG	16590,95	13445,67	54,78	62,80

PMSTA - produção de matéria seca total anual (kg ha⁻¹), PMSFA - produção de matéria seca de folha anual (kg ha⁻¹), R(%)T – relação entre taxa de acúmulo médio de matéria seca total dos cortes de seca e chuva, R(%)F - relação entre taxa de acúmulo médio de matéria seca de folha dos cortes de seca e chuva. Qui-quadrado tabelado: 6,63 para os níveis de significância de 1% (**).

A herdabilidade individual para essas variáveis foram moderadas, mas com altas herdabilidades médias, o que proporciona altas acurácias de seleção e possibilidade de selecionar genótipos que apresentem menor estacionalidade produtiva. A utilização de variáveis desse tipo pode auxiliar nos índices de seleção especialmente nas fases iniciais do programa de melhoramento onde grande número de genótipos são avaliados.

O maior valor genotípico encontrado para R(%)F (74,85%) indica que no período de seca esse genótipo apresentou taxa de acúmulo médio de folha de quase 75% daquele observado no período das águas. A utilização desta variável permite comparar de forma mais justa a queda de produção das forrageiras ao longo do ano em diferentes locais considerando as diferenças climáticas. No trabalho de Soares Filho et al. (2002), relataram-se a produção de diversas gramíneas forrageiras no período chuvoso e seco, com suas respectivas porcentagens de participação na produção total anual em São Paulo, onde a cv. Tanzânia-1 apresentou 15% da

produção no período seco. Entretanto, essa informação só se torna precisa quando informado o tamanho do período seco utilizado nos cálculos, que nesse caso foram 6 meses. De acordo com Embrapa (2014), a taxa de lotação animal (450 kg ha^{-1}) das cultivares Tanzânia-1 e BRS Zuri na Amazônia reduziram na seca para cerca de 71% daquela utilizada no período das águas. Essa redução foi causada provavelmente pela diminuição das taxas de acúmulo de matéria seca total e de folha, com valores médios próximos (Tabela 6) aos calculados para as variáveis R(%)T e R(%)F no mesmo bioma.

As variáveis R(%)T e R(%)F, podem favorecer a escolha daqueles que apresentam menor estacionalidade produtiva, mas precisam ser utilizadas com cautela observando sempre o ranqueamento dos genótipos nos cortes de seca e chuva. A escolha de genótipos com menor estacionalidade é de grande importância na formação dos pastos visando à melhora dos índices zootécnicos no período de seca, uma vez que, no período das chuvas, o excesso de forragem pode ser observado. De acordo com Brâncio et al. (2003) é preciso encontrar opções forrageiras que apresentem melhores distribuições estacionais em termos qualitativos e quantitativos. Entretanto, para o banco de germoplasma de *P. maximum*, Jank et al. (1994) relatam sobre a dificuldade de melhorar a população para essa variável, por se tratar de uma característica com baixa variabilidade.

A altura de plantas (ALT), que apresentou alta herdabilidade média e variância genotípica significativa ($p < 0,01$), se correlacionou positivamente com a PMST na análise conjunta (0,79), de chuva (0,81) e da seca (0,76), e em menor magnitude com PMSF com valores de 0,49, 0,38 e 0,71, respectivamente. Este resultado é importante, pois traz dificuldade na redução da altura das plantas concomitante ao aumento ou manutenção da produtividade de matéria seca (Tabela 7).

Uma das características buscadas no melhoramento da espécie é a possibilidade de diminuição na altura das plantas visando facilitar o manejo dos pastos. Plantas mais altas podem dificultar o manejo, porém outras características relacionadas à arquitetura da planta devem ser consideradas. Para *Brachiaria decumbens*, Matias et al. (2016) também verificaram a correlação positiva entre produção de matéria seca e altura, recomendando seu uso na seleção indireta, principalmente nas fases iniciais do melhoramento. Esta recomendação, no entanto, não se aplica a *P. maximum*, uma vez que esta espécie pode apresentar problemas

Tabela 7 – Coeficientes de correlação de Pearson entre as variáveis agrônômicas e bromatológicas estimados a partir dos valores genotípicos de 22 genótipos de *Panicum maximum* avaliados (2013-2015) em Rio Branco, Acre

Todos os cortes (16 agrônômicos e 7 bromatológicos)										
Variáveis	PMSF	%Folha	RB	ALT	MF	R(%)T	R(%)F	FDN	FDA	DIVMO
PMST	0,77**	-0,14	0,23	0,79**	-0,69**	0,27	0,37	-0,10	0,48*	-0,48*
PMSF		0,53*	0,75**	0,49*	-0,64**	0,67**	0,33	0,40	0,39	-0,60**
%Folha			0,85**	-0,28	-0,09	0,64**	-0,02	0,75**	-0,01	-0,27
Rebrota				-0,02	-0,37	0,76**	0,27	0,59**	0,22	-0,44*
Altura					-0,49*	0,11	0,20	-0,12	0,45*	-0,42
MF						-0,53*	-0,62**	0,03	-0,38	0,49*
R(%)T							0,65**	0,41	0,21	-0,50*
R(%)F								-0,18	0,17	-0,18
FDN									0,12	-0,38
FDA										-0,76**
Cortes de chuva (11 agrônômicos e 4 bromatológicos)										
Variáveis	PMSF	%Folha	RB	ALT	MF	R(%)T	R(%)F	FDN	FDA	DIVMO
PMST	0,64**	-0,25	0,07	0,81**	-0,61**	0,09	0,26	-0,12	0,54**	-0,37
PMSF		0,58**	0,73**	0,38	-0,56**	0,60**	0,20	0,44*	0,48*	-0,51*
%Folha			0,84**	-0,36	-0,07	0,65**	-0,06	0,65**	0,06	-0,24
Rebrota				-0,18	-0,32	0,71**	0,21	0,53*	0,25	-0,34
Altura					-0,38	-0,06	0,09	-0,14	0,51*	-0,32
MF						-0,53*	-0,63**	0,08	-0,42*	0,43*
R(%)T							0,65**	0,35	0,29	-0,45*
R(%)F								-0,20	0,17	-0,16
FDN									0,19	-0,48*
FDA										-0,72**
Cortes de seca (5 agrônômicos e 3 bromatológicos)										
Variáveis	PMSF	%Folha	RB	ALT	MF	R(%)T	R(%)F	FDN	FDA	DIVMO
PMST	0,96**	0,03	0,61**	0,76**	-0,74**	0,67**	0,56**	0,07	0,26	-0,49*
PMSF		0,31	0,74**	0,71**	-0,74**	0,77**	0,58**	0,24	0,24	-0,52*
%Folha			0,59**	-0,08	-0,12	0,44*	0,22	0,59**	-0,01	-0,15
Rebrota				0,45*	-0,41	0,81**	0,44*	0,51*	0,16	-0,45*
Altura					-0,67**	0,54**	0,45*	0,14	0,32	-0,44*
MF						-0,54**	-0,61**	0,02	-0,28	0,47*
R(%)T							0,65**	0,40	0,09	-0,48*
R(%)F								-0,16	0,14	-0,22
FDN									0,14	-0,38
FDA										-0,74**

PMST - Produção de matéria seca em kg ha⁻¹, PMSF - produção de matéria seca de folha em kg ha⁻¹, %Folha - porcentagem de folha, RB - rebrota (nota de 1 a 6), ALT – altura (cm), MF – mancha foliar (nota 0 a 5), R(%)T – relação entre taxa de acúmulo médio de matéria seca total dos cortes de seca e chuva, R(%)F - relação entre taxa de acúmulo médio de matéria seca de folha dos cortes de seca e chuva, FDN - fibra em detergente neutro da folha (g kg⁻¹), FDA – fibra em detergente ácido da folha (g kg⁻¹) e DIVMO – digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica da folha (g kg⁻¹). **, *. Significativo a 1 e 5% de probabilidade pelo teste t.

em maiores alturas por promoverem o alongamento dos colmos e a redução da relação folha:colmo conforme correlações significativas obtidas por Castagnara et al. (2011) ao avaliarem as cultivares Tanzânia-1 e Mombaça com diferentes doses de nitrogênio em intervalos uniformes de corte.

Stabile et al. (2010), avaliando a variabilidade genética entre genótipos de *P. maximum* quanto à maturidade das plantas, verificaram que o aumento linear na produção de matéria seca está relacionado à alongação do colmo conforme aumento do intervalo de corte. De acordo com Fernandes et al. (2014), para *P. maximum* busca-se genótipos com alta produção de lâminas foliares e menor quantidade de colmos.

As variáveis de produção (PMST e PMSF) correlacionaram-se negativamente com a DIVMO, demonstrando a queda da digestibilidade com o aumento da produção de matéria seca. Os valores bromatológicos deste trabalho mostram genótipos com menor valor nutritivo quando comparados aos resultados apresentados por Fernandes et al. (2014), que avaliaram a mesma espécie com a mesma metodologia de análise por dois anos, mas que apresentou menor produtividade anual. Isso provavelmente ocorre devido ao bioma em que foram analisados esses genótipos e que acabam influenciando a idade fisiológica e conseqüentemente o envelhecimento da planta, já que em dois anos de avaliação Fernandes et al. (2014) realizaram 12 cortes contra 16 deste trabalho. O intervalo entre cortes, nos períodos de maior crescimento, foi próximo dos 35 dias nos dois trabalhos. Dessa forma, é importante reduzir os intervalos entre cortes na avaliação de genótipos de *P. maximum* na região Amazônica. Essa redução poderá também auxiliar na detecção de maior variabilidade genética para as características bromatológicas.

A maior produção de matéria seca resulta na redução de PB, e na deposição das fibras no tecido vegetal pelo aumento da parede celular e do teor de lignina com o envelhecimento da planta forrageira (PEREIRA et al., 2011). No bioma Amazônia, o acúmulo de graus dia⁻¹ favorece o rápido crescimento das plantas, dessa forma, o intervalo de corte deve ser reduzido, buscando obter biomassa com melhor qualidade nutricional (COSTA et al., 2007). Assim, recomenda-se que nas avaliações de genótipos de *P. maximum* no bioma Amazônia os intervalos de cortes sejam menores.

A correlação desfavorável entre variáveis importantes, assim como apresentado por Matias et al. (2016), traz grande dificuldade na seleção, o que pode ser amenizado com o uso de índices de seleção, na busca de ideótipos. Para esse grupo de genótipos os problemas maiores seriam com relação à PMSF x DIVMO,

PMST x ALT, %Folha x FDN e MF x DIVMO.

Nas três análises, a variável rebrota correlacionou-se positivamente com %Folha e com PMSF, indicando que os genótipos com melhor rebrota possuem maior produção de matéria seca de folha. Na estação da seca, a variável rebrota também teve correlação positiva com a PMST, provavelmente por estar diretamente relacionada com PMSF nesse período.

Em todas as análises realizadas, as variáveis PMST e PMSF correlacionaram-se inversamente a MF. Esse resultado indica queda na produção de matéria seca dos genótipos mais suscetíveis a essa doença. A ocorrência de macha foliar causada por *Bipolaris maydis* é a principal doença em *P. maximum*, sendo a cultivar Tanzânia-1 a mais suscetível de acordo com Martinez et al. (2010). Dessa forma, fica evidente que a escolha de genótipos resistentes permitirá alcançar maior produtividades de matéria seca.

As variáveis R(%)T e R(%)F apresentaram correlações semelhantes com as demais variáveis nas análises conjunta e de chuva. A variável R(%)T apresentou correlação favorável significativa de mediana a alta magnitude (conforme classificação de Resende (2015)) com as variáveis PMSF, %Folha e RB nas três análises, indicando que os genótipos com maior porcentagem de acúmulo de matéria seca total entre as estações de seca e chuva possibilitam a seleção indireta dos genótipos com maiores valores para PMSF, %Folha e RB, variáveis de relevante importância para o melhoramento de *P. maximum*. Já a variável R(%)F, nas análises conjunta e de chuva, só apresentou correlação significativa e favorável com MF e R(%)T. Na análise de seca, destacam-se as correlações significativas e favoráveis de R(%)T e R(%)F com PMST e PMSF, indicando a possibilidade de uso dessas novas variáveis para selecionar os genótipos mais produtivos nessa época do ano.

Verifica-se também na Tabela 7 a falta de correlação entre PMSF e R(%)F na análise conjunta e de chuva, indicando que para a seleção de uma dessas variáveis não ocorrerá a melhoria da outra. Essa situação implica em cuidados no uso da R(%)F, pois, apesar da importância de variáveis que favoreçam a seleção de genótipos com menor estacionalidade produtiva ao longo do ano, esta precisa favorecer a escolha daqueles com maior PMSF devido à sua relevância para a espécie e para a produtividade animal.

Outras correlações que podem trazer preocupações são FDN x %Folha nas três análises (conjunta, chuva e seca), que se apresentaram positivas e de magnitude de moderada a alta, e FDN x PMSF na análise de chuva, também positiva e de

magnitude moderada. Assim, a melhoria simultânea das variáveis agronômicas (%Folha e PMSF) e bromatológica (FDN) pode ser dificultada nessa população.

De forma geral, as estimativas dos parâmetros genéticos seguiram o mesmo padrão de interpretação nas análises conjunta, de seca e de chuva. No entanto, dá-se destaque para aqueles da estação seca com leve melhora nas estimativas dos parâmetros para as variáveis de produção e bromatológicas. Assim, selecionar genótipos com olhar nesse período pode favorecer a escolha de materiais superiores para o período crítico de estresse hídrico.

4 CONCLUSÕES

Existe variabilidade genotípica significativa que permite obter ganhos genéticos com a seleção de híbridos de *P. maximum* para produção de matéria seca total e de folha, porcentagem de folha, rebrota, menor altura, menor ocorrência de mancha foliar, relação entre as taxas de acúmulo dos períodos de seca e chuva para matéria seca total e de folha, menor fibra em detergente neutro e ácido da lâmina foliar e digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica da lâmina foliar.

As altas herdabilidades médias indicam a possibilidade de obtenção de altos ganhos com a seleção para a maioria das variáveis, exceto PB em todas as análises e FDA na análise de chuva.

As estimativas de repetibilidade para produção de matéria seca total e de folha, altura e ocorrência de mancha foliar possibilitam selecionar os híbridos com 80% de confiabilidade realizando-se apenas oito cortes, o que corresponde à avaliação por um ano no bioma Amazônia.

Sete avaliações são insuficientes para se alcançar a confiabilidade mínima de 80% na seleção para variáveis bromatológicas, devido aos baixos valores de repetibilidade estimados para essas variáveis.

A presença de correlações altas, significativas e favoráveis entre as variáveis rebrota e porcentagem de folha na análise conjunta e produções de matéria seca total e de folha no período seco, permitem seus usos na seleção indireta.

As correlações significativas e desfavoráveis entre as variáveis altura e produção de matéria seca total; digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica de folha e produção de matéria seca total e de folha; e, porcentagem de folha e fibra em detergente neutro trazem dificuldade na melhoria simultânea desses caracteres.

As variáveis de relação percentual entre as taxas de acúmulo de matéria seca total e de folha entre os períodos de seca e chuva possibilitam a seleção de genótipos com menor estacionalidade produtiva ao longo do ano, mas precisam ser usadas na seleção de forma criteriosa com especial atenção na produção de matéria seca de folha do período de déficit hídrico.

REFERÊNCIAS

- ASSIS, G. M. L. de; SANTOS, C. F. dos; FLORES, P. S.; VALLE, C. B. do. Genetic divergence among *Brachiaria humidicola* (Rendle) Schweick hybrids evaluated in the Western Brazilian Amazon. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 14, p. 224-231, 2014.
- BARBOSA, F. A. et al. **Cenários para a pecuária de corte amazônica**. Belo Horizonte, MG: IGC/UFMG, 2015.
- BASSO, K. C.; RESENDE, R. M. S.; VALLE, C. B. do; GONÇALVES, M. C.; LEMPP, B. Avaliação de acessos de *Brachiaria brizantha* Stapf e estimativas de parâmetros genéticos para caracteres agrônômicos. **Acta Scientiarum. Agronomy**, Maringá, v. 31, n. 1, p. 17-22, 2009.
- BRÂNCIO, P. A.; EUCLIDES, V. P. B.; NASCIMENTO JÚNIOR, D. do; FONSECA, D. M. da; ALMEIDA, R. G. de; MACEDO, M. C. M.; BARBOSA, R. A. Avaliação de três cultivares de *Panicum maximum* Jacq. sob pastejo: disponibilidade de forragem, altura do resíduo pós-pastejo e participação de folhas, colmos e material morto. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 32, n. 1, p. 55-63, 2003.
- BRAZ, T. G. dos S.; FONSECA, D. M. da; JANK, L.; CRUZ, C. D.; MARTUSCELLO, J. A. Genotypic stabilization of agronomic traits in *Panicum maximum* (Jacq.) hybrids. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 44, n. 11, p. 377-383, 2015.
- BRAZ, T. G. dos S.; FONSECA, D. M. da; JANK, L.; RESENDE, M. D. V. de; MARTUSCELLO, J. A.; SIMEÃO, R. M. Genetic parameters of agronomic characters in *Panicum maximum* hybrids. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 42, n. 4, p. 231-237, 2013.
- CARGNELUTTI FILHO, A.; BRAGA JUNIOR, R. L. do C.; LÚCIO, A. D. Medidas de precisão experimental e número de repetições em ensaios de genótipos de cana-de-açúcar. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 47, n. 10, p. 1413-1421, out. 2012.
- CASTAGNARA, D. D.; MESQUITA, E. E.; NERES, M. A.; OLIVEIRA, P. S. R.; DEMINICIS, B. B.; BAMBERG, R. Valor nutricional e características estruturais de gramíneas tropicais sob adubação nitrogenada. **Archivos de Zootecnia**, v. 60, n. 232, p. 931-942, 2011.
- COSTA, F. de S.; AMARAL, E. F. do; BUTZKE, A. G.; NASCIMENTO, S. da S. **Inventário de emissões antrópicas e sumidouros de gases de efeito estufa do estado do Acre: ano-base 2010**. Rio Branco: Embrapa Acre, 2012. 114 p.
- COSTA, K. A. de P.; OLIVEIRA, I. P. de; FAQUIN, V.; NEVES, B. P. das; RODRIGUES, C.; SAMPAIO, F. de M. T. Intervalo de corte na produção de massa seca e composição químico-bromatológica da *Brachiaria brizantha* cv. MG-5. **Revista Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 31, n. 4, p. 1197-1202, jul./ago., 2007.

CRUZ, C. D. Genes – a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 35, n. 3, p. 271-276, jul./set., 2013.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. v. 2. Viçosa: UFV, 2014.

FERNANDES, D. F.; BRAGA, G. J.; RAMOS, A. K. B.; JANK, L.; CARVALHO, M. A.; MACIEL, G. A.; KARIA, C. T.; FONSECA, C. E. L. da. Repeatability, number of harvests, and phenotypic stability of dry matter yield and quality traits of *Panicum maximum* Jacq. **Acta Scientiarum. Animal Sciences**, Maringá, v. 39, n. 2, p. 149-155, Apr./June, 2017.

FERNANDES, F. D.; RAMOS, A. K. B.; JANK, L.; CARVALHO, M. A.; MARTHA JR., G. B.; BRAGA, G. J. Forage yield and nutritive value of *Panicum maximum* genotypes in the Brazilian savannah. **Scientia Agricola**, v.71, n. 1, p. 23-29, jan./fev., 2014.

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**, n. 12, p. 237-244, 2012.

HOLLAND, J. B.; NYQUIST, W. E.; CERVANTES-MARTINEZ; C. T. Estimating and interpreting heritability for plant breeding: an update. In: JANICK, J. **Plant Breeding Reviews**, vol. 22. Hoboken: John Wiley & Sons, 2003. p 9–112.

IBGE – Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. **Produção da Pecuária Municipal**, Rio de Janeiro, v. 43, p. 1-49, 2015.

INMET – Instituto Nacional de Meteorologia. **Banco de Dados Meteorológicos para Ensino e Pesquisa do Instituto Nacional de Meteorologia**. Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento. Disponível em: <<http://www.inmet.gov.br/projetos/rede/pesquisa/>> Acesso em: 08/11/2016.

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

JANK, L.; ANDRADE, C. M. S. de; BARBOSA, R. A.; MACEDO, M. C. M.; VALÉRIO, J. R.; VERZIGNASSI, J.; ZIMMER, A. H.; FERNANDES, C. D.; SANTOS, M. F.; SIMEÃO, R. M. **O capim-BRS Quênia (*Panicum maximum* Jacq.) na diversificação das pastagens**. Brasília, DF: Embrapa, 2017. (Comunicado Técnico, 138).

JANK, L.; BARRIOS, S. C.; VALLE, C. B. do; SIMEÃO, R. M.; ALVES, G. F. The value of improved pastures to Brazilian beef production. **Crop and Pasture Science**, Victoria, v. 65, p. 1132-1137, 2014.

JANK, L.; COSTA, R. de A.; CHIARI, L.; SIMEÃO, R. M.; VALLE, C. B. do V. Potencialidade do uso de biomassa da forrageira *Panicum maximum* Jacq. na produção de energia. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 47., 2010, Salvador. **Anais...** Salvador: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2010.

JANK, L.; RESENDE, R. M. S.; VALLE, C. B. do; RESENDE, M. D. V. de; CHIARI, L.; CANÇADO, L. J.; SIMIONI, C. Melhoramento genético de *Panicum maximum*. In: RESENDE, R. M. S.; VALLE, C. B. do; JANK, L. (Ed.). **Melhoramento de forrageiras tropicais**. Campo Grande: Embrapa, 2008, p. 55-87.

JANK, L.; SAVIDAN, Y. H.; SOUZA, M. V. T.; COSTA, J. C. G. Avaliação do germoplasma de *Panicum maximum* introduzido da África: 1. Produção forrageira. **Revista da Sociedade Brasileira De Zootecnia**, Viçosa, v. 23, n.3, p. 433-440, 1994.

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

LÉDO, F. J. da S.; PEREIRA, A. V.; SOUZA SOBRINHO, F.; AUAD, A. M.; JANK, L.; OLIVEIRA, J. S. e. Estimativas de repetibilidade para caracteres forrageiros em *Panicum maximum*. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 32, n. 4, jul./ago., 2008.

LENG, R. A. Factors affecting the utilization of 'poor-quality' forages by ruminants particularly under tropical conditions. **Nutrition Research Reviews**, v. 3, p. 277-303, 1990.

MAIA, M. C. C.; RESENDE, M. D. V.; PAIVA, J. R. de; CAVALCANTI, J. J. V.; BARROS, L. de M. Seleção simultânea para produção, adaptabilidade e estabilidade genotípicas em clones de cajueiro, via modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 39, n. 1, p. 43-50, jan./mar., 2009.

MARTEN, G. C.; SHENK, J. S.; BARTON, F. E. Near Infrared Reflectance Spectroscopy (NIRS), Analysis Quality. USDA, Washington: DC, 1985.

MARTHA JR, G. B.; ALVES, E.; CONTINI, E. Land-saving approaches and beef production growth in Brazil. **Agricultural Systems**, v. 110, p. 173-177, 2012.

MARTINEZ, A. da S.; FRANZENER, G.; STANGARLIN, J. R. Dano causado por *Bipolaris maydis* em *Panicum maximum* cv. Tanzânia-1. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 31, n. 4, p. 863-870, out./dez. 2010.

MARTUSCELLO, J. A.; JANK, L.; FONSECA, D. M. da; CRUZ, C. D.; CUNHA, D. de N. F. V. da. Repetibilidade de caracteres agrônômicos em *Panicum maximum* Jacq. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 36, n. 6, p. 1975-1981, 2007.

MATEUS, R. G.; BARRIOS, S. C. L.; FIGUEIREDO, U. J.; VALLE, C. B. do. Agronomic evaluation of 324 intraspecific hybrids of *Brachiaria decumbens* in Brazil. **Tropical Grasslands – Forrajes Tropicales**, v. 1, p. 99-100, 2013.

MATIAS, I. M.; BARRIOS, S. C. L.; VALLE, C. B. do; MATEUS, R. G.; MARTINS, L. B.; MORO, G. V. Estimate of genetic parameters in *Brachiaria decumbens* hybrids. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, n. 16, p. 115-122, 2016.

PEREIRA, E. A.; DALL'AGNOL, M.; NABINGER, C.; HUBER, K. G. C.; MONTARDO, D. P.; GENRO, T. C. M. Produção agrônômica de uma coleção de acesso de *Paspalum nicorae* Parodi. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 40, n. 3, p. 498-508, 2011.

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

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

RESENDE, M. D. V. de. **Genética Quantitativa e de Populações**. Visconde do Rio Branco, MG: Suprema, 2015.

RESENDE, M. D. V. de. Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 16, p. 330-339, 2016.

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

RESENDE, M. D. V. de; FURLANI-JÚNIOR, E.; MORAES, M. L. T. de; FAZUOLI, L. C. Estimativas de parâmetros genéticos e predição de valores genotípicos no melhoramento do cafeeiro pelo procedimento REML/BLUP. **Bragantia**, v. 60, n. 3, p. 185-193, 2001.

RESENDE, R. M. S.; JANK, L.; VALLE, C. B. do; BONATO, A. L. V. Biometrical analysis and selection of tetraploid progenies of *Panicum maximum* using mixed model methods. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 39, n. 4, p. 335-341, abr. 2004.

RESENDE, M. D. V. de; RESENDE, R. M. S.; JANK, L.; VALLE, C. B. do. Experimentação e análise estatística no melhoramento de forrageiras. In: RESENDE, R. M. S.; VALLE, C. B. do; JANK, L. (Ed.). **Melhoramento de forrageiras tropicais**. Campo Grande, MS: Embrapa Gado de Corte, 2008.

SIMEÃO, R.; SILVA, A.; VALLE, C.; RESENDE, M. D.; MEDEIROS, S. Genetic evaluation and selection index in tetraploid *Brachiaria ruziziensis*. **Plant Breeding**, n. 135, p. 246-253, 2016.

SOARES FILHO, C. V.; RODRIGUES, L. R. de A.; PERRI, S. H. V. Produção e valor nutritivo de dez gramíneas forrageiras na região noroeste do estado de São Paulo. **Acta Scientiarum**, Maringá, v. 24, n. 5, p. 1377-1384, 2002.

STABILE, S. dos S.; SALAZAR, D. R.; JANK, L.; RENNÓ, F. P.; SILVA, L. F. P. Características de produção e qualidade nutricional de genótipos de capim-colonião colhidos em três estádios de maturidade. **Revista Brasileira Zootecnia**, v. 39, n. 7, p. 1418-1428, 2010.

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

3 CAPÍTULO II

SELEÇÃO DE HÍBRIDOS DE *Panicum maximum* PARA O BIOMA AMAZÔNIA

RESUMO

O programa de melhoramento genético de *Panicum maximum* da Embrapa vem desenvolvendo e lançando novas cultivares dessa espécie no mercado, contribuindo, assim, para a diversificação das pastagens e melhoria dos índices da pecuária brasileira. A seleção com base em valores genotípicos preditos, sem efeito ambiental, é a mais indicada atualmente para ranqueamento dos genótipos superiores nos programas de melhoramento de forrageiras. Objetivou-se com este trabalho selecionar híbridos superiores de *P. maximum* e verificar os ganhos genéticos a partir de índices de seleção, em ensaio sob cortes no bioma Amazônia. Foram avaliados 20 híbridos intraespecíficos de *P. maximum* e as cultivares Mombaça e Tanzânia-1 como testemunhas, no delineamento em blocos completos ao acaso com quatro repetições. Foram realizados 16 cortes (2013-2015) à 25 cm de altura, com avaliação de caracteres agrônômicos e bromatológicos. Os dados foram analisados por modelo misto de repetibilidade pelo método REML/BLUP. As variáveis produção de matéria seca de folha, rebrota, ocorrência de mancha foliar e produção de matéria de seca de folha no período seco foram as escolhidas para compor os índices de seleção, conforme critérios pré-estabelecidos. Os índices por soma de postos e o livre de pesos e parâmetros foram concordantes na escolha dos sete melhores híbridos que possibilitou ganhos genéticos para todas as variáveis agrônômicas. No entanto, dentre os selecionados, foi possível identificar híbridos com características de interesse, como menor altura (B126) e ausência de mancha foliar (C12, C10, C53, B97 e B44). Os genótipos selecionados e indicados para as próximas etapas do programa de melhoramento são C12, C55, B97, C10, B126, B44 e C53.

Palavras-chaves: Índices de seleção. Melhoramento genético. REML/BLUP.

ABSTRACT

Embrapa's *Panicum maximum* genetic improvement program has been developing and releasing new cultivars of this species in the market, thus contributing to the diversification of pastures and advance of Brazilian livestock industry. Selection based on predicted genotypic values, with no environmental effect, is currently the most indicated for ranking superior genotypes in forage breeding programs. The objective of this work was to select superior hybrids of *P. maximum* and to verify the genetic gains from selection indexes, in an under harvest experiment in the Amazon biome. Twenty intraspecific hybrids of *P. maximum* and the Mombaça and Tanzânia-1 cultivars as controls were evaluated in a completely randomized block design with four replicates. Sixteen harvests (2013-2015) were made at 25 cm of height, with agronomic and bromatological evaluation. The data were analyzed by repeatability mixed model by the REML/BLUP method. The variables leaf dry matter, regrowth, leaf spot occurrence and leaf dry matter production in the dry period were chosen to compose the selection indexes, according to pre-established criteria. The indexes by sum of ranks and the free of weights and parameters were concordant in the choice of the seven best hybrids that allowed genetic gains for all the agronomic variables. However, among the selected, it was possible to identify hybrids with characteristics of interest, such as lower height (B126) and absence of leaf spot (C12, C10, C53, B97 and B44). The genotypes selected and indicated for the next steps of the breeding program are C12, C55, B97, C10, B126, B44 and C53.

Key words: Genetic improvement. Selection indexes. REML/BLUP

1 INTRODUÇÃO

O melhoramento genético vegetal tem sido um dos grandes responsáveis pela melhoria e aumento de produtividade das pastagens a partir do lançamento de novas cultivares que agregam diversas características de interesse.

Para a espécie *P. maximum*, isso tem ocorrido pela geração de variabilidade a partir do cruzamento de genótipos sexuais tetraploidizados com apomíticos (VALLE et al., 2009). Essa espécie destaca-se na pecuária brasileira por apresentar elevada produtividade e qualidade nutricional, principalmente em sistemas intensivos de criação, sendo a espécie mais produtiva propagada por sementes, representando 13,5% do total de sementes forrageiras produzidas na safra 2011-2012 (JANK et al., 2014).

Dentro do programa de melhoramento dessa espécie, realizado pela Embrapa Gado de Corte, os ensaios de cortes em diferentes regiões, com genótipos apomíticos, é uma etapa importante no processo de seleção que permite o lançamento de cultivares com potencial regional ou nacional. Atualmente, a busca pela intensificação e melhoria da pecuária brasileira passa pela seleção e lançamento de cultivares com adaptação local, em contraponto ao que ocorria no passado com cultivares recomendadas para todo o país. Assim, conforme Simeão et al. (2017), a identificação de genótipos localmente adaptados e suas informações orientam as decisões e estratégias dos programas para o contínuo trabalho de melhoramento das espécies.

São inúmeras as variáveis avaliadas e obtidas nos experimentos com forrageiras, as quais são destacadas por Jank et al. (2011), dependendo do potencial e fragilidade da espécie, como resistência à cigarrinha das pastagens, adaptação a solos ácidos e produção de sementes em *Brachiaria brizantha*; produção de matéria seca e valor nutritivo em *Brachiaria humidicola*; produção de folha, de sementes, resistência ao fungo *Bipolaris maydis* e geração de energia em *P. maximum*; de forma que os genótipos que reúnam as melhores características de interesse possam ser selecionados.

Para a obtenção de genótipos realmente superiores, é importante a utilização de índices de seleção que permitam reunir simultaneamente diversas características favoráveis (CRUZ et al., 2012). Os índices de seleção proposto por Elston (1963) e Mulamba e Mock (1978), e suas modificações, têm sido utilizados, permitindo sucesso no ganho de seleção de espécies perenes, como descrito por Vasconcelos et al. (2010), Assis et al. (2008) e Simeão et al. (2016).

Objetivou-se com este trabalho selecionar híbridos superiores de *P. maximum* e verificar os ganhos genéticos a partir de índices de seleção, em ensaio sob cortes no bioma Amazônia.

2 MATERIAL E MÉTODOS

O trabalho foi realizado no Campo Experimental da Embrapa Acre, no município de Rio Branco, Acre, localizado a 10°1' S e 67°42' W (WGS 84), à altitude de 160 m. O clima da região é Am2 (quente e úmido), conforme a classificação de Köppen, com média anual de temperatura máxima de 31,7 °C, temperatura mínima de 21,4 °C, umidade relativa do ar de 84,3% e precipitação pluvial acumulada de 2.018 mm, conforme dados de 2005 a 2015 (INMET, 2016), com duas estações bem definidas, estação chuvosa (outubro a maio) e estação seca (junho a setembro).

O preparo da área, em Latossolo Vermelho Distrófico, foi realizado após análise química e física, com duas gradagens e aplicação de herbicida (4 L ha⁻¹ glifosato) antes da semeadura. Foram aplicados 0,55 t ha⁻¹ de calcário dolomítico, antes da segunda gradagem, 60 kg ha⁻¹ de P₂O₅, 40 kg ha⁻¹ de K₂O e 40 kg ha⁻¹ de FTE (*Fritted Trace Elements*) na semeadura. As adubações de cobertura com 25 kg ha⁻¹ de nitrogênio, na forma de sulfato de amônia, foram realizadas após cada corte.

Foram avaliados 20 híbridos intraespecíficos de *P. maximum*, oriundos do Programa de Melhoramento da Embrapa Gado de Corte, juntamente com as testemunhas cvs. Mombaça e Tanzânia-1. Esses híbridos foram obtidos dos cruzamentos entre os genótipos tetraploidizados S10 e S12 com as cultivares apomíticas Mombaça e Tanzânia-1 (Tabela 8).

Os genótipos S10 e S12 são oriundos do ORSTOM (*Institut Français de Recherche Scientifique pour le Développement em Coopération*) e foram recebidos juntamente com a coleção de acessos apomíticos em 1982. Foram avaliados visualmente e selecionados na Embrapa Gado de Corte pelo vigor e arquitetura da planta. Ganham destaque no Programa de Melhoramento pois renderam os maiores números de híbridos nos cruzamentos. Essas plantas apresentam porte médio, até 1,40 m de altura e folhas decumbentes de largura média, em torno de 2,5 cm.

Tabela 8 – Relação dos híbridos apomíticos de *Panicum maximum* avaliados (2013-2015) em Rio Branco, Acre

Cruzamentos	Híbridos
S10 X Tanzânia-1	A51, A62, A78, A105, A124, A125
S10 X Mombaça	B11, B16, B44, B46, B53, B55, B57, B97, B126, C10, C12, C53, C55
S12 X Tanzânia-1	DE6

O delineamento experimental utilizado foi de blocos completos ao acaso, com quatro repetições. As parcelas consistiram de uma linha de três metros espaçadas 1,5 m entre linhas e 1,0 m entre parcelas com área útil da parcela de 6 m². O experimento foi rodeado por bordadura, de mesma dimensão das parcelas, com a cv. Tanzânia-1.

A semeadura ocorreu em dezembro de 2012, seguida de cortes de uniformização aos 60, 90 e 120 dias. De maio de 2013 a março de 2015, foram realizados 16 cortes, com intervalos variando de 4 a 6 semanas no período das chuvas, e de 5 a 10 semanas no período da seca, respeitando o crescimento das plantas. Todos os cortes foram realizados a 25 cm de altura do solo.

Antes de cada corte, foram mensuradas a altura (ALT) das plantas, com valor obtido a partir da média de duas medidas ao longo da parcela, e avaliada a presença de mancha foliar (MF), atribuindo-se nota de 0 a 5 (0, 1, 3, 6, 13 e 26% de mancha nas folhas) adaptado de Martinez et al. (2010), comparando-se os genótipos conforme a porcentagem de manchas nas lâminas foliares. Após cada corte, a biomassa da parcela era pesada no campo com auxílio de tripé e balança digital portátil. De cada parcela, era retirada uma amostra da biomassa e transportada ao Laboratório de Bromatologia da Embrapa Acre, para separação dos componentes botânicos: lâmina foliar, colmo + bainha, matéria morta e estrutura reprodutiva. O teor de matéria seca foi obtido através da secagem do material em estufa à 55° C por três dias. Dessa forma, obteve-se a porcentagem de folha (%Folha), produção de matéria seca total (PMST) e produção de matéria seca de folha (lâmina foliar) (PMSF).

Com os valores de PMST e PMSF por corte e com o intervalo entre cortes, foram calculadas as relações percentuais de produtividade (taxa de acúmulo de matéria seca total e de folha) entre a estação de seca e chuva para cada genótipo a partir da seguinte equação:

$$R(\%) = (TASi/TACi)100,$$

em que *TASi* é a taxa de acúmulo médio dos cortes de seca no genótipo *i*, e *TACi* é a taxa de acúmulo médio dos cortes de chuva no genótipo *i*, onde:

$$TAi = PMSi/IC,$$

em que *PMS* = produção de matéria seca (total ou folha) no genótipo *i*, e *IC* = intervalo entre cortes (dias).

Para análise bromatológica, amostras das lâminas foliares foram enviadas para a Embrapa Gado de Corte, onde, pela técnica da espectrofotometria de refletância no infravermelho proximal (NIRS) (MARTEN et al., 1985), foram obtidos os valores em g kg⁻¹

de proteína bruta (PB), fibra em detergente neutro (FDN), fibra em detergente ácido (FDA) e digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica (DIVMO). Essas análises foram realizadas nos sete primeiros cortes.

No sétimo dia após o corte das parcelas, era realizada a avaliação visual da densidade de rebrota atribuindo-se notas de 1 a 5 (20, 40, 60, 80 e 100% de perfilhos rebrotados) e velocidade de rebrota com notas de 1 a 3 (baixa, média e alta velocidade de rebrota). Com a combinação desses dois valores estabeleceu-se para a variável rebrota (RB) uma escala com notas de 0 a 6 conforme utilizado por Basso et al. (2009) e Figueiredo et al. (2012).

Para estimação dos parâmetros genéticos utilizou-se o método da máxima verossimilhança restrita (REML) e os valores genotípicos foram preditos pelo método da melhor predição linear não-viesada (BLUP), conforme metodologia de modelos mistos, com auxílio do programa Selegen-REML/BLUP (RESENDE, 2016).

Primeiramente, realizou-se a análise individual para cada corte visando verificar a homogeneidade das variâncias residuais pelo teste de Hartley conforme utilizado por Simeão et al. (2016), com posterior correção dos dados, conforme recomendado por Resende et al. (2008) nos casos em que a razão entre a maior e menor variância residual entre os cortes foi maior que três (RESENDE, 2007).

O modelo estatístico utilizado para análise dos cortes individuais foi:

$$y = Xr + Zg + e,$$

em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos), somados à média geral, g é o vetor de efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), e e o vetor de resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Após a verificação das variáveis que apresentaram heterogeneidade das variâncias residuais realizou-se a correção dos dados pela multiplicação de cada corte por hgi/hgm , onde hgi é a raiz quadrada da herdabilidade no corte i e hgm é a raiz quadrada da média das herdabilidades nos vários cortes (RESENDE et al., 2008).

Os valores genotípicos foram preditos pelo modelo misto linear:

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

onde y é o vetor de dados, m é o vetor dos efeitos das combinações medição-repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de ambiente permanente (parcelas) (aleatórios), i é o vetor dos efeitos da interação genótipos x

medições e e é o vetor de resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Esses procedimentos foram realizados para todas as variáveis agronômicas considerando todos os 16 cortes; para as variáveis bromatológicas, os 7 primeiros cortes; e, para a variável produção de matéria seca de folha na estação seca (PMSFs), 5 cortes. Essa última variável foi utilizada buscando-se selecionar os genótipos que apresentaram maior produção de folha no período seco do ano, favorecendo o desempenho animal nesse período.

As variáveis utilizadas nos índices de seleção foram aquelas consideradas as mais importantes para se atingir os objetivos do melhoramento, desde que tenham apresentado variabilidade genética na análise de deviance (ANADEV), conforme Resende et al. (2008). Adicionalmente, as variáveis que apresentaram correlação de Pearson alta (magnitude alta $>0,66$; conforme Resende 2015), estimada a partir dos valores genotípicos preditos no Programa Genes (CRUZ, 2013), apenas uma foi utilizada no índice de seleção. O mesmo critério foi utilizado para correlações desfavoráveis, escolhendo aquelas de maior importância e que permitissem maiores ganhos genéticos a partir da diferença percentual entre o maior e menor valor genotípico.

Foram obtidos dois índices de seleção, a partir dos valores genotípicos preditos: a) índice com base em soma dos postos ou ranks, proposto por Mulamba e Mock (1978), que consiste em classificar os caracteres na ordem favorável ao melhoramento e somar as ordens de cada genótipo em todas as variáveis, resultando em uma nova medida que é tomada como índice de seleção, a partir do qual, aqueles que apresentam menores valores são selecionados; e, b) índice livre de pesos e parâmetros, proposto por Elston (1963), modificado devido ao uso dos valores genotípicos preditos e não as médias fenotípicas, conforme Assis et al. (2008). Esse índice também é denominado de multiplicativo pois é aplicado da seguinte forma:

$$I = \omega_1 \omega_2 \omega_3 \dots \omega_n,$$

onde I = índice livre de pesos e parâmetros e,

$$\omega_j = X_j - K_j,$$

em que X_j = valor genotípico predito do indivíduo j ; K_j = valor mínimo estabelecido (CRUZ et al., 2012). Para todas as variáveis atribuiu-se como valor mínimo a média da variável.

A intensidade de seleção estabelecida foi de 40% (oito híbridos), visando atender de forma adequada às próximas etapas de avaliação do programa de melhoramento da espécie.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

As variáveis PB e FDA não precisaram de correção dos dados antes da análise conjunta. Todas as demais variáveis apresentaram heterogeneidade de variância residual e necessitaram de correção dos dados.

As variáveis apresentaram variância genotípica significativa ($p < 0,01$), exceto PB (Tabela 9), permitindo, dessa forma, a seleção e ganho com a escolha dos genótipos superiores. As herdabilidades individuais foram de magnitude baixa para FDA e moderada para as demais variáveis conforme classificação de Resende (2002). Assim, o uso dos valores genotípicos é necessário para o sucesso na seleção dos melhores genótipos. De acordo com Assis et al. (2008), a herdabilidade no sentido amplo é de grande importância no melhoramento de plantas propagadas vegetativamente já que o genótipo é completamente herdado e, no caso de *P. maximum*, a produção de sementes por apomixia é uma reprodução clonal. Dessa forma, indivíduos apomíticos possuem genótipo fixado e o controle da característica independe se o maior efeito genético é aditivo ou dominante (VICTOR et al., 2015).

A acurácia seletiva foi de magnitude alta (0,70 a 0,90) a muito alta (0,90 a 0,99), conforme classificação de Resende e Duarte (2007), indicando boa qualidade experimental. Este parâmetro é associado à herdabilidade média de genótipos, que também traz informações para a seleção sobre a média de um grupo de indivíduos ou famílias (RESENDE et al., 2008).

A variável PMSF correlacionou-se negativamente com DIVMO (-0,60; $p < 0,01$). Em gramíneas tropicais, a correlação negativa entre variáveis de interesse pode dificultar a seleção dos ideótipos que apresentem, por exemplo, alta produção e elevada valor nutritivo. Matias et al. (2016) obtiveram correlações negativas entre produção de matéria verde e digestibilidade da matéria seca (-0,696) e produção de matéria seca total e digestibilidade (-0,718) ao avaliarem híbridos de *Brachiaria decumbens*. Figueiredo et al. (2012), em *B. humidicola*, encontraram correlação negativa entre produção de matéria seca e teor de proteína, o que não é desejável e dificulta o melhoramento simultâneo dessas características.

Outras correlações desfavoráveis para seleção foi entre PMST e ALT (0,79; $p < 0,01$) e PMSF e ALT (0,49; $p < 0,05$), o que dificulta a possibilidade de seleção de genótipos mais baixos com maior produção. Entretanto, em 2015, foi lançada a cultivar BRS Tamani de porte baixo, com boa produtividade e abundância de folhas, e em

Tabela 9 – Variância genotípica (V_g), herdabilidade individual no sentido amplo (h^2g), acurácia seletiva (Acgen), média geral, maior valor genotípico (MaiorVG), menor valor genotípico (MenorVG) e diferença percentual entre maior e menor valor genotípico de características agrônômicas e bromatológicas avaliadas em 22 genótipos de *Panicum maximum* por dois anos (2013-2015) em Rio Branco, Acre

Parâmetros	PMST	PMSF	PMSFs	%Folha	RB	ALT	PB	FDN	FDA	DIVMO	R(%)T	R(%)F	MF
V_g	37539,2**	35055,6**	32192,9**	17,85**	0,24**	23,77**	0,08 ^{ns}	0,71**	0,30**	1,43**	12,21**	10,31**	0,10**
h^2g	0,194**	0,220**	0,264**	0,194**	0,272**	0,278**	0,074 ⁿ _s	0,222**	0,123**	0,173**	0,452**	0,361**	0,410**
Acgen	0,857	0,897	0,845	0,928	0,949	0,906	0,684	0,919	0,836	0,878	0,876	0,832	0,955
Média geral	2339,87	1928,84	1789,15	82,67	3,26	85,09	112,13	723,42	432,96	528,69	61,01	69,38	0,16
MaiorVG	2602,74	2186,62	2030,59	88,90	3,99	91,91	118,11	739,44	441,94	552,81	65,80	74,85	1,07
MenorVG	1993,65	1588,35	1417,54	74,65	2,56	77,28	109,57	708,92	424,05	507,11	54,78	62,80	0,01
Diferença entre maior e menor valor (%)	23,4	27,3	30,2	15,9	35,0	15,9	7,2	4,1	4,1	8,3	16,7	16,2	99,1

** Significativo a 1% de probabilidade pelo Teste da Razão de Verossimilhança da análise de deviance (teste de qui-quadrado, com um grau de liberdade). PMST - produção de matéria seca total (kg ha^{-1}), PMSF - produção de matéria seca de folha (kg ha^{-1}), PMSFs – produção de matéria seca de folha na estação seca (kg ha^{-1}), %Folha - porcentagem de folha, RB - rebrota (nota de 1 a 6), ALT – altura (cm), PB – proteína bruta da folha (g kg^{-1}), FDN - fibra em detergente neutro da folha (g kg^{-1}), FDA – fibra em detergente ácido da folha (g kg^{-1}) e DIVMO – digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica da folha (g kg^{-1}), MF – mancha foliar (nota 0 a 5).

2017, a cultivar BRS Quênia, com diferencial por apresentar altura de porte médio, colmos de menor alongamento e tenros, e grande perfilhamento quando comparada às principais cultivares de porte médio a alto, sendo muito elogiada pela facilidade de manejo (EMBRAPA, 2015; JANK et al., 2017). Entretanto, estas novas cultivares não foram recomendadas para regiões que apresentam solos com drenagem deficiente, de forma que não deve ser cultivada em áreas com essa característica bastante frequente no Acre e em outros estados do bioma Amazônia. O lançamento de novas cultivares com melhoria dessas características é desejável visando sempre a diversificação das pastagens. Dessa forma, realizou-se a exclusão das variáveis PMST e ALT do índice de seleção, buscando-se evitar favorecer a escolha dos genótipos mais altos.

Por outro lado, houve correlação favorável entre RB e %Folha (0,85; $p < 0,01$) que atende e facilita a seleção simultânea dessas características. A melhoria das duas características é desejável pois %Folha favorece o consumo e ganho de peso dos animais (JANK et al., 2017), e a rebrota rápida está diretamente relacionada à persistência da pastagem após a desfolhação (BRAZ et al., 2017), evitando também o aparecimento de plantas invasoras. Com isso, foi preferível a exclusão da %Folha do índice de seleção e a manutenção da RB devido à sua maior possibilidade de ganhos conforme diferença percentual entre os valores genotípicos (Tabela 9).

As variáveis bromatológicas (FDN, FDA, DIVMO) foram as que apresentaram as menores diferenças percentuais entre o maior e menor valor genotípico (Tabela 9), o que indica a possibilidade de menores ganhos com a seleção. A menor variação nos caracteres bromatológicos, em comparação aos agronômicos, também foi observado por Figueiredo et al. (2012) em *B. humidicola* e Simeão et al. (2016) em *Brachiaria ruziziensis*. Esses resultados, a exemplo das correlações indesejáveis, também implicam maior dificuldade para melhoria dos caracteres bromatológicos em gramíneas forrageiras tropicais, mesmo nas fases iniciais dos programas de melhoramento. Nestas fases, devido à maior quantidade de genótipos a serem avaliados, bem como a alta variabilidade presente, as chances de ganhos, mesmo para caracteres menos variáveis, são maiores. No entanto, devido aos altos custos de obtenção das variáveis de qualidade da forragem, apenas quando o mercado está saturado de cultivares de alta produtividade os objetivos do melhoramento passam a considerar o aumento da qualidade (JANK et al., 2008), o que torna os ganhos para estas variáveis mais difíceis. Assim, considerando os menores ganhos possíveis para as variáveis bromatológicas, a correlação desfavorável de PMSF x DIVMO e o objetivo

de aumentar a produtividade, optou-se pela exclusão das variáveis bromatológicas dos índices de seleção e a manutenção da PMSF.

As variáveis R(%)T e R(%)F possibilitam a seleção de genótipos que apresentam menor estacionalidade produtiva ao longo do ano. Entretanto, essas variáveis precisam estar correlacionadas com outras de interesse do melhoramento de *P. maximum* já que se trata apenas de uma relação matemática que pode ocasionar a seleção de genótipos com distribuição da produção mais uniforme ao longo do ano, mas que apresentem, concomitantemente, menor produção nas estações de chuva e seca. Dessa forma, optou-se por não as utilizar nos índices de seleção. Entretanto, visando selecionar os genótipos que apresentaram maior produção no período de seca, foi utilizado nos índices de seleção a variável PMSFs, que apresentou variância genética significativa e grande diferença percentual entre o maior e menor valor genotípico (Tabela 9).

A ocorrência de mancha foliar (MF), causada pelo fungo *Bipolaris maydis*, é a principal doença em *P. maximum*, e um dos principais objetivos do melhoramento genético dessa espécie é a seleção de genótipos que apresentem resistência. Assim, neste trabalho, foram escolhidas as variáveis PMSF, RB, PMSFs e MF para compor os índices de seleção visando, primeiramente, atender aos principais objetivos do melhoramento da espécie (JANK et al., 2011), a obtenção dos maiores ganhos genéticos possíveis e diminuição da estacionalidade forrageira.

Com base no ranqueamento obtido pelo índice livre de pesos e parâmetros, sete genótipos foram selecionados: C12, C55, B97, C10, B126, B44 e C53 (Tabela 10). Pelo índice de seleção com base na soma dos postos, considerando a intensidade de seleção de 40%, foram identificados os oito melhores híbridos em ordem decrescente, a saber: C12, B97, C55, C10, B126, B44, C53 e A78 (Tabela 10). Ao comparar os dois índices de seleção observa-se a correspondência dos genótipos C12, C55, B97, C10, B126, B44 e C53, permanecendo entre os sete melhores. Houve diferença apenas na segunda e terceira posição dos índices. Assim, estes foram recomendados como destaque no bioma Amazônia para seguir nas próximas fases de avaliação de melhoramento da espécie. Esses sete genótipos são híbridos obtidos dos mesmos pais (S10 X Mombaça). Esse mesmo cruzamento foi indicado por Braz et al. (2017) como de destaque para produção de matéria seca de folha, maior altura, rebrota e baixa incidência de mancha foliar, ao avaliarem 326 híbridos de três diferentes cruzamentos por um ano (seis cortes) no município de Campo Grande, MS.

Tabela 10 – Valores genotípicos, ranqueamento pelo índice de seleção com base na soma de postos e índice livre de pesos e parâmetros de 22 genótipos de *Panicum maximum* avaliados em 16 cortes (2013-2015) em Rio Branco, Acre

GEN	PMSF	RB	PMSFs	MF	SP	ω_1	ω_2	ω_3	ω_4	I
A105	1785,8 ^{18*}	2,98 ^{14*}	1682,0 ^{17*}	0,06 ^{9*}	58 ¹⁸	0	0	0	0,11	0
A124	1684,2 ²⁰	2,91 ¹⁶	1600,8 ²⁰	0,76 ¹³	69 ²⁰	0	0	0	0	0
A125	1816,1 ¹⁶	3,03 ¹²	1710,9 ¹⁶	0,03 ⁵	49 ¹⁴	0	0	0	0,13	0
A51	1995,0 ⁹	3,56 ⁸	1798,2 ¹²	0,54 ¹¹	40 ¹²	66,2	0,30	9,1	0	0
A62	1662,1 ²¹	2,90 ¹⁷	1534,1 ²¹	0,69 ¹²	71 ²¹	0	0	0	0	0
A78	1980,3 ¹⁰	3,80 ⁴	1776,4 ¹⁴	0,01 ¹	29 ⁸	51,5	0,54	0	0,15	0
B11	1780,4 ¹⁹	2,99 ¹³	1660,3 ¹⁸	0,03 ⁴	54 ¹⁷	0	0	0	0,13	0
B126	2055,4 ⁷	3,95 ²	1923,0 ⁴	0,07 ¹⁰	23 ⁵	126,6	0,69	133,8	0,10	1137.0
B16	2010,1 ⁸	3,07 ¹¹	1886,3 ⁶	0,03 ⁶	31 ⁹	81,2	0	97,2	0,13	0
B44	2056,8 ⁶	3,55 ⁹	1877,0 ⁷	0,01 ¹	23 ⁶	128,0	0,29	87,8	0,15	485.1
B46	1896,9 ¹⁴	3,40 ¹⁰	1817,1 ¹¹	0,01 ¹	36 ¹¹	0	0,14	27,9	0,15	0
B53	1848,7 ¹⁵	2,74 ²¹	1653,8 ¹⁹	0,04 ⁷	62 ¹⁹	0	0	0	0,12	0
B55	1912,3 ¹²	2,74 ²⁰	1796,7 ¹³	0,05 ⁸	53 ¹⁶	0	0	7,5	0,12	0
B57	1909,7 ¹³	2,77 ¹⁹	1834,0 ¹⁰	0,03 ⁵	47 ¹³	0	0	44,8	0,13	0
B97	2146,8 ³	3,71 ⁶	1988,6 ²	0,01 ¹	12 ²	218,0	0,45	199,4	0,15	2901.7
C10	2084,5 ⁴	3,75 ⁵	1913,9 ⁵	0,01 ¹	15 ⁴	155,7	0,49	124,8	0,15	1427.6
C12	2186,6 ¹	3,99 ¹	2030,6 ¹	0,01 ¹	4 ¹	257,8	0,73	241,4	0,15	6749.2
C53	1977,5 ¹¹	3,70 ⁷	1873,1 ⁹	0,01 ¹	28 ⁷	48,6	0,44	83,9	0,15	268.8
C55	2170,7 ²	3,85 ³	1947,9 ³	0,03 ⁵	13 ³	241,9	0,59	158,8	0,13	2997.8
DE6	1807,5 ¹⁷	2,91 ¹⁵	1764,9 ¹⁵	0,02 ²	49 ¹⁵	0	0	0	0,14	0
Momb	2078,6 ⁵	2,80 ¹⁸	1874,4 ⁸	0,03 ³	34 ¹⁰	149,8	0	85,2	0,13	0
Tanz	1588,4 ²²	2,56 ²²	1417,5 ²²	1,07 ¹⁴	80 ²²	0	0	0	0	0
Média	1928,8	3,26	1789,2	0,16	-	-	-	-	-	-

PMSF – produção de matéria seca de folha (Kg ha⁻¹); RB – rebrota (nota), PMSFs – produção de matéria seca de folha na estação seca (kg ha⁻¹), MF – mancha foliar (nota 0 a 5), SP – soma de postos. $I = \omega_1 \omega_2 \omega_3 \omega_4$, de modo que $\omega_j = x_j - k_j$, em que x_j = valor genotípico predito do indivíduo j ; k_j = valor mínimo estabelecido (média da variável). Valores abaixo do mínimo estabelecido para PMSF, RB, PMSFs e acima do mínimo para MF foram considerados nulos.

(*) – Ranqueamento dos genótipos para cada característica.

É possível observar que entre os sete selecionados, cinco apresentaram as menores notas para mancha foliar, sendo que estas notas são oriundas de valores fenotípicos com ausência das manchas em todas as análises. O valor de nota que aparece é em decorrência da metodologia de modelos mistos que predizem os valores genotípicos por meio do *shrinkage* (RESENDE et al., 2008).

A utilização de dois índices diferentes para a seleção garante maior segurança na escolha dos genótipos, já que os escolhidos foram comuns. De forma geral, o índice livre de pesos e parâmetros é mais rigoroso que o índice com base na soma de postos. Isso ocorre devido à multiplicação dos fatores considerados na construção do primeiro índice, que, se abaixo do critério escolhido, obtém valor igual a zero e sua multiplicação anula os efeitos para as demais variáveis (ELSTON, 1963). Já o índice com base na soma de postos não elimina genótipos, independentemente das características consideradas em sua construção, apenas classifica-os de acordo com os valores de cada variável (MULAMBA; MOCK, 1978).

A média dos sete genótipos selecionados (C12, C55, B97, C10, B126, B44 e C53), em comparação à média geral do experimento, para as variáveis utilizadas nos índices de seleção, apresentaram ganhos para PMSF, RB e PMSFs de 8,7; 16,2 e 8,2%, respectivamente. Quando comparadas a média dos sete selecionados com a melhor testemunha (cv. Mombaça), o aumento é de 0,9; 35,0 e 3,3%, respectivamente. Na comparação do melhor genótipo (C12) com a média geral do experimento tem-se aumento de 13,4; 22,4 e 13,5%, e ao compará-lo com a cv. Mombaça, o aumento é de 5,2; 42,3 e 8,3%. Para o genótipo B97, os ganhos são de 11,3; 13,8 e 11,1%, comparado à média geral e de 3,3; 32,3 e 6,1%, comparado à cv. Mombaça. Para o C55, os ganhos foram de 12,5; 18,3 e 8,9%, em relação à média geral e de 4,4; 37,5 e 3,9%, em relação à cv. Mombaça. O híbrido C10 apresentou ganhos de 8,1; 15,2 e 7,0% da média geral e 0,3; 33,9 e 2,1% da cv. Mombaça. Para o B126, os ganhos foram de 6,6; 21,1 e 7,5% comparado à média geral e de -1,1; 40,7 e 2,6% em relação à cv. Mombaça. Em relação ao B44, os valores foram de 6,6; 9,0 e 4,9% da média geral e -1,1; 26,6 e 0,1 da cv. Mombaça. E por último, para o C53, os valores foram de 2,5, 13,7 e 4,7% superiores à média geral e -4,9; 32,1 e -0,1% em relação ao Mombaça (Tabela 11).

Para a variável MF, os genótipos selecionados C12, C10, C53, B97 e B44 não apresentaram sintomas da doença nos 16 cortes. Destaca-se que foi observada leve presença de manchas foliares na cv. Mombaça e elevada incidência da doença na cv. Tanzânia-1.

Tabela 11 – Médias dos genótipos selecionados, média geral do experimento e da melhor testemunha (Mombaça) e ganho em porcentagem alcançado em diversas características com base na seleção das variáveis PMSF, PMSFs, RB, e MF utilizando os valores genotípicos de 22 genótipos de *Panicum maximum* avaliados em 16 cortes (2013-2015) em Rio Branco, Acre

Genótipos	PMST	PMSF	PMSFs	%Folha	RB	ALT	FDN	FDA	DVMO	R(%)T	R(%)F
B126	2299,4	2055,4	1923,0	88,6	3,9	77,3	721,7	436,1	520,5	65,3	71,5
B44	2392,0	2056,8	1877,0	85,5	3,5	84,2	725,6	432,9	525,4	61,1	68,9
B97	2503,1	2146,8	1988,6	85,6	3,7	90,3	733,6	432,0	524,9	62,8	70,2
C10	2402,7	2084,5	1913,9	86,5	3,8	91,9	722,8	435,5	512,0	65,8	69,9
C12	2553,6	2186,6	2030,6	84,2	4,0	86,3	732,4	440,1	507,1	65,1	71,4
C53	2343,3	1977,5	1873,1	84,2	3,7	86,9	728,4	437,9	520,5	62,9	71,3
C55	2418,5	2170,7	1947,9	88,9	3,9	86,4	739,4	433,3	523,2	62,6	68,4
Média (selecionados)	2416,1	2096,9	1936,3	86,2	3,8	86,2	729,1	435,4	519,1	63,7	70,2
Média geral (experimento)	2339,9	1928,8	1789,2	82,7	3,3	85,1	723,4	433,0	528,7	61,0	69,4
Média cv. Mombaça	2555,2	2078,6	1874,4	81,0	2,8	89,4	720,3	428,7	530,0	59,6	67,7
Ganho (%)											
Selecionados x média geral	3,3	8,7	8,2	4,3	16,2	1,3	0,8	0,6	-1,8	4,3	1,2
Selecionados x Mombaça	-5,4	0,9	3,3	6,5	35,0	-3,6	1,2	1,6	-2,1	6,7	3,7
C12 x média geral	9,1	13,4	13,5	1,9	22,4	1,4	1,2	1,6	-4,1	6,7	2,9
C12 x Mombaça	-0,1	5,2	8,3	4,0	42,3	-3,5	1,7	2,7	-4,3	9,1	5,4
C55 x média geral	3,4	12,5	8,9	7,5	18,3	1,5	2,2	0,1	-1,0	2,6	-1,4
C55 x Mombaça	-5,4	4,4	3,9	9,8	37,5	-3,4	2,7	1,1	-1,3	5,0	1,0
B97 x média geral	7,0	11,3	11,1	3,6	13,8	6,1	1,4	-0,2	-0,7	3,0	1,2
B97 x Mombaça	-2,0	3,3	6,1	5,7	32,3	0,9	1,8	0,8	-1,0	5,3	3,7
C10 x média geral	2,7	8,1	7,0	4,6	15,2	8,0	-0,1	0,6	-3,2	7,8	0,7
C10 x Mombaça	-6,0	0,3	2,1	6,8	33,9	2,8	0,3	1,6	-3,4	10,3	3,2
B126 x média geral	-1,7	6,6	7,5	7,2	21,1	-9,2	-0,2	0,7	-1,5	7,1	3,0
B126 x Mombaça	-10,0	-1,1	2,6	9,5	40,7	-13,6	0,2	1,7	-1,8	9,6	5,6
B44 x média geral	2,2	6,6	4,9	3,5	9,0	-1,0	0,3	0,0	-0,6	0,2	-0,6
B44 x Mombaça	-6,4	-1,1	0,1	5,6	26,6	-5,8	0,7	1,0	-0,9	2,5	1,8
C53 x média geral	0,1	2,5	4,7	1,8	13,7	2,1	0,7	1,1	-1,6	3,0	2,8
C53 x Mombaça	-8,3	-4,9	-0,1	4,0	32,1	-2,8	1,1	2,1	-1,8	5,4	5,4

PMST - produção de matéria seca total (kg ha⁻¹), PMSF - produção de matéria seca de folha (kg ha⁻¹), PMSFs – produção de matéria seca de folha na estação seca (kg ha⁻¹), %Folha - porcentagem de folha, RB - rebrota (nota de 0 a 6), ALT – altura (cm), FDN - fibra em detergente neutro da folha (g kg⁻¹), FDA – fibra em detergente ácido da folha (g kg⁻¹), DIVMO – digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica da folha (g kg⁻¹), R(%)T – relação entre taxa de acúmulo médio de matéria seca total dos cortes de seca e chuva, R(%)F - relação entre taxa de acúmulo médio de matéria seca de folha dos cortes de seca e chuva e MF – mancha foliar (nota 0 a 5).

O aumento na produção de matéria seca de folha, um dos objetivos do melhoramento desta espécie (JANK et al., 2011), foi possível alcançar, e em especial no período de seca. Esse aumento vem atender à demanda pela intensificação da atividade pecuária, juntamente com o fornecimento de alimento de melhor qualidade nutricional que está presente nas lâminas foliares das forrageiras quando comparadas ao colmo presente na PMST (EUCLIDES; MONTAGNER, 2013; BRAZ et al., 2017).

A variável rebrota foi a que alcançou os maiores ganhos percentuais (9,0 a 42,3%) e, como *P. maximum* é indicada para sistemas de pastejo intermitente, isso tende a garantir uma rápida recuperação das plantas, sombreando as áreas de solo descoberto e dificultando o aparecimento de plantas indesejáveis.

Analisando as variáveis não utilizadas nos índices de seleção, observa-se que PMST obteve ganho de 3,3% ao se comparar os genótipos selecionados com a média geral do experimento e perda (-5,4%) em relação a cv. Mombaça (Tabela 11). Na comparação entre o melhor híbrido (C12) e a melhor testemunha (cv. Mombaça) não houve ganho (-0,1%) para essa variável. Para os demais híbridos, todos apresentaram perda em comparação a cv. Mombaça, variando de -2,0 a -10,0% para PMST. Entretanto, para PMSF e PMSFs houveram ganhos em relação a cv. Mombaça, exceto para B126, B44 e C53. As variáveis %Folha e R(%)T apresentaram ganho em todas as comparações, o que, de forma indireta, garantiu sucesso na seleção para as variáveis agronômicas.

Para a variável ALT, houve aumento de até 8,0% (desfavorável) na comparação do C10 com a média geral do experimento. No entanto, para todas as comparações com a cv. Mombaça houve queda para essa variável, com exceção do C10 e B97, indicando a possibilidade de seleção de genótipos com menor altura.

Para as variáveis bromatológicas, houve queda da DIVMO em todas as comparações com perda de até 4,3%, e aumento das fibras FDA e FDN de até 2,7%, com poucas exceções de diminuição (B97, C10 e B126) dessas últimas, o que seria favorável. Essas perdas para as variáveis bromatológicas, mesmo que pequenas, são reflexos da correlação desfavorável com as variáveis agronômicas como encontrado para PMSF x DIVMO (-0,60; $p < 0,01$) e %Folha e FDN (0,75; $p < 0,01$). No entanto, os valores para FDN estão próximos aos encontrados para a espécie por Braz et al. (2017) oscilando de 719,4 a 737,1 g kg⁻¹, mas estão acima para FDA onde esses autores encontraram valores oscilando de 382,6 a 392,7 g kg⁻¹ e abaixo para DIVMO, onde são relatados valores de 596,0 a 622,8 g kg⁻¹.

A baixa variabilidade encontrada para as variáveis bromatológicas também está presente no banco de germoplasma (JANK, 1995). Portanto, há uma maior dificuldade para melhoria do valor nutritivo dessa espécie. A escolha de genitores com maior valor nutritivo é uma opção, desde que outras características de interesse não sejam prejudicadas. Para isto, deve-se estabelecer com cautela índices de seleção que levem em consideração a relação custo/benefício e os objetivos prioritários dos programas de melhoramento.

Uma questão importante na seleção de forrageiras tropicais é a estacionalidade produtiva, tendo em vista que o acúmulo de matéria seca dos pastos não é uniforme ao longo do ano, sendo influenciado por fatores ambientais como temperatura, água e luminosidade (EUCLIDES; MONTAGNER, 2013). No Estado do Acre, a estacionalidade forrageira, acontece devido à baixa precipitação que ocorre entre os meses de junho e setembro, na estação de seca. A busca de genótipos que tenham menores quedas de produção em momentos adversos, objetiva a melhoria dos índices zootécnicos, uma vez que a redução da oferta de forragem no período de baixa precipitação traz grandes prejuízos à pecuária a pasto (EUCLIDES; MONTAGNER, 2013). Nesse sentido, o uso da variável PMSFs nos índices de seleção favoreceu a escolha dos genótipos mais produtivos no período de seca.

O uso das variáveis $R(\%)T$ e $R(\%)F$ também foram sugeridas de forma a verificar possíveis genótipos que apresentem menor queda de produtividade no período da seca, diminuindo assim a diferença em relação à estação chuvosa. Conforme a Tabela 9, houve diferença ($p < 0,01$) entre os genótipos, com valores de 65,80 a 54,78% para $R(\%)T$ e de 74,85% a 62,80% para $R(\%)F$. Estes valores, apesar de serem médias e obtidos de experimento sob corte, indicam o grande potencial de uso dessas forrageiras em pastos na região Amazônica, onde as cultivares Tanzânia-1 e BRS Zuri apresentaram taxas de lotação animal de aproximadamente 71% no período seco em relação ao período de chuva, enquanto no Cerrado essa queda chega próximo aos 58% (EMBRAPA, 2014).

O incremento nos valores genotípicos oscilaram entre 0,2 a 10,3% para $R(\%)T$ e de -0,6 a 5,6% para $R(\%)F$, nas diferentes comparações (Tabela 11), o que permitiu a identificação dos genótipos com menor estacionalidade produtiva. Os ganhos foram variados conforme as comparações, porém de importância em relação ao problema da estacionalidade, que é marcante, especialmente em regiões de maior déficit

hídrico, reduzindo a produção de forragem, em alguns casos, em cerca de um terço daquela produzida no período de maior precipitação do ano (COSTA et al., 2005).

A amplitude chegou a 16,7% para R(%)T e 16,2% para R(%)F (Tabela 9) entre o melhor e pior híbrido. Comparando os sete híbridos selecionados com a média geral do experimento, os ganhos são de 4,3 e 1,2% para R(%)T e R(%)F, respectivamente. Em relação à melhor testemunha (cv. Mombaça), os ganhos foram de 6,7 e 3,7%, respectivamente.

Essa preocupação na seleção de genótipos com menor estacionalidade também é descrita por Souza Sobrinho et al. (2011) na avaliação de progênies de *Brachiaria ruziziensis*, com indicação de seleção de materiais com produção mais estável ao longo do ano. O uso de variáveis que permitam selecionar genótipos mais produtivos na estação seca é justificável, principalmente se vier acompanhada de formas de identificar a boa produtividade de matéria seca ao longo do ano.

A seleção de acordo com as variáveis escolhidas, aliadas à ausência ou baixa incidência de mancha foliar, indica provável resistência ou tolerância a essa doença. Durante a condução do estudo, observou-se ocorrência de manchas foliares em toda a bordadura, constituída por plantas da cultivar Tanzânia, demonstrando haver fonte do inóculo na área experimental. A ocorrência de manchas foliares, atribuídas visualmente ao fungo *Bipolaris maydis*, é um dos principais problemas fitossanitários em *P. maximum*. Considerando a escala de 0 a 5, a nota 2 foi o maior valor obtido nas 16 avaliações realizadas, e com diferença ($p < 0,01$) entre os genótipos. Os híbridos A78, B44, B46, B97, C10, C12 e C53 não apresentaram a mancha foliar em nenhuma das avaliações, mesmo com condições ambientais propícias, como as da região Amazônica (alta temperatura e umidade), o que pode ser indicativo de tolerância ou resistência. Essa possibilidade precisa ser confirmada em experimentos e testes específicos, assim como os realizados por Marcos et al. (2015), que verificaram maior resistência de alguns híbridos dos mesmos cruzamentos utilizados neste trabalho.

Os genótipos A124, A62, A51 e a cv. Tanzânia-1 apresentaram maior incidência da mancha foliar, oscilando de 3 a 6% de ocupação com as manchas, conforme escala diagramática apresentada no trabalho de Marcos et al. (2015), mesmo sob corte periódico da biomassa aérea. De acordo com Santos et al. (2015), os cortes frequentes tendem a causar redução do inóculo na área pela remoção de sítios e microclima desfavorável ao patógeno pela circulação do ar. O maior valor de

ocorrência observado para a cv. Tanzânia-1 (genitor masculino de todos os genótipos codificados com a letra A) está de acordo com os trabalhos de Martinez et al. (2010) e Tavanti et al. (2016), que também verificaram maior suscetibilidade desta cultivar. Os demais genótipos apresentaram ocorrência com menor severidade, entre eles a cv. Mombaça, fato também relatado por Santos et al. (2015).

Para a seleção de genótipos que envolvam variáveis específicas, como o caso de suscetibilidade a doenças, o índice livre de pesos e parâmetros se torna boa opção, devido à escolha mais rigorosa. Nesse caso, se fosse considerado ausência de MF nesse índice, apenas os genótipos C12, C10, C53, B97 e B44 seriam selecionados. No entanto, essa resistência ainda precisa ser confirmada em testes específicos e devido aos vários experimentos que os genótipos ainda passarão permitiu-se a inclusão daqueles com baixa presença de mancha.

A variável ALT, não foi utilizada no índice de seleção por apresentar correlação positiva com produção de matéria seca total e de folha (0,79 e 0,49, respectivamente), e quando empregada nos índices causou perda considerável para outras variáveis. Houve ganho para altura ao se comparar tanto os genótipos selecionados quanto o híbrido C12 à média geral do experimento. Na comparação dos selecionados com a cv. Mombaça houve redução na altura de 3,6%. E quando comparado apenas o C12 com a cv. Mombaça a diminuição da altura é de 3,5%. De acordo com Braz et al. (2017), a seleção de genótipos mais altos que acumulem colmo é indesejável, visto que este é de pior qualidade bromatológica quando comparado às lâminas foliares.

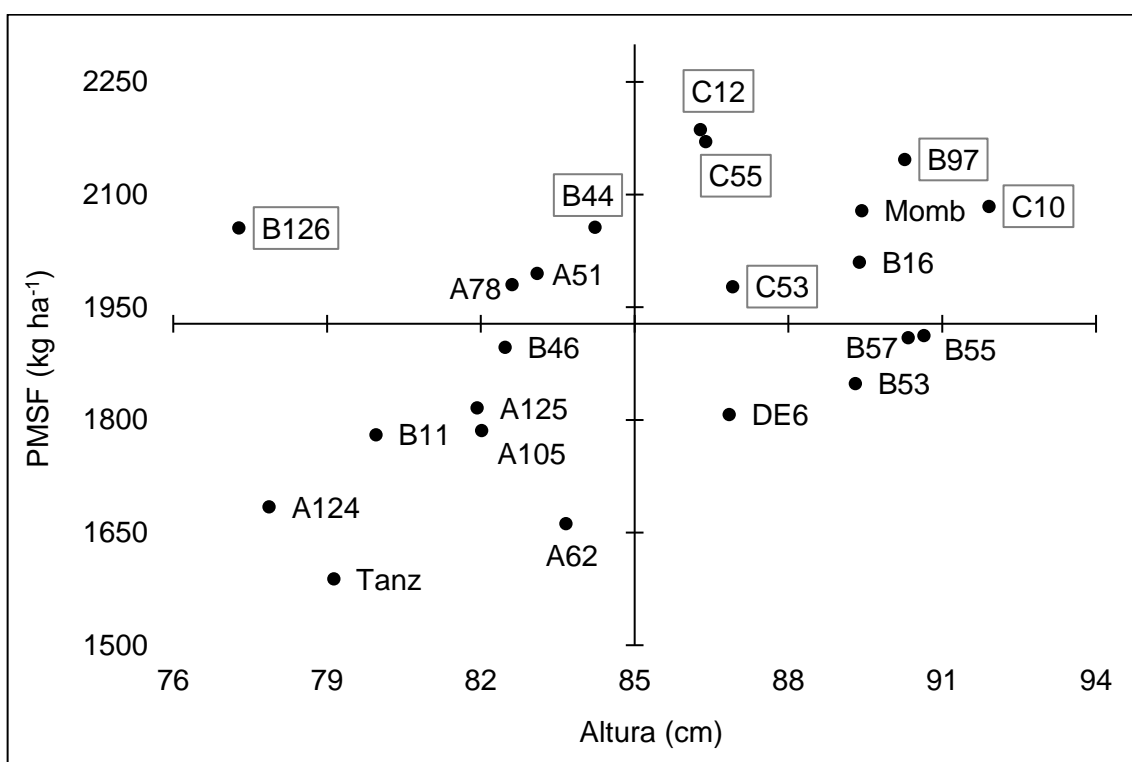
Visando à identificação de genótipos com alta produtividade de folha e menor altura, o que resulta em facilidade de manejo e grande cobertura do solo (JANK et al., 2008), houve destaque do genótipo B126 (Figura 2), quinto colocado nos dois índices de seleção. Este genótipo, por apresentar alta produtividade e menor altura pode ser destaque caso venha ser lançado como nova cultivar ou mesmo ser utilizado como progenitor nos cruzamentos do programa visando aproveitar tal característica. Esse genótipo apresentou valor genotípico 7,80 cm menor que a média do experimento, 8,90 cm menor que a média dos selecionados e 12,14 cm menor que a cv. Mombaça.

Os híbridos C10 e B97 estão entre os quatro mais altos no ranqueamento geral do experimento, são os dois mais altos entre os selecionados e também de maior altura em comparação à cv. Mombaça. Estes híbridos estão também entre os mais produtivos, enquanto que o C12, com altura próxima à média geral do experimento,

foi o primeiro colocado para a PMSF.

Observa-se também na Figura 2 as diferentes alturas dos genótipos selecionados, com possibilidade, no futuro, do lançamento de uma nova cultivar mais baixa ou mais alta que a cv. Mombaça, o que será possível após terminadas as fases de avaliação para esse conjunto de genótipos.

Figura 2 – Dispersão gráfica entre os valores genotípicos de produção de matéria seca de folha (PMSF) e altura de 22 genótipos de *Panicum maximum* avaliados em 16 cortes (2013-2015) no bioma Amazônia em Rio Branco, Acre



4 CONCLUSÕES

Os genótipos selecionados e indicados para as próximas etapas de avaliação são C12, C55, B97, C10, B126, B44 e C53.

A seleção desses genótipos permite obtenção de ganho com base na média geral do experimento para todas as variáveis agronômicas, exceto altura. Em comparação à cv. Mombaça, tem-se ganho para todas as variáveis agronômicas, exceto produção de matéria seca total.

Há perdas na seleção dos sete genótipos para todas as variáveis bromatológicas, com o índice utilizado.

A inclusão da variável produção de matéria seca de folha no período seco nos índices de seleção, possibilita a seleção de híbridos superiores para esse período do ano.

Pela suscetibilidade e possibilidade de transmissão do caráter mancha foliar para suas progênes, associada aos menores valores de produtividade, a cv. Tanzânia-1 deve ser utilizada com cautela ou mesmo excluída em futuros cruzamentos do programa de melhoramento de *P. maximum*.

REFERÊNCIAS

- ASSIS, G. M. L. de; VALENTIM, J. F.; CARNEIRO JÚNIOR, J. M.; AZEVEDO, J. M. A. de; FERREIRA, A. S. Seleção de genótipos de amendoim forrageiro para cobertura do solo e produção de biomassa aérea no período de estabelecimento utilizando metodologia de modelos mistos. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 37, n. 11, p. 1905-1911, 2008.
- BASSO, K. C.; RESENDE, R. M. S.; VALLE, C. B. do; GONÇALVES, M. C.; LEMPP, B. Avaliação de acessos de *Brachiaria brizantha* Stapf e estimativas de parâmetros genéticos para caracteres agrônômicos. **Acta Scientiarum. Agronomy**, Maringá, v. 31, n. 1, p. 17-22, 2009.
- BRAZ, T. G. dos S.; MARTUSCELLO, J. A.; JANK, L.; FONSECA, D. M. da; RESENDE, M. D. V.; EVARISTO, A. B. Genotypic value in hybrid progenies of *Panicum maximum* Jacq. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 47, n. 9, 2017.
- COSTA, K. A. de P.; ROSA, B.; OLIVEIRA, I. P. de; CUSTÓDIO, D. P.; SILVA, D. C. e. Efeitos da estacionalidade na produção de matéria seca e composição bromatológica da *Brachiaria brizantha* cv. Marandu. **Ciência Animal Brasileira**, v. 6, n. 3, p. 187-193, jul./set., 2005.
- CRUZ, C. D. Genes – a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 35, n. 3, p. 271-276, jul./set., 2013.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4. ed. v. 1. Viçosa: UFV, 2012. 514 p.
- ELSTON, R. C. A weight-free index for purpose of ranking or selection with respect to several traits at time. **Biometrics**, London, UK, v. 19, n. 1, p. 85-97, Mar. 1963.
- EUCLIDES, V. P. B.; MONTAGNER, D. B. Estratégias para intensificação do sistema de produção. In: ROSA, A. do N.; MARTINS, E. N.; MENEZES, G. R. de O.; SILVA, L. O. C. da (Ed.). **Melhoramento genético aplicado em gado de corte**: Programa Geneplus-Embrapa. Brasília, DF: Embrapa; Campo Grande, MS: Embrapa Gado de Corte, 2013. p. 49-60.
- 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**, n. 12, p. 237-244, 2012.
- INMET – Instituto Nacional de Meteorologia. **Banco de Dados Meteorológicos para Ensino e Pesquisa do Instituto Nacional de Meteorologia**. Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento. Disponível em: <<http://www.inmet.gov.br/projetos/rede/pesquisa/>> Acesso em: 08/11/2016.
- JANK, L. Melhoramento e seleção de variedades de *Panicum maximum*. In: SIMPÓSIO SOBRE MANEJO DA PASTAGEM, 12., 1995, Piracicaba. **Anais...** Piracicaba: FEALQ, 1995. p. 21-58.

JANK, L.; ANDRADE, C. M. S. de; BARBOSA, R. A.; MACEDO, M. C. M.; VALÉRIO, J. R.; VERZIGNASSI, J.; ZIMMER, A. H.; FERNANDES, C. D.; SANTOS, M. F.; SIMEÃO, R. M. **O capim-BRS Quênia (*Panicum maximum* Jacq.) na diversificação das pastagens.** Brasília, DF: Embrapa, 2017. (Comunicado Técnico, 138).

JANK, L.; BARRIOS, S. C.; VALLE, C. B. do; SIMEÃO, R. M.; ALVES, G. F. The value of improved pastures to Brazilian beef production. **Crop and Pasture Science**, Victoria, v. 65, p. 1132-1137, 2014.

JANK, L.; RESENDE, R. M. S.; VALLE, C. B. do; RESENDE, M. D. V. de; CHIARI, L.; CANÇADO, L. J.; SIMIONI, C. Melhoramento genético de *Panicum maximum*. In: RESENDE, R. M. S.; VALLE, C. B. do; JANK, L. (Ed.). **Melhoramento de forrageiras tropicais.** Campo Grande: Embrapa, 2008, p. 55-87.

JANK, L.; VALLE, C. B.; RESENDE, R. M. S. Breeding tropical forages. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, supl. 1, p. 27-34, 2011.

MARCOS, M. F.; JANK, L.; FERNANDES, C. D.; VERZIGNASSI, J. R.; MALLMANN, G.; QUEIRÓZ, C. de A.; BATISTA, M. V. Reação à *Bipolaris maydis*, agente causal da mancha foliar, em híbridos apomíticos de *Panicum maximum*. **Summa Phytopathologica**, Botucatu, v. 41, n. 3, p.197-201, 2015.

MARTEN, G. C.; SHENK, J. S.; BARTON, F. E. Near Infrared Reflectance Spectroscopy (NIRS), Analysis Quality. USDA, Washington: DC, 1985.

MARTINEZ, A. da S.; FRANZENER, G.; STANGARLIN, J. R. Dano causado por *Bipolaris maydis* em *Panicum maximum* cv. Tanzânia. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 31, n. 4, p. 863-870, out./dez. 2010.

MATIAS, I. M.; BARRIOS, S. C. L.; VALLE, C. B. do; MATEUS, R. G.; MARTINS, L. B.; MORO, G. V. Estimate of genetic parameters in *Brachiaria decumbens* hybrids. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, n. 16, p. 115-122, 2016.

MULAMBA, N. N.; MOCK, J. J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. **Egyptian Journal of Genetics and Cytology**, Alexandria, v. 1, n. 7, p.40-51, Jan. 1978.

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

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

RESENDE, M. D. V. de. Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 16, p. 330-339, 2016.

RESENDE, M. D. V. de. **Genética Quantitativa e de Populações.** Visconde do Rio Branco, MG: Suprema, 2015.

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

RESENDE, M. D. V. de; RESENDE, R. M. S.; JANK, L.; VALLE, C. B. do. Experimentação e análise estatística no melhoramento de forrageiras. In: RESENDE, R. M. S.; VALLE, C. B. do; JANK, L. (Ed.). **Melhoramento de forrageiras tropicais**. Campo Grande, MS: Embrapa Gado de Corte, 2008.

SANTOS, É. da C. M. dos; FERNANDES, C. D.; VERZIGNASSI, J. R.; JANK, L.; MALLMANN, G.; QUEIRÓZ, C. de A. Avaliação de genótipos de *Panicum maximum* Jacq. à cárie do sino e à mancha foliar. **Summa Phytopathologica**, Botucatu, v. 41, n. 1, p. 35-41, 2015.

SIMEÃO, R. M.; ASSIS, G. M. L.; MONTAGNER, D. B.; FERREIRA, R. C. U. Forage peanut (*Arachis spp.*) genetic evaluation and selection. **Grass and Forage Science**, Oxford, v. 72, n. 2, p. 322-332, June 2017.

SIMEÃO, R.; SILVA, A.; VALLE, C.; RESENDE, M. D.; MEDEIROS, S. Genetic evaluation and selection index in tetraploid *Brachiaria ruziziensis*. **Plant Breeding**, Malden, v. 135, n. 2, p. 246-253, Apr. 2016.

SOUZA SOBRINHO, F.; LÉDO, F. J. da S.; KOPP, M. M. Estacionalidade e estabilidade de produção de forragem de progênies de *Brachiaria ruziziensis*. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 35, n. 4, p. 685-691, jul./ago., 2011.

TAVANTI, T. R.; TAKADA, J.; RIBEIRO, L. F. C.; MORAES, S. R. G.; PEDREIRA, B. C. e. Ocorrência de mancha foliar de *Bipolaris maydis* em capim Tanzânia-1 na região norte do Mato Grosso. **Revista de Ciências Agroambientais**, Alta Floresta, MT, v. 14, n. 1, p. 83-85, 2016.

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

VASCONCELOS, E. S. de; FERREIRA, R. de P.; CRUZ, C. D.; MOREIRA, A.; RASSINI, J. B.; FREITAS, A. R. de. Estimativas de ganho genético por diferentes critérios de seleção em genótipos de alfafa. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 57, n. 2, p. 205-210, mar/abr, 2010.

VICTOR, D. M.; JANK, L.; LEMPP, B.; SIMEÃO, R. M.; RESENDE, M. D. V. de; GONÇALVES, M. C. Selection of full-sib of *Panicum maximum* Jacq under low light conditions. **Revista Ceres**, v. 62, n. 2, p. 199-207, mar./abr., 2015.

3 CAPÍTULO III

CARACTERIZAÇÃO E DIVERSIDADE DE HÍBRIDOS DE *Panicum maximum*
AVALIADOS NO BIOMA AMAZÔNIA

RESUMO

O lançamento de novas cultivares da espécie *Panicum maximum* visa aumentar a diversidade genética das pastagens e contribuir para melhoria dos índices da pecuária brasileira, disponibilizando forrageiras mais produtivas, de maior valor nutritivo, mais resistentes a doenças, de mais fácil manejo e adaptadas a diferentes condições edafoclimáticas. Para obter sucesso no melhoramento genético é importante estudar a diversidade genética da população de trabalho, composta por novos híbridos obtidos por meio de cruzamentos intraespecíficos. Objetivou-se com este estudo caracterizar e conhecer a diversidade genética em híbridos de *P. maximum* avaliados no bioma Amazônia, visando subsidiar o lançamento de novas cultivares. O experimento foi implantado na Embrapa Acre em blocos completos ao acaso com quatro repetições, onde foram avaliados 20 híbridos intraespecíficos e as cultivares Mombaça e Tanzânia-1, como testemunhas. Foram realizados 16 cortes com avaliação de oito variáveis agrônomicas no período de 2013 a 2015. Antes do 13º corte realizou-se a caracterização morfológica dos genótipos. Foi realizado o agrupamento de Tocher e análise de componentes principais (ACP) com os valores genotípicos das variáveis agrônomicas preditos pelo método REML/BLUP. O agrupamento das médias fenotípicas das variáveis de caracterização foi baseado no teste de Scott-Knott após análise de variância. Houve diferença significativa ($p < 0,05$) para todas as características morfológicas, com destaque para altura com a formação de maior número de grupos. O método de otimização de Tocher e a ACP apresentaram consistência na formação dos grupos, com influência parcial do parentesco. A dispersão gráfica das médias fenotípicas das variáveis morfológicas possibilitou a identificação de híbridos agronomicamente superiores que apresentaram características morfológicas de interesse, como menor diâmetro de colmo, menor comprimento de internódio e menor altura de planta. Há diversidade genética entre os genótipos para caracteres agrônomicos e morfológicos, mesmo entre irmãos completos. Dentro do grupo com melhores características agrônomicas, há possibilidade de seleção de híbridos superiores à cv. Mombaça com menor largura de folha, menor diâmetro do colmo, menor altura e ausência de pilosidade na lâmina foliar.

Palavras-chaves: Características morfológicas. Diversidade genética. Métodos de agrupamento.

ABSTRACT

The release of new cultivars of the species *Panicum maximum* aims to increase the genetic diversity of pastures and contribute to the improvement of the indexes of Brazilian livestock, providing more productive forages, of greater nutritional value, more resistant to diseases, easier to handle and adapted to different edaphoclimatic conditions. For genetic improvement to be successful, it is important to study the genetic diversity of the working population, composed of new hybrids obtained through intraspecific crosses. The objective of this study was to characterize and to know the genetic diversity in hybrids of *P. maximum* evaluated in the Amazon biome, aiming to subsidize the release of new cultivars. The experiment was carried out at Embrapa Acre in a randomized complete block design with four replicates, where 20 intraspecific hybrids were evaluated and Mombaça and Tanzânia-1 cultivars as controls. Sixteen harvests were performed with evaluation of eight agronomic variables in the period from 2013 to 2015. Before the 13th harvest, the morphological characterization of the genotypes was carried out. Tocher grouping and principal component analysis (PCA) were performed with the genotypic values of the agronomic variables predicted by the REML/BLUP method. The grouping of the phenotypic means of the characterization variables was based on the Scott-Knott test after analysis of variance. There were significant differences ($p < 0.05$) for all morphological characteristics, especially height with the formation of a greater number of groups. The Tocher optimization method and the PCA showed consistency in group formation, with partial kinship influence. The graphic dispersion of the phenotypic averages of the morphological variables allowed the identification of agronomically superior hybrids that presented morphological characteristics of interest, such as a lower stalk diameter, a lower internode length and a lower plant height. There is genetic diversity among the genotypes for agronomic and morphological characters, even among complete siblings. Within the group with better agronomic characteristics, there is a possibility of hybrid selection superior to cv. Mombaça with smaller leaf width, smaller stem diameter, smaller height and absence of leaf pilosity.

Key Words: Morphological characteristics. Genetic diversity. Methods of grouping.

1 INTRODUÇÃO

Panicum maximum é uma forrageira tropical indicada para a intensificação da pecuária brasileira por ser, entre as gramíneas propagadas por sementes, a mais produtiva e de melhor qualidade (VALLE et al., 2009). Esta forrageira ocupa 13,5% da área destinada à produção de sementes e juntamente com as cultivares do gênero *Brachiaria* respondem por 99% da receita deste setor no Brasil (JANK et al, 2014). As cultivares mais conhecidas são Colonião, Tanzânia-1, Mombaça, Massai, e mais recentemente lançadas, BRS Zuri, BRS Tamani e BRS Quênia.

Como as pastagens são a principal fonte de alimentação de bovinos no Brasil, o lançamento de novas cultivares mais adaptadas e produtivas garante também a diversificação e a diminuição dos riscos causados pelo monocultivo. A Embrapa Gado de Corte vem realizando o melhoramento de *P. maximum* desde 1982 com a avaliação dos acessos do banco de germoplasma, e a partir de 1990, com o cruzamento de genótipos apomíticos e sexuais, contribuindo para a melhoria e qualidade das pastagens do país.

Entre as diversas etapas do melhoramento se faz necessário o conhecimento das características morfológicas e da diversidade genética entre os genótipos gerados visando apoiar a tomada de decisão sobre os futuros cruzamentos, na seleção recorrente dos genótipos sexuais e na seleção dos híbridos apomíticos, que seguirão para as etapas seguintes de avaliação, em experimentos sob cortes e sob pastejo. Estes estudos evitam a liberação de cultivares geneticamente semelhantes (ASSIS et al., 2014) e explora ao máximo a heterose na espécie *P. maximum* (RESENDE et al., 2004).

Estudos foram realizados visando conhecer as características dos acessos (JANK et al., 1997) e dos híbridos gerados pelos cruzamentos (MARTUSCELLO et al., 2012) no Programa de Melhoramento de *P. maximum* da Embrapa Gado de Corte. As informações da diversidade genética são requisitos básicos para o sucesso dos programas de melhoramento (RAMAKRISHNAN et al., 2014) e, conseqüentemente, auxiliam na escolha e identificação dos materiais com vistas ao lançamento de novas cultivares.

O objetivo deste estudo foi caracterizar e conhecer a diversidade genética em híbridos de *P. maximum* avaliados no bioma Amazônia, visando subsidiar o lançamento de novas cultivares.

2 MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido no Campo Experimental da Embrapa Acre, município de Rio Branco, Acre, localizado a 10°1' S e 67°42' W (WGS 84), à altitude de 160 m. O clima é do tipo Am2 (quente e úmido), conforme a classificação de Köppen, com temperatura média das máximas de 31,7 °C, temperatura média das mínimas de 21,4 °C, umidade relativa do ar média de 84,3% e precipitação média anual de 2.018 mm, conforme média dos anos de 2005 a 2015 (INMET, 2016).

Foram avaliados 20 híbridos intraespecíficos (Tabela 12) oriundos do programa de melhoramento de *P. maximum* da Embrapa Gado de Corte que estão sob avaliação de desempenho regional para futuro lançamento de novas cultivares. Estes são filhos das plantas sexuais tetraploidizadas S10 e S12 e das cultivares apomíticas Mombaça e Tanzânia-1.

Os genótipos S10 e S12 são oriundos do ORSTOM (*Institut Français de Recherche Scientifique pour le Développement em Coopération*) e foram recebidos juntamente com a coleção de acessos apomíticos em 1982. Foram avaliados visualmente e selecionados na Embrapa Gado de Corte pelo vigor e arquitetura da planta. Ganharam destaque no Programa de Melhoramento pois renderam os maiores números de híbridos nos cruzamentos. Essas plantas apresentam porte médio, até 1,40 m de altura e folhas decumbentes de largura média, em torno de 2,5 cm.

Tabela 12 – Relação dos híbridos apomíticos de *Panicum maximum* avaliados (2013-2015) em Rio Branco, Acre

Cruzamentos	Híbridos
S10 X Tanzânia-1	A51, A62, A78, A105, A124, A125
S10 X Mombaça	B11, B16, B44, B46, B53, B55, B57, B97, B126, C10, C12, C53, C55
S12 X Tanzânia-1	DE6

O experimento foi implantado em dezembro de 2012 em um Latossolo Vermelho Distrófico, onde realizou-se preparo da área experimental seguida de correção da acidez com a aplicação e incorporação de 0,55 t ha⁻¹ de calcário dolomítico, com base no método da elevação da saturação por bases com V₂ = 60%. A adubação de plantio foi realizada com base no resultado da análise química do solo, com aplicação de 80 kg ha⁻¹ de P₂O₅, 40 kg ha⁻¹ de K₂O e 40 kg ha⁻¹ de FTE (*Fritted Trace Elements*). A adubação de cobertura, com a aplicação de 25 kg ha⁻¹ de

nitrogênio na forma de sulfato de amônia, era realizada após cada corte.

O delineamento experimental foi de blocos completos ao acaso com 4 repetições, com 20 híbridos e as cultivares Tanzânia-1 e Mombaça como testemunhas. As parcelas consistiram de uma linha de 3 metros, distantes 1,5 m entre linhas e 1,0 m entre parcelas, considerando 6 m² de área útil, semeadas a um centímetro de profundidade. Todo o experimento foi circundado por bordadura com parcelas de mesma dimensão com a cultivar Tanzânia-1.

Após a realização de três cortes de uniformização (60, 90 e 120 dias após a semeadura) a 25 cm de altura do solo, foram realizados 16 cortes com avaliação, durante dois anos (2013-2015), com intervalos de cortes variados (4 a 10 semanas) conforme crescimento vegetativo e época do ano.

Antes do 13^o corte (dezembro de 2014), dois anos após o plantio, no período chuvoso com 41 dias de crescimento, foi realizada a caracterização morfológica dos genótipos conforme Jank et al. (1997), com a obtenção das médias fenotípicas das variáveis: largura da lâmina foliar (LF - mm), medida na região central de lâminas foliares verdes completamente expandidas; comprimento da lâmina foliar (CF - cm), obtido pela distância do encontro da bainha com a lâmina foliar até seu ápice; diâmetro do colmo + bainha (DC - mm) e comprimento do internódio (CI - mm), ambos mensurados no segundo entrenó, a partir do solo com auxílio de paquímetro; e altura das plantas no momento da caracterização (ALTc - cm) medida do solo até o ponto mais alto considerando o estande sem as inflorescências.

Todos os valores foram obtidos pela média de três medidas por parcela. As médias fenotípicas para essas características foram agrupadas pelo teste de Scott-Knott após análise de variâncias com o uso do Programa Genes (CRUZ, 2013).

Os genótipos também foram classificados, conforme Jank et al. (1997), quanto a características qualitativas: densidade comparativa de pelos na parte adaxial da lâmina foliar – DEL (0- ausente, 1- baixa, 2- média e 3- alta); densidade comparativa dos pelos na bainha – DEB (0- ausente, 1- baixa, 2- média e 3- alta); e porte da folha – PF (0- decumbente, 1- quebradiça e 2- ereta).

Foram obtidos os valores genotípicos para as variáveis agronômicas: produção da matéria seca total – PMST (kg ha⁻¹); produção de matéria seca de folha – PMSF (kg ha⁻¹); porcentagem de folha (%Folha); altura – ALT (cm); rebrota (RB), com notas de 0 a 6, conforme Basso et al. (2009) e Figueiredo et al. (2012); e presença de mancha foliar (MF) atribuindo-se nota de 0 a 5 (0, 1, 3, 6, 13 e 26% de mancha nas

folhas), adaptado de Martinez et al. (2010), utilizando-se os 16 cortes.

Os cortes foram separados, de acordo com a estação do ano, seca e chuvosa, obtendo-se assim as variáveis de relação percentual entre as taxas de acúmulo de matéria seca total (R(%)T) e de folha (R(%)F), visando identificar aqueles com menor estacionalidade de produção, a partir da equação:

$$R(\%) = (TAS_i / TAC_i) 100,$$

em que TAS_i = taxa de acúmulo médio dos cortes de seca no genótipo i , e TAC_i = taxa de acúmulo médio dos cortes de chuva no genótipo i , onde:

$$TA_i = PMS_i / IC,$$

em que PMS = produção de matéria seca no genótipo i , e IC = intervalo entre cortes (dias).

Para a análise estatística realizou-se primeiramente, pela metodologia de modelos mistos, a análise individual dos cortes com posterior correção dos dados daquelas variáveis que apresentaram heterogeneidade de variâncias residuais pelo teste de Hartley, nos casos em que a razão entre a maior e menor variância residual entre os cortes foi maior que três (RESENDE, 2007), conforme recomendado por Resende et al. (2008), a partir do modelo:

$$y = Xr + Zg + e,$$

em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos), somados à média geral, g é o vetor de efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), e e o vetor de resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

A correção dos dados foi realizada pela multiplicação de cada corte por hgi/hgm , onde hgi é a raiz quadrada da herdabilidade no corte i e hgm é a raiz quadrada da média das herdabilidades nos vários cortes (RESENDE et al., 2008).

A obtenção dos valores genotípicos ocorreu pela análise conjunta dos cortes a partir do modelo linear misto considerando o modelo de repetibilidade:

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

onde y é o vetor de dados, m é o vetor dos efeitos das combinações medição-repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de ambiente permanente (parcelas) (aleatórios), i é o vetor dos efeitos da interação genótipos x medições e e é o vetor de resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Para essas análises estatísticas utilizaram-se o programa Selegen-REML/BLUP (RESENDE, 2016).

A partir dos valores genotípicos das variáveis agronômicas, houve a determinação das medidas de dissimilaridade pela distância Euclidiana padronizada. Em seguida, foi realizado o agrupamento pelo método de otimização de Tocher e a análise de componentes principais (ACP), visando o estudo da diversidade genética presente nesse grupo de genótipos.

Buscando-se visualizar as características de cada genótipo no conjunto geral, realizou-se a análise de dispersão gráfica dos genótipos com base nas médias fenotípicas das variáveis de caracterização morfológica de maior interesse.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Houve diferença significativa ($p < 0,05$) entre os genótipos para as variáveis morfológicas quantitativas, com a formação de dois grupos para largura da lâmina foliar (LF), comprimento da lâmina foliar (CF), diâmetro do colmo + bainha (DC), comprimento do internódio (CI) e quatro grupos para altura no momento da caracterização (ALTc) (Tabela 13). O baixo número de grupos formados nas primeiras características indica baixa variabilidade entre os genótipos, provavelmente por serem provenientes de seleção prévia e serem filhos de apenas dois cruzamentos, em sua maioria. No entanto, a formação de mais grupos para ALTc merece destaque, uma vez que, para essa espécie, procura-se selecionar genótipos para usos diversificados conforme o nível tecnológico e para os diferentes sistemas de produção.

Para a formação de pastagens, aqueles de menor altura são desejados, visando facilitar o manejo dos pastos, uma vez que, essas plantas ultrapassam rapidamente os 95% de interceptação da luz causando acúmulo excessivo de colmo (EUCLIDES et al., 2014). Por isso, essa espécie é recomendada para sistemas de pastejo rotacionado, com atenção para que não ultrapassem o crescimento recomendado para cada cultivar, evitando assim a formação excessiva de colmos que dificultam o pastejo pelos animais. Os híbridos A105, A124, B46 e B126 apresentaram as menores alturas e B16, B53, B55 e B57 foram os mais altos.

Os coeficientes de variação experimental, com exceção para CI, foram baixos para todas as demais variáveis da caracterização morfológica, indicando boa qualidade experimental.

Os híbridos A62, A125, B16, B53 e C10, que estão nos mesmos grupos para LF, CF, DC e CI, com os menores resultados, se caracterizam por apresentar lâminas foliares e colmos mais finos e curtos. A existência de híbridos de colmo mais fino e menos alongados (indicativo de serem mais tenros), quando associada a outras características de interesse, como produção de matéria seca de folha e resistência a pragas e doenças, é favorável ao lançamento de novas cultivares que promovam menor rejeição dos animais (limitação do consumo pelo acúmulo de fibras e menor proteína) a este componente morfológico (EUCLIDES, 2000; VAN SOEST, 1994). Esses cinco híbridos apresentaram valores variados para PMSF e MF. Dentre eles, destacaram-se o C10 e B16, que estão nos grupos de maior PMSF e menor MF pelo agrupamento de Tocher (Tabela 14).

Tabela 13 – Agrupamento de médias fenotípicas pelo teste de Scott-Knott ($p < 0,05$) dos caracteres quantitativos largura da folha (LF), comprimento da folha (CF), diâmetro do colmo + bainha (DC), comprimento do internódio (CI), altura na caracterização (ALTc), e as características qualitativas porte da folha (PF), densidade comparativa de pelos na lâmina foliar (DEL) e densidade comparativa dos pelos na bainha (DEB) de 22 genótipos de *Panicum maximum* avaliados (2014) em Rio Branco, Acre

Genótipos	LF (mm)	CF (cm)	DC (mm)	CI (mm)	ALTc* (cm)	PF	DEL	DEB
A51	17,2 b	66,4 b	6,4 b	83,7 a	94,9 b	0	0	0
A62	17,0 b	69,8 b	5,8 b	58,3 b	95,7 b	0	0	0
A78	19,2 b	68,8 b	6,7 a	71,0 b	90,1 c	2	1	0
A105	20,6 a	77,0 a	5,7 b	73,1 b	85,7 d	0	0	0
A124	22,1 a	71,6 b	6,7 a	90,8 a	85,3 d	2	1	1
A125	18,2 b	68,7 b	6,2 b	69,9 b	95,5 b	2	0	0
B11	19,9 b	72,5 b	6,2 b	93,8 a	91,1 c	2	1	0
B16	18,1 b	66,3 b	5,8 b	65,9 b	102,2 a	2	1	0
B44	22,5 a	73,8 b	7,3 a	74,5 b	92,5 c	2	1	0
B46	22,4 a	69,9 b	5,8 b	95,2 a	87,5 d	2	0	0
B53	18,8 b	70,7 b	6,4 b	73,5 b	101,1 a	2	1	0
B55	21,7 a	75,7 a	5,3 b	92,2 a	103,3 a	2	2	2
B57	21,7 a	76,8 a	5,9 b	104,2 a	105,5 a	1	2	1
B97	21,0 a	75,5 a	6,3 b	100,2 a	98,1 b	1	2	2
B126	21,8 a	83,5 a	7,0 a	58,3 b	85,6 d	0	0	0
C10	19,1 b	73,3 b	6,2 b	58,6 b	97,9 b	2	0	0
C12	19,1 b	78,9 a	5,7 b	79,1 b	94,1 c	2	0	0
C53	19,6 b	74,8 a	6,2 b	72,6 b	96,8 b	2	1	0
C55	20,3 b	71,3 b	6,8 a	75,2 b	91,7 c	2	1	0
DE6	21,6 a	73,7 b	7,0 a	79,9 b	91,4 c	0	2	1
Momb	22,5 a	73,3 b	7,2 a	72,7 b	99,0 b	1	1	0
Tanz	24,6 a	72,9 b	7,6 a	77,1 b	92,4 c	0	0	0
Média	20,4	73,0	6,4	78,2	94,4	2**	0 - 1**	0*
Máximo	24,6	83,5	7,6	104,2	105,5	2	2	2
Mínimo	17,0	66,3	5,3	58,3	85,3	0	0	0
CV (%)	8,4	5,9	12,5	21,9	4,8	-	-	-

PF (0- decumbente, 1- quebradiça e 2- ereta); DEL (0- ausente, 1- baixa, 2- média e 3- alta); DEB (0- ausente, 1- baixa, 2- média e 3- alta); e porte da folha. CV – coeficiente de variação experimental. * Valores obtidos no 13º corte. **Moda.

Outro conjunto de genótipos com os mesmos agrupamentos foram B55, B57 e B97 com maiores LF, CF, CI e menor DC, presentes também nos dois grupos de maior ALTc (Tabela 13). Esses genótipos apresentam lâminas foliares maiores, colmos mais longos e finos e plantas mais altas. Em plantas de crescimento ereto, o alongamento dos colmos interfere diretamente na estrutura do dossel do pasto e no processo de competição por luz, favorecendo a produção de matéria seca total, porém reduzindo

a relação folha:colmo, o que pode afetar o desempenho dos animais (EUCLIDES, 2000). Nesse sentido, verificou-se no ranqueamento para %Folha (dados não apresentados) que os genótipos B55 e B57 apresentaram os menores valores, indicando maior participação do colmo na produção de matéria seca total.

Tabela 14 – Agrupamento de Tocher com base nos valores genotípicos de variáveis agrônômicas de 22 genótipos de *Panicum maximum* avaliados em Rio Branco, Acre, por 2 anos (2013-2015) e as médias fenotípicas dos grupos formados

Agrupamento (valores genotípicos)		Médias fenotípicas							
Grupo	Genótipos	PMST	PMSF	%Folha	RB	ALT	MF	R(%)T	R(%)F
1	A105, B11, A125, B46 C53, B44, A78	2286,2	1953,2	87,4	3,5	83,0	0,01	61,9	70,2
2	B55, B57, Mombaça	2643,4	2044,8	80,6	2,9	91,5	0,02	58,9	70,3
3	B97, C10, C12, C55, B16	2538,0	2222,4	89,3	3,8	90,2	0,01	65,1	70,4
4	A62, A124	2036,3	1701,3	85,6	3,0	80,6	0,71	57,4	66,5
5	A51	2404,6	2080,2	88,9	3,7	83,2	0,53	58,4	66,4
6	B53	2471,8	1904,4	80,7	2,8	90,6	0,03	52,9	63,2
7	B126	2317,3	2133,1	93,0	4,1	76,4	0,05	66,6	72,4
8	DE6	2356,8	1849,0	81,2	3,0	87,6	0,02	60,4	77,3
9	Tanzânia-1	1939,4	1589,1	83,7	2,6	78,6	1,08	54,4	59,9

PMST – produção de matéria seca total (kg ha^{-1}); PMSF – produção de matéria seca de folha (kg ha^{-1}); %Folha – porcentagem de folha; RB – rebrota (nota 0 a 6); ALT – altura (cm); MF – mancha foliar (nota 0 a 5); R(%)T – relação em porcentagem entre a taxa de acúmulo de matéria seca total entre os cortes de seca e chuva; R(%)F – relação em porcentagem entre a taxa de acúmulo de matéria seca de folha entre os cortes de seca e chuva.

Para as variáveis qualitativas (PF, DEL, DEB) observou-se a formação de três conjuntos de genótipos com as mesmas características (Tabela 13). O primeiro conjunto formado pelos genótipos A51, A62, A105, B126 e Tanzânia-1, possui folhas do tipo decumbente (curvadas para o chão) e sem pilosidade na lâmina foliar e na bainha. O segundo conjunto, formado por A78, B11, B16, B44, B53, C53 e C55, possui folhas do tipo ereta, baixa densidade de pelos na lâmina foliar e sem pilosidade na bainha. O terceiro conjunto, formado por A125, B46, C10 e C12, possui folhas eretas e ausência de pilosidade na lâmina foliar e bainha.

Os híbridos B55, B57, B97 e DE6 foram os que apresentaram a maior densidade de pelos na lâmina foliar, superior a cultivar Mombaça, aspecto desfavorável nas cultivares forrageiras que podem causar rejeição por parte dos animais, conforme citado por Amole et al. (2013), necessitando, assim, de mais estudos para verificar se essa densidade pode causar tais problemas para o consumo animal.

O agrupamento das variáveis agronômicas pelo método de otimização de Tocher promoveu a formação de nove grupos, sendo que cinco deles se apresentaram com apenas um genótipo (Tabela 14). De forma geral, o agrupamento com base nas variáveis agronômicas foi diferente dos obtidos pelas variáveis de caracterização, o que pode trazer novas informações que auxiliem na seleção dos híbridos.

Os grupos formados, com exceção do grupo 1, são de irmãos completos, demonstrando claramente a proximidade genética.

O grupo 3, com maior PMSF e menor MF, reuniu híbridos com diferentes características morfológicas (Tabela 13), e se destacou também em segundo lugar nos valores para %Folha e RB, e melhores que os grupos com as testemunhas. Essas duas características, possivelmente, estão atuando no bom desempenho para PMSF. Os híbridos desse grupo reúnem características importantes para o melhoramento dessa espécie visando a formação de pastagens. Outro fato interessante é que os híbridos desse grupo são irmãos completos, filhos de S10 x Mombaça, indicando superioridade desse cruzamento na população avaliada.

Para as variáveis R(%)T e R(%)F, destacaram-se os grupos 7, 3, 1 e 8, 7, 3, respectivamente, com os maiores valores. Essas variáveis trazem a informação da diferença entre as taxas de acúmulo do período chuvoso e seco, favorecendo a seleção daqueles com produção mais uniforme ao longo do ano. A estacionalidade forrageira se apresenta como um dos problemas para aumento da produtividade animal e resulta no aumento dos custos da atividade para o produtor. Ela tem sido enfrentada com a utilização de manejos específicos, pastos complementares e suplementação para esse período (EUCLIDES et al., 2014). Dessa forma, a identificação e seleção de genótipos que diminuam a estacionalidade permitem contribuir também na melhoria dos índices zootécnicos e econômicos.

A análise de componentes principais (ACP) apresentou nos dois primeiros componentes aproximadamente 79% de variância acumulada (Tabela 15), próximo aos 80% recomendados por Cruz et al. (2012) nos primeiros componentes para melhor compreensão dos resultados.

Tabela 15 – Autovalores e autovetores da matriz de correlação genética dos genótipos para cada componente principal (CP) com base nos valores genotípicos obtidos de 16 cortes (2013-2015) de 22 genótipos de *Panicum maximum* avaliados em Rio Branco, Acre

	Autovalor	Variância	Variância acumulada (%)				
CP1	4,09995	51,2495	51,2495				
CP2	2,19670	27,4587	78,7083				
Autovetores associados							
PMST	PMSF	%Folha	RB	ALT	MF	R(%)T	R(%)F
0,349	0,458	0,240	0,377	0,234	-0,393	0,411	0,302
0,416	-0,007	-0,556	-0,386	0,494	-0,225	-0,247	0,113
-0,244	-0,330	-0,228	-0,155	-0,301	-0,210	0,280	0,736
-0,084	-0,049	-0,004	-0,023	0,520	0,724	0,387	0,217
-0,485	-0,287	0,259	-0,187	0,499	-0,471	0,207	-0,258
0,189	0,261	0,090	-0,703	-0,285	0,025	0,504	-0,241
0,096	-0,264	-0,569	0,394	-0,100	-0,063	0,495	-0,427
-0,598	0,677	-0,426	0,010	0,020	-0,021	-0,029	-0,011

PMST – produção de matéria seca total (kg ha^{-1}); PMSF – produção de matéria seca de folha (kg ha^{-1}); %Folha – porcentagem de folha; RB – rebrota (nota 1 a 6); ALT – altura (cm); MF – mancha foliar (nota 0 a 5); R(%)T – relação em porcentagem entre a taxa de acúmulo de matéria seca total entre os cortes de seca e chuva; R(%)F – relação em porcentagem entre a taxa de acúmulo de matéria seca de folha entre os cortes de seca e chuva.

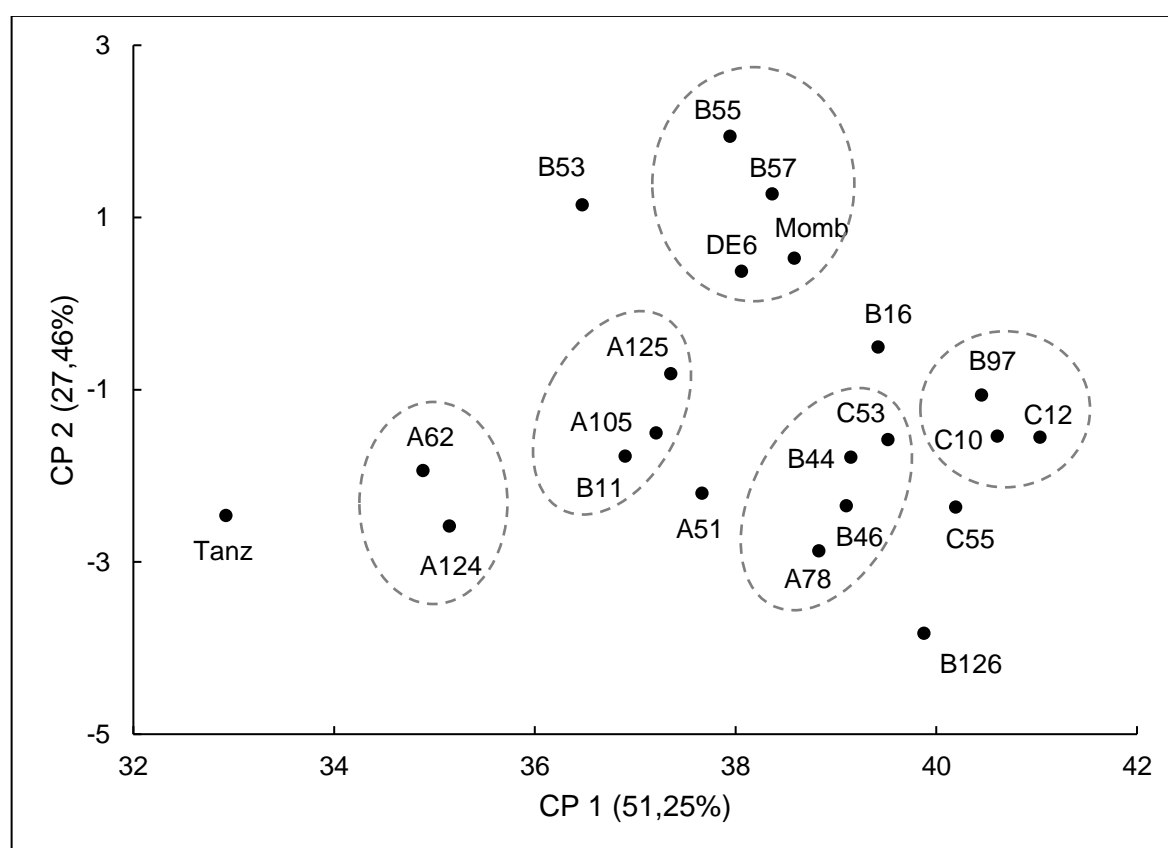
Os dois primeiros componentes principais apresentaram o mesmo padrão de discriminação dos genótipos que o agrupamento pelo método de otimização (Figura 3). Algumas diferenças foram a separação em dois conjuntos na ACP do grupo 1 do Tocher. Outra diferença foi o genótipo DE6 próximo dos B55, B57 e Mombaça na ACP. A individualização do híbrido DE6 parece ser mais coerente, como apresentado no Tocher, uma vez que apresenta médias fenotípicas diferentes dos outros genótipos, principalmente para as características PMST, PMSF e R(%)F. Apesar da separação dos híbridos B16 e C55 na ACP estes se encontram próximo aos B97, C10 e C12 conforme o grupo 3 do Tocher. E por último, com exceção do DE6, todos os genótipos sozinhos nos grupos do Tocher assim permanecera na ACP.

A coerência na formação dos grupos pelas diferentes metodologias, juntamente com as características morfológicas apresentadas na Tabela 13, auxiliam na seleção dos híbridos conforme suas potencialidades e objetivos do programa de melhoramento. Um dos objetivos ao lançar novas cultivares é a diversificação das pastagens para redução dos extensos monocultivos e, dessa forma, a escolha de materiais de diferentes grupos pode auxiliar na tomada de decisão.

A formação dos grupos, de maneira geral, seguiu as relações de parentesco, com as melhores médias fenotípicas para as variáveis de produção de matéria seca

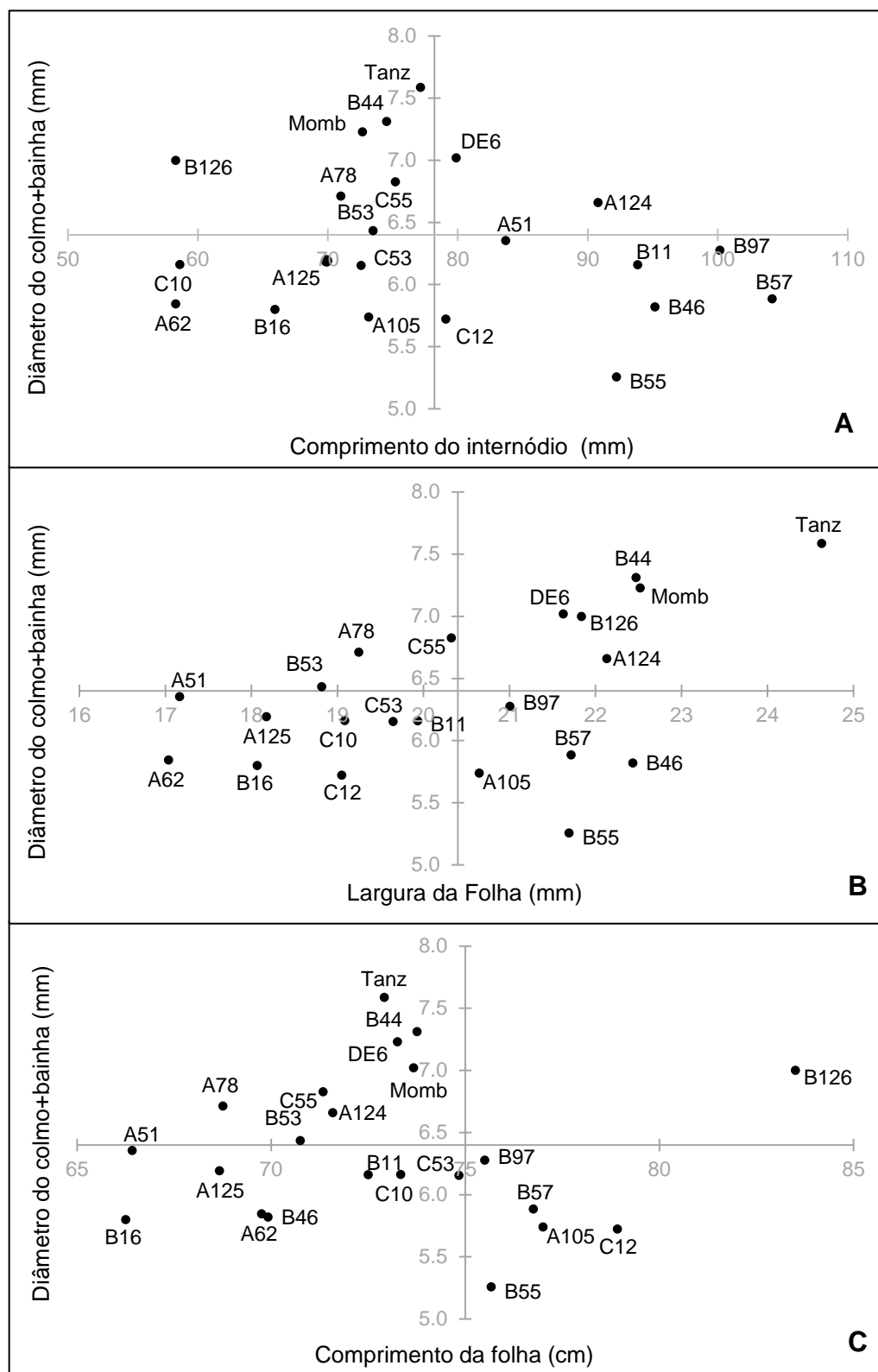
para o cruzamento S10 X Mombaça. A cultivar Tanzânia-1, assim como seus filhos, apresentaram os maiores valores para MF, demonstrando a herança da susceptibilidade para essa doença, já observada para esta cultivar (MARTINEZ et al., 2010; TAVANTI et al., 2016). Os outros grupos apresentaram ocorrência com severidade menor, entre eles a cv. Mombaça, fato também descrito por Santos et al. (2015). A mancha foliar causada pelo fungo *Bipolaris maydis* é o principal problema fitossanitário em *P. maximum*, estando presente em todo território brasileiro, causando queda de produtividade (MARTINEZ et al., 2010; TAVANTI et al., 2016; SANTOS et al., 2015).

Figura 3 – Dispersão bidimensional de 22 genótipos de *Panicum maximum* segundo seus escores obtidos a partir de oito variáveis agrônômicas avaliados em 16 cortes de 2013 a 2015 em Rio Branco, AC



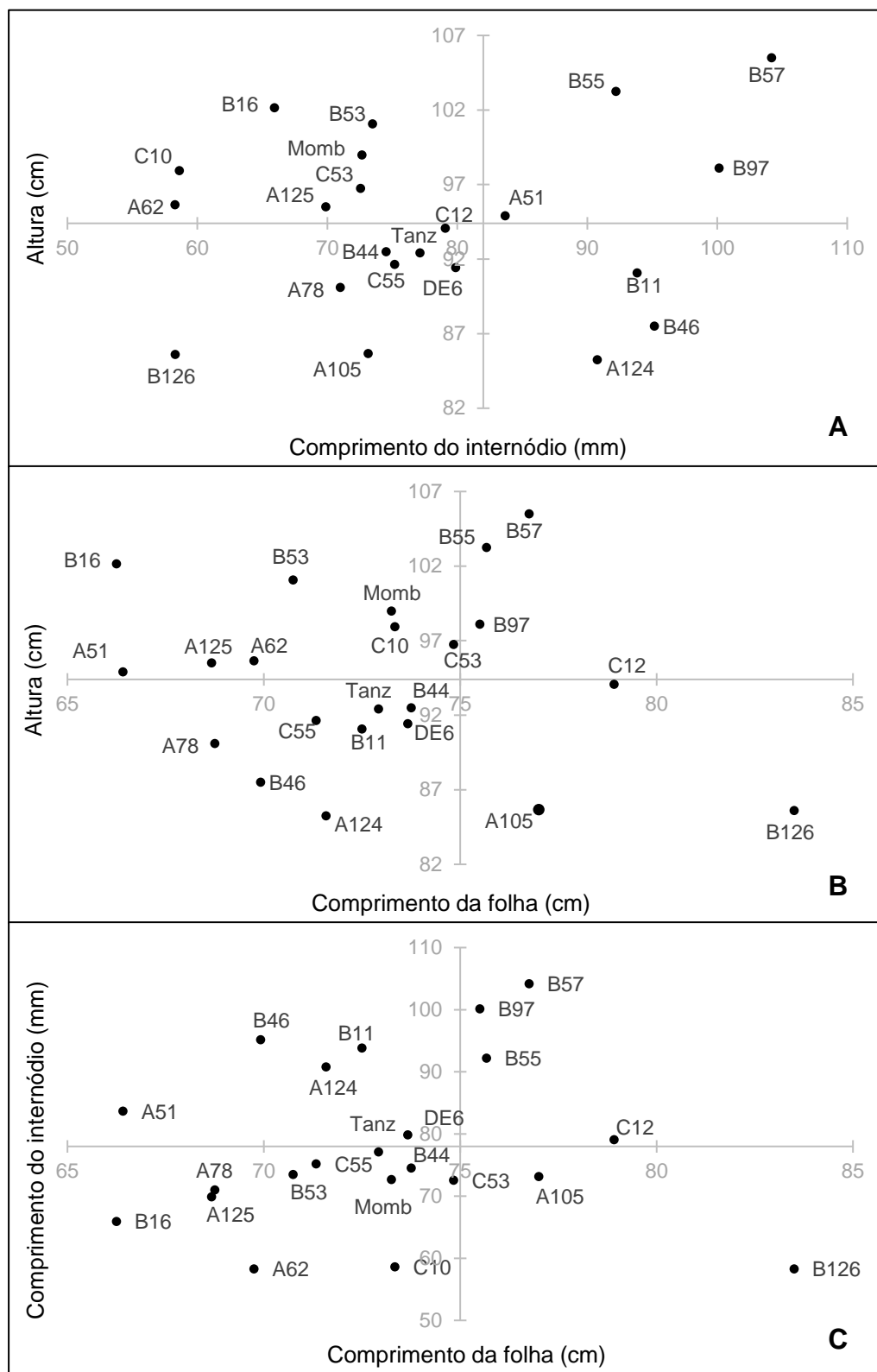
Nas Figuras 4 e 5 é possível observar as dispersões gráficas das variáveis quantitativas de caracterização. A dispersão das variáveis CI e DC (Figura 4A) mostra a presença de genótipos com colmos mais finos e compridos (B55) e outros mais grossos e curtos (B126). De acordo com Fagundes et al. (2006), as características dos colmos têm grande importância para o crescimento em forrageiras tropicais

Figura 4 – Dispersão das médias fenotípicas das variáveis de caracterização morfológica de 22 genótipos de *Panicum maximum* avaliados em Rio Branco, AC: A – comprimento do internódio x diâmetro do colmo; B – largura da folha x diâmetro do colmo; C – comprimento da folha x diâmetro do colmo



Fonte: Beber (2016)

Figura 5 – Dispersão das médias fenotípicas das variáveis de caracterização morfológica de 22 genótipos de *Panicum maximum* avaliados em Rio Branco, AC: A – comprimento do internódio x altura; B – comprimento da folha x altura; C – comprimento da folha x comprimento do internódio



Fonte: Beber (2016)

cespitosas, pois interferem na estrutura do dossel e na competição por luz. Entretanto, visando a melhoria bromatológica, com base nas características morfológicas, é importante selecionar aqueles genótipos que no estágio vegetativo apresentem menor proporção de colmos e bainhas e menor alongamento do internódio associado a elevada produção de folhas (LEMPP, 2013). De acordo com a mesma autora, plantas com menor alongamento do internódio favorecem a colheita da forragem pelos animais. Nesse sentido, os genótipos C10, A62, B16, A125, C53 e A105 são os melhores para essas características por apresentarem colmos mais finos e curtos.

A Figura 4B apresenta a dispersão dos genótipos com base nas variáveis LF e DC, onde se destaca a cultivar Tanzânia-1 com os maiores valores e o A62 com a menor largura da folha e entre os que possuem colmos mais finos. Com exceção do híbrido B44, todos os demais possuem diâmetro do colmo menores e lâminas foliares mais estreitas que das testemunhas (Tanzânia-1 e Mombaça), o que possibilita a seleção de genótipos com colmos e folhas mais finas. Dentre os melhores para essas características destacam-se os híbridos A62, B16, C12, C10, A125, C53 e B11. Já para a dispersão do CF com DC (Figura 4C) o híbrido B126 se destaca de maneira desfavorável com maior comprimento de folha e entre os materiais com maiores diâmetros do colmo. Nesse sentido, os híbridos que apresentam maior interesse para essas duas variáveis são o B16, A125, A62, B46, C10 e B11.

Na Figura 5A destaca-se o genótipo B57 por ser o mais alto e com maior comprimento do internódio e o B126, no extremo oposto (mais baixo e menor comprimento do internódio). Houve ainda híbridos altos e com menor comprimento do internódio (B16) e outros entre os mais baixos e com maior internódio (B46). Dessa forma, verificou-se que a altura das plantas não tem relação com o comprimento do internódio até essa fase de crescimento das plantas. Nesse sentido, mesmo plantas baixas, mas com colmos alongados pode prejudicar a qualidade desses genótipos já que terão maior participação na matéria seca total da planta especialmente em estádios avançados de maturidade da planta (STABILE et al., 2010). Plantas cespitosas, como *P. maximum*, com menor internódio podem favorecer o manejo dos pastos, já que esta estrutura tende a se acumular pelo atraso na entrada ou saída antecipada dos animais no piquete (GOMIDE et al., 2007) e a influenciar o comportamento ingestivo dos animais (BRÂNCIO et al., 2003).

A altura das plantas não apresentou relação direta com o comprimento das folhas. Isso pode ser explicado pelos diferentes portes das folhas nesse grupo de

genótipos (Tabela 13) onde observou-se híbrido alto com folhas curtas, como o B16, e alto com folhas compridas como o B57. O híbrido B126 destacou-se pelo maior comprimento da folha e menor altura (Figura 5B).

O conhecimento das características morfológicas quantitativas e qualitativas apresentadas, além de auxiliar na seleção dos novos genótipos, é também importante para a descrição de registro e identificação das futuras cultivares, e em especial para comparação com as mais comercializadas e utilizadas pelos produtores. Nesse sentido, são apresentadas na Tabela 16 as características morfológicas dos melhores híbridos agrupados com base nas variáveis agrônômicas pelo método de Tocher de modo a compará-los com a cv. Mombaça.

Tabela 16 – Características morfológicas dos híbridos superiores de *Panicum maximum* alocados no grupo 3 pelo método de Tocher, e da cultivar Mombaça, avaliados (2014) em Rio Branco, Acre

Genótipos	LF*	CF*	DC*	CI*	ALTc*	PF	DEL	DEB
B16	Estreita	Curta	Fino	Curto	Alta	Ereta	Baixa	Ausente
B97	Larga	Longa	Fino	Longo	Média-Alta	Quebradiça	Média	Média
C10	Estreita	Curta	Fino	Curto	Média-Alta	Ereta	Ausente	Ausente
C12	Estreita	Longa	Fino	Curto	Média	Ereta	Ausente	Ausente
C55	Estreita	Curta	Grosso	Curto	Média	Ereta	Baixa	Ausente
Mombaça	Larga	Curta	Grosso	Curto	Média-Alta	Quebradiça	Baixa	Ausente

Largura da folha (LF), comprimento da folha (CF), diâmetro do colmo + bainha (DC), comprimento do internódio (CI), altura na caracterização (ALTc), porte da folha (PF), densidade comparativa de pelos na lâmina foliar (DEL) e densidade comparativa dos pelos na bainha (DEB). (*) As classes estabelecidas para LF, CF, DC, CI e ALTc foram com base no agrupamento de Scott-Knott para esta população.

Verificou-se que foram melhores os híbridos B16, C10, C12, C55 com folhas mais finas, B16, C10, C55 com folhas mais curtas, B16, B97, C10, C12 com menor diâmetro do colmo, e pior o B97 com maior comprimento de internódio quando comparado com a testemunha.

Para a variável altura, medida na caracterização (ALTc), os híbridos C12 e C55 são menores, o B97 e C10 semelhantes a cv. Mombaça e o B16 mais alto. Para a

pilosidade da lâmina foliar, C10 e C12 são glabras e os demais híbridos com presença, assim como Mombaça. Para pilosidade na bainha apenas o B97 tem pilosidade média e os demais são glabras assim como a testemunha.

A comparação desse grupo de genótipos com a cv. Mombaça permitiu identificar híbridos com melhores características para as variáveis LF, DC, ALTc e DEL.

4 CONCLUSÕES

Há variabilidade genética para todos os caracteres morfológicos avaliados, de forma que o conhecimento das diferenças morfológicas existentes entre os híbridos irá auxiliar na escolha das futuras cultivares.

A variabilidade para comprimento e largura da lâmina foliar, assim como para diâmetro do colmo e comprimento do internódio é relativamente baixa, provável consequência do reduzido número de genitores utilizados na obtenção dos híbridos.

Há diversidade genética entre os híbridos com base nas oito variáveis agronômicas.

A formação dos grupos é influenciada parcialmente pelo grau de parentesco entre os híbridos.

Entre os híbridos com maior produção de forragem há aqueles com características morfológicas mais desejáveis que o Mombaça como menor largura de folha, menor diâmetro do colmo, menor altura e ausência de pilosidade na lâmina foliar.

REFERÊNCIAS

- AMOLE, T. A.; ODUGUWA, B.; SHITTU, O.; NKWELUM, N.; DELE, P. A.; OJO, V. O. A.; ODEYEMI, B.; TOVIESI, P.; FAMAKINDE, A. Preference of muturu cattle to either fresh forage or pelleted hay of *Panicum maximum* and *Pennisetum purpureum* cut at four and eight weeks. **Slovak Journal of Animal Science**, v. 46, n. 2, p. 68-74, 2013.
- ASSIS, G. M. L. de; SANTOS, C. F. dos; FLORES, P. S.; VALLE, C. B. do. Genetic divergence among *Brachiaria humidicola* (Rendle) Schweick hybrids evaluated in the Western Brazilian Amazon. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 14, p. 224-231, 2014.
- BASSO, K. C.; RESENDE, R. M. S.; VALLE, C. B. do; GONÇALVES, M. C.; LEMPP, B. Avaliação de acessos de *Brachiaria brizantha* Stapf e estimativas de parâmetros genéticos para caracteres agrônômicos. **Acta Scientiarum. Agronomy**, Maringá, v. 31, n. 1, p. 17-22, 2009.
- BRÂNCIO, P. A.; EUCLIDES, V. P. B.; NASCIMENTO JÚNIOR, D. do; FONSECA, D. M. da; ALMEIDA, R. G. de; MACEDO, M. C. M.; BARBOSA, R. A. Avaliação de três cultivares de *Panicum maximum* Jacq. sob pastejo: disponibilidade de forragem, altura do resíduo pós-pastejo e participação de folhas, colmos e material morto. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 32, n. 1, p. 55-63, 2003.
- CRUZ, C. D. Genes – a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 35, n. 3, p. 271-276, jul./set., 2013.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4. ed. v. 1. Viçosa, MG: UFV, 2012. 514 p.
- EUCLIDES, V. P. B. **Alternativas para intensificação da produção de carne bovina em pastagem**. Campo Grande: Embrapa Gado de Corte, 2000. 65p.
- EUCLIDES, V. P. B.; MONTAGNER, D. B.; BARBOSA, R. A.; NANTES, N. N. Manejo do pastejo de cultivares de *Brachiaria brizantha* (Hochst) Stapf e de *Panicum maximum* Jacq. **Revista Ceres**, Viçosa, MG, v. 61, supl., p. 808-818, nov./dez., 2014.
- FAGUNDES, J. L.; FONSECA, D. M. da; MISTURA, C.; MORAIS, R. V. de; VITOR, C. M. T.; GOMIDE, J. A.; NASCIMENTO JUNIOR, D. do; CASAGRANDE, D. R.; COSTA, L. T. da. Características morfogênicas e estruturais do capim-braquiária em pastagem adubada com nitrogênio avaliadas nas quatro estações do ano. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 35, n. 1, p. 21-29, 2006.
- 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**, n. 12, p. 237-244, 2012.
- GOMIDE, C. A. de M.; GOMIDE, J. A.; ALEXANDRINO, E. Características estruturais e produção de forragem em pastos de capim-mombaça submetidos a períodos de descanso. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 42, n. 10, p. 1487-1494, out., 2007.

INMET – Instituto Nacional de Meteorologia. **Banco de Dados Meteorológicos para Ensino e Pesquisa do Instituto Nacional de Meteorologia**. Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento. Disponível em: <<http://www.inmet.gov.br/projetos/rede/pesquisa/>> Acesso em: 08/11/2016.

JANK, L.; BARRIOS, S. C.; VALLE, C. B. do; SIMEÃO, R. M.; ALVES, G. F. The value of improved pastures to Brazilian beef production. **Crop and Pasture Science**, Victoria, v. 65, p. 1132-1137, 2014.

JANK, L.; CALIXTO, S.; COSTA, J. C. G.; SAVIDAN, Y. H.; CURVO, J. B. E. Catálogo de caracterização e avaliação de germoplasmas de *Panicum maximum*: descrição morfológica e comportamento agrônômico. **Documentos**, 68. Campo Grande: Embrapa-CNPQC, 1997. 53 p.

LEMPP, B. Características morfoanatómicas e fisiológicas associadas à qualidade bromatológica da forragem. In: SOUZA, F. H. D. de; MATTA, F. de P.; FÁVERO, A. P. (Ed.). **Construção de ideótipos de gramíneas para usos diversos**. Brasília, DF: Embrapa, 2013.

MARTINEZ, A. da S.; FRANZENER, G.; STANGARLIN, J. R. Dano causado por *Bipolaris maydis* em *Panicum maximum* cv. Tanzânia-1. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 31, n. 4, p. 863-870, out./dez. 2010.

MARTUSCELLO, J. A.; BRAZ, T. G. dos S.; JANK, L.; CUNHA, D. de N. F. V. da; FONSECA, D. M. da. Genetic diversity based on morphological data in *Panicum maximum* hybrids. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 41, n. 9, p. 1975-1982, 2012.

RAMAKRISHNAN, P.; BABU, C.; IYANAR, K. Genetic diversity in guinea grass (*Panicum maximum* Jacq.) for fodder yield and quality using morphological markers. **International Journal of Plant Biology & Research**, v. 2, n. 1, p. 1006-1010, 2014.

RESENDE, M. D. V. de. Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 16, p. 330-339, 2016.

RESENDE, M. D. V. de; RESENDE, R. M. S.; JANK, L.; VALLE, C. B. do. Experimentação e análise estatística no melhoramento de forrageiras. In: RESENDE, R. M. S.; VALLE, C. B. do; JANK, L. (Ed.). **Melhoramento de forrageiras tropicais**. Campo Grande, MS: Embrapa Gado de Corte, 2008.

RESENDE, R. M. S.; JANK, L.; VALLE, C. B. do; BONATO, A. L. V. Biometrical analysis and selection of tetraploid progenies of *Panicum maximum* using mixed model methods. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 39, n. 4, p. 335-341, abr. 2004.

SANTOS, É. Da C. M. dos; FERNANDES, C. D.; VERZIGNASSI, J. R.; JANK, L.; MALLMANN, G.; QUEIRÓZ, C. de A. Avaliação de genótipos de *Panicum maximum* Jacq. à cárie do sino e à mancha foliar. **Summa Phytopathologica**, Botucatu, v. 41, n. 1, p. 35-41, 2015.

STABILE, S. dos S.; SALAZAR, D. R.; JANK, L.; RENNÓ, F. P.; SILVA, L. F. P. Características de produção e qualidade nutricional de genótipos de capim-colonião colhidos em três estádios de maturidade. **Revista Brasileira Zootecnia**, v. 39, n. 7, p. 1418-1428, 2010.

TAVANTI, T. R.; TAKADA, J.; RIBEIRO, L. F. C.; MORAES, S. R. G.; PEDREIRA, B. C. e. Ocorrência de mancha foliar de *Bipolaris maydis* em capim Tanzânia-1 na região norte do Mato Grosso. **Revista de Ciências Agroambientais**, Alta Floresta, MT, v. 14, n. 1, p. 83-85, 2016.

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

VAN SOEST, P. J. **Nutritional ecology of the ruminant**. 2. ed. Ithaca: Cornell University, 1994. 476 p.

5 CONCLUSÕES FINAIS

Existe variabilidade genética entre os genótipos avaliados que permite obter ganhos genéticos com a seleção dos melhores híbridos.

As altas herdabilidade médias indicam a possibilidade de obtenção de altos ganhos com a seleção para todas as variáveis, exceto PB e FDA.

A presença de correlações significativas de alta magnitude entre determinadas variáveis permite seu uso na seleção indireta e auxilia na escolha daquelas que comporão índices de seleção que favoreçam os objetivos do melhoramento da espécie.

Os genótipos C12, C55, B97, C10, B126, B44 e C53 são indicados para as próximas fases de avaliação e a seleção desses híbridos resulta em ganho genético em relação à cv. Mombaça para todas as variáveis agronômicas, exceto produção de matéria seca total.

Há diversidade genética entre os genótipos, mesmo entre irmãos completos, com a presença de diferentes características morfológicas e agronômicas que auxiliam na escolha e descrição de novos híbridos que poderão ser lançados como cultivares superiores às testemunhas para o bioma Amazônia.

REFERÊNCIAS

AMOLE, T. A.; ODUGUWA, B.; SHITTU, O.; NKWELUM, N.; DELE, P. A.; OJO, V. O. A.; ODEYEMI, B.; TOVIESI, P.; FAMAKINDE, A. Preference of muturu cattle to either fresh forage or pelleted hay of *Panicum maximum* and *Pennisetum purpureum* cut at four and eight weeks. **Slovak Journal of Animal Science**, v. 46, n. 2, p. 68-74, 2013.

ANDRADE, C. M. S. de; VALENTIM, J. F. **Síndrome da morte do capim-brizantão no Acre**: características, causas e soluções tecnológicas. Rio Branco, Acre: Embrapa Acre, 2007 (Documentos, 105).

ARAÚJO, S. A. C.; DEMINICIS, B. B.; CAMPOS, P. R. S. S. Melhoramento genético de plantas forrageiras tropicais no Brasil. **Archivos de Zootecnia**, n. 57, p. 61-76, 2008.

ASSIS, G. M. L. de; SANTOS, C. F. dos; FLORES, P. S.; VALLE, C. B. do. Genetic divergence among *Brachiaria humidicola* (Rendle) Schweick hybrids evaluated in the Western Brazilian Amazon. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 14, p. 224-231, 2014.

ASSIS, G. M. L. de; VALENTIM, J. F.; CARNEIRO JÚNIOR, J. M.; AZEVEDO, J. M. A. de; FERREIRA, A. S. Seleção de genótipos de amendoim forrageiro para cobertura do solo e produção de biomassa aérea no período de estabelecimento utilizando metodologia de modelos mistos. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 37, n. 11, p. 1905-1911, 2008.

BARBOSA, F. A. et al. **Cenários para a pecuária de corte amazônica**. Belo Horizonte, MG: IGC/UFMG, 2015.

BASSO, K. C.; RESENDE, R. M. S.; VALLE, C. B. do; GONÇALVES, M. C.; LEMPP, B. Avaliação de acessos de *Brachiaria brizantha* Stapf e estimativas de parâmetros genéticos para caracteres agrônômicos. **Acta Scientiarum. Agronomy**, Maringá, v. 31, n. 1, p. 17-22, 2009.

BRAGA, G. J.; MACIEL, G. A.; RAMOS, A. K. B.; CARVALHO, M. A.; FERNANDES, F. D.; JANK, L. Dry matter yield of promising *Panicum maximum* genotypes in response to phosphorus and lime on Brazilian savanna. **Tropical Grasslands – Forrajes Tropicales**, v. 2, p. 18-20, 2014.

BRÂNCIO, P. A.; EUCLIDES, V. P. B.; NASCIMENTO JÚNIOR, D. do; FONSECA, D. M. da; ALMEIDA, R. G. de; MACEDO, M. C. M.; BARBOSA, R. A. Avaliação de três cultivares de *Panicum maximum* Jacq. sob pastejo: disponibilidade de forragem, altura do resíduo pós-pastejo e participação de folhas, colmos e material morto. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 32, n. 1, p. 55-63, 2003.

BRAZ, T. G. dos S.; FONSECA, D. M. da; JANK, L.; CRUZ, C. D.; MARTUSCELLO, J. A. Genotypic stabilization of agronomic traits in *Panicum maximum* (Jacq.) hybrids. **Revista Brasileira de Zootecnia**, n. 44, v. 11, p. 377-383, 2015.

BRAZ, T. G. dos S.; FONSECA, D. M. da; JANK, L.; RESENDE, M. D. V. de; MARTUSCELLO, J. A.; SIMEÃO, R. M. Genetic parameters of agronomic characters in *Panicum maximum* hybrids. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 42, n. 4, p. 231-237, 2013.

BRAZ, T. G. dos S.; MARTUSCELLO, J. A.; JANK, L.; FONSECA, D. M. da; RESENDE, M. D. V.; EVARISTO, A. B. Genotypic value in hybrid progenies of *Panicum maximum* Jacq. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 47, n. 9, 2017.

BUENO, L. C. S.; MENDES, A. N. G.; CARVALHO, S. P. **Melhoramento Genético de Plantas**. 2. ed. Lavras: UFLA, 2006. 319 p.

CAMARINHA FILHO, J. A. **Nota metodológica sobre modelos lineares mistos**. Universidade Federal do Paraná. Curitiba, PR, 2003.

CANDIDO, L. S. **Modelos mistos na avaliação e ordenação de genótipos de cana-de-açúcar, com e sem efeitos de competição com parcelas vizinhas**. 2009. 93 f. Tese (Doutorado em Agronomia – Genética e Melhoramento de Plantas) – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho, Jaboticabal, 2009.

CARGNELUTTI FILHO, A.; BRAGA JUNIOR, R. L. do C.; LÚCIO, A. D. Medidas de precisão experimental e número de repetições em ensaios de genótipos de cana-de-açúcar. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 47, n. 10, p. 1413-1421, out. 2012.

CARGNELUTTI FILHO, A.; CASTILHOS, Z. M. de S.; STORK, L.; SAVIAN, J. F. Análise de repetibilidade de caracteres forrageiros de genótipos de *Panicum maximum*, avaliados com e sem restrição solar. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 34, n. 3, p. 723-729, mai./jun. 2004.

CASTAGNARA, D. D.; MESQUITA, E. E.; NERES, M. A.; OLIVEIRA, P. S. R.; DEMINICIS, B. B.; BAMBERG, R. Valor nutricional e características estruturais de gramíneas tropicais sob adubação nitrogenada. **Archivos de Zootecnia**, v. 60, n. 232, p. 931-942, 2011.

CEDILLO, D. S. O.; BARROS, W. S.; FERREIRA, F. M.; DIAS, A. S.; ROCHA, R. B.; CRUZ, C. D. Correlation and repeatability in progenies of African oil palm. **Acta Scientiarum. Agronomy**, Maringá, v. 30, n. 2, p. 197-201, 2008.

COSTA, F. de S.; AMARAL, E. F. do; BUTZKE, A. G.; NASCIMENTO, S. da S. **Inventário de emissões antrópicas e sumidouros de gases de efeito estufa do estado do Acre: ano-base 2010**. Rio Branco: Embrapa Acre, 2012. 114 p.

COSTA, K. A. de P.; OLIVEIRA, I. P. de; FAQUIN, V.; NEVES, B. P. das; RODRIGUES, C.; SAMPAIO, F. de M. T. Intervalo de corte na produção de massa seca e composição químico-bromatológica da *Brachiaria brizantha* cv. MG-5. **Revista Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 31, n. 4, p. 1197-1202, jul./ago., 2007.

COSTA, K. A. de P.; ROSA, B.; OLIVEIRA, I. P. de; CUSTÓDIO, D. P.; SILVA, D. C. e. Efeitos da estacionalidade na produção de matéria seca e composição bromatológica da *Brachiaria brizantha* cv. Marandu. **Ciência Animal Brasileira**, v. 6, n. 3, p. 187-193, jul./set., 2005.

CRUZ, C. D. Genes – a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 35, n. 3, p. 271-276, jul./set., 2013.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. v. 2. Viçosa: UFV, 2014.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4. ed. v. 1. Viçosa, MG: UFV, 2012.

DIAS, L. A. S. dos; RESENDE, M. D. V. Experimentação no melhoramento. In: DIAS, L. A. S. dos (Org.). **Melhoramento genético do cacauzeiro**. Viçosa, MG: Funape, 2001. P. 439-492.

DIAS-FILHO, M. B. **Uso de pastagens para a produção de bovinos de corte no Brasil: passado, presente e futuro**. Belém, PA: Embrapa Amazônia Oriental, 2016 (Documentos, 418).

DUARTE, J. B. **Sobre o emprego e a análise estatística do delineamento em blocos aumentados no melhoramento genético vegetal**. 2000. 292 f. Tese (Doutorado em Agronomia – Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2000.

DUARTE, J. B.; VENCOSKY, R. Estimação e predição por modelo linear misto com ênfase na ordenação de médias de tratamentos genéticos. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 58, n. 1, p. 109-117, jan./mar., 2001.

ELSTON, R. C. A weight-free index for purpose of ranking or selection with respect to several traits at time. **Biometrics**, London, UK, v. 19, n. 1, p. 85-97, Mar. 1963.

EMATNE, H. J. **Seleção de genitores e híbridos de *Panicum maximum* pela abordagem de modelos mistos**. 2016. 88 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2016.

EMBRAPA. **BRS Tamani, forrageira híbrida de *Panicum maximum***. Campo Grande, MS: Embrapa Gado de Corte, 2015. 1 Folder. Disponível em: <<https://www.embrapa.br/documents/1355008/1528459/Folder-Tamani-Final%283%29.pdf/75cdeff7-0bb8-45e4-85b0-63b691a3dcae>>. Acesso em: 01 de junho de 2017.

EMBRAPA. **BRS Zuri, produção e resistência para a pecuária**. Campo Grande, MS: Embrapa Gado de Corte, 2014. 1 Folder. Disponível em: <<https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/123642/1/Folder-Zuri-Final-2014.pdf>>. Acesso em: 01 de junho de 2017.

EUCLIDES, V. P. B. **Alternativas para intensificação da produção de carne bovina em pastagem**. Campo Grande: Embrapa Gado de Corte, 2000. 65p.

EUCLIDES, V. P. B.; MONTAGNER, D. B. Estratégias para intensificação do sistema de produção. In: ROSA, A. do N.; MARTINS, E. N.; MENEZES, G. R. de O.; SILVA, L. O. C. da (Ed.). **Melhoramento genético aplicado em gado de corte**: Programa Genepplus-Embrapa. Brasília, DF: Embrapa; Campo Grande, MS: Embrapa Gado de Corte, 2013. p. 49-60.

EUCLIDES, V. P. B.; MONTAGNER, D. B.; BARBOSA, R. A.; NANTES, N. N. Manejo do pastejo de cultivares de *Brachiaria brizantha* (Hochst) Stapf e de *Panicum maximum* Jacq. **Revista Ceres**, Viçosa, MG, v. 61, supl., p. 808-818, nov./dez., 2014.

FAGUNDES, J. L.; FONSECA, D. M. da; MISTURA, C.; MORAIS, R. V. de; VITOR, C. M. T.; GOMIDE, J. A.; NASCIMENTO JUNIOR, D. do; CASAGRANDE, D. R.; COSTA, L. T. da. Características morfogênicas e estruturais do capim-braquiária em pastagem adubada com nitrogênio avaliadas nas quatro estações do ano. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 35, n. 1, p. 21-29, 2006.

FAZOLIN, M.; SANTOS, R. S.; ANDRADE, C. M. S. de; ASSIS, G. M. L. de; VALENTIM, J. F. **Cigarrinhas-das-pastagens**: como identificar e controlar a principal praga das pastagens. Embrapa Acre, 2016. Disponível em: <<https://www.embrapa.br/busca-de-publicacoes/-/publicacao/1066958/cigarrinha-das-pastagens-como-identificar-e-controlar-a-principal-praga-das-pastagens>> Acesso em: 19 de janeiro 2018

FERNANDES, D. F.; BRAGA, G. J.; RAMOS, A. K. B.; JANK, L.; CARVALHO, M. A.; MACIEL, G. A.; KARIA, C. T.; FONSECA, C. E. L. da; 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, Apr.-June, 2017.

FERNANDES, F. D.; RAMOS, A. K. B.; JANK, L.; CARVALHO, M. A.; MARTHA JR., G. B.; BRAGA, G. J. Forage yield and nutritive value of *Panicum maximum* genotypes in the Brazilian savannah. **Scientia Agricola**, v.71, n. 1, p. 23-29, jan./fev., 2014.

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**, n. 12, p. 237-244, 2012.

FREITAS, I. L. de J.; AMARAL JUNIOR, A. T. do; VIANA, A. P.; PENA, G. F.; CABRAL, P. da S.; VITTORAZZI, C.; SILVA, T. R. da C. Ganho genético avaliado com índice de seleção e com REML/BLUP em milho-pipoca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 48, n. 11, p. 1464-1471, nov., 2013.

FRITSCH NETO, R. **Predição de valores genotípicos de híbridos de milho com desbalanceamento de genótipos e ambientes**. 2008. 71 f. Dissertação (Mestrado em agronomia) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2008.

GOMIDE, C. A. de M.; GOMIDE, J. A.; ALEXANDRINO, E. Características estruturais e produção de forragem em pastos de capim-mombaça submetidos a períodos de descanso. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 42, n. 10, p. 1487-1494, out., 2007.

GOMIDE, C. A. de M.; PACIULLO, D. S. C.; LEITE, J. L. B.; RESENDE, H. ***Panicum maximum* cvs. Tanzânia-1 e Mombaça para uso em pastejo: produção e custo**. Juiz de Fora, MG: Embrapa, 2016. (Circular Técnica, 113).

HENDERSON, C. R. **Applications of linear models in animal breeding**. 3 ed. Guelph, ON: University of Guelph, 1984, 462 p.

HOLLAND, J. B.; NYQUIST, W. E.; CERVANTES-MARTINEZ; C. T. Estimating and interpreting heritability for plant breeding: an update. In: JANICK, J. **Plant Breeding Reviews**, vol. 22. Hoboken: John Wiley & Sons, 2003. p 9–112.

IBGE – Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. **Produção da Pecuária Municipal**, Rio de Janeiro, v. 43, p. 1-49, 2015.

INMET – Instituto Nacional de Meteorologia. **Banco de Dados Meteorológicos para Ensino e Pesquisa do Instituto Nacional de Meteorologia**. Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento. Disponível em: <<http://www.inmet.gov.br/projetos/rede/pesquisa/>> Acesso em: 08/11/2016.

JANK, L.; ANDRADE, C. M. S. de; BARBOSA, R. A.; MACEDO, M. C. M.; VALÉRIO, J. R.; VERZIGNASSI, J.; ZIMMER, A. H.; FERNANDES, C. D.; SANTOS, M. F.; SIMEÃO, R. M. **O capim-BRS Quênia (*Panicum maximum* Jacq.) na diversificação das pastagens**. Brasília, DF: Embrapa, 2017. (Comunicado Técnico, 138).

JANK, L.; BARRIOS, S. C.; VALLE, C. B. do; SIMEÃO, R. M.; ALVES, G. F. The value of improved pastures to Brazilian beef production. **Crop and Pasture Science**, Victoria, v. 65, p. 1132-1137, 2014.

JANK, L.; CALIXTO, S.; COSTA, J. C. G.; SAVIDAN, Y. H.; CURVO, J. B. E. Catálogo de caracterização e avaliação de germoplasmas de *Panicum maximum*: descrição morfológica e comportamento agrônomo. **Documentos**, 68. Campo Grande: Embrapa-CNPGC, 1997. 53 p.

JANK, L.; COSTA, R. de A.; CHIARI, L.; SIMEÃO, R. M.; VALLE, C. B. do V. Potencialidade do uso de biomassa da forrageira *Panicum maximum* Jacq. na produção de energia. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 47., 2010, Salvador. **Anais...** Salvador: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2010.

JANK, L.; MARTUSCELLO, J. A.; EUCLIDES, V. P. B.; VALLE, C. B. do; RESENDE, R. M. S. *Panicum maximum*. In: FONSECA, D. M.; MARTUSCELLO, J. A. (Ed.). **Plantas forrageiras**. Viçosa, MG: Editora UFV, 2010. p. 166-196.

JANK, L.; RESENDE, R. M. S.; VALLE, C. B. Breeding tropical forages. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**. Special edition 1, p. 27-34, 2011.

JANK, L.; RESENDE, R. M. S.; VALLE, C. B. do; RESENDE, M. D. V. de; CHIARI, L.; CANÇADO, L. J.; SIMIONI, C. Melhoramento genético de *Panicum maximum*. In: RESENDE, R. M. S.; VALLE, C. B. do; JANK, L. (Ed.). **Melhoramento de forrageiras tropicais**. Campo Grande: Embrapa, 2008, p. 55-87.

JANK, L.; VALLE, C. B.; RESENDE, R. M. S. Breeding tropical forages. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, supl. 1, p. 27-34, 2011.

JOSÉ, M. R. **Sistema de produção de sementes de espécies forrageiras tropicais na visão da Unipasto**: pesquisa, produção, comercialização e fiscalização. Florianópolis-SC, 20 slides. 16 a 19 de setembro, 2013. Apresentação em PowerPoint. Disponível em <http://www.apps.agr.br/upload/ax10_3110201326868700_palestra_unipasto.pdf> Acesso em 02 de março de 2018.

LÉDO, F. J. da S.; PEREIRA, A. V.; SOUZA SOBRINHO, F.; AUAD, A. M.; JANK, L.; OLIVEIRA, J. S. e. Estimativas de repetibilidade para caracteres forrageiros em *Panicum maximum*. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 32, n. 4, jul./ago., 2008.

LEMPP, B. Características morfoanatômicas e fisiológicas associadas à qualidade bromatológica da forragem. In: SOUZA, F. H. D. de; MATTA, F. de P.; FÁVERO, A. P. (Ed.). **Construção de ideótipos de gramíneas para usos diversos**. Brasília, DF: Embrapa, 2013.

LENG, R. A. Factors affecting the utilization of 'poor-quality' forages by ruminants particularly under tropical conditions. **Nutrition Research Reviews**, v. 3, p. 277-303, 1990.

MAIA, M. C. C.; RESENDE, M. D. V.; PAIVA, J. R. de; CAVALCANTI, J. J. V.; BARROS, L. de M. Seleção simultânea para produção, adaptabilidade e estabilidade genóticas em clones de cajueiro, via modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 39, n. 1, p. 43-50, jan./mar., 2009.

MAPA – Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Registro Nacional de Cultivares – RNC. Cultivarweb. Gerenciamento de informação. 2017. Disponível em <http://extranet.agricultura.gov.br/php/snpc/cultivarweb/cultivares_registradas.php> Acesso em 31 de maio 2017.

MARCOS, M. F.; JANK, L.; FERNANDES, C. D.; VERZIGNASSI, J. R.; MALLMANN, G.; QUEIRÓZ, C. de A.; BATISTA, M. V. Reação à *Bipolaris maydis*, agente causal da mancha foliar, em híbridos apomíticos de *Panicum maximum*. **Summa Phytopathologica**, Botucatu, v. 41, n. 3, p.197-201, 2015.

MARTEN, G. C.; SHENK, J. S.; BARTON, F. E. Near Infrared Reflectance Spectroscopy (NIRS), Analysis Quality. USDA, Washington: DC, 1985.

MARTHA JR, G. B.; ALVES, E.; CONTINI, E. Land-saving approaches and beef production growth in Brazil. **Agricultural Systems**, v. 110, p. 173-177, 2012.

MARTINEZ, A. da S.; FRANZENER, G.; STANGARLIN, J. R. Dano causado por *Bipolaris maydis* em *Panicum maximum* cv. Tanzânia-1. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 31, n. 4, p. 863-870, out./dez. 2010.

MARTUSCELLO, J. A. **Repetibilidade e seleção em *Panicum maximum* Jacq.** 2007. 100 f. Tese (Doutorado em Zootecnia) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2007.

MARTUSCELLO, J. A.; BRAZ, T. G. dos S.; JANK, L. CUNHA, D. de N. F. V. da; LIMA, B. P. da S.; OLIVEIRA, L. P. de. Repeatability and phenotypic stabilization of *Panicum maximum* accessions. **Acta Scientiarum**, v. 37, n. 1, p. 15-21, jan./mar., 2015.

MARTUSCELLO, J. A.; BRAZ, T. G. dos S.; JANK, L.; CUNHA, D. de N. F. V. da; FONSECA, D. M. da. Genetic diversity based on morphological data in *Panicum maximum* hybrids. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 41, n. 9, p. 1975-1982, 2012.

MARTUSCELLO, J. A.; JANK, L.; FONSECA, D. M. da; CRUZ, C. D.; CUNHA, D. de N. F. V. da. Repetibilidade de caracteres agronômicos em *Panicum maximum* Jacq. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 36, n. 6, p. 1975-1981, 2007.

MATEUS, R. G.; BARRIOS, S. C. L.; FIGUEIREDO, U. J.; VALLE, C. B. do. Agronomic evaluation of 324 intraspecific hybrids of *Brachiaria decumbens* in Brazil. **Tropical Grasslands – Forrajes Tropicales**, v. 1, p. 99-100, 2013.

MATIAS, I. M.; BARRIOS, S. C. L.; VALLE, C. B. do; MATEUS, R. G.; MARTINS, L. B.; MORO, G. V. Estimate of genetic parameters in *Brachiaria decumbens* hybrids. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, n. 16, p. 115-122, 2016.

MULAMBA, N. N.; MOCK, J. J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. **Egyptian Journal of Genetics and Cytology**, Alexandria, v. 1, n. 7, p.40-51, Jan. 1978.

NEGREIROS, J. R. da S. **Seleção combinada, massal e entre e dentro, análise de trilha e repetibilidade em progênies de meios-irmãos de maracujazeiro (*Passiflora edulis* f. *flavicarpa*).** 2006. 128 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2006.

PEREIRA, E. A.; DALL'AGNOL, M.; NABINGER, C.; HUBER, K. G. C.; MONTARDO, D. P.; GENRO, T. C. M. Produção agronômica de uma coleção de acesso de *Paspalum nicorae* Parodi. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 40, n. 3, p. 498-508, 2011.

PESKE, S. T. O Mercado de sementes no Brasil. **Seed News**, maio/jun., 2016. Disponível em: <http://www.seednews.inf.br/_html/site/content/reportagem_capa/imprimir.php?id=263>. Acesso em: 26 de maio de 2017

PESSIM, C.; PAGLIARINI, M. S.; JANK, L.; KANESHIMA, A. M. de S.; BONATO, A. B. M. Meiotic behavior in *Panicum maximum* Jacq. (Poaceae: Panicoideae: Paniceae): hybrids and their genitors. **Acta Scientiarum**, Maringá, v. 32, n. 3, p. 417-422, 2010.

PIEPHO, F. P. Best linear unbiased prediction (BLUP) for regional yield trials: a comparison to additive main effects and multiplicative interaction (AMMI) analysis. **Theor. Appl. Genetics**, v. 89, p. 647-654, 1994.

RAMAKRISHNAN, P.; BABU, C.; IYANAR, K. Genetic diversity in guinea grass (*Panicum maximum* Jacq.) for fodder yield and quality using morphological markers. **International Journal of Plant Biology & Research**, v. 2, n. 1, p. 1006-1010, 2014.

RESENDE, M. D. V. de. Análise estatística de modelos mistos via REML/BLUP na experimentação em melhoramento de plantas perenes. **Documentos**, 47, Colombo: Embrapa Florestas, 2000. 101 p.

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

RESENDE, M. D. V. de. **Genética Quantitativa e de Populações**. Visconde do Rio Branco, MG: Suprema, 2015.

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

RESENDE, M. D. V. de. Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 16, p. 330-339, 2016.

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

RESENDE, M. D. V. de; FURLANI-JÚNIOR, E.; MORAES, M. L. T. de; FAZUOLI, L. C. Estimativas de parâmetros genéticos e predição de valores genotípicos no melhoramento do cafeeiro pelo procedimento REML/BLUP. **Bragantia**, v. 60, n. 3, p. 185-193, 2001.

RESENDE, M. D. V. de; RESENDE, R. M. S.; JANK, L.; VALLE, C. B. do. Experimentação e análise estatística no melhoramento de forrageiras. In: RESENDE, R. M. S.; VALLE, C. B. do; JANK, L. (Ed.). **Melhoramento de forrageiras tropicais**. Campo Grande, MS: Embrapa Gado de Corte, 2008.

RESENDE, R. M. S.; JANK, L.; VALLE, C. B. do; BONATO, A. L. V. Biometrical analysis and selection of tetraploid progenies of *Panicum maximum* using mixed model methods. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 39, n. 4, p. 335-341, abr. 2004.

RIBEIRO, O. L.; CECATO, U.; RODRIGUES, A. M.; FAVERI, J. C.; SANTOS, G. T. dos; LUGÃO, S. M. B.; BELONI, T. Composição botânica e química da Coastcross consorciada ou não com *Arachis pintoi*, com e sem nitrogênio. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v. 13, n. 1, p. 47-61, 2012.

SANTOS, É. Da C. M. dos; FERNANDES, C. D.; VERZIGNASSI, J. R.; JANK, L.; MALLMANN, G.; QUEIRÓZ, C. de A. Avaliação de genótipos de *Panicum maximum* Jacq. à cárie do sino e à mancha foliar. **Summa Phytopathologica**, Botucatu, v. 41, n. 1, p. 35-41, 2015.

SANTOS, V. B. **Avaliação genotípica de linhagens de arroz de terras altas via metodologia de modelos mistos**. 2009. 164 f. Tese (Doutorado em Fitotecnia, Produção Vegetal) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2009.

SAVIDAN, Y. H. Genetics and utilization of apomixis for the improvement of guineagrass (*Panicum maximum* Jacq.). In: SMITH, J. A.; HAYES, V. W. (Ed.). **Proceedings of the 14^o International Grassland Congress**. Lexington, Boulder: Westview Press. p. 182-184, 1983.

SAVIDAN, Y. H. **Nature et hérédité de l'apomixie chez *Panicum maximum* Jacq.** Paris: ORSTOM, p. 159, 1982, (Travaux et Documents de L'ORSTOM 153).

SILVA, A. S.; LAURA, V. A.; JANK, L. Soil flood tolerance of seven genotypes of *Panicum maximum*. **Brazilian archives of biology and technology**, v. 52, n. 6, p. 1341-1348, nov./dec. 2009.

SILVA, E. N. **Análise de medidas repetidas em ensaios varietais da cana-de-açúcar**. 2011. 97 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2011.

SIMEÃO, R. M.; ASSIS, G. M. L.; MONTAGNER, D. B.; FERREIRA, R. C. U. Forage peanut (*Arachis* spp.) genetic evaluation and selection. **Grass and Forage Science**, Oxford, v. 72, n. 2, p. 322-332, June 2017.

SIMEÃO, R.; SILVA, A.; VALLE, C.; RESENDE, M. D.; MEDEIROS, S. Genetic evaluation and selection index in tetraploid *Brachiaria ruziziensis*. **Plant Breeding**, Malden, v. 135, n. 2, p. 246-253, Apr. 2016.

SMITH, A. B.; CULLIS, B. R.; THOMPSON, R. The analysis of crop cultivar breeding and evaluation trials: an overview of current mixed model approaches. **Journal of Agricultural Science**, Cambridge, v. 143, n. 3, p. 449-462, June, 2005.

SOARES FILHO, C. V.; RODRIGUES, L. R. de A.; PERRI, S. H. V. Produção e valor nutritivo de dez gramíneas forrageiras na região noroeste do estado de São Paulo. **Acta Scientiarum**, Maringá, v. 24, n. 5, p. 1377-1384, 2002.

SOUZA SOBRINHO, F.; LÉDO, F. J. da S.; KOPP, M. M. Estacionalidade e estabilidade de produção de forragem de progênies de *Brachiaria ruziziensis*. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 35, n. 4, p. 685-691, jul./ago., 2011.

SOUZA, C. G. de; SANTOS, M. V. F. dos; SILVA, M. da C.; CUNHA, M. V. da; LIRA, M. de A. Medidas qualitativas de cultivares de *Panicum maximum* Jacq. submetidos a adubação nitrogenada. **Caatinga**, Mossoró, v. 19, n. 4, p. 333-338, out./dez. 2006.

STABILE, S. dos S.; SALAZAR, D. R.; JANK, L.; RENNÓ, F. P.; SILVA, L. F. P. Características de produção e qualidade nutricional de genótipos de capim-colômbio colhidos em três estádios de maturidade. **Revista Brasileira Zootecnia**, v. 39, n. 7, p. 1418-1428, 2010.

STURION, J. A.; RESENDE, M. D. V. de. Avaliação genética e análise de deviance em um teste desbalanceado de procedência e progênies de *Ilex paraguariensis*. **Pesquisa Florestal Brasileira**, Colombo, v. 30, n. 62, p. 157-160, mai/jul., 2010.

TAVANTI, T. R.; TAKADA, J.; RIBEIRO, L. F. C.; MORAES, S. R. G.; PEDREIRA, B. C. e. Ocorrência de mancha foliar de *Bipolaris maydis* em capim Tanzânia-1 na região norte do Mato Grosso. **Revista de Ciências Agroambientais**, Alta Floresta, MT, v. 14, n. 1, p. 83-85, 2016.

TELES, T. G. R. M.; CARNEIRO, M. S. de S.; SOARES, I.; PEREIRA, E. S.; SOUZA, P. Z. de; MAGALHÃES, J. A. Produção e composição química de *Brachiaria brizantha* cv. MG-4 sob efeito de adubação com NPK. **Acta Scientiarum. Animal Sciences**, v. 33, n. 2, p. 137-143, 2011.

TORRES, B. M. J.; CANCINO, S. J.; HERNANDEZ-GARAY, A.; PÉREZ, J. P. Efecto de la fertilización nitrogenada sobre el rendimiento y calidad de semilla de pasto guinea. **Técnica Pecuária in México**, v. 47, p. 69-78, 2009.

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

VAN SOEST, P. J. **Nutritional ecology of the ruminant**. 2. ed. Ithaca: Cornell University, 1994. 476 p.

VASCONCELOS, E. S. de; FERREIRA, R. de P.; CRUZ, C. D.; MOREIRA, A.; RASSINI, J. B.; FREITAS, A. R. de. Estimativas de ganho genético por diferentes critérios de seleção em genótipos de alfafa. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 57, n. 2, p. 205-210, mar/abr, 2010.

VELOSO, A. L. de C. **Pastagem irrigada de *Panicum maximum* Jacq cv Tanzânia-1 adubada com fósforo e nitrogênio sobre a produção, valor nutritivo e atributos do solo no norte de Minas Gerais**. 2012. 90 f. Tese (Doutorado em Zootecnia) – Escola de Veterinária, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, 2012.

VICTOR, D. M.; JANK, L.; LEMPP, B.; SIMEÃO, R. M.; RESENDE, M. D. V. de; GONÇALVES, M. C. Selection of full-sib of *Panicum maximum* Jacq under low light conditions. **Revista Ceres**, v. 62, n. 2, p. 199-207, mar./abr., 2015.