



CARLOS HENRIQUE PEREIRA

**COMBINING ABILITY AND HYBRID SELECTION FOR
AGRONOMIC AND NUTRITIVE VALUE TRAITS UNDER
TWO CONTRASTING SOIL FERTILITY LEVELS IN *Panicum*
maximum Jacq.**

**LAVRAS – MG
2019**

CARLOS HENRIQUE PEREIRA

**COMBINING ABILITY AND HYBRID SELECTION FOR AGRONOMIC AND
NUTRITIVE VALUE TRAITS UNDER TWO CONTRASTING SOIL FERTILITY
LEVELS IN *Panicum maximum* Jacq.**

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

Prof. Dr. José Airton Rodrigues Nunes
Orientador

Dr. Mateus Figueiredo Santos
Dra. Liana Jank
Coorientadores

**LAVRAS – MG
2019**

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

Pereira, Carlos Henrique.

Combining ability and hybrid selection for agronomic and nutritive value traits under two contrasting soil fertility levels in *Panicum maximum* Jacq. / Carlos Henrique Pereira. – 2019.

95 p. : il.

Orientador: José Airton Rodrigues Nunes.

Coorientadores: Mateus Figueiredo Santos, Liana Jank.

Tese (Doutorado) - Universidade Federal de Lavras, 2019.

Bibliografia.

1. *Megathyrsus maximus*. 2. Híbridaçãõ. 3. Dialelo parcial. I. Nunes, José Airton Rodrigues. II. Santos, Mateus Figueiredo. III. Liana Jank. IV. Título.

CARLOS HENRIQUE PEREIRA

**CAPACIDADE DE COMBINAÇÃO E SELEÇÃO DE HÍBRIDOS PARA
CARACTERES AGRONÔMICOS E DE VALOR NUTRITIVO SOB DOIS NÍVEIS
CONTRASTANTES DE FERTILIDADE DO SOLO EM *Panicum maximum* Jacq.**

**COMBINING ABILITY AND HYBRID SELECTION FOR AGRONOMIC AND
NUTRITIVE VALUE TRAITS UNDER TWO CONTRASTING SOIL FERTILITY
LEVELS IN *Panicum maximum* Jacq.**

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

APROVADA em 29 de maio de 2019.

Prof^a. Dr^a. Flávia Maria Avelar Gonçalves

UFLA

Dr^a. Cacilda Borges do Valle

EMBRAPA

Prof. Dr. Esteban Fernando Rios

University of Florida

Prof. Dr. José Airton Rodrigues Nunes
Orientador

Dr. Mateus Figueiredo Santos

Dr^a. Liana Jank

Coorientadores

**LAVRAS – MG
2019**

OFEREÇO

Aos meus pais, José Carlos e Luzia (*in memoriam*), pela vida, cuidados, ensinamentos e amor incondicional.

A Deus, por iluminar meus pensamentos, dando-me calma e persistência.

À minha mãe Luzia (in memoriam), o exemplo que deixou é o que me

impulsiona a seguir. Ao meu pai, José Carlos, pela educação,

incentivo e amor. Ao meu irmão Diego, pelo apoio e

amizade. À minha esposa Maria Elisa, pelo amor,

compreensão e incentivo e ao nosso filho

Frederico por ser a nossa razão.

Enfim, a todos os familiares

e amigos que ajudaram

e torceram por

mim.

DEDICO.

AGRADECIMENTOS

A Deus, pela oportunidade de mais esta conquista.

A meu pai José Carlos, pelo amor, carinho, paciência e ajuda, em todos momentos de que precisei, orgulho-me de sua dedicação em cuidar de mim.

À minha mãe Luzia, minha fonte de inspiração, que, apesar de sua ausência física, sempre senti seu apoio, dando-me forças para não desistir nos momentos mais difíceis.

A todos os meus familiares, especialmente, ao meu irmão Diego e à minha avó Lúcia, agradeço-lhes pelo apoio, carinho, torcida e orações.

À minha esposa Maria Elisa, pelo amor, companheirismo, compreensão nos momentos difíceis e por nunca ter deixado de acreditar em que eu conseguisse concluir nossos objetivos, sempre me apoiando e me incentivando.

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

À Embrapa Gado de Corte pela oportunidade de realizar o experimento desta tese e por toda a infraestrutura e apoio para a sua realização.

À Universidade da Florida, em especial, ao “*Forage Breeding and Genomics Lab*”, pela oportunidade de crescimento profissional e, principalmente, pela amizade construída entre os pesquisadores e estudantes.

Ao Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, sediado no Departamento de Biologia da Universidade Federal de Lavras, por todo o suporte para a realização do doutorado.

Às agências de fomento Capes e CNPq pela concessão da bolsa de estudos, essencial para possibilitar o curso do Doutorado e pela possibilidade de realização do doutorado sanduíche na University of Florida.

À Unipasto, pelo aporte de recursos humanos e financeiros para a realização das atividades inerentes ao experimento da tese.

À FUNDAPAM, pelo apoio financeiro para a realização das atividades inerentes ao experimento da tese.

Aos amigos conhecidos em Gainesville-FL, por todo o apoio e colaboração nos momentos difíceis e valiosos de amizade.

Ao professor e orientador, José Airton R. Nunes, pela orientação, confiança, ensinamentos transmitidos, disponibilidade e, sobretudo, pela amizade construída.

Ao professor Esteban F. Rios e à sua esposa Valéria, pela confiança, ensinamentos transmitidos, apoio e amizade construída.

Aos pesquisadores e coorientadores Mateus Santos e Liana Jank da Embrapa Gado de Corte, pelos valiosos conhecimentos transmitidos e amizade.

Aos demais pesquisadores, equipe de campo da Unipasto e colegas da Embrapa Gado de Corte, pelo conhecimento e bons momentos compartilhados.

Aos professores do Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, César Brasil, Elaine Aparecida, João Bosco, João Cândido, José Airton, Flávia Avelar e Magno Ramalho, pelos conhecimentos transmitidos, agradável convivência e exemplos de profissionalismo.

Aos funcionários do Departamento de Biologia, Zélia, Rafa, Lilian, Lamartine e Dona Iron, pela ajuda em vários momentos e amizade construída.

Aos colegas do Núcleo de Estudos em Genética e Melhoramento de Plantas “GEN”, em geral, aos amigos que compartilharam ansiedade e, ao mesmo tempo, colaboração durante as disciplinas; agradeço-lhes pelo prazeroso trabalho em equipe e pela amigável convivência.

Aos membros da banca examinadora, pela disponibilidade e sugestões apresentadas.

Enfim, a todas as pessoas que me auxiliaram, direta ou indiretamente, para que os meus objetivos fossem concretizados. Meu muito obrigado!

RESUMO GERAL

Panicum maximum Jacq. (sin. *Megathyrsus maximus* B.K. Simon & S.W.L. Jacobs) é largamente cultivado no Brasil, contudo diversos ambientes de cultivo têm solos com mediana à baixa fertilidade, principalmente em fósforo. Estudos têm demonstrado a diversidade genética existente na espécie para caracteres agronômicos e de valor nutritivo e/ou atestadas por marcadores moleculares. Neste sentido, estratégias de melhoramento genético podem ser adotadas para fins de seleção de parentais e/ou combinações híbridas, que consigam reunir resiliência e responsividade em ambientes com níveis contrastantes de fertilidade. Todavia, para a seleção individual, há forte demanda de custo e tempo na fenotipagem, o que poderia ser minimizado, realizando a seleção de indivíduos, usando as aferições de caracteres de interesse por notas (escores), a exemplo da rebrota. Assim, neste trabalho objetivou-se estimar as capacidades geral (CGC) e específica (CEC) de combinação a partir do dialelo parcial entre genitores apomíticos e sexuais de *P. maximum* quanto aos caracteres agronômicos e de valor nutritivo sob dois níveis contrastantes de fertilidade de solo, bem como proceder à seleção de híbridos promissores nas progênes de irmão-germanos com base nas avaliações visuais de capacidade de rebrota. Foram cruzados dez genitores apomíticos com dez genitoras sexuais, gerando 86 progênes de irmãos-completos, as quais foram avaliadas em experimentos em dois níveis contrastantes de fertilidade do solo, denominados de alta fertilidade (HF) e baixa fertilidade (LF), ao longo de sete cortes. Foram mensurados os caracteres agronômicos matéria seca total (TDMY), matéria seca de folhas (LDMY), porcentagem de matéria seca de folha (LDMP), densidade (DR) e velocidade de rebrota (SR), assim como os caracteres de valor nutritivo proteína bruta (CP), digestibilidade in vitro da matéria orgânica (IVOMD) e fibra em detergente neutro (NDF). Houve significância para os efeitos de CGC dos genitores e CEC quanto aos caracteres agronômicos e CP, indicando a presença de genes com ação aditiva e não-aditiva na expressão fenotípica desses caracteres. Em geral, as interações dos efeitos genéticos com os níveis de fertilidade do solo foram significativas, porém sem alterações marcantes de ordenamento das progênes. Os parentais apomíticos MP10, MP7, MP3 e MP4 e os sexuais FP7, FP1 e FP5 foram os mais promissores, pois apresentaram elevadas estimativas positivas de CGC. As combinações híbridas FP9MP10, FP8MP7, FP1MP4 e FP1MP5 apresentaram maiores estimativas positivas de CEC quanto aos caracteres de maior relevância (TDMY e LDMY). Com base no índice de seleção, foram selecionadas 26 progênes, com destaque para: FP9M10, FP8MP7 e FP5MP7, no ambiente HF e FP9M10, FP1MP4 e FP1MP5 no ambiente LF. Houve maior porcentagem de ganho genético na seleção de progênes para os caracteres TDMY e LDMY e 78 híbridos das 26 progênes selecionadas se mostraram promissores.

Palavras-chave: *Megathyrsus maximus*. Híbridação. Dialelo parcial. Tolerância ao estresse abiótico. Melhoramento de Forrageiras.

GENERAL ABSTRACT

Panicum maximum Jacq. (sin. *Megathyrsus maximus* B.K. Simon & S.W.L. Jacobs) is widely cultivated in Brazil, however several growing environments have medium to low fertility soils, mainly phosphorus. Studies have shown the genetic diversity in the species for agronomic and nutritional value traits and/or attested by molecular markers. In this sense, genetic breeding strategies can be adopted for the purpose of selecting parental and/or hybrid combinations that can bring resilience and responsiveness in environments with contrasting levels of soil fertility. However, for individual selection, there is a strong demand for cost and time in phenotyping, which could be minimized by selecting individuals, using the traits of interest as visual grades, such as regrowth. Thus, the objective of this work was to estimate the general (GCA) and specific (SCA) combining abilities from partial diallel between apomictic and sexual parents of *P. maximum* for agronomic and nutritional value traits, under two contrasting soil fertility levels, as well as to select promising hybrids in the superior progenies of full-sibs based on the visual evaluation of regrowth capacity. Ten apomictic parents were crossed with ten sexual parents, generating 86 full-sib progenies, which were evaluated in field trials in two contrasting levels of soil fertility, named high fertility (HF) and low fertility (LF), over seven harvests. The agronomic traits total dry matter (TDMY), leaf dry matter (LDMY), leaf dry matter percentage (LDMP), density (DR) and speed of regrowth (SR) were measured, as well as the crude protein (CP), in vitro digestibility of organic matter (IVOMD) and neutral detergent fiber (NDF). There was significance for the GCA variances of parents and SCA variance of crosses regarding agronomic traits and CP, indicating the presence of genes with additive and non-additive effects in the phenotypic expression of these traits. In general, the interactions of genetic effects with soil fertility levels were significant, but without marked progeny ordering changes. Apomictic parents MP10, MP7, MP3 and MP4 and the sexual ones FP7, FP1 and FP5 were the most promising because they presented high positive estimates of GCA. The hybrid combinations FP9MP10, FP8MP7, FP1MP4 and FP1MP5 presented higher positive SCA estimates for the most relevant traits (TDMY and LDMY). Based on the selection index, 26 progenies were selected, highlighting: FP9M10, FP8MP7 and FP5MP7, in the HF and FP9M10, FP1MP4 and FP1MP5 in the LF environment. There was a higher percentage of genetic gain in progeny selection for TDMY and LDMY traits, and 78 hybrids of the 26 selected progenies were promising.

Keywords: *Megathyrsus maximus*. Hybridization. Partial diallel. Tolerance to abiotic stress. Forage breeding.

SUMÁRIO

PRIMEIRA PARTE	11
1 INTRODUÇÃO GERAL	11
2 REFERENCIAL TEÓRICO	15
2.1 Aspectos botânicos, reprodutivos e agronômicos do <i>P. maximum</i>	15
2.2 Germoplasma e melhoramento genético do <i>P. maximum</i>	18
2.3 Cruzamentos dialélicos, capacidade de combinação e heterose no melhoramento de espécies forrageiras.....	20
2.4 Abordagem de modelos mistos aplicado ao melhoramento de plantas	22
3 CONCLUSÕES	25
REFERÊNCIAS	26
SEGUNDA PARTE - ARTIGOS	31
ARTIGO 1 – COMBINING ABILITY FOR AGRONOMIC AND NUTRITIVE VALUE TRAITS IN <i>Panicum maximum</i> Jacq. UNDER TWO CONTRASTING SOIL FERTILITY LEVELS	31
ARTIGO 2 – ESTRATÉGIA DE SELEÇÃO ENTRE E DENTRO DE PROGÊNIES DE IRMÃOS COMPLETOS PARA DIFERENTES NÍVEIS DE FERTILIDADE DO SOLO EM <i>Panicum maximum</i> Jacq.	68

PRIMEIRA PARTE

1 INTRODUÇÃO GERAL

O rebanho bovino brasileiro aumentou de, aproximadamente, 150 milhões em 1990 para 214,69 milhões em 2018, com concomitante redução da área de pastagens no período de 191,4 milhões de hectares para menos de 162,19 milhões (ABIEC, 2019). Em se tratando da produção de carne, houve um aumento de 139% neste período, com incremento na produtividade de 1,63 @/ha/ano em 1990 para 4,5 @/ha/ano (ABIEC, 2019). Parte da explicação para este cenário é atribuída à redução e/ou substituição de áreas das pastagens nativas, cerca de 18,7% entre 2006 e 2017, por pastagens formadas a partir de cultivares melhoradas (IBGE, 2017).

As pastagens melhoradas apresentam maior produtividade de biomassa com maior valor nutritivo, o que resultam em maior capacidade de suporte e conferem uma diferenciação na carne em termos de competitividade (menor custo de produção) e qualidade de produto, contribuindo, assim, para incrementar o PIB (produto interno bruto) da pecuária brasileira (JANK et al, 2014). Em 2018, o PIB do agronegócio da pecuária correspondeu a 8,7% do PIB do Brasil (ABIEC, 2019). Desde 2004, o Brasil é o maior exportador mundial de carne bovina, com aproximadamente 1,64 milhão de toneladas de equivalente carcaça enviadas para o exterior no ano de 2018 (ABIEC, 2019). Recentemente, as exportações de carne bovina representaram 3,5% de tudo o que o Brasil exportou em 2018, fundamental para a manutenção do saldo comercial positivo brasileiro, juntamente com o saldo do agronegócio como um todo (ABIEC, 2019).

As espécies forrageiras *Brachiaria brizantha* (sin. *Urochloa brizantha*), *B. decumbens* (sin. *U. decumbens*), *B. ruziziensis* (sin. *U. ruziensis*), *B. humidicola* (sin. *U. humidicola*) e o *Panicum maximum* Jacq. (sin. *Megathyrsus maximus* B.K. Simon & S.W.L. Jacobs) respondem pela quase totalidade das áreas de pastagens e por 97,3% das sementes de cultivares forrageiras comercializadas no Brasil (JANK et al., 2014). Vale destacar que as espécies relacionadas apresentam apomixia e que as cultivares lançadas são, no geral, apomíticas, ou seja, são clones propagados por sementes. A apomixia é uma característica peculiar que permite a fixação de alelos favoráveis e, possui importante papel na definição das estratégias de melhoramento a ser adotada (SAVIDAN, 1983; CRUZ et al., 1998; MILES, 2007; RESENDE et al., 2008). Assim, tendo em vista a vulnerabilidade genética ocasionada pelo limitado número de cultivares adotadas pelos pecuaristas, há necessidade de lançamento de novas cultivares a fim de diversificar as pastagens (JANK et al., 2011). Em termos de produção de sementes, no ano de

2018/2019, 25,7% do volume de sementes produzidas foram de *P. maximum*, o que tem o potencial de reformar/implantar 3,6 milhões de hectares de pastagens, seja em sistemas convencionais e/ou na integração (Fonte: Unipasto, dados não publicados).

Panicum maximum tem expressiva participação no agronegócio da pecuária brasileira, sendo amplamente cultivada e bastante utilizada na engorda dos bovinos de corte. A espécie se mostra bem adaptada aos ambientes de cultivo no Brasil, contudo é exigente em solos com alta fertilidade (JANK et al., 2008). A alta exigência em nutrientes, associada à estacionalidade de produção, tem ocasionado a substituição das pastagens de *P. maximum* por espécies menos exigentes quanto à fertilidade do solo (JANK et al., 1994). Esse fato remete à necessidade de estratégias de melhoramento genético, para fins de seleção de genótipos, que sejam eficientes no uso de nutrientes e, assim, consigam expressar resiliência e responsividade em ambientes com níveis contrastantes de fertilidade e contribuir para a diminuição das áreas de pastagens degradadas.

O solo da região de cerrado brasileiro possui baixa disponibilidade de fósforo (P), sendo necessária a inclusão de fósforo nas adubações para a obtenção de produtividades satisfatórias das pastagens. Guedes et al. (2009) afirmam que um grande problema ao estabelecimento e manutenção de pastagens, nesses solos, encontra-se em níveis extremamente baixos de P disponível e P total. Esses autores acrescentam, além dessa pobreza natural em P de nossos solos, a alta capacidade de adsorção desse elemento, por sua acidez e altos teores de óxidos de ferro e alumínio. A adubação da pastagem de *P. maximum*, principalmente a fosfatada, tem se mostrado essencial para consolidar as tentativas de sua recuperação (CARNEIRO et al., 2016).

Alguns trabalhos têm evidenciado a importância do nutriente P para a produção de pastagens de *P. maximum* (DIAS FILHO, 1995; NASCIMENTO et al., 2002; CARNEIRO et al., 2016). Desta forma, esse nutriente tem sido limitante à recuperação da pastagem, o que pode influenciar na produção de matéria seca e, conseqüentemente, pode incentivar a ocorrência de plantas invasoras nas pastagens de *P. maximum* (DIAS FILHO, 1995). Diante do exposto, torna-se necessário identificar quais genótipos são mais responsivos à adubação e quais apresentam maior resiliência em condições de baixa fertilidade do solo, principalmente, quanto à disponibilidade de P.

No Brasil, o melhoramento genético de *P. maximum* é coordenado pela Embrapa Gado de Corte, tendo iniciado suas atividades na década de 1980, quando recebeu uma coleção de acessos do *Institut Français de Recherche Scientifique pour le Développement en Coopération* (ORSTOM), atualmente, IRD (*Institut de Recherche pour le Développement*) (SAVIDAN et al., 1989), considerado o mais amplo e expressivo germoplasma de *P. maximum* já coletado. A

coleção foi caracterizada e avaliada, o que demonstrou grande variabilidade genética (JANK, 1995; JANK et al., 1994). Essas avaliações permitiram o lançamento de quatro cultivares apomíticas selecionadas diretamente do germoplasma do ORSTOM: Tanzânia (1990), Mombaça (1993), Massai (2001) e BRS Zuri (2014) (JANK et al., 2014). Atualmente, a coleção dispõe de acessos apomíticos e sexuais, representativos à espécie, conforme pode ser encontrado na região de origem.

Para ampliar a variabilidade dos genótipos disponíveis ao melhoramento e aumentar a eficiência na obtenção de genótipos promissores, o programa de melhoramento genético de *P. maximum* da Embrapa Gado de Corte tem focado no método da hibridação. Neste caso, são gerados híbridos, por meio de cruzamentos entre plantas sexuais x apomíticas, cujos atributos podem ser fixados na descendência na primeira geração do cruzamento, por dos genótipos apomíticos gerados decorrentes da segregação fenotípica de 1:1 (apomítico:sexual). Essa característica é de herança monogênica, sendo a apomixia dominante sobre a condição sexual (SAVIDAN, 1982).

Pelo método de hibridação, os primeiros híbridos foram avaliados e selecionados. Os apomíticos promissores seguiram todo o processo de seleção de cultivares da Embrapa, em que dois foram lançados como cultivares, comercialmente conhecidas como BRS Tamani (EMBRAPA, 2015) e BRS Quênia (JANK et al., 2017). A partir da seleção de híbridos sexuais promissores, em 2012, a Embrapa Gado de Corte iniciou um programa de Seleção Recorrente (SR) da população sexual com o objetivo de melhorar a capacidade geral de combinação da população e gerar novos híbridos sexuais para serem utilizados como genitores em cruzamentos com híbridos apomíticos (EMATNÉ, 2016).

Para a obtenção dos híbridos e, posteriormente, planejamento de um experimento que terá sucessivas avaliações aos diversos caracteres de interesse, torna-se necessário que a escolha de genitores seja eficiente, considerando-se a variabilidade existente. Neste caso, a escolha dos parentais tem sido realizada com base, sobretudo, em avaliações de caracteres agrônômicos e de valor nutritivo, utilizando estratégias como a avaliação do desempenho *per se*, teste de progênes e dialelos (FEHR, 1991; RAMALHO et al., 2012; HALLAUER, CARENA; MIRANDA FILHO, 2010). Todavia estudos com marcadores moleculares também têm sido realizados para melhor caracterização do germoplasma de *P. maximum* via estimativas de similaridade genética entre os acessos (SOUSA et al., 2011). A partir da combinação dessas informações fenotípicas e moleculares, é possível delinear mais adequadamente os cruzamentos entre genótipos sexuais x apomíticos que associem elevado desempenho *per se* com divergência genética e que tenham maior chance de gerarem progênes e/ou híbridos superiores.

Em estudo realizado por Ematné (2016), ao proceder à seleção de genitores sexuais de *P. maximum*, com base em testes clonais (*per se*) e de progênies, foi observada uma elevada coincidência na seleção dos melhores genitores. Todavia os cruzamentos dialélicos têm sido mais recomendados, uma vez que, segundo Cruz e Vencovsky (1989), a capacidade geral de combinação é o melhor parâmetro para a escolha de genitores. Em *P. maximum*, há poucos estudos descrevendo a capacidade combinatória e a heterose, porém alguns trabalhos com cruzamentos dialélicos entre genitores apomíticos e sexuais têm demonstrando a existência de variação, para efeitos de capacidade geral e específica de combinação, o que realça também a possibilidade de heterose (CHAUME, 1977; SUKHCHAIN; SIDHU, 1992).

Outro aspecto relevante, no que concerne à seleção de híbridos, é a demanda de custo e tempo na fenotipagem de plantas individuais. Neste caso, uma forma de minimizar o efeito ambiental, na seleção dentro de progênies, em se tratando de ensaios de avaliação de progênies oriundas de cruzamentos, poderia ser por meio de aferições de caracteres de interesse por notas (escores) atribuídos, seguindo uma escala por meio de avaliação visual, a exemplo da avaliação da rebrota da planta. A eficiência da seleção visual tem sido demonstrada em *B. ruziziensis*, para caracteres de herança poligênica, a exemplo da produção de massa verde (TEIXEIRA, 2015). Ademais, um incremento na eficiência na seleção pode ser alcançado, procedendo-se à análise das notas por métodos estatísticos apropriados (FONSECA, 2017), levando-se em consideração os delineamentos experimental e genético empregados.

Diante do exposto, a presente tese foi estruturada em três capítulos. O primeiro é relativo à revisão da literatura inerente aos principais temas a serem abordados na tese. O segundo capítulo aborda a estimação das capacidades geral (CGC) e específica (CEC) de combinação, a partir de dialelo parcial entre genitores apomíticos e sexuais de *P. maximum* de diferentes grupos de similaridade genética sob dois níveis contrastantes de fertilidade de solo. E o terceiro capítulo refere-se à estratégia de seleção de híbridos promissores entre e dentro de progênies superiores de irmãos-completos com base na avaliação visual da capacidade de rebrota.

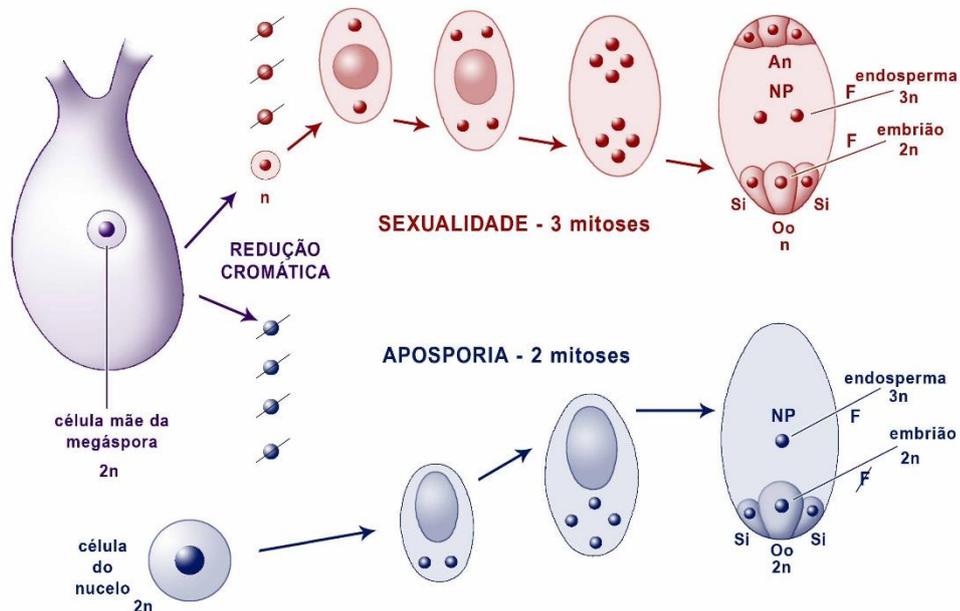
2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Aspectos botânicos, reprodutivos e agronômicos do *P. maximum*

A espécie *P. maximum* pertence à família *Poaceae*, subfamília *Panicoideae* e tribo *Paniceae*, tem como centro de diversidade primário a África do Leste, principalmente, nos países Quênia e Tanzânia (COMBES; PERNÈS, 1970). O número básico de cromossomos na espécie é $x = 8$, sendo que predominam, nas populações naturais, plantas tetraploides ($2n = 4x = 32$), seguidas das diploides ($2n = 2x = 16$). Contudo é relatada ainda a possibilidade de híbridos resultantes de cruzamentos tetraploides x diploides, que, segundo Savidan e Pernes (1982), por meio de ciclos sucessivos de cruzamentos deste tipo aliado a mecanismos de haploidização, ao longo do tempo, pode, do ponto de vista evolutivo, ter contribuído para a perpetuação da variabilidade genética em *P. maximum*.

P. maximum se reproduz por apomixia facultativa (WARMKE, 1954), ou seja, um modo reprodutivo vegetativo por sementes, uma vez que o embrião não é derivado de uma fecundação. Nas populações naturais, têm-se tetraploides apomíticos e diploides sexuais, porém a apomixia não é relatada no nível diploide (SAVIDAN, 2000). A apomixia, nesta espécie, é do tipo apospórica, seguida de uma partenogênese (SAVIDAN, 1982). Pela Figura 1, observa-se que, por divisões mitóticas, as células somáticas do óvulo dão origem a um saco embrionário não-reduzido, que se desenvolve de uma célula nucelar somática adjacente (por apomeiose), que, por sua vez, desenvolve-se em um embrião viável sem fertilização (partenogênese), a partir de divisões mitóticas da oosfera, com posterior desenvolvimento para constituir a semente (BARCACCIA; ALBERTINI, 2013; HAND; KOLTUNOW, 2014; DALL'AGNOL; SCHIFINO-WITTMANN, 2005). A aposporia é uma forma comum de apomixia encontrada no gênero *Panicum* e, também, nos gêneros *Urochloa*, *Pennisetum* e *Paspalum*.

Figura 1 - Esquema de formação do saco embrionário sexual e apomítico em *P. maximum*, em que NP: núcleos polares. Si: sinérgidas. Oo: oosfera. An: antípodas. F: fecundação; n: célula haploide e 2n: célula diploide.



Fonte: adaptado de Jank et al. (2008).

A herança da apomixia é considerada monogênica, podendo ser um ou mais genes envolvidos na manifestação dessa característica, sendo que o alelo que condiciona a apomixia é dominante. Assim, espera-se que a progênie gerada, a partir de um cruzamento entre um genitor sexual feminino (aaaa) e um doador de pólen apomítico (Aaaa), segregue para o modo reprodutivo na razão de 1: 1 (SAVIDAN, 1982). Subseqüentes estudos, em outras espécies das famílias *Ranunculaceae*, *Poaceae* e *Compositae*, também, têm obtido resultados concordantes com este modelo genético de herança, em que os genes responsáveis pela apomixia podem estar localizados na região genômica específica da aposporia (GROSSNIKLAUS et al., 2001).

A apomixia é uma característica importante a ser explorada, para fins de melhoramento de plantas, permitindo a fixação de combinações genotípicas superiores, por meio da clonagem via sementes, garantindo a uniformidade almejada pelos produtores (CRUZ et al., 1998). Desta forma, as cultivares de *P. maximum*, lançadas no mercado, são clones apomíticos, sendo os genótipos superiores sexuais utilizados como genitores em cruzamentos (JANK et al., 2008).

P. maximum desempenha importante papel no crescimento do agronegócio da pecuária brasileira, por ser uma espécie forrageira produtiva, de alta qualidade e com grande capacidade de adaptação a vários tipos de clima e solos (JANK et al., 2008). Em observância à necessidade de atendimento e adequação das cultivares de *P. maximum*, com foco na intensificação da

produção animal (bovinos e ovinos) e adaptadas aos sistemas de produção adotados na pecuária brasileira, o programa de melhoramento de *P. maximum* da Embrapa Gado de Corte tem por objetivo desenvolver cultivares que apresentem maior produtividade e valor nutritivo da biomassa foliar, produtividade de sementes, tolerantes ao sombreamento, para uso nas condições de sistemas silvipastoris, resistência às principais pragas (e.g. cigarrinha-das-pastagens) e doenças (e.g. *Bipolaris maydis*) de ocorrência, nos ambientes de cultivo, eficiência no uso de fertilizantes e água e maior adaptação a estresses edáficos e climáticos (JANK et al., 2008; JANK et al., 2011).

As cultivares de *P. maximum*, juntamente com as cultivares de *B. brizantha*, *B. decumbens*, *B. ruziziensis* e *B. humidicola*, respondem pela quase totalidade das áreas de pastagens e por 97,3% das sementes de forrageiras comercializadas no Brasil (JANK et al., 2014). Vale destacar, ainda, que 95% da carne bovina brasileira é produzida em regime de pastagens. Assim, as cultivares dessas espécies têm sido cultivadas em diversas condições ambientais e vêm demonstrando sua elevada capacidade de adaptação.

P. maximum caracteriza-se pela exigência em nutrientes, em especial, ao fósforo, quando se almejam bons rendimentos em produção de biomassa. As espécies do gênero *Urochloa*, geralmente, são utilizadas em áreas de solos com baixa à média fertilidade, por serem mais rústicas e fáceis de serem manejadas, enquanto o *P. maximum* é indicado para solos de média à alta fertilidade, além de necessitar de um melhor manejo animal e de reposição de nutrientes no solo. Como exemplo, a cultivar Mombaça é recomendada, para sistemas intensivos de bovinos de corte e leiteiro e necessita ser semeada em solos com maior quantidade de fertilizantes, principalmente, fósforo (EUCLIDES et al., 2008). Neste sentido, tem-se evidenciado, em alguns trabalhos, uma redução da produção de matéria seca sob baixos níveis de fósforo (BERETTA et al., 1999; EUCLIDES et al., 2008; BRAGA et al., 2014).

Diante do cenário apresentado e tendo em vista a baixa fertilidade natural dos solos, nos ambientes de cultivo do *P. maximum*, aliado à dificuldade de manejo de adubação adequado em extensas áreas de pastagens, torna-se necessário o melhoramento genético com foco no desenvolvimento de cultivares que apresentem maior eficiência no uso de nutrientes, a exemplo do fósforo. Com isso, tornaria o sistema de produção de forragem mais sustentável. A existência de variabilidade genética em *P. maximum* quanto ao fósforo tem sido relatada, demonstrando a possibilidade de seleção de genótipos que apresentem resiliência em solos com baixos níveis de fósforo e responsividade em ambientes de melhor qualidade (SCHUNKE et al., 1989).

2.2 Germoplasma e melhoramento genético do *P. maximum*

Os franceses do *Institut Français de Recherche Scientifique pour le Développement en Coopération* (ORSTOM) (COMBES; PERNÈS, 1970), atualmente *Institut de Recherche pour le Développement* (IRD), e os japoneses (HOJITO; HORIBATA, 1982) efetuaram expedições de coletas planejadas exclusivamente para a espécie *P. maximum* em seu centro de origem, a África do Leste. Os franceses (COMBES; PERNÈS, 1970) chegaram à conclusão de que o centro de origem dessa espécie era a África do Leste, especificamente, Quênia e Tanzânia. Após estudos em seus laboratórios na Costa do Marfim, descobriram uma planta diploide sexual entre as restantes tetraploides apomíticas. Planejaram, portanto outra expedição para 1969, quando encontraram mais 22 plantas sexuais, na região de Korogwe e 135 acessos apomíticos de baixo porte e folhas curtas na região de Meru – Embu (JANK et al., 2008).

O melhoramento genético de *P. maximum*, no Brasil, é coordenado, principalmente, pela Embrapa Gado de Corte/CNPGC. O germoplasma de *P. maximum* foi introduzido no Brasil, em 1982, por meio de um convênio entre a Embrapa e o ORSTOM, atualmente IRD. Nessa época, foram recebidos 426 acessos apomíticos e 417 plantas sexuais tetraploides, obtidas a partir das 22 plantas sexuais coletadas na região de Korogwe. Esses acessos foram coletados, em expedições realizadas, nos anos de 1967 e 1969, no centro de diversidade da espécie localizado em regiões do Quênia, Tanzânia e África do Leste (COMBES; PERNÈS, 1970), sendo representativo da variabilidade natural da espécie (SAVIDAN et al., 1989; SOUSA et al., 2011).

A partir da avaliação morfológica e agronômica da coleção de *P. maximum* da Embrapa Gado de Corte, foram identificados acessos apomíticos promissores e com elevada variação para caracteres de produção, matéria seca total, matéria seca de folhas, porcentagem de folhas, produção de sementes e capacidade de rebrota após os cortes (JANK et al., 1997). A primeira parte do gemoplasma de *P. maximum*, no Brasil, constituída por 156 acessos, foi avaliada em comparação à cultivar Colônia, quanto a características agronômicas. Os resultados indicaram uma superioridade de 40% dos acessos em relação à cultivar Colônia, o que mostra uma variabilidade genética disponível para seleção de genótipos superiores e, assim, contribuir para o melhoramento da espécie como forrageira (JANK et al., 1994). A partir da avaliação e seleção dos acessos do banco de germoplasma, nas condições de bovinocultura brasileira, foram obtidas algumas cultivares, como: Tanzânia (1990), Mombaça (1993), Massai (2000) e a BRS Zuri (2014) (JANK et al., 2014).

Apesar de vantajosa e proporcionar ganhos significativos, na produção de matéria seca e desempenho animal, a variabilidade fixada nos acessos apomíticos, em que apenas foi aplicada a seleção, é finita, sendo necessária a adoção de novas estratégias para garantir resultados, em longo prazo, considerando ainda que indivíduos apomíticos não cruzam entre si (DALL'AGNOL; SCHIFINO-WITTMANN, 2005). Neste sentido, estratégias de melhoramento, utilizando cruzamentos entre acessos sexuais e apomíticos, foram adotadas, permitindo ampliar a variabilidade genética e proceder à seleção de híbridos sexuais ou apomíticos superiores na descendência (JANK et al., 2014).

Dessa forma, o programa de melhoramento genético de *P. maximum* tem focado na obtenção de híbridos apomíticos, bem como à identificação de híbridos sexuais promissores para serem utilizados como genitores em futuras hibridações. Os híbridos apomíticos podem ser fixados, na primeira geração de cruzamento entre plantas sexuais x apomíticas, em função da herança monogênica deste modo de reprodução (SAVIDAN, 1983). Já os híbridos sexuais, pelo processo de produção dos gametas, segregam suas características. Assim, apenas os genótipos apomíticos são liberados, no mercado, como cultivares, garantindo uniformidade das pastagens.

Após realizado os cruzamentos, a discriminação entre híbridos apomíticos e sexuais obtidos deve ser eficiente e confiável, pois somente os genótipos apomíticos podem ser liberados como cultivares (MILES, 2007). A análise do saco embrionário e os testes de progênie são utilizados para identificar os indivíduos segregantes para o modo reprodutivo. Porém os marcadores moleculares fortemente ligados à apomixia podem ser utilizados para avaliar o modo reprodutivo de milhares de progênies segregantes no estágio de plântulas, o que economiza tempo e recursos e aumenta a praticidade (WORTHINGTON; MILES, 2015).

A variabilidade genética em *P. maximum*, também, tem sido caracterizada com uso de marcadores moleculares via similaridade genética existente entre os acessos (SOUSA et al., 2011). Mediante a formação dos grupos de acessos apomíticos e plantas sexuais, tem-se a perspectiva de se poder delinear cruzamentos entre plantas sexuais x acessos apomíticos com elevada divergência genética e que resultem em descendência com variabilidade genética que permita a seleção de híbridos superiores. As informações, a respeito da similaridade genética entre os grupos, podem ser úteis para explicar o efeito da heterose obtida nos cruzamentos e, assim, explorar de forma mais eficiente a produção de híbridos na espécie.

Os cruzamentos entre plantas apomíticas e sexuais em *P. maximum* também podem gerar indivíduos oriundos de autofecundação (SAVIDAN, 1980). No entanto, nos autopoliploides, como na espécie *P. maximum* e também em alfafa, há uma retenção de mais

de dois alelos por loco, nos cromossomos homólogos e a depressão por endogamia pode ser em virtude do aumento da homozigose, o que acumula maior chance de combinações alélicas nas autofecundações do que diploides (HUSBAND et al., 2008). Portanto, na prática, os diploides são mais sensíveis às autofecundações, enquanto os poliploides, por causa da heterose fixa, parecem ser mais tolerantes às autofecundações.

O objetivo final de um programa de melhoramento de *P. maximum* é a obtenção de cultivares superiores às já existentes no mercado, no que se refere ao ganho em desempenho animal, para a produção de carne ou leite. Para isso, a nova cultivar deve reunir, simultaneamente, uma série de atributos relacionados com a maior produtividade de biomassa foliar e com elevado valor nutritivo. A superioridade dos novos híbridos é atestada, após intensas etapas de avaliação, nos ambientes de cultivo por vários cortes sucessivos. Nestas avaliações, se as características mais importantes são muito influenciadas pela interação genótipos por cortes, indica uma baixa repetibilidade do caráter, ao longo dos cortes, o que pode demandar um número maior de cortes para atestar o valor genotípico do híbrido.

Também é comum, em um programa de plantas forrageiras, realizar a avaliação visual de caracteres, por meio de uma escala de notas, a exemplo da capacidade de rebrota. Essa avaliação visual pode proporcionar redução no tempo, bem como de recursos financeiros, especialmente, em se tratando da avaliação de grande número de genótipos. A seleção dentro das progênes depende da avaliação individual, a qual pode ser viabilizada, por meio da aferição por notas, com base em caracteres de interesse, a exemplo da capacidade de rebrota. Esse procedimento ainda não teve sua eficiência avaliada em *P. maximum*. Além disso, tem-se também carência de informações sobre parâmetros genéticos das populações que estão sendo usadas no melhoramento do *P. maximum*, como herdabilidade, capacidade de combinação, dentre outras (JANK et al., 2008).

2.3 Cruzamentos dialélicos, capacidade de combinação e heterose no melhoramento de espécies forrageiras

O dialelo é um delineamento genético de cruzamentos que permite ao melhorista estimar parâmetros genéticos, como a capacidade geral de combinação (CGC) dos genitores e a capacidade específica de combinação (CEC) (GRIFFING, 1956), assim como estimar os componentes da heterose (GARDNER; EBERHART, 1966). A origem dos procedimentos, para as análises dialélicas, ocorreu por volta de 1920 (GHOSH; BISWAS, 2003). Porém os primeiros a definirem os termos capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de

combinação (CEC) foram Sprague e Tatum (1942). Segundo esses autores, a CGC refere-se ao comportamento médio de cada genitor em cruzamento com os demais do grupo estudado e a CEC é interpretada como um efeito na expressão do híbrido que não é explicado pelos efeitos da CGC dos genitores.

Os dialelos permitem estimar as variâncias das capacidades geral e específica de combinação, que são função da variância aditiva e de dominância, respectivamente, em um modelo aleatório; ou permitem estimar a CGC para cada parental e a CEC para o cruzamento entre parentais que são função dos efeitos aditivos e de dominância, respectivamente, em um modelo fixo (BERNARDO, 2010). Em outras palavras, a CEC é utilizada como um indicador da variabilidade presente entre cruzamentos, desde que essa capacidade de combinação seja resultado da divergência genética entre os genitores e da ocorrência de dominância (FALCONER; MACKAY, 1996).

Entre os métodos de análise dialélica mais utilizados, citam-se os propostos por Griffing (1956), pelos quais são estimados os efeitos das capacidades geral e específica de combinação. Os métodos apresentados por Griffing (1956) podem ser aplicados a um conjunto fixo ou aleatório de genótipos, utilizados para outros tipos de populações com qualquer grau de endogamia, na qual os genótipos representam uma amostra (HALLAUER et al., 2010). No caso dos dialelos parciais, que são formados por grupos distintos de genitores, é possível explorar as informações dos genótipos tanto *per se* quanto em combinação, por meio das estimativas dos efeitos das capacidades geral e específica de combinação, definidas a partir dos cruzamentos.

Em *P. maximum*, há poucos estudos descrevendo a capacidade combinatória e a heterose, porém híbridos produtivos têm sido obtidos a partir de cruzamentos, o que realça a possibilidade de heterose (CHAUME, 1977; CHAUME, 1985; SUKHCHAIN; SIDHU, 1992). A partir de dialelo envolvendo genitores sexuais e apomíticos de *P. maximum*, realizado no centro de pesquisa do ORSTOM, na Costa do Marfim, Chaume (1977) relatou que a CGC e CEC foram significativas na expressão de caracteres relacionados com a bainha, folha, inflorescência e produtividade de matéria seca total da planta. Contudo destacou que o efeito da CGC do apomítico teve maior contribuição para o desempenho do híbrido quanto ao caráter produtividade de matéria seca. Já em um estudo realizado por Sukhchain e Sidhu (1992) revelou que os efeitos não-aditivos desempenham importante papel, na expressão dos caracteres teores de proteína bruta e de matéria seca digerível, encorajando a estratégias de obtenção de híbridos superiores a partir de cruzamentos entre genitores apomíticos e sexuais.

Outros estudos com dialelos, em espécies forrageiras, têm sido relatados, como em alfafa (BHANDARI et al., 2007), *B. humidicola* (FIGUEIREDO, 2015) e *Brachiaria spp.*

(MATIAS et al., 2018). Em um estudo que investigou a capacidade de combinação e heterose, a partir de um dialelo envolvendo nove genitores de alfafa, para a produção de forragem (*Medicago sativa*), foram observadas diferenças significativas, em relação aos efeitos de CGC e CEC, para o caráter produtividade de matéria seca, sendo esses efeitos importantes para explicar a variação na produção de forragem entre os híbridos. Além disso, seis híbridos superaram a média de seis cultivares comerciais (BHANDARI et al., 2007). No dialelo envolvendo 10 genitores apomíticos e 10 sexuais de *B. humicola*, realizado por Figueiredo (2015), somente foi constatada significância para a CGC dos genitores sexuais, enquanto, no trabalho de Matias et al. (2018), em *Brachiaria spp.*, não se teve um resultado esclarecedor do padrão de herança ou contribuição dos efeitos aditivos e de dominância sobre a expressão fenotípica de caracteres agronômicos e de valor nutritivo.

Verificar a importância dos efeitos das CGC, CEC e heterose é de extrema importância ao melhoramento de *P. maximum*, pois gera informações valiosas para subsidiar a tomada de decisão sobre as estratégias de melhoramento a serem adotadas. Estudos como o de Chaume (1985) relatam que foram obtidos, na Costa do Marfim, híbridos de *P. maximum* 80% mais produtivos que os parentais e endossam a estratégia de obtenção de híbridos. É importante destacar que a apomixia favorece a exploração da heterose e permite fixá-la já na primeira geração filial. Assim, o híbrido apomítico, após intensas etapas de avaliação, para variadas características de interesse, dentre elas, a produtividade de sementes, pode ser disponibilizado ao produtor via sementes a um menor custo de comercialização.

2.4 Abordagem de modelos mistos aplicado ao melhoramento de plantas

O procedimento ANOVA (análise de variância), que é baseado na estimação de parâmetros pelo método dos quadrados mínimos, é amplamente difundido no melhoramento de plantas. Entretanto essa técnica possui algumas limitações, como menor flexibilidade em lidar com dados desbalanceados e, no geral, não exploram a informação de parentesco ou informações adicionais na modelagem.

A abordagem de modelos mistos é um método estatístico de seleção que supera as limitações da ANOVA, tendo sido proposto e desenvolvido por Henderson e colaboradores numa série de artigos (HENDERSON, 1984). Por esse método, são obtidas as predições BLUP (*Best Linear Unbiased Prediction*) dos efeitos aleatórios, a exemplo dos valores genéticos e as estimativas BLUE (*Best Linear Unbiased Estimates*) dos efeitos fixos. Além disso, é feita simultaneamente a estimação dos componentes de variância associados aos efeitos aleatórios

do modelo, via métodos baseados em verossimilhança, a exemplo do REML (máxima verossimilhança restrita), dentre outros. O método passou a ser amplamente difundido no melhoramento vegetal (RESENDE, 2002; NUNES, et al., 2008; PIEPHO et al., 2008; PIEPHO e ECKL, 2014).

Vale destacar os aspectos vantajosos da abordagem de modelos mistos. No que diz respeito à flexibilidade de modelagem das covariâncias dos efeitos aleatórios, esta abordagem permite, por exemplo, a inclusão de informações de parentesco via registros genealógicos ou de marcadores moleculares, na modelagem da matriz de covariância genética, conduzindo, assim, a estimativas e predições mais acuradas (BERNARDO, 2010; RESENDE, 2007). As predições BLUP dos genótipos com a incorporação do parentesco são as mais acuradas (EMATNÉ, 2016), pois apresentam maior correlação com os valores genéticos verdadeiros dos indivíduos. Em relação a condições de desbalanceamento, esse pode ocorrer em decorrência de variadas causas, como a perda de parcelas, durante a condução e o número variável de descendentes de cruzamentos. Nesses casos, a abordagem de modelos mistos ajusta adequadamente a estimação e predição dos efeitos para o desbalanceamento presente. Desbalanceamentos em cruzamentos são frequentemente relatados. Figueiredo (2015) analisou um dialelo parcial desbalanceado (número variável de híbridos em progênies de irmãos-completos), usando a abordagem de modelos mistos. Para isso, utilizou metodologia descrita por Möhring et al. (2011).

Em espécies forrageiras, o emprego da abordagem de modelos mistos REML/BLUP tem sido frequente (FIGUEIREDO et al. 2012; PIEPHO et al., 2014; SIMEÃO et al., 2017), o que permite uma maior flexibilidade, nas análises de um conjunto maior de dados, que envolve informações de experimentos instalados, em um ou mais locais, avaliados em uma ou mais colheitas e/ou em avaliações de multicares. Além disso, informações de *pedigree* e do nível de ploidia da espécie envolvida podem ser incorporados, assim como possibilitar a predição dos genitores na matriz genealógica com base na performance da descendência avaliada no experimento (EMATNÉ, 2016; RESENDE et al., 2007; PIEPHO, 2008).

É de amplo conhecimento dos melhoristas que, ao se avaliar genótipos em diversos tipos de ambientes, pode ocorrer interação genótipo x ambiente. Isso significa que os efeitos genéticos e ambientais não são independentes, uma vez que as respostas dos genótipos podem diferir com as variações ambientais (VENCOVSKY; RAMALHO, 2000). Além disso, no melhoramento de plantas forrageiras, a escolha de novas cultivares são baseadas em informações, a partir de uma série de ensaios multiambientais (MET), em que são instalados experimentos em vários locais e avaliados por vários anos por sucessivas colheitas

(FIGUEIREDO et al., 2012; PIEPHO e ECKL, 2014). Nesses ensaios, tem sido avaliada a resposta diferencial dos genótipos, em diferentes ambientes, aliada à abordagem de modelos mistos, o que permite ajustar estruturas flexíveis de variância-covariância para modelar as correlações genéticas e residuais entre os ambientes (SMITH et al., 2007; PIEPHO e ECKL, 2014). Dessa forma, associar uma abordagem estatística mais acurada, principalmente, quando se tem um maior conjunto de efeitos no modelo, com maior número de parâmetros a serem estimados, pode resultar em ganhos, especialmente, no melhoramento de forrageiras.

3 CONCLUSÕES

Dentre as tecnologias que permitem o aumento em competitividade da cadeia produtiva da bovinocultura no Brasil, a adoção de cultivares forrageiras melhoradas têm contribuído de forma significativa.

Com os avanços dos programas de melhoramento de forrageiras, ampliar a variabilidade genética por meio de cruzamentos e obter híbridos superiores tem sido uma estratégia eficiente.

Embora os dialelos tenham sido utilizados extensivamente em espécies vegetais, em *P. maximum*, ainda, foram pouco utilizados e pouco ainda se conhece sobre os efeitos das capacidades de combinação, heterose e obtenção de híbridos, o que limita o avanço das estratégias de melhoramento nesta espécie.

A abordagem de modelos mistos REML/BLUP tem sido amplamente utilizada, no melhoramento de forrageiras tropicais, o que possibilita avanços significativos quanto à análise de dados, estimação de parâmetros e tomadas de decisão.

REFERÊNCIAS

- ABIEC (2019). Beef REPORT-Perfil da Pecuária no Brasil. **Associação Brasileira das Indústrias Exportadoras de Carnes**. Disponível em: <www.abiec.com.br/control/uploads/arquivos/sumario2019portugues.pdf> Acesso em: 10/05/2019.
- BARCACCIA, G.; ALBERTINI, E. Apomixis in plant reproduction: a novel perspective on an old dilemma. **Plant Reproduction**, v. 26, n. 3, p. 159-179, 2013.
- BERETTA, L.G.R. et al. Morfogênese foliar e taxas de crescimento de pastagem de *Panicum maximum* cv. Tanzânia-1 em solo dos Cerrados. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 36., 1999, Porto Alegre. **Anais...** Porto Alegre: SBZ, 1999. 390 p.
- BHANDARI, H. S. et al. Combining abilities and heterosis for forage yield among high-yielding accessions of the alfalfa core collection. **Crop Science**, v. 47, n. 2, p. 665–673, 2007.
- BRAGA, G. J. et al. Dry matter yield of promising *Panicum maximum* genotypes in response to phosphorus and lime on Brazilian savanna. **Tropical Grasslands - Forrajes Tropicales**, v. 2, n. 1, p. 18, 2014.
- CARENA, M. J.; WICKS, Z. W. Maize early maturing hybrids: an exploitation of U.S temperate public genetic diversity in reserve. **Maydica**, v. 51, p. 201-208, 2006.
- CHAUME, R. Organisation de la variabilité génétique du complexe agamique *Panicum maximum* en vue de son utilisation en amélioration des plantes. **Institut Français de Recherche Scientifique pour le Développement en Coopération**, Paris, documents 184, p. 241, 1985.
- CARNEIRO, J. S. S. et al. Resposta do capim mombaça sob efeito de fontes e doses de fósforo na adubação de formação. **Journal of Bioenergy and Food Science**, v. 4, n. 1, p. 12-25, 2016.
- CHAUME, R. **Analyse génétique des descendants de croisements sexués x apomictiques chez *Panicum maximum***: 1-Hérédité de quelques caractères quantitatifs. 1977. 169 p.
- COMBES, D; PERNÈS, J. Variations dans le nombre chromosomique du *Panicum maximum*, Jacq. En relation avec le mode de reproduction. **C. R. Acad. Sci.**, Paris, série D, v. 270, p. 782-785, 1970.
- CRUZ, R. P.; FEDERIZZI, L. C.; MILACH, S. C. K. A apomixia no melhoramento de plantas. **Ciência rural**. Santa Maria. v. 28, n. 1, p. 155-161, 1998.
- CRUZ, C. D.; VENCOVSKY, R. Comparação de alguns métodos de análise dialélica. **Revista Brasileira de Genética**, v. 12, n. 2, p. 425-438, 1989.
- DALL'AGNOL, M.; SCHIFINO-WITTMANN, M. T. Apomixia, genética e melhoramento de plantas. **Revista Brasileira de Agrociência**, v. 11, n. 2, p. 127–133, 2005.

DIAS FILHO, M. B. Níveis críticos internos de fósforo de três acessos de *Panicum maximum*. **Pasturas Tropicais**, v. 17, p. 9-11, 1995.

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

EUCLIDES, V. P. B. et al. Avaliação dos capins Mombaça e Massai sob pastejo. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 37, p. 18–26, 2008.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4th ed. Edinburgh. Longman Group, 1996. 459 p.

FEHR, W. **Principles of cultivar development: theory and technique**. Macmillan Publishing Company, 1991. 510 p.

FIGUEIREDO, U. J.; NUNES, J. A. R.; VALLE, C. B. Estimação de parâmetros genéticos e fenotípicos em progênies de *Brachiaria humidicola*. **Crop Breeding and Applied Biotechnology (online)**, v. 12, n. 4, 2012.

FONSECA, J. M. O. F. Avaliação visual em braquiária: número de avaliadores e modelos de análise. 2017. 83 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas)-Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2017.

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

GHOSH, D. K.; BISWAS, P. C. Complete diallel crosses plans through balanced incomplete block designs. **Journal of Applied Statistics**, v. 30, n. 6, p. 697-708, 2003.

GRIFFING, B. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. **Austr. J. Biolog. Sci.**, Melbourne, v. 9, p. 463-493, 1956.

GROSSNIKLAUS, U.; NOGLER, G. A.; VAN DIJK, P. J. How to avoid sex: the genetic control of gametophytic apomixis. **The plant cell**, v. 13, n. 7, p. 1491-1498, 2001.

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

HAND, M. L.; KOLTUNOW, A. M. The genetic control of apomixis: asexual seed formation. **Genetics**, v. 197, n. 2, p. 441-450, 2014.

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

HOJITO, S.; HORIBATA, T. Plant exploration, collection and introduction from Africa. **Tropical Agriculture Research Center**, v. 58, p. 1-120, 1982.

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

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. Censo gropecuário: 2017: resultados preliminares. ISSN: 01036157. Rio de Janeiro, 2017.

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

_____. **Catalog of the characterization and evaluation of the *Panicum maximum* germplasm: morphological description and agronomical performance**. Campo Grande, MS: EMBRAPA Gado de Corte (Embrapa Gado de Corte. Documentos, 68), 1997. 53 p.

_____. Melhoramento genético de *Panicum maximum*. **Melhoramento de forrageiras tropicais**, v. 1, p. 55-87, 2008.

_____. The value of improved pastures to Brazilian beef production. **Crop and Pasture Science**, v. 2006, p. 2011–2012, 2014.

_____. Novas alternativas de cultivares de forrageiras e melhoramento para a sustentabilidade da pecuária. In: SIMPÓSIO DE ADUBAÇÃO E MANEJO DE PASTAGENS, 4., 2017, Dracena. **Anais...** São Paulo: Sustentabilidade do sistema produtivo, 2017. p. 39-42.

JANK, L.; VALLE, C. B. do.; RESENDE, R. Breeding tropical forages. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 11, p. 27–34, 2011.

MATIAS, F. I. et al. Contribution of Additive and Dominance Effects on Agronomical and Nutritive Traits, and Multivariate Selection on *Urochloa spp.* Hybrids. **Crop Science**, v. 8, p. 1-15, 2018.

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

MILES, J. W. Apomixis for cultivar development in tropical forage grasses. **Crop Science**, v. 47, p.238-249, 2007.

NASCIMENTO, J. L. D. et al. Níveis de calagem e fontes de fósforo na produção do capim Tanzânia (*Panicum maximum* Jacq. cv. Tanzânia). **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 32, p. 7-11, 2002.

NUNES, J. A. R.; RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F. Inclusion of genetic relationship information in the pedigree selection method using mixed models. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 31, n. 1, p. 73-78, 2008.

OZIAS, A. P.; VAN DIJK, P. J. Mendelian genetics of apomixis in plants. **Annu. Rev. Genet.**, v. 41, p. 509-537, 2007.

PESSIM, C. et al. Meiotic behavior in *Panicum maximum* Jacq. (Poaceae: Panicoideae: Paniceae): hybrids and their genitors. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 32, n. 3, p. 417–422, 2010.

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

- PIEPHO, H. P.; ECKL, T. Analysis of series of variety trials with perennial crops. **Grass and Forage Science**, v. 69, n. 3, p. 431-440, 2014.
- PRICE, D. L.; CASLER, M. D. Predictive relationships between plant morphological traits and biomass yield in switchgrass. **Crop Science**, v. 54, n. 2, p. 637–645, 2014.
- RAMALHO, M. A. P.; ABREU, Â. F. B.; SANTOS, J. B. dos; NUNES, J. A. R. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: Ed. da UFLA, 2012. 522 p.
- RESENDE, M.D.V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002. 975 p.
- RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, n. 3, p. 182–194, 2007.
- SAVIDAN, Y. H. Embryological Analysis of Facultative Apomixis in *Panicum maximum* Jacq. 1. **Crop Science**, v. 22, n. 3, p. 467-469, 1982.
- _____. **Nature et hérédité de l'apomixie chez *Panicum maximum* Jacq.** Paris: ORSTOM, (ORSTOM. Travaux et documents, 153), 1982. 159 p.
- _____. Genetics and utilization of apomixis for the improvement of guineagrass (*Panicum maximum* Jacq.). In: 14° INTERNATIONAL GRASSLAND CONGRESS, 1983, Lexington. Proceedings, Boulder: Westview Press. Lexington: IGC, p. 182-184. 1983.
- _____. Breeding *Panicum maximum* in Brazil: 1. Genetic resources, modes of reproduction and breeding procedures. **Euphytica**, Wageningen, v. 41, p. 107-112, 1989.
- _____. Apomixis: genetics and breeding. **Plant breeding reviews**, v. 18, p. 13-86, 2000.
- SAVIDAN, Y.; PERNÈS, J. Diploid-tetraploid-dihaploid cycles and the evolution of *Panicum maximum* Jacq. **Evolution**, p. 596-600, 1982.
- SCHUNKE, et al. Variabilidade genética de genótipos de *Panicum maximum* em resposta à calagem e fósforo. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 26., 1989, Porto Alegre. **Anais...** Porto Alegre: SBZ, 1989. p. 67.
- SIMEÃO, R. M et al. Forage peanut (*Arachis* spp.) genetic evaluation and selection. **Grass and Forage Science**, v. 72, n. 2, p. 322-332, 2017.
- SMITH, A. B et al. Varietal selection for perennial crops where data relate to multiple harvests from a series of field trials. **Euphytica**, v. 157, n. 1-2, p. 253-266, 2007.
- SOUSA, A. C. B. de. et al. Molecular Diversity and Genetic Structure of Guineagrass (*Panicum maximum* Jacq.), a Tropical Pasture Grass. **Tropical Plant Biology**, v. 4, n. 3-4, p. 185–202, 2011.
- SPRAGUE, G. F.; TATUM, L. A. General vs. specific combining ability in single crosses of corn 1. **Agronomy Journal**, v. 34, n. 10, p. 923-932, 1942.

- SUKHCHAIN B.S.; SIDHU. Genetic analysis of heterosis for total crude protein and digestible dry matter in guinea grass. **The Indian Journal of Genetics and Plant Breeding**, v. 52, n. 4, p. 379-384, 1992.
- TEIXEIRA, D. H. L. Eficiência da seleção visual para produtividade de biomassa verde de *Brachiaria ruziziensis*. 2015. 85 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2015.
- VALLE, C. B. do; RESENDE, R. M. S.; JANK, L. **Melhoramento de Forrageiras Tropicais**. Campo Grande: EMBRAPA Gado de Corte, 2008. 40 p.
- VALLE, C. B. do; JANK, L.; RESENDE, R. M. S. O melhoramento de forrageiras tropicais no Brasil. **Ceres**, v. 56, n. 4, p. 460–472, 2009.
- VENCOVSKY, R.; RAMALHO, M. A. P. Contribuição do melhoramento genético de plantas no Brasil. **Agricultura brasileira e pesquisa agropecuária**. Embrapa, Brasília, p. 57-89, 2000.
- WARMKE, H. E. Apomixis in *Panicum maximum*. **American Journal of Botany**, p. 5-11, 1954.
- WORTHINGTON, M. L.; MILES, J. W. Reciprocal full-sib recurrent selection and tools for accelerating genetic gain in apomictic *Brachiaria*. In: **Molecular breeding of forage and turf**. Springer, Cham, 2015. p. 19-30.

SEGUNDA PARTE - ARTIGOS

**ARTIGO 1 – COMBINING ABILITY FOR AGRONOMIC AND NUTRITIVE VALUE
TRAITS IN *Panicum maximum* Jacq. UNDER TWO CONTRASTING SOIL
FERTILITY LEVELS**

Article written according to the guidelines of the Journal Crop Science.

Combining ability for agronomic and nutritive value traits in *Panicum maximum* Jacq. under two contrasting soil fertility levels

Carlos Henrique Pereira^{1*}, José Airton Rodrigues Nunes², Mateus Figueiredo Santos³, Liana Jank³, Alexandre Romeiro de Araújo³, Esteban Fernando Rios⁴, Salvador Gezan⁴

*Corresponding author: (chpereira88@hotmail.com)

^{1*} Ph.D. candidate at Graduate Program in Plant Breeding and Genetics-UFLA. Biology Department, Lavras, MG. e-mail

² Associate Professor at Biology Department – UFLA. Lavras, MG.
e-mail: jarnunes@dbi.ufla.br

³ Researchers at Embrapa Beef Cattle – CNPGC - Embrapa/Campo Grande, MS. e-mail: mateus.santos@embrapa.br, liana.jank@embrapa.br, alexandre.araujo@embrapa.br

⁴ Professors at IFAS, University of Florida, Gainesville, FL, USA. e-mail: estebanrios@ufl.edu, sgezan@ufl.edu

ABSTRACT

Panicum maximum hybrid production requires efficient strategies to select superior genotypes, which depends primarily on information about combining abilities. Among the forage species, *P. maximum* stands out due to its productivity and nutritive value. Nevertheless, this species has a requirement for high fertility soils, which makes it relevant to evaluate genetic variability and combining ability under low fertility soils. This study aimed to estimate the general (GCA) and specific (SCA) combining abilities from a partial diallel between sexual and apomictic parents of *P. maximum* under two contrasting soil fertility levels. In the partial diallel, ten apomictic or male parents (MP) were crossed with ten sexual or female parents (FP) obtaining 86 full-sib progenies. These progenies were evaluated under high fertility soil (HF - high phosphorous and base saturation) and low fertility soil (LF - low phosphorous and base saturation) in Campo Grande, MS, Brazil, for the agronomic traits: total dry matter yield (TDMY), leaf dry matter yield (LDMY), leaf dry matter percentage (LP), density of regrowth (DR) and speed of regrowth (SR) along seven harvests in 2017 and 2018. For the nutritive value, the traits: in vitro organic matter digestibility (IVOMD), crude protein (CP) and neutral detergent fiber (NDF) were determined for one harvest. There were significant effects of GCA for the apomictic and sexual parents and significant effects of SCA for the agronomic traits and CP, indicating the presence of genes with additive and non-additive action. The genotype by environment interaction was predominately non-crossover type, which resulted in few changes in the genotypes ranking for the soil fertility levels (HF and LF). The apomictic parents MP10, MP7, MP3 and MP4 and the sexual parents FP7, FP1 and FP5 presented superior GCA and, the hybrid combinations FP9MP10, FP8MP7, FP1MP4 and FP1MP5 stood out with superior estimates of SCA and higher breeding value for the traits TDMY and LDMY. The results show the possibility to exploit non-additive effects (e.g. dominance) by hybrid breeding mainly for agronomic traits.

Keywords: breeding. Partial diallel. Forage plants. GCA and SCA.

1 INTRODUCTION

In 2018, the gross domestic product (GDP) of livestock agribusiness corresponded to 8.7% of Brazil's GDP (ABIEC, 2019). Since 2004, Brazil is the world's largest exporter of beef, with approximately 1.64 million tons of carcass equivalent sent abroad in 2018. Recently, beef exports accounted for 3.5% of all that Brazil exported in 2018, fundamental for maintaining the Brazilian positive trade balance, together with the balance of agribusiness (ABIEC, 2019).

The Brazilian cattle herd increased from approximately 150 million in 1990 to 214.69 million in 2018, with a concomitant reduction in pasture area from 191.4 million hectares to less than 162.19 million hectares. In terms of meat production, there was an 139% increase in this period, with an increase in productivity from 49 kg/ha/year in 1990 to 135 kg/ha/year (ABIEC, 2019). Part of the explanation for this scenario is attributed to the reduction and/or substitution of native pasture areas, about 18.7% between 2006 and 2017, by pastures formed by breed cultivars (IBGE, 2017).

The forage species *Brachiaria brizantha* (syn. *Urochloa brizantha*), *B. decumbens* (syn. *U. decumbens*), *B. ruziziensis* (syn. *U. ruziensis*), *B. humidicola* (syn. *U. humidicola*) and *Panicum maximum* Jacq. (syn. *Megathyrsus maximum* B.K. Simon & S.W.L. Jacobs) accounts for almost all pasture areas and for about 97.3% of the forage cultivars commercialized in Brazil (JANK et al., 2014). In this context, *Panicum maximum* has significant participation in the agribusiness of Brazilian cattle rearing, being widely cultivated and widely used in beef cattle production.

It is important to highlight that the species presents apomictic reproduction mode and that the cultivars released are always apomictic, so, they are clones propagated by seeds. Apomixis is a characteristic that maintain the favorable alleles, therefore, has an important role in the definition of breeding strategies to be adopted (SAVIDAN, 1983; CRUZ et al., 1998; MILES, 2007; RESENDE et al., 2008). Thus, due to the genetic vulnerability caused by the limited number of cultivars adopted by cattle farmers, there is a need to release new cultivars in order to diversify pastures (JANK et al., 2014).

In Brazil, the genetic breeding of *P. maximum* is coordinated by Embrapa Beef Cattle, and began its activities in the 1980s, when it received a collection of accessions from the *Institut Français de Recherche Scientifique pour le Développement en Coopération* (ORSTOM), currently IRD (*Institut de Recherche pour le Développement*). The collection was characterized and evaluated, which demonstrated great genetic variability (JANK, 1995; JANK et al., 1994)

and allowed the release of four apomictic cultivars selected directly from ORSTOM germplasm: Tanzania (1990), Mombaça (1993), Massai (2001) and BRS Zuri (2014) (JANK et al., 2014) and other two cultivars bred directly from the germplasm: BRS Tamani (2015) and BRS Quênia (2017).

To plan an experiment that will have successive evaluations for the several traits of interest over a few years, it is necessary that the choice of parents be efficient, considering the existing variability. The choice of the parents has been carried out based mainly on evaluations of agronomic traits and nutritive value, using strategies such as the per-se performance evaluation, progenies and diallel tests (FEHR, 1991; RAMALHO et al., 2012; HALLAUER, CARENA; MIRANDA FILHO, 2010).

From the combination of this phenotypic and molecular information it is expected to better delineate the crosses between sexual and apomictic genotypes that associate high performance per se with genetic divergence and that are more likely to generate superior progenies and/or hybrids (SOUSA et al., 2011). In addition, through the formation of groups of apomictic accessions and groups of sexual plants, it is possible to delineate crosses between sexual and apomictic accessions with high genetic divergence which will result in offspring with genetic variability that allows the selection of superior hybrids.

With diallel crosses, it is possible to estimate the general combining ability (GCA) and the specific combining ability (SCA) (GRIFFING, 1956), as well as to estimate the heterosis components (GARDNER; EBERHART, 1966). In *P. maximum*, productive hybrids have been obtained from crosses, which highlights the possibility of heterosis (CHAUME, 1977; SAVIDAN, 1983; JANK et al., 1997).

P. maximum is well adapted to the different environments in Brazil, however, it is demanding in soils with high fertility (JANK et al., 2008). This fact refers to the need for genetic breeding strategies for the selection of genotypes that are efficient in the use of nutrients and thus able to express resilience and responsiveness in environments with contrasting levels of fertility.

Considering the low natural fertility of soils in *P. maximum* growing environments, with the difficulty of managing adequate fertilization in extensive pasture areas, it is essential to use genetic breeding with a focus on the development of cultivars that present higher efficiency of nutrient use, such as phosphorus. This would make the forage production system more sustainable. The existence of genetic variability in *P. maximum* for phosphorus has been reported, demonstrating the possibility of selecting genotypes that present efficiency in the use of phosphorus in low fertility soils (SCHUNKE et al., 1989).

In addition, there is a lack of information on the genetic parameters of the populations being used in the breeding of *P. maximum*, and it is essential to obtain basic information such as heritability, combining ability effects, genetic correlations between traits and environments, because little information is still available in this species (JANK et al., 2008; RESENDE et al., 2004). In this context, this study aimed to estimate the general (GCA) and specific (SCA) combining abilities from a partial diallel between apomictic and sexual parents of *P. maximum* under two contrasting soil fertility levels.

2 MATERIAL AND METHODS

2.1 Parent Selection and Partial Diallel Cross Design

In this study two groups of parents were considered. The first group comprised 10 genotypes with apomictic reproductive mode, which were used as male parents (MP) and other 10 genotypes with sexual reproductive mode, which were used as female parents (FP). Female parents were selected from previous evaluations (MARTUSCELLO et al., 2012) or were selected from the evaluation of progenies of the cultivars Tanzânia and Mombaça (BRAZ et al., 2017). Male parents used in the crosses were selected from accessions evaluated in two previous national network experiments (JANK et al., 2009). In addition, some information based on molecular markers (SOUSA et al., 2011) was used to complement the selection of the parents. In this molecular study, 396 accessions from the germplasm bank were analyzed using 30 polymorphic microsatellites selected to characterize the collection. Four genetic clusters were identified in the collection. Female and male parents were selected considering morphological divergence and molecular distance, choosing accessions from each cluster. The parents used in the in the partial diallel, are shown on Table 1.

Table 1. Female parent (FP) and Male parent (MP) of *P. maximum* used in the partial diallel cross design, their corresponding clusters from the molecular information according to Sousa et al. (2011), genealogy register and geographical origin/sub-origin (JANK et al., 1997).

Female Parent	Cluster	Genealogy	Male Parent	Cluster	Origin (O)/Sub-origin (SO)
FP1	-	S10 x Mombaça	MP1	III	O – Tanzânia, Morogoro
FP2	III	K 189 x K26	MP2	I	SO – Sri-Lanka
FP3	IV	K189T x G3	MP3	IV	O – Tanzânia, Korogwe-Kilosa
FP4	II	K189T x G23	MP4	IV	O – Quênia, Nairobi
FP5	-	S10 x Tanzânia	MP5	III	O – Tanzânia, Dar-Bagamoyo
FP6	-	S10 x Mombaça	MP6	II	SO – Sri-Lanka
FP7	-	S10 x Tanzânia	MP7	IV	O – Tanzânia, Kilosa
FP8	-	S10 x Mombaça	MP8	IV	O – Tanzânia, Dar-Bagamoyo
FP9	IV	K189 x K26	MP9	III	–
FP10	IV	C1 x 1S1	MP10	IV	O – Tanzânia, Korogwe

Cluster: according to cluster grouped by the samples from molecular information (SOUSA et al., 2011).

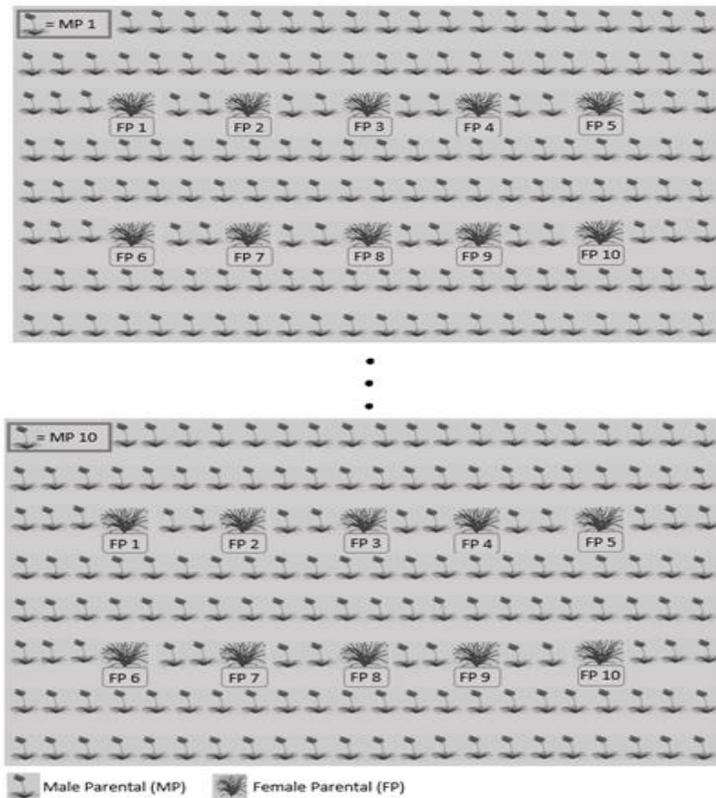
Genealogy: crosses that originated the parents used as female parent to obtain the hybrids.

O: region of collection of the accession;

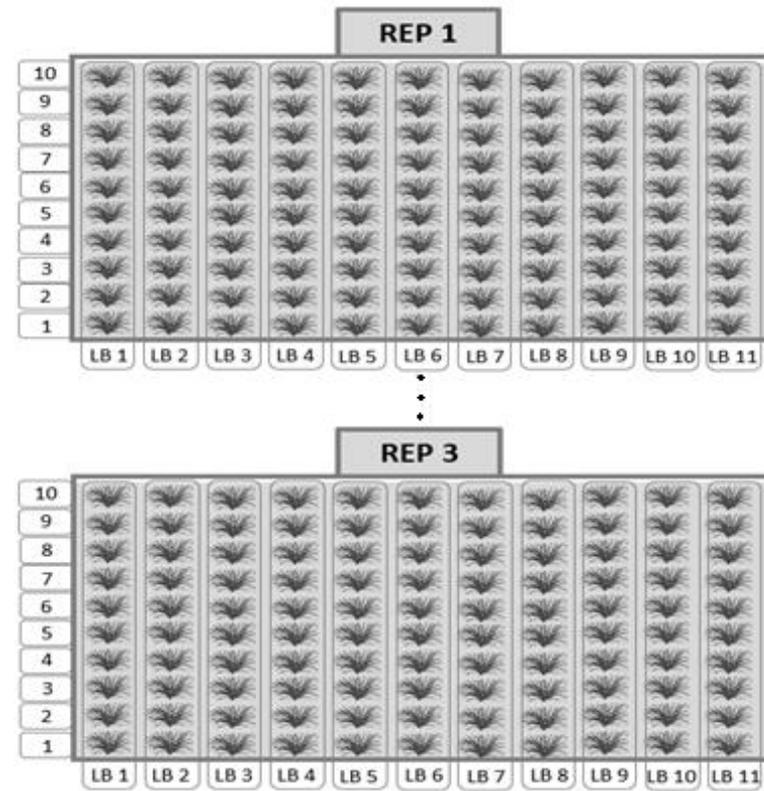
SO: origin/sub-origin where the apomictic genotypes used as male parents were collected to obtain the hybrids.

On Table 1, it is possible to verify the groups organized according to the molecular information, for the FP with the respective information about the genealogy. Also, this table shows the groups according to the molecular information and the origin and sub origin of the collection site of the MP. Crossing blocks of the diallel crosses were planted with the seeds of the selected male parents. Each male parent was planted in a block of 250 m² area in rows, spaced 1.0 m apart. Each female parent was cloned and transplanted to the middle of each 25 m² sub-block of the male parent.

The scheme of the diallel crossing blocks can be visualized on Figure 1-a. The blocks were installed in areas with a safe distance from one another to avoid contamination of pollen between the blocks, with four lines of biomass sorghum surrounding each block. In order to have a flowering synchrony between the FP and MP, the inflorescences of the FP plants were cut, which became available first than the MP inflorescences, in order to allow flowering to occur simultaneously for both parents. As the rate of self-fertilization is much lower in relation to the rate of cross-fertilization, varying from 3 to 5% among sexual and apomictic parents, in addition to the occurrence of auto incompatibility (JANK et al., 2008), hybrids are expected from the diallelic crosses in the species.



a)



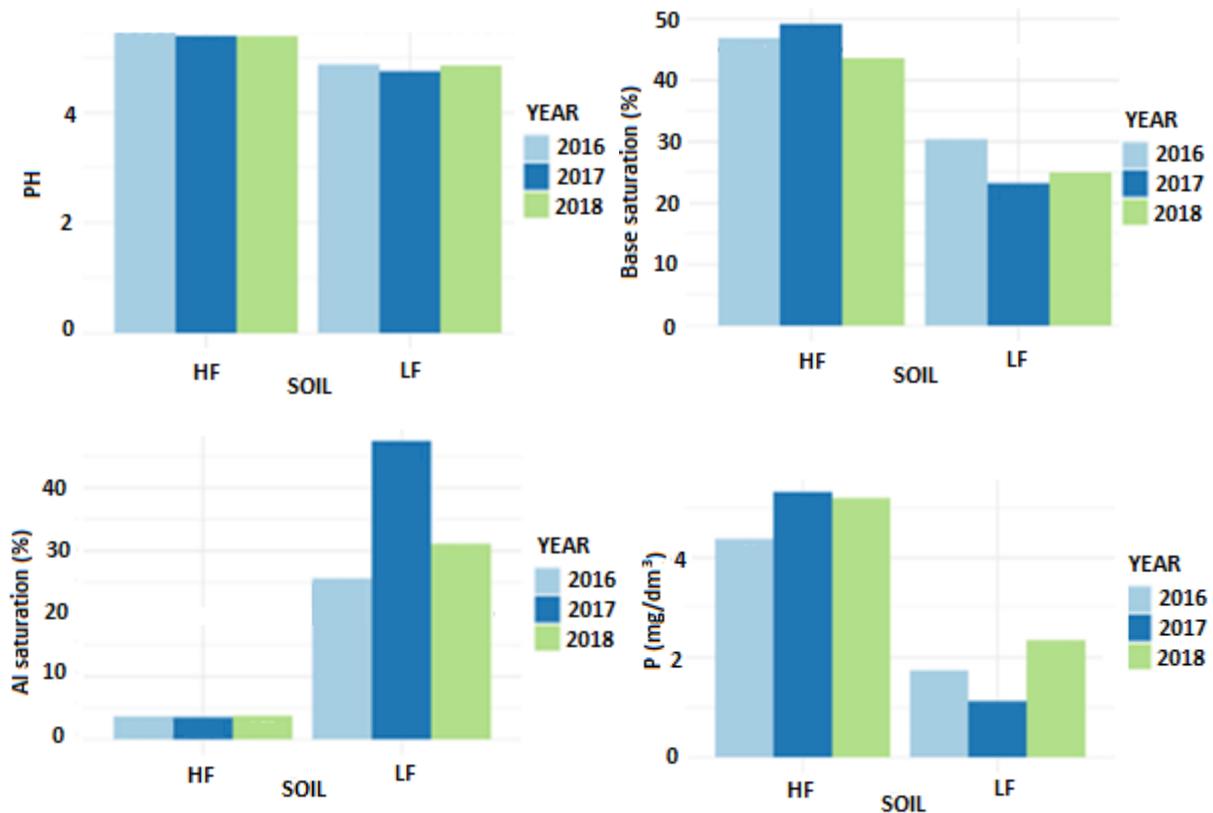
b)

Figure 1. a) Simplified scheme of diallel crossing blocks, considering 10 female parents (FP1 to FP10) surrounded by each male parental (MP1 to MP10) crossing blocks b) Scheme of 10 x 11 alpha lattice design. Each plant in the scheme represents an experimental plot of 10 plants, with three replicates, 10 plots of 10 plants per each of 11 lattice blocks (LB).

2.2 Location and Contrasting Soil Fertility Levels Trials

The trials were conducted in the field at Embrapa Beef Cattle (latitude 20° 27'S, longitude 54° 37'W and altitude of 530 m), located in Campo Grande, Mato Grosso do Sul. The climate is classified as rainy tropical type, AW subtype, according to Köppen classification, characterized by occurrence of a dry period well defined during the coldest months of the year and a rainy period, during the summer months, with an average annual temperature of 23°C.

In July 2015, soil samples were collected from two sub-areas of the experimental area for the chemical analysis. One sub-area had the soil fertility corrected with lime and phosphates, according to the technical recommendations for *P. maximum*, while another sub-area was conducted with only the minimum required by the crop. This difference in soil fertility environment was important to test the progenies and the parents regarding nutrient efficiency use in contrasting conditions of soil fertility. Thus, two experimental evaluation environments were considered. The first one, called high fertility soil (HF) and the second environment, low fertility soil (LF). Details about the differences between these environments considering the soil fertility can be observed in Figure 2.



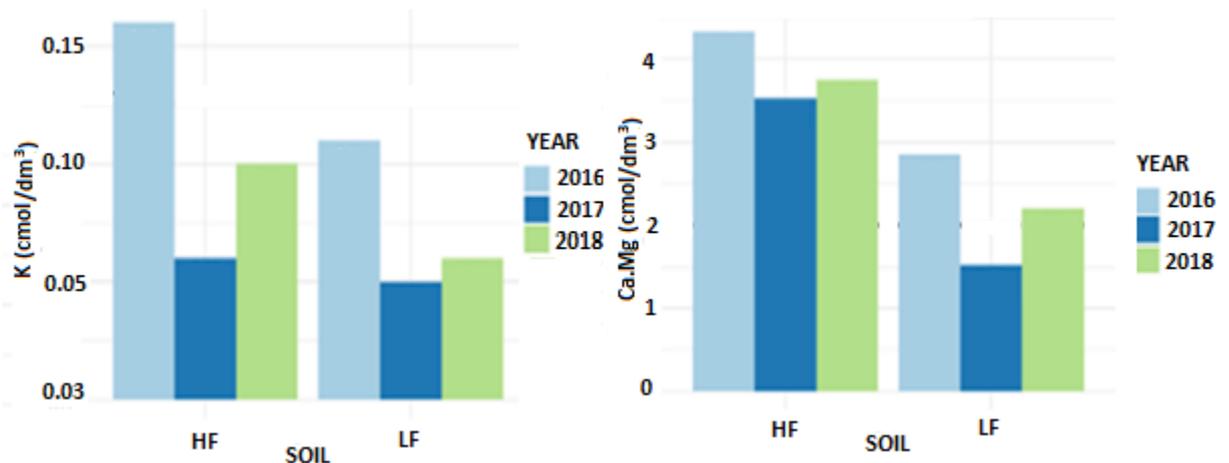


Figure 2. Representation of the chemical properties pH, base saturation (%), Al saturation (%), phosphorus (P), potassium (K), calcium and magnesium (Ca.Mg) for high fertility (HF) and low fertility (LF) soil levels during three years (2016, 2017 and 2018).

2.3 Experimental Design and Management

The experimental design was a 10 x 11 alpha-lattice with three replications per environment (Figure 1-b), involving 86 full-sib progenies obtained from the diallel, the 20 parents and 4 commercial cultivars as a check (T1: Paredão, T2: BRS Tamani, T3: BRS Quênia and T4: Mombaça). The plots were two lines of 3.0 m each, spaced 0.5 m apart, and spacing of 1.0 m between plots. Cultural management was carried out in accordance with the region's technical recommendations (VILELA et al., 1998).

The seeds obtained from the 86 full sib progenies as well as the 10 male parents and the four checks were sown in trays with substrate under controlled conditions of temperature and humidity in the greenhouse. After seed germination, each seedling was transplanted into plastic tubes until they were taken to the field to implement the trials. The experimental evaluations for both soil fertility environments were carried out in seven harvests.

After the planting of the experiments, the plants were cut at 20 cm height from the soil and the material was discarded. The evaluations were performed during 2017 and 2018. The first harvest was performed just for uniformization of the plots, on February 6 – 2017 (rainy season). The first experimental evaluation was in March 13 – 2017 (rainy season), the second in April 18 – 2017 (rainy season), the third in October 09 – 2017 (dry season), the fourth in November 13 – 2017 (rainy season), the fifth in December 18 – 2017 (rainy season), the sixth in January 24 – 2018 (rainy season) and the seventh in February 28 – 2018 (rainy season).

2.4 Trait Assessments

Plots were harvested at 20 cm height with a manual harvester and the forage removed was weighed in the field by dynamometer to obtain the total green matter yield. A homogeneous sample of about 300 g was taken and weighed in the laboratory. After the samples were weighed, the leaves, stems with sheaths and dead material were separated and dried during 72 hours at 65°C until constant weight. The Total Dry Matter Yield (TDMY) and Leaf Dry Matter Yield (LDMY) were calculated and converted to kg.ha⁻¹. Leaf Dry Matter Percentage (LP) was calculated as a percentage of dry leaf weight/dry stems and sheaths weight. Regrowth of the plants was evaluated according to two visual scales: density of regrowth (DR) and speed of regrowth (SR), evaluated seven days after each harvest. DR of each plant in the plot was estimated as: 1 (less than 20% of the tillers regrown), 2 (20% - 40%), 3 (40% - 60%), 4 (60% - 80%) and 5 (more than 80%). SR of regrowth of tillers of each plant in the plot was estimated as: 1 (low), 2 (medium) and 3 (high) growth in height (BRAZ, 2012). After, the mean per plot was calculated.

Traits related to the nutritive value of the forage were evaluated in one harvest (rainy season). For this purpose, the dry leaf was ground for the determination of crude protein (CP), in vitro organic matter digestibility (IVOMD) and neutral detergent fiber (NDF), using the technique of Near Infrared Reflectance Spectroscopy (NIRS), according to Marten et al. (1985).

2.5 Statistical analyses

2.5.1 Statistical Model and Variance-Covariance structures

The individual analysis was performed by harvest and by environment and diagnostic plots were used to verify the presence of outliers and if the residuals of the fitted models were normally distributed. The Shapiro Wilk and Q-Q plot tests were applied to check the normality of errors (GHASEMI, 2012). The phenotypic data of the traits were analyzed considering the structure of the experimental design and crossing scheme through the approach of mixed models of Henderson (HENDERSON, 1984; MÖHRING; MELCHINGER; PIEPHO, 2011). The following generic model was fitted for each trait and group of trials:

- 1) Model for one harvest and one environment:

$$y = \mu + X_1r + X_2c + X_3t + Z_1b.r + Z_2m.t + Z_3f.t + Z_4p.t + e$$

2) Model for several harvests and environments:

$$\mathbf{y} = \boldsymbol{\mu} + \mathbf{X}_1\mathbf{s} + \mathbf{X}_2\mathbf{c} + \mathbf{X}_3\mathbf{r.s} + \mathbf{X}_4\mathbf{b.r.s} + \mathbf{Z}_1\mathbf{b.r} + \mathbf{Z}_2\mathbf{m.t} + \mathbf{Z}_3\mathbf{f.t} + \mathbf{Z}_4\mathbf{p.t} + \mathbf{e}$$

where \mathbf{y} is the vector of phenotypes data; $\boldsymbol{\mu}$ is the overall mean; \mathbf{r} is the vector of the fixed effects of repetition; \mathbf{c} is the vector of the fixed effects of check cultivars; \mathbf{t} is vector of the fixed effects of type, with parental male and female considered as checks type and the progenies considered as offspring type; \mathbf{s} is vector of the fixed effects of set, where set is the environment column in each harvest; $\mathbf{r.s}$ is vector of the fixed effects of repetition within set; $\mathbf{b.r.s}$ is vector of the fixed effects of lattice block within repetition within set; $\mathbf{m.t}$ is a vector of the random effects of male parents within the checks type (GCA male parents), with $\mathbf{m.t} \sim MVN(0, \mathbf{G}_m \otimes \mathbf{I})$; $\mathbf{f.t}$ is a vector of the random effects of female parents within the checks type (GCA male parents), with $\mathbf{f.t} \sim MVN(0, \mathbf{G}_f \otimes \mathbf{I})$; $\mathbf{p.t}$ is a vector of the random effects of progenies within the offspring type (SCA progenies), with $\mathbf{h.t} \sim MVN(0, \mathbf{G}_p \otimes \mathbf{I})$; \mathbf{e} is a vector of residuals, with $\mathbf{e} \sim MVN(0, \mathbf{R} \otimes \mathbf{I})$. $\mathbf{X}_1, \mathbf{X}_2, \mathbf{X}_3$ and \mathbf{X}_4 are the incidence matrices for the fixed effects and $\mathbf{Z}_1, \mathbf{Z}_2, \mathbf{Z}_3$ and \mathbf{Z}_4 are the incidence matrices for the random effects. \mathbf{G} is a variance-covariance matrix for the effect of hybrids within harvests within environments. A factor analytic structure (FA) of order k , where k is the number of multiplicative components, was considered to modeling the \mathbf{G} matrix. \mathbf{R} is a variance-covariance (VCOV) matrix for the residuals in each environment. \mathbf{I} is an identity matrix (id).

2.5.1 Genetic parameters in the multi environment trials approach

The genotypic values in each site were estimated together in the multi environment trials (MET) analysis (model 2) and their effects are confounded with the GE interaction. One way to separate them is by singular value decomposition of the rectangular matrix. One alternative would be to directly apply FA on the matrix of REML estimates for the variance as follows:

$$\hat{\mathbf{a}} = \mathbf{L}\mathbf{f} + \boldsymbol{\delta}$$

with

$$\mathbf{G} = \mathbf{L}\mathbf{L}' + \boldsymbol{\Psi}$$

where $\mathbf{f} \sim N(0, \mathbf{I})$ and $\mathbf{s} \sim N(0, \Psi)$; \mathbf{f} is the factor scores; \mathbf{s} is the specific factor; \mathbf{L} is the matrix of factor loadings; Ψ is the matrix of specific variances and $\hat{\mathbf{a}}$ is the score. Given that $\hat{\mathbf{a}}$ includes the genotype effect and the GE interaction effect, the analytic factor in age, is called factor analytic multiplicative mixed (FAMM) (RESENDE; THOMPSON, 2004).

The multi-environment trials (MET) analyses were performed to estimate the variance components around combining abilities effects, generalized measure of heritability and dominance effects (CULLIS et al., 2006) and the breeding values were estimated for the traits: TDMY, TLDMY, LDMP, DR and SR in each soil condition. All linear mixed models were fitted using the statistical package ASReml-R v 3.4.2 (BUTLER et al., 2009), which estimates the variance components using the residual maximum likelihood (REML) with the average information (AI) algorithm (GILMOUR et al., 1995), followed by the estimation of fixed and random effects by solving the mixed-model equations. To estimate the heritability in the narrow sense (h_{ns}^2) and dominance effects (D^2), the following expressions were used:

$$h_{ns}^2 = \frac{2(\sigma_{m.t}^2 + \sigma_{f.t}^2)}{\sigma_p^2}$$

$$D^2 = \frac{4(\sigma_{p.t}^2)}{\sigma_p^2}$$

Where the $\sigma_{m.t}^2$ is the variance of the MP, $\sigma_{f.t}^2$ is the variance of the FP, $\sigma_{p.t}^2$ is the variance of the progenies obtained by crossing and σ_p^2 is the total phenotypic variance, from the variance components obtained by the model described above. To estimate the genotypic value of the progenies obtained by the crosses, the following expression was used:

$$GV_{FAM} = \mu + GCA_M + GCA_F + SCA_{FAM}$$

Where μ is the general mean of each trait; GCA_M is the general combining ability of MP; GCA_F is the general combining ability of the FP and SCA_{FAM} is the specific combining ability of the progenies.

3 RESULTS

When estimating the effects of GCA from female parents (FP), male parents (MP) and SCA for progenie (PRO), it was possible to verify the significance effects through the likelihood-ratio test (LRT) considering all the harvests (Table 2). So, the genetic variation and significant effects were observed for the parents and progenies for most of the traits, except for some nutritive traits evaluated by NIRs (Table 3).

In Table 2, it is also possible to observe the effects of heritabilities, dominance effects and the average yields in the LF and HF environments, for each trait. Note that the narrow sense heritabilities (h_{ns}^2) were relatively high, ranging from 0.21 (LDMP) to 0.71 (SR), as well as the dominance effects ranging from 0.12 (LDMP) to 0.46 (DR). Regarding the averages for each fertility level, it was observed that for the traits TDMY and LDMY, there was a pronounced difference in yield, which shows that the effect of fertilization interferes to change the average of these traits in each environment. For the other traits, there was a small variation in the mean for the different fertility levels (Table 2).

Table 2. Estimates of the GCA variance effects for the male parents ($\hat{\sigma}_{GCA MP}^2$), female parents ($\hat{\sigma}_{GCA FP}^2$), SCA variance effects for the progenie ($\hat{\sigma}_{SCA PRO}^2$), narrow sense heritability (h_{ns}^2), dominance effects (D^2) and mean values of yield across the fertility levels (\bar{Y}_{HF} and \bar{Y}_{LF}) per trait, performed in seven harvests.

	TDMY	LDMY	LDMP	DR	SR
$\hat{\sigma}_{GCA MP}^2$	64.97*	65.92*	53.10*	99.28*	233.13*
$\hat{\sigma}_{GCA FP}^2$	80.02*	88.59*	78.54*	136.18*	143.03*
$\hat{\sigma}_{SCA PRO}^2$	202.72*	205.80*	24.21*	126.29*	138.14*
h_{ns}^2	0.35	0.36	0.21	0.31	0.71
D^2	0.37	0.38	0.12	0.46	0.28
\bar{Y}_{HF}	3049.21	2238.99	78.33	47.94	2.46
\bar{Y}_{LF}	2006.62	1478.40	77.87	44.54	2.40

*Significant at 5 % probability level, under chi-square distribution by the LRT test.

Traits: total dry matter (TDMY), leaf dry matter (LDMY), leaf dry matter percentage (LDMP), Density (DR) and speed of regrowth (SR).

On the other hand, for the estimates of GCA for the traits of nutritive value obtained by the NIRs method, only leaf protein (CP) presented significant differences for the MP and FP. For the other traits, no significance was observed for the effects of GCA and SCA (Table 3). Regarding the heritability estimates, these ranged from 0.12 to 0.35 for the narrow sense heritability (h_{ns}^2) (Table 5). For the dominance effects, ranged from 0.0 to 0.18. It can also be

observed that there were no significant differences in the mean of the nutritive value traits in the different fertility levels, except for CP.

Table 3. Estimates of the GCA variance effects for the male parents ($\hat{\sigma}_{GCA MP}^2$), female parents ($\hat{\sigma}_{GCA FP}^2$), SCA variance effects for the progenie ($\hat{\sigma}_{SCA PRO}^2$), narrow sense heritability (h_{ns}^2), dominance effects (D^2) and mean values of yield across the fertility levels (\bar{Y}), performed in one harvests for the traits: in vitro organic matter digestibility (IVOMD), crude protein (CP) and neutral detergent fiber (NDF), evaluated by NIRS approach.

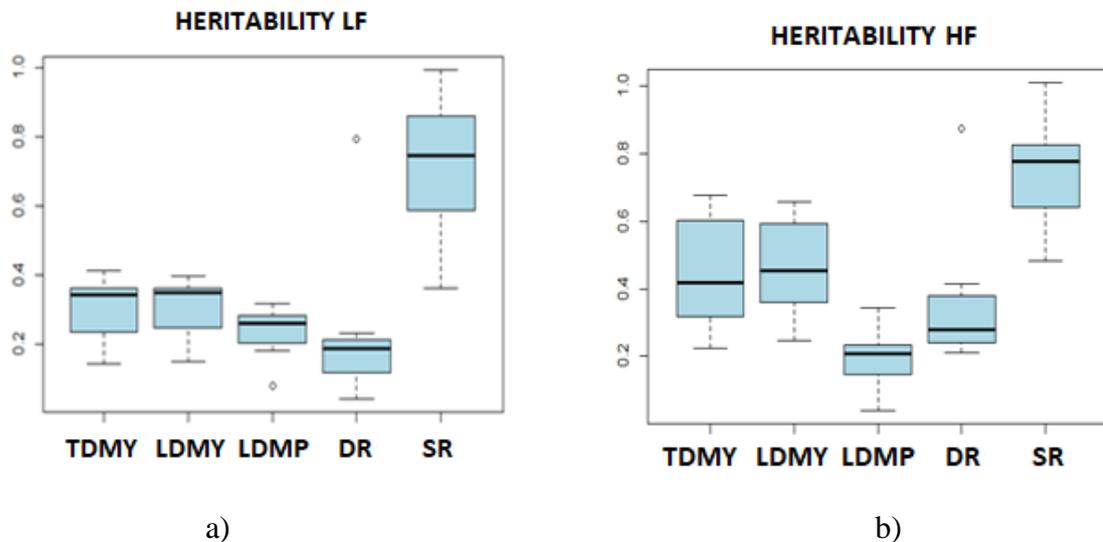
	CP			NDF			IVOMD		
	LF	HF	LRT	LF	HF	LRT	LF	HF	LRT
$\hat{\sigma}_{GCA MP}^2$	0.09	0.08	11.91*	0.12	0.21	-57.63	1.92	1.41	-0.49
$\hat{\sigma}_{GCA FP}^2$	0.08	0.19	28.56*	0.30	0.42	-61.99	0.51	0.70	-19.45
$\hat{\sigma}_{SCA PRO}^2$	0.03	0.07	-3.15	0.32	0.36	-57.38	0.34	0.01	-28.27
$\hat{\sigma}_e^2$	0.81	1.14		5.18	5.53		9.20	11.58	
h_{ns}^2	0.29	0.35		0.12	0.14		0.33	0.24	
D^2	0.10	0.18		0.18	0.16		0.09	0.00	
\bar{Y}	16.09	16.46		73.41	74.83		61.65	63.56	

*Significant at 5 % probability level, under chi-square distribution by the likelihood ratio test (LRT).

Figure 3 shows the heritabilities and dominance effects for each fertility level (LF and HF) shown by the box plot for each trait. In this case, each quantil represents a trait, which is represented in the x-axis of the plot. The y-axis refers to the heritability values for the LF environment (a) and for the HF environment (b), such as the dominance effects for the LF environment (c) and for the HF environment (d).

The quantis amplitude refers to the variability of the estimate around the mean value for each trait. In the HF environment (Figure 3-b) there was a greater variation of the heritability estimate in relation to the average as well as higher estimates of heritability compared to the LF environment (Figure 3-a), except for LDMP.

On the other hand, regarding the effects of dominance, higher estimates of this effect were detected for the LF environment (Figure 3-c) as well as greater variation due to the size of the quantis. Note that the trait DR presented higher estimation of the dominance effect and variation of this estimate due to higher quantil length in both fertility environments.



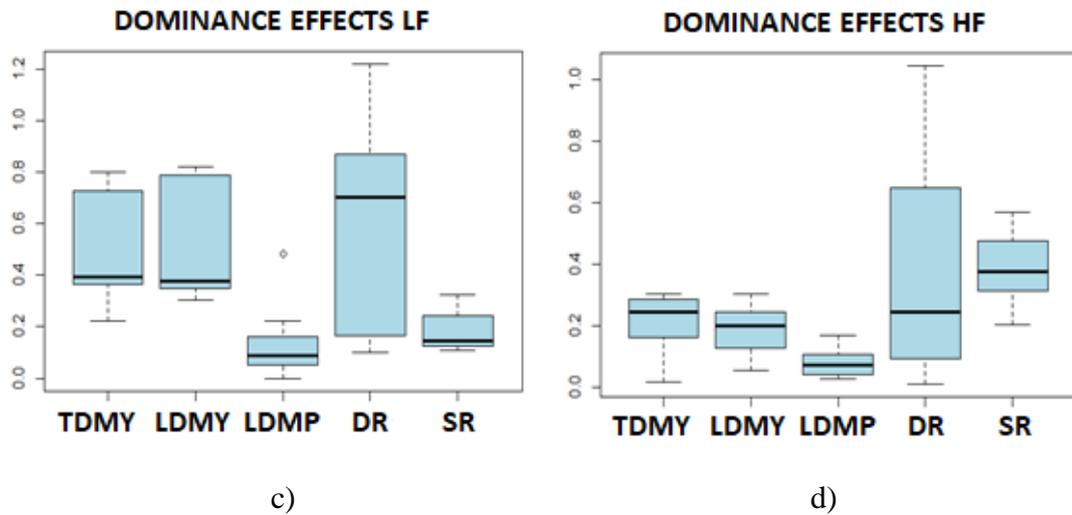


Figure 3. Box plots of the progenies narrow sense heritability for: (a) low fertility soil level (LF) and (b) high fertility soil level (HF). Dominance effects estimates for LF (c) and HF (d), for the traits: total dry matter (TDMY), leaf dry matter (LDMY), leaf dry matter percentage (LDMP), density (DR) and speed of regrowth (SR), respectively.

With the breeding values estimated for the parents (FP and MP) it was possible to plot their average performances for each trait in the HF (x-axis) and LF (y-axis) environments (Figure 4). Also, the BLUP's of the *per se* effects of the parents and checks for the HF and LF environments for each trait were plotted (Figure 5).

In the positive quadrant of the both axes, it was possible to verify which parents had the best performance in both fertility environments (LF and HF). The yields above the average, give positive gains as well as have a greater GCA value, with potential for selection. In the choice of the best parents, they may confer greater performance. For TDMY, MP10, MP4, MP9, MP7 and MP3 and FP7, FP5, FP1, FP8, FP6 and FP9 were the most prominent for this trait (Figure 4-a). Similar results can be observed for the trait TLDMY (Figure 4-b). For the LDMP trait, there was highlight for the male parents MP5, MP10, MP1 and MP3. The female parents FP8, FP1, F3 and FP9 were the most prominent (Figure 4-c).

For the trait DR, the MP9, MP7, MP1 and MP3 male parents and the FP2, FP1 and FP7 female parents (Figure 4-d) were highlighted. For trait SR, MP7, MP10 and MP9 male parents and FP8, FP1 and FP10 female parents were the most prominent for this trait (Figure 4-e). For CP, the most prominent parents were male parents MP8, MP4 and MP9 and female parents FP9 and FP5CP (Figure 4-f).

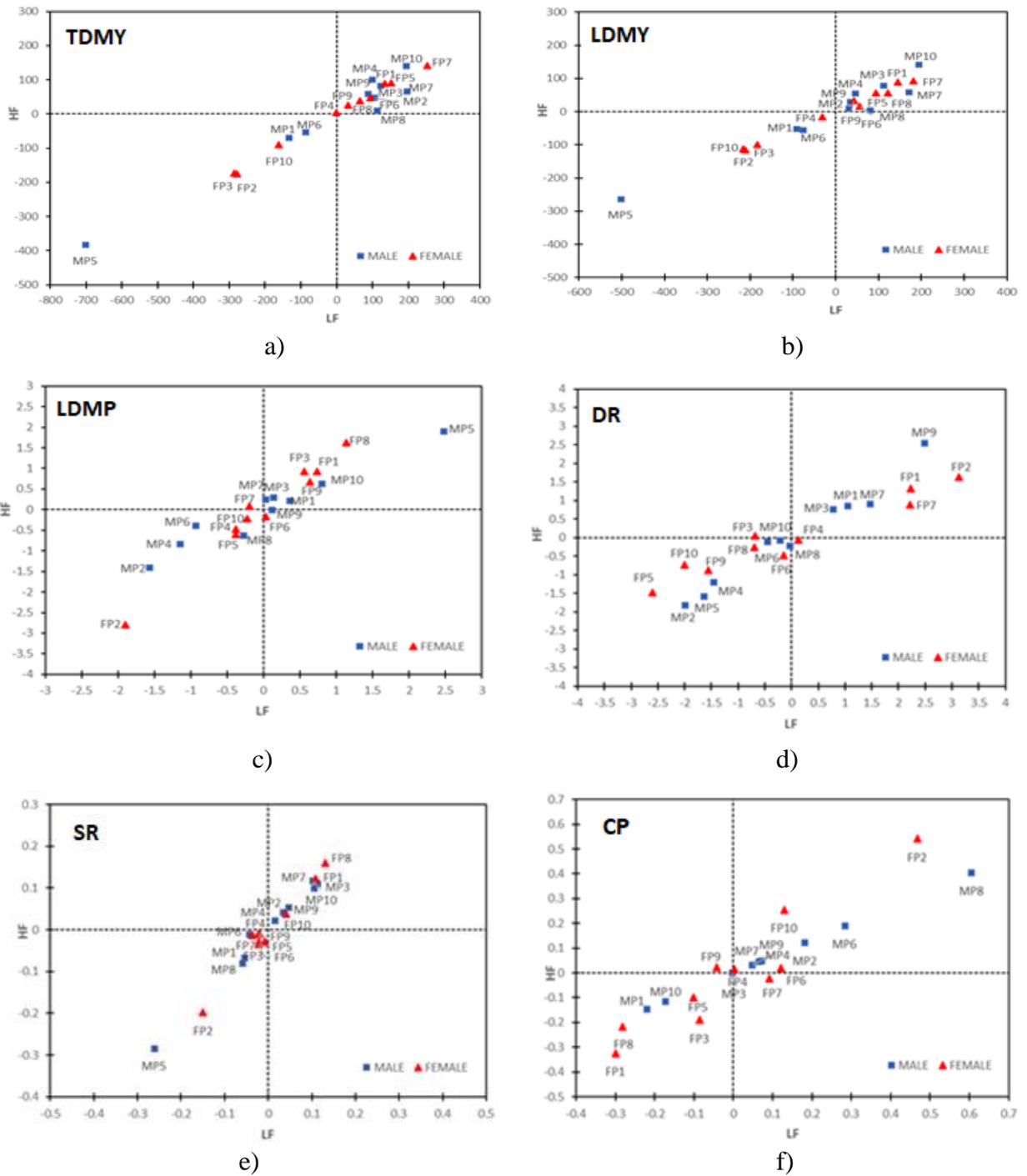


Figure 4. Best linear unbiased predictions (BLUP's) of GCA for the male parents (MP1 to MP10) and female parents (FP1 to FP10) for the traits: TDMY (a), LDMY (b), LDMP (c), DR (d), SR (e), and CP (f). The x axis refers to the BLUP of the parents in the high fertility soil level (HF) and the y axis refers to the low fertility soil level (LF).

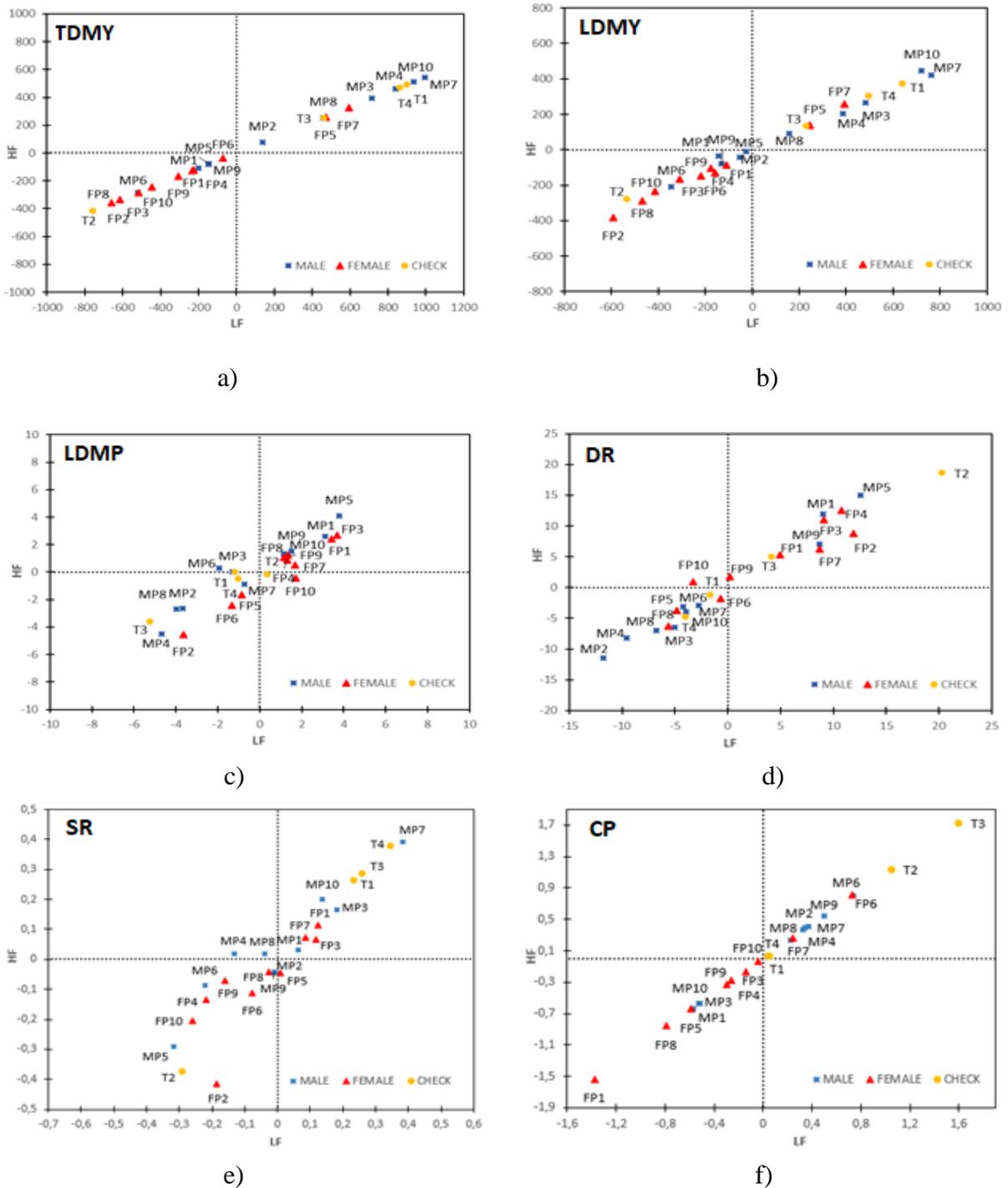
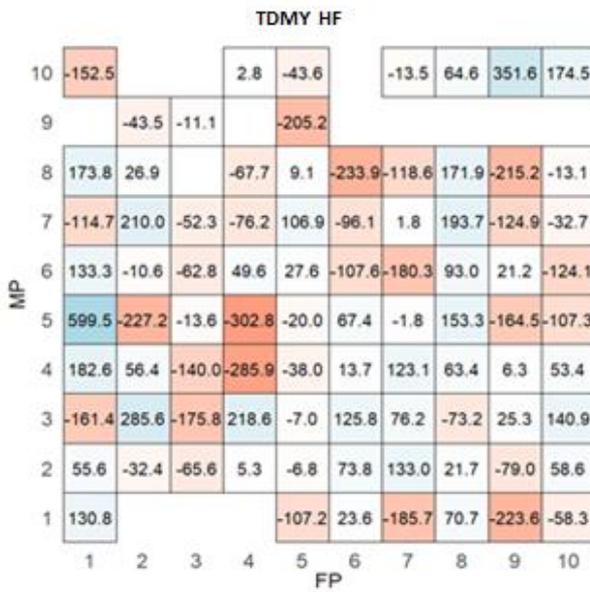


Figure 5. Best linear unbiased predictions (BLUP's) of *per se* performance for the male parents (MP1 to MP10), female parents (FP1 to FP10) and checks (T1 to T4) for the traits: TDMY (a), LDMY (b), LP (c), DR (d), SR (e), and CP (f). The x axis refers to the BLUP of the parents in the high fertility soil level (HF) and the y axis refers to the low fertility soil level (LF).

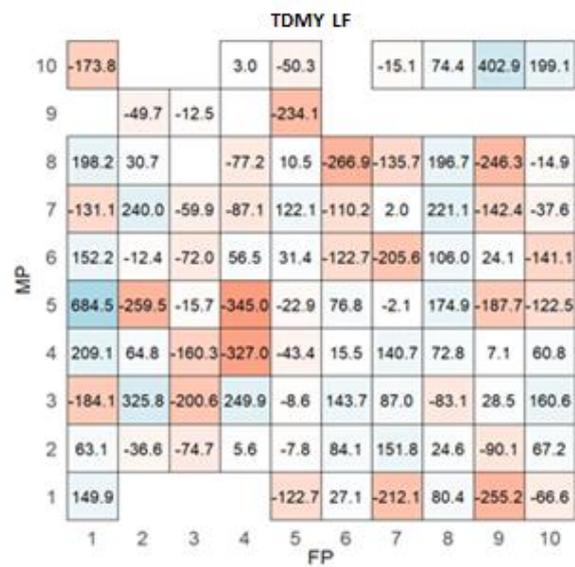
From the box plots obtained from the SCA for each progeny (PRO), it was possible to plot their performances in HF and LF environments arranged in quadrants side by side,

considering each trait (Figure 6). The colors that tend to the most intense blue in the quadrants, indicate the progenies which presented better performance, from their parents numbered in the plot axes and confer yields higher than the overall mean. They also presented greater SCA when used in the crosses, with greater potential for selection of the best progenies.

From the Figure 6-a, it is possible to observe the BLUP's for the trait TDMY in the HF environment. The shades of blue show us which parents provide the highest performance for this trait. In the y-axis they are the male parents (MP) sequenced from 1 to 10, and in the x-axis, the female parents (FP), also sequenced from 1 to 10. So, for the TDMY, the progenies evaluated from the MP5 x FP1, MP10 x FP9 and MP3 x FP2, performed better for this trait, both in the HF (Figure 6-a) and in the LF environment (Figure 6-b).



a)



b)

LDMP HF

10	-146.3			24.7	0.5			-10.4	10.8	248.9	173.3
9		-69.8	-25.4		-137.6						
8	96.5	-70.2		-18.1	-14.5	-174.7	-105.1	103.6	-170.6	6.4	
7	-65.3	110.1	-42.3	-45.0	89.0	-49.6	-9.0	147.0	-91.2	13.9	
6	126.0	-36.5	-12.3	50.3	6.6	-64.9	-130.1	77.6	17.6	-60.4	
5	407.9	-210.7	-32.2	-221.9	1.8	108.1	18.2	109.7	-147.7	-13.6	
4	168.2	8.3	-112.1	-207.4	-38.0	-3.2	77.4	52.2	-0.4	106.9	
3	-115.7	154.1	-122.3	175.8	-64.4	93.9	52.6	-35.9	6.9	157.4	
2	50.8	-20.5	-85.0	35.3	3.1	3.9	85.5	5.0	-41.3	98.4	
1	102.8				-73.6	31.7	-154.6	41.4	-202.7	-7.6	
		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10

c)

LDMP LF

10	-187.1			31.5	0.6			-13.3	14.0	318.7	221.6
9		-89.3	-32.5		-176.0						
8	123.4	-89.8		-23.2	-18.6	-223.5	-134.6	132.6	-218.3	8.2	
7	-83.6	140.9	-54.1	-57.5	113.9	-63.6	-11.5	188.1	-116.7	17.8	
6	161.2	-46.7	-15.8	64.3	8.5	-83.0	-166.5	99.3	22.5	-77.1	
5	521.8	-269.5	-41.3	-283.7	2.3	138.3	23.3	140.3	-189.0	-17.4	
4	215.3	10.7	-143.5	-265.5	-48.7	-4.2	99.1	66.9	-0.5	136.8	
3	-148.0	197.1	-156.5	224.9	-82.5	120.2	67.3	-45.8	8.7	201.2	
2	65.0	-26.2	-108.7	45.1	3.9	4.9	109.3	6.3	-52.8	126.0	
1	131.6				-94.2	40.6	-197.8	52.9	-259.3	-9.7	
		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10

d)

LDMP HF

10	0.1			0.3	0.3			-0.5	-0.2	-0.1	0.5
9		-0.2	0.3		-0.2						
8	-0.5	-1.3		-0.2	-0.2	-0.4	0.1	-0.4	0.3	-0.2	
7	0.7	-0.1	0.7	0.0	0.7	0.2	-0.5	0.4	0.7	-0.9	
6	1.0	0.1	1.5	0.2	0.4	0.1	-0.3	0.2	-0.4	-0.4	
5	-0.8	-0.5	-0.6	-0.5	0.5	0.7	0.9	-0.2	0.0	0.6	
4	0.5	0.7	0.0	0.3	0.1	-0.5	-0.0	-0.0	-0.7	0.4	
3	-0.1	0.8	0.5	0.5	-0.6	-0.2	0.1	0.6	-0.2	-0.3	
2	0.0	0.6	-0.6	0.1	-1.0	-1.7	-0.3	0.3	-0.2	-0.3	
1	0.1				0.1	-0.1	-0.1	0.4	-1.2	-0.3	
		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10

e)

LDMP LF

10	0.0			0.4	0.4			-0.4	-0.1	-0.2	0.5
9		0.0	0.0		-0.2						
8	-0.4	-1.2		-0.1	-0.3	-0.4	0.1	-0.4	0.3	-0.3	
7	0.6	-0.2	0.8	0.1	0.6	0.2	-0.3	0.4	0.6	-0.7	
6	0.8	-0.1	1.3	-0.0	0.4	-0.0	-0.3	0.2	-0.2	-0.4	
5	-0.7	-0.5	-0.4	-0.3	0.4	0.6	0.8	-0.1	0.0	0.5	
4	0.6	0.7	-0.0	0.3	0.0	-0.5	0.1	0.0	-0.5	0.4	
3	0.0	0.7	0.0	0.4	-0.8	-0.1	0.1	0.5	-0.2	-0.1	
2	0.0	0.6	-0.6	0.1	-0.8	-1.4	-0.3	0.2	0.0	-0.3	
1	0.2				0.1	-0.1	-0.2	0.5	-1.1	-0.2	
		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10

f)

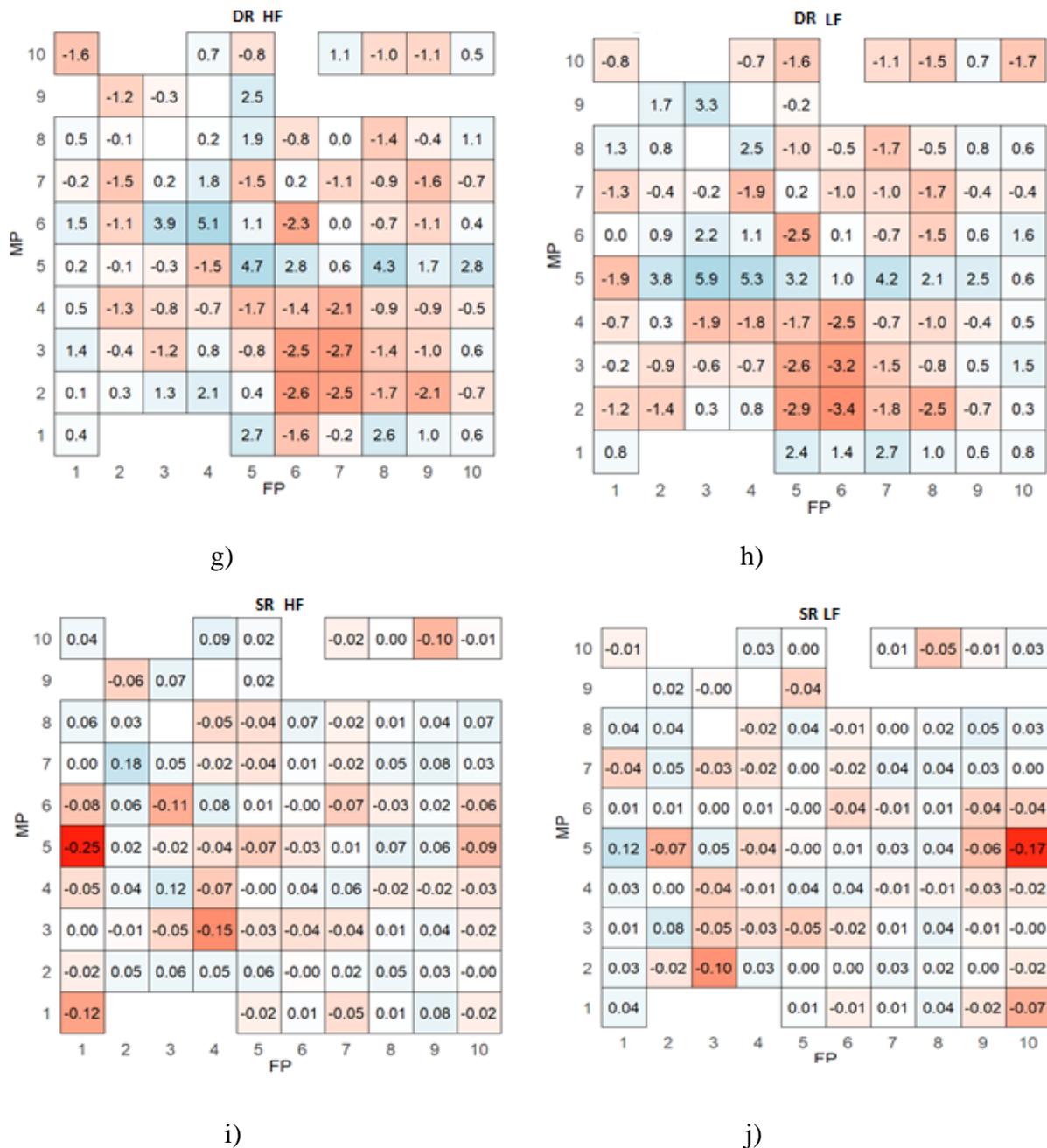


Figure 6. Best linear unbiased predictions (BLUP's) of SCA for the progeny effects from the crosses (MP 1 to MP 10) and (FP 1 to FP 10). The shades of blue refers to the BLUP values that increase and the shades red decrease the average, for each trait: TDMY, in HF (a) and LF (b); LDMY, in HF (c) and LF (d); LDMP, in HF (e) and LF (f), DR, in HF (g) and LF (h) and SR in HF (i) and LF (j).

The genotypic value of the 10 best progenies for each trait can be observed in Table 4 and Table 5. In this case, the genotypic value of each progeny at each fertility level (HF in Table 4 and LF in Table 5) was estimated based on the GCA effects of male and female parents, SCA effects of progenies and general average of each trait.

Table 4. Genetic value of the 10 best progenies (GV_PRO) in high fertility soil level (HF) and percentage of the contribution of the SCA to the breeding value, from the effects GCA_FP, GCA_MP, SCA_PRO.

HIGH FERTILITY SOIL LEVEL (HF)							
TRAIT	PRO	Average	GCA_FP	GCA_MP	SCA_PRO	GV_PRO	%SCA
TDMY	FP9MP10	3049.21	31.43	195.01	351.64	3627.29	0.61
TDMY	FP8MP7	3049.21	64.01	196.17	193.67	3503.05	0.43
TDMY	FP1MP8	3049.21	133.85	114.00	173.81	3470.86	0.41
TDMY	FP1MP4	3049.21	133.85	99.03	182.62	3464.71	0.44
TDMY	FP8MP8	3049.21	64.01	114.00	171.87	3399.08	0.49
TDMY	FP4MP3	3049.21	-1.38	123.20	218.58	3389.60	0.64
TDMY	FP10MP10	3049.21	-162.10	195.01	174.48	3256.60	0.84
TDMY	FP2MP3	3049.21	-278.99	123.20	285.61	3179.02	2.20
TDMY	FP2MP7	3049.21	-278.99	196.17	209.98	3176.36	1.65
TDMY	FP1MP5	3049.21	133.85	-701.92	599.51	3080.65	19.07
LDMY	FP9MP10	2238.99	42.75	195.05	248.94	2725.73	0.51
LDMY	FP8MP7	2238.99	122.77	171.10	147.01	2679.86	0.33
LDMY	FP1MP4	2238.99	144.83	46.58	168.21	2598.62	0.47
LDMY	FP4MP3	2238.99	-32.02	111.56	175.78	2494.31	0.69
LDMY	FP1MP6	2238.99	144.83	-76.76	125.98	2433.04	0.65
LDMY	FP10MP10	2238.99	-211.08	195.05	173.27	2396.23	1.10
LDMY	FP2MP7	2238.99	-215.69	171.10	110.12	2304.51	1.68
LDMY	FP10MP3	2238.99	-211.08	111.56	157.36	2296.82	2.72
LDMY	FP1MP5	2238.99	144.83	-501.81	407.91	2289.92	8.01
LDMY	FP2MP3	2238.99	-215.69	111.56	154.14	2288.99	3.08
LDMP	FP6MP5	78.33	0.03	2.48	0.70	81.54	0.22
LDMP	FP7MP5	78.33	-0.20	2.48	0.87	81.48	0.28
LDMP	FP1MP7	78.33	0.73	0.03	0.70	79.79	0.48
LDMP	FP9MP7	78.33	0.64	0.03	0.68	79.68	0.51
LDMP	FP3MP7	78.33	0.55	0.03	0.72	79.63	0.55
LDMP	FP3MP6	78.33	0.55	-0.93	1.46	79.41	1.35
LDMP	FP1MP6	78.33	0.73	-0.93	1.05	79.18	1.24
LDMP	FP5MP7	78.33	-0.38	0.03	0.67	78.65	2.11
LDMP	FP2MP3	78.33	-1.90	0.14	0.85	77.42	-0.93
LDMP	FP2MP4	78.33	-1.90	-1.15	0.68	75.96	-0.29
DR	FP2MP9	47.94	3.12	2.49	2.06	55.61	0.27
DR	FP7MP1	47.94	2.22	1.05	2.63	53.84	0.45
DR	FP2MP5	47.94	3.12	-1.64	3.90	53.33	0.72
DR	FP7MP5	47.94	2.22	-1.64	4.30	52.83	0.88
DR	FP3MP9	47.94	-0.69	2.49	2.66	52.40	0.60
DR	FP4MP5	47.94	0.13	-1.64	4.72	51.16	1.47
DR	FP3MP5	47.94	-0.69	-1.64	5.12	50.73	1.83
DR	FP5MP1	47.94	-2.60	1.05	2.50	48.89	2.64
DR	FP9MP5	47.94	-1.55	-1.64	2.82	47.56	-7.51
DR	FP5MP5	47.94	-2.60	-1.64	2.77	46.47	-1.89

SR	FP8MP7	2.46	0.13	0.10	0.08	2.77	0.24
SR	FP8MP1	2.46	0.13	-0.05	0.08	2.62	0.51
SR	FP2MP3	2.46	-0.15	0.11	0.12	2.54	1.47
SR	FP2MP7	2.46	-0.15	0.10	0.07	2.49	2.63
SR	FP1MP5	2.46	0.11	-0.26	0.18	2.49	6.60
SR	FP9MP8	2.46	-0.02	-0.06	0.07	2.45	-4.73
SR	FP5MP8	2.46	-0.02	-0.06	0.07	2.45	-4.47
SR	FP2MP8	2.46	-0.15	-0.06	0.09	2.34	-0.69
SR	FP7MP5	2.46	-0.01	-0.26	0.07	2.26	-0.35
SR	FP3MP5	2.46	-0.02	-0.26	0.08	2.26	-0.40

Table 5. Genetic value of the 10 best progenies (GV_PRO) in low fertility soil level (LF) and percentage of the contribution of the SCA to the GV value, from the effects GCA_FP, GCA_MP, SCA_PRO.

LOW FERTILITY SOIL LEVEL (LF)							
TRAIT	PRO	Average	GCA_FP	GCA_MP	SCA_PRO	GV_PRO	%_SCA
TDMY	FP9MP10	2006.62	26.11	140.74	402.89	2576.37	0.71
TDMY	FP1MP4	2006.62	89.66	100.36	209.07	2405.71	0.52
TDMY	FP1MP5	2006.62	89.66	-383.18	684.45	2397.56	1.75
TDMY	FP4MP3	2006.62	4.05	82.83	249.86	2343.35	0.74
TDMY	FP8MP7	2006.62	38.47	66.48	221.09	2332.67	0.68
TDMY	FP1MP8	2006.62	89.66	9.16	198.17	2303.61	0.67
TDMY	P10MP10	2006.62	-90.22	140.74	199.07	2256.21	0.80
TDMY	FP8MP8	2006.62	38.47	9.16	196.65	2250.90	0.81
TDMY	FP2MP3	2006.62	-175.37	82.83	325.82	2239.90	1.40
TDMY	FP2MP7	2006.62	-175.37	66.48	240.00	2137.73	1.83
LDMY	FP9MP10	1478.40	31.84	140.96	318.74	1969.94	0.65
LDMY	FP1MP4	1478.40	89.45	53.88	215.31	1837.05	0.60
LDMY	FP1MP5	1478.40	89.45	-263.98	521.85	1825.71	1.50
LDMY	FP8MP7	1478.40	56.76	57.15	188.05	1780.36	0.62
LDMY	FP4MP3	1478.40	-16.65	77.92	224.94	1764.61	0.79
LDMY	FP10MP10	1478.40	-116.34	140.96	221.64	1724.66	0.90
LDMY	FP1MP6	1478.40	89.45	-56.63	161.17	1672.39	0.83
LDMY	FP2MP3	1478.40	-111.34	77.92	197.15	1642.12	1.20
LDMY	FP10MP3	1478.40	-116.34	77.92	201.24	1641.22	1.24
LDMY	FP2MP7	1478.40	-111.34	57.15	140.94	1565.14	1.62
LDMP	FP7MP5	77.87	0.09	1.91	0.83	80.69	0.29
LDMP	FP6MP5	77.87	-0.17	1.91	0.60	80.20	0.26
LDMP	FP3MP7	77.87	0.92	0.24	0.76	79.80	0.40
LDMP	FP3MP6	77.87	0.92	-0.39	1.30	79.71	0.71
LDMP	FP1MP7	77.87	0.93	0.24	0.57	79.62	0.33
LDMP	FP1MP6	77.87	0.93	-0.39	0.79	79.21	0.59
LDMP	FP5MP7	77.87	0.09	0.24	0.58	78.78	0.64
LDMP	FP2MP3	77.87	-2.79	0.30	0.74	76.11	-0.42

LDMP	FP2MP4	77.87	-2.79	-0.83	0.68	74.92	-0.23
LDMP	FP2MP2	77.87	-2.79	-1.41	0.62	74.29	-0.17
DR	FP3MP9	44.54	0.04	2.54	3.34	50.47	0.56
DR	FP7MP1	44.54	0.89	0.84	2.74	49.01	0.61
DR	FP3MP5	44.54	0.04	-1.58	5.87	48.87	1.35
DR	FP2MP5	44.54	1.63	-1.58	3.80	48.38	0.99
DR	FP4MP5	44.54	-0.06	-1.58	5.30	48.20	1.45
DR	FP7MP5	44.54	0.89	-1.58	4.23	48.08	1.20
DR	FP4MP8	44.54	-0.06	-0.23	2.46	46.71	1.13
DR	FP5MP1	44.54	-1.47	0.84	2.42	46.33	1.35
DR	FP5MP5	44.54	-1.47	-1.58	3.23	44.71	18.53
DR	FP9MP5	44.54	-0.88	-1.58	2.55	44.63	28.45
SR	FP8MP3	2.40	0.16	0.11	0.04	2.71	0.14
SR	FP7MP7	2.40	-0.03	0.10	0.04	2.51	0.39
SR	FP1MP8	2.40	0.12	-0.08	0.04	2.48	0.49
SR	FP2MP3	2.40	-0.20	0.11	0.08	2.40	-16.90
SR	FP9MP8	2.40	-0.01	-0.08	0.05	2.36	-1.44
SR	FP1MP5	2.40	0.12	-0.28	0.12	2.36	-3.13
SR	FP2MP7	2.40	-0.20	0.10	0.05	2.36	-1.22
SR	FP5MP8	2.40	-0.01	-0.08	0.04	2.35	-0.86
SR	FP2MP8	2.40	-0.20	-0.08	0.04	2.17	-0.19
SR	FP3MP5	2.40	-0.03	-0.28	0.05	2.14	-0.21

4 DISCUSSION

Breeding of *P. maximum* uses hybridization to produce hybrids in order to increase the variability present in the species and to carry out the selection of superior genotypes (JANK et al., 2011). These hybridizations become possible due to the use of genotypes with sexual reproductive mode and the same level of ploidy ($2n = 4x = 32$). Thus, parents of apomictic reproductive mode and pollen donors crossed with sexual parents generate F1 or hybrid genotypes, which can be agronomically and nutritively evaluated and selected (CHAUME, 1977).

The first report on the combining ability study to select superior hybrids was carried out in the late 1970s in the Ivory Coast (CHAUME, 1977). This study was carried out from an 8 x 8 diallel between apomictic and artificially duplicated sexual plants (tetraploid), from the ORSTOM collection.

However, the researchers at that time reported difficulties in obtaining hybrids due to the reduced number of sexual genotypes available to cross. Despite this, wide variability was obtained as well as hybrid vigor was detected, which indicated heterosis potential existing in the species when subjected to crosses (CHAUME, 1977).

These results are important because they also confirm the variability among the parents, with different performances among the progenies generated by the diallel. The significance of these effects of GCA and SCA was expected, due to the variability presented by the parents and the genetic divergence previously evaluated based on agronomic and molecular traits (SOUSA et al., 2011; JANK et al., 1997).

However, for the estimates of the general combining abilities of nutritive value traits, only CP had a significant effect on GCA. Regarding the effect of SCA, there was no significant effect for any of the nutritive value traits (Table 3). These results show that is difficult to increase the favorable alleles for nutritive value traits in order to obtain gains with the selection of parents and hybrids from diallel crosses.

The significance of the variance of GCA effects allowed to select parents which contribute to increase the frequency of favorable alleles in future offspring for the main traits evaluated in a *P. maximum* breeding program. This indicates predominance of variance due to additive effects, without epistatic effects (FALCONER; MACKAY, 1996; RAMALHO et al., 2012).

Another relevant aspect is about the magnitude of GCA effects. It is observed that for female parents (FP) these estimates are always higher than for male parents (MP), considering the agronomic traits (Table 2) and the CP trait (Table 3). The FP group have cross-breeding mode, so they can share alleles in common and increase genetic variability through crossbreeding. The MP group has the apomictic reproduction mode, so they do not cross each other and do not share alleles, which restricts the genetic variability (FIGUEIREDO, 2012).

Another important measure from the variance components is the estimate of heritability and the dominance effects from the partial diallel. In this case, the heritability was estimated in the narrow sense, considering the additive variance for narrow sense. Table 2 shows the heritability in the mean of the environments (HF and LF), which ranged from 0.21 (LDMP) to 0.72 (SR) and for the agronomic traits, which indicates a potential for the increase of favorable alleles after selection. In terms of nutritive value, the narrow sense heritability ranged from 0.12 (NDF) to 0.35 (CP) (Table 3), associated with selective accuracy ranging from 0.34 (NDF) to 0.59 (CP). It is observed that for traits of nutritive value, heritability is not very pronounced,

and may make the work of breeders at the time of selection for the respective traits more difficult, with a limited gain after selection.

However, for agronomic traits, there was a pronounced dominance effect, ranging from 0.12 (LP) to 0.46 (DR) (Table 2). These results indicate the presence of loci in heterozygosity for each trait and that may be related to the presence of hybrid vigor or heterosis effects manifested in the progenies generated by the crosses. These effects are important for combining favorable alleles present in the parents and thus to obtain hybrids with greater potential for future release in the market, increasing favorable traits which will increase gains in selection and thus success in the tropical forage breeding program.

Narrow sense heritabilities and dominance effects for the agronomic traits are shown in Figure 3 for each fertility level and are arranged in box plots for comparison. It is observed that in both the HF and LF environments, the highest heritability estimate was for SR, while the lowest was for DR (Figure 3). However, heritability values had a greater amplitude of variation in the HF environment, as well as higher estimates along the harvests. It is also observed that the traits TDMY and LDMY have similar estimates of heritability, since they are highly related traits.

Regarding the effects of dominance in each fertility level (HF and LF), a greater amplitude of variation was observed in the LF environment, with higher dominance effects estimates. Thus, the stress caused by the lower level of fertility can better discriminate the genotypes that present most loci in heterozygosis, that is, with a more pronounced effect of dominance on agronomic traits.

In relation to the performance of the parents, the BLUP's of GCA of the male parent (MP) and the female parent (FP) were estimated for each trait, arranged in the graphs, where the x axis represents the HF environment and the y axis the LF environment (Figure 4). The best parents are in the positive quadrants of the x and y axes. In this way, the best parents can be ranked for each trait and the information may be obtained about their performances from the BLUP's of their GCA, in order to perform the prediction of the hybrid performance of the genotypes obtained by crosses from these parents.

The results based on the BLUP's of the GCA effects from the agronomic traits evaluated in the parents (Figure 4) can be compared to the results obtained from the *P. maximum* genetic diversity evaluation by microsatellite technique via molecular markers (SOUSA et al., 2011). From the molecular analysis of the *P. maximum* collection, four groups were identified for genetic similarity. The parents used in diallel crosses were defined based on this information and comparisons with phenotypic results can be made based on this experiment.

In this sense, it is observed that the group 4 are grouped the parents MP10, MP7 and MP4, with higher performance regarding the traits TDMY and LDMY. According to Sousa et al., 2011, this group represents the tall plants and broad leaves, like the cultivars Mombaça and Tanzânia. Group 3, on the other hand, represents the small plants and narrow leaves, such as the cultivar Massai (MP5). By the performance of the MP5, the lowest performance regarding the TDMY and LDMY was observed, corroborating with the molecular results.

Thus, the results based on the phenotypic evaluations of agronomic traits corroborate the molecular results, showing that there is variability among the parents that participated in the diallel. This variability is very important to explore the hybrid vigor in the progenies obtained by the diallel crosses and combine favorable alleles in low (LF) and high soil fertility environments (HF), promoting gains with the breeding of the *P. maximum*.

In forage breeding programs, it is common to perform the evaluations in different cuts, environments and years (PIEPHO; ECKL, 2014). From the statistical point of view, the inclusion of new effects increases the complexity of the model and the breeders must use approaches that contemplate such effects, so that there is no erroneous selection of the best genotypes. In this case, it is important to detect the effect of the G x E interaction and to observe the magnitude of this effect on the performance of the genotypes in the different environments.

In the present work, the presence of the G x E interaction was not expressive, once the effect of fertilization did not change in a robust way the ranking of the genotypes for the selection, for most of the agronomic traits evaluated. Thus, the best progenies evaluated under conditions of high fertility (HF) remained the best in low fertility (LF) conditions.

In diallel crosses, the reciprocal effect is important and should be considered for the identification of superior combinations (FAN et al., 2014). However, in the present work the effect of reciprocals could not be considered in the analysis of the data, due to the limitation in the species reproduced by apomixis, since the sexual plant is always the female and the apomictic the male, and thus it is impossible to explore reciprocal hybrids.

Similar to the GCA BLUP's related to the parents (MP and FP) arranged in the graphs of figure 4, we also estimated the BLUP's of the progenies (PRO), obtained through the crosses of these parents. In Figure 6, it may be observed that it is possible to obtain the best combinations in both fertility environments through the BLUP's of the progenies. Note that in the x-axis of the boxplots, there are the FPs from 1 to 10 and in the y axis, the MPs from 1 to 10. The BLUP's of the progeny from these parents are within the quadrants of the boxplot, based on the parent combination in the axes.

For the breeding of the apomictic population, the presence of GCA among the apomictic parents, with the potential to extract future candidates, is essential. Thus, the parents MP10, MP7, MP3 and MP4 had the highest GCA estimates and were highlighted from the TDMY and TLDMY traits in the HF and LF environments. For the nutritive value traits, the parents MP8 and MP6 were the best (Table 3).

In this study we were able to select the best apomictic and sexual parents as well as the best progenies from the diallel cross design. By the ranking of the 10 best progenies for each trait in each level of soil fertility, it was possible to select plants based on *per se* performance, through the SCA effects of progenies, as well as on the performance of the parents by the estimates of GCA for male parents and female parents (Table 6).

The selection of good sexual parents is important to provide genotypes for a breeding base population in a recurrent selection program. In this way, it is possible to explore the additive effects present and contribute to increase the value of sexual parents for use in crosses with apomictic plants. The FP7, FP1 and FP5 parents were highlighted for GCA estimates from the TDMY and LDYMY traits in the HF and LF environments. These parents can contribute to find recombinant genotypes, with high production of total and leaf dry matter. Considering the significant SCA effect, was evidenced possibility of gain with the selection, especially for agronomic traits.

The heritability values as well as the dominance effect indicated possible success with selection. Therefore, FP9MP10, FP8MP7, FP1MP4 and FP1MP5 progenies were highlighted in HF and LF environments, considering TDMY and TDMY L traits, with the highest breeding value attributed to the best combination of their parents. The better performance of these hybrids may be explained by the higher percentage of SCA effect, thus, the contribution of heterosis.

In *P. maximum*, TDMY was also the main trait evaluated for the selection of the best hybrid combination in a diallel (CHAUME, 1977). In this work, it was possible to obtain hybrids with superior performance to the parents for this trait. The apomictic genotype denominated as T25 used as parent, had a good performance *per se* and in hybrid combinations. From a practical point of view, TDMY depends essentially on the apomictic parent, in addition to having good seed production, which makes economic production feasible.

In addition to TDMY trait being of great importance in the *P. maximum* breeding program, the LDYMY has greater importance because it will be the product used as food source and nutrients by the animal, since ruminant animals select leaves when feeding in a (JANK, 1995; JANK et al., 2008; TRINDADE et al., 2007).

Selection of superior genotypes is based on the evaluation of the potential of hybrid combinations that will be candidates to be released as new cultivars, as well as those that can be used as parents in new crosses, in order to give continuity to the program. This work evidenced that it is possible to explore the production of *P. maximum* hybrids based on combining ability information from diallel crosses, as well as to evaluate the behavior of these hybrids and parents under different soil fertility levels.

5 CONCLUSIONS

There were parents and progenies that highlighted for general combining ability (GCA) and specific combining ability (SCA), respectively, for the traits TDMY, LDMY, LDMP, DR, SR and CP.

For the dominance effects, more variation was observed in the LF environment, with more heterosis effects, while higher estimates of heritability were observed in the HF environment, that facilitates the selection of superior genotypes.

These results show that information on combining ability and genetic parameters from diallel crosses is useful to obtain hybrids in the species under different soil fertility levels and thus increase the efficiency of *P. maximum* breeding program.

Acknowledgment

The authors are grateful to the Universidade Federal de Lavras (UFLA), Embrapa Gado de Corte-CNPGC, Associação para o Fomento à Pesquisa de Melhoramento de Sementes Forrageiras (Unipasto), FUNDECT, FUNDAPAM, Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) and University of Florida, for the availability of infrastructure, technical knowledge, financial support and scholarship.

REFERENCES

- ABIEC (2019). Beef REPORT-Perfil da Pecuária no Brasil. **Associação Brasileira das Indústrias Exportadoras de Carnes**. Disponível em: <www.abiec.com.br/control/uploads/arquivos/sumario2019portugues.pdf> Acesso em: 10/05/2019.
- BRAZ, T. G. S. **Parâmetros genéticos, repetibilidade e diversidade genética em híbridos de *Panicum maximum***. 2012. 117 p. Tese (Doutorado em Zootecnia) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa/MG. 2012.
- BRAZ, T. G. S. et al. Genotypic value in hybrid progenies of *Panicum maximum* Jacq. **Ciência Rural**, v. 47, n. 9, 2017.
- BUTLER, D. G. et al. **ASReml-R reference manual, release 3**. Technical Report, Queensland Department of Primary Industries, 2009. 160 p.
- CHAUME, R. **Analyse génétique des descendants de croisements sexués x apomictiques chez *Panicum maximum***: 1-Hérédité de quelques caractères quantitatifs. 1977. 169 p.
- CULLIS, B.; SMITH, A. B.; COOMBES, N. E. On the design of early generation variety trials with correlated data. **Journal of Agricultural, Biological and Environmental Statistics**, v. 11, p. 381-393, 2006.
- FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. London: Longman Malaysia, 1996. 463 p.
- FAN, X. M. et al. Reciprocal diallel crosses impact combining ability, variance estimation, and heterotic group classification. **Crop Science**, v. 54, n. 1, p. 89, 2014.
- FIGUEIREDO, U. J.; NUNES, J. A. R.; VALLE, C. B. Estimação de parâmetros genéticos e fenotípicos em progênies de *Brachiaria humidicola*. **Crop Breeding and Applied Biotechnology (online)**, v. 12, n. 4, 2012.
- GARDNER, C. O.; EBERHART, S. A. Analysis and interpretation of the variety cross diallel and related populations. **Biometrics**, v. 22, n. 3, p. 439-452, 1966.
- GHASEMI, A.; ZAHEDIASL, S. Normality tests for statistical analysis: a guide for non-statisticians. **International journal of endocrinology and metabolism**, v. 10, n. 2, p. 486, 2012.
- GILMOUR, A. R.; THOMPSON, R.; CULLIS, B. R. AI, an efficient algorithm for REML estimation in linear mixed models. **Biometrics**, v. 51, p. 1440-1450, 1995.
- HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J.; MIRANDA FILHO, J. B. de. **Quantitative genetics in maize breeding**. New York: Springer Science and Business Media, Inc., v. 6, 2010.
- HENDERSON, C. R. **Applications of linear models in animal breeding**. Guelph: University of Guelph, 1984. 462 p.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. **Censo agropecuário: 2017: resultados preliminares**. ISSN: 01036157. Rio de Janeiro, 2017.

JANK, L. et al. **Catalog of the characterization and evaluation of the *Panicum maximum* germplasm: morphological description and agronomical performance**. Campo Grande, MS: EMBRAPA Gado de Corte, (Embrapa Gado de Corte. Documentos, 68). 1997. 53 p.

_____. Melhoramento genético de *Panicum maximum*. **Melhoramento de forrageiras tropicais**, v. 1, p. 55-87, 2008.

_____. Análise genética de *Panicum maximum* Jacq. em rede nacional. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS, 5., 2009, Guarapari. **Anais...** Vitória: SBMP: Icapar, 2009.

JANK, L.; VALLE, C. B.; RESENDE, R. Breeding tropical forages. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 11, p. 27–34, 2011.

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

MARTUSCELLO, J. A. et al. Genetic diversity based on morphological data in *Panicum maximum* hybrids. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 41, n. 9, p. 1975-1982, 2012.

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

PIEPHO, H. P.; ECKL, T. Analysis of series of variety trials with perennial crops. **Grass and Forage Science**, v. 69, n. 3, p. 431-440, 2014.

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

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

RESENDE, M. D. V.; R. THOMPSON. Factor analytic multiplicative mixed models in the analysis of multiple experiments. **Brazilian Journal of Mathematics and Statistics**, v. 22, p. 31-52, 2004.

SAVIDAN, Y. H. Genetics and utilization of apomixis for the improvement of guineagrass (*Panicum maximum* Jacq.). In: 14° INTERNATIONAL GRASSLAND CONGRESS, Lexington. Proceedings, Boulder: Westview Press. p. 182-184. 1983.

SMITH, A. B. et al. Varietal selection for perennial crops where data relate to multiple harvests from a series of field trials. **Euphytica**, v. 157, n. 1-2, p. 253-266, 2007.

SOUSA, A. C. B. de. et al. Development of microsatellite markers in Guineagrass (*Panicum maximum* Jacq.) and their transferability to other tropical forage grass species. **Plant Breeding**, v. 130, n. 1, p. 104–108, 2010.

_____. Molecular Diversity and Genetic Structure of Guineagrass (*Panicum maximum* Jacq.), a Tropical Pasture Grass. **Tropical Plant Biology**, v. 4, n. 3-4, p. 185–202, 2011.

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

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

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. **Melhoramento e produção de milho**, v. 2, p. 137-214, 1987.

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

VILELA, L. et al. **Calagem e adubação para pastagens na região do cerrado**. Brasília, DF: Embrapa Cerrados, (Circular Técnica 37), 1998. 16 p.

APPENDIX

Table 1. Estimates of the GCA variance effects for the female parents ($\hat{\sigma}_{GCAFP}^2$), male parents ($\hat{\sigma}_{GCAMP}^2$), SCA effects for the progeny ($\hat{\sigma}_{SCAFAM}^2$), error variance ($\hat{\sigma}_e^2$) and mean values of environment yield (\bar{Y}_{ENV}), across seven harvests (H1 to H7) in the environment (ENV) LF and HF for the traits: TDMY, LDMY, LDMP, DR and SR.

TDMY	ENV	$\hat{\sigma}_{GCAFP}^2$	$\hat{\sigma}_{GCAMP}^2$	$\hat{\sigma}_{SCAFAM}^2$	$\hat{\sigma}_e^2$	\bar{Y}_{ENV}
H 1	LF	3066	21859	12377	208544	2332.15
	HF	5225	59136	36168	454395	4154.94
H 2	LF	60082	27528	8449	309041	2568.17
	HF	87328	45974	2776	666736	4401.69
H 3	LF	3537	8621	6305	49340	471.74
	HF	19235	10160	4872	107659	892.59
H 4	LF	202	9647	13477	111752	1074.70
	HF	24173	28070	26390	234946	2096.82
H 5	LF	17882	57380	86193	322838	2385.40
	HF	63288	210996	78540	554310	3487.05
H 6	LF	28467	74175	117498	333235	2721.29
	HF	82712	139780	37677	449588	3381.34
H 7	LF	32208	45107	74798	218877	2238.15
	HF	29190	155850	37647	322242	2861.48
LDMY						
H 1	LF	992	15878	12606	123283	1810.37
	HF	16803	21749	23577	240809	3253.30
H 2	LF	9639	7179	4305	66419	945.24
	HF	20868	17495	2968	168655	1699.61
H 3	LF	3868	7758	5056	41820	446.46
	HF	18757	11139	2993	90059	838.36
H 4	LF	230	8949	11875	86147	982.66
	HF	23115	24686	16169	189626	1921.75
H 5	LF	16615	29695	64250	184515	1977.98
	HF	48989	113997	34654	345204	2806.94
H 6	LF	20744	43610	73028	209845	2222.14
	HF	63650	87727	19559	310523	2778.08
H 7	LF	20565	24744	45368	123062	1791.02
	HF	30410	99712	19420	231454	2308.19
LDMP						
H 1	LF	4.57	3.89	2.98	40.96	78.13
	HF	3.35	0.86	0.70	32.24	78.42
H 2	LF	3.18	2.40	7.53	47.76	36.58
	HF	0.81	0.92	1.14	80.70	39.27
H 3	LF	0.83	1.50	0.43	13.94	95.17
	HF	1.25	1.92	0.92	19.75	94.19
H 4	LF	0.59	0.17	0.10	16.20	91.80
	HF	0.12	0.69	0.11	13.93	92.03
H 5	LF	3.27	2.31	0.75	32.12	83.59
	HF	2.05	6.17	2.04	36.71	81.33

H 6	LF	1.93	2.05	0.00	31.11	82.16
	HF	0.93	3.07	0.70	33.80	82.64
H 7	LF	1.44	2.13	0.61	22.77	80.44
	HF	2.26	1.22	0.28	31.86	80.88
<hr/>						
DR						
H 1	LF	0.27	0.44	6.06	23.72	40.79
	HF	3.22	2.26	1.32	33.14	49.39
H 2	LF	0.21	1.83	1.01	18.09	41.18
	HF	0.97	1.37	0.34	19.00	42.27
H 3	LF	5.06	8.40	1.19	19.03	33.09
	HF	13.74	12.44	3.67	30.09	37.89
H 4	LF	0.51	2.88	0.92	30.80	44.69
	HF	2.44	4.49	0.13	33.25	51.70
H 5	LF	1.92	4.39	10.19	33.34	47.96
	HF	9.15	2.83	5.51	32.45	53.61
H 6	LF	3.83	0.34	19.20	41.03	48.85
	HF	9.01	0.66	23.80	48.04	46.26
H 7	LF	3.17	1.56	23.28	42.67	55.20
	HF	12.56	0.07	20.78	50.60	54.47
<hr/>						
SR						
H 1	LF	0.03	0.01	0.01	0.03	2.78
	HF	0.05	0.00	0.01	0.04	2.76
H 2	LF	0.05	0.04	0.01	0.09	1.75
	HF	0.05	0.04	0.01	0.11	1.73
H 3	LF	0.01	0.02	0.00	0.05	2.65
	HF	0.01	0.01	0.01	0.03	2.68
H 4	LF	0.00	0.01	0.00	0.06	2.57
	HF	0.00	0.01	0.01	0.04	2.60
H 5	LF	0.00	0.02	0.00	0.05	2.60
	HF	0.00	0.02	0.01	0.04	2.71
H 6	LF	0.02	0.03	0.00	0.07	2.17
	HF	0.02	0.02	0.01	0.06	2.39
H 7	LF	0.02	0.02	0.00	0.07	2.31
	HF	0.01	0.04	0.01	0.05	2.38

ARTIGO 2 – ESTRATÉGIA DE SELEÇÃO ENTRE E DENTRO DE PROGÊNIES DE IRMÃOS COMPLETOS PARA DIFERENTES NÍVEIS DE FERTILIDADE DO SOLO EM *Panicum maximum* Jacq.

Artigo redigido conforme a NBR 6022 (ABNT, 2003) e formatado de acordo com o Manual da UFLA de apresentação de teses e dissertações.

**Selection strategy among and within full sib progenies in different soil fertility levels in
Panicum maximum Jacq.**

Carlos Henrique Pereira^{1,*}, José Airton Rodrigues Nunes², Mateus Figueiredo Santos³, Liana Jank³, Alexandre Romeiro de Araújo³, Esteban Fernando Rios⁴, Salvador Gezan⁴

^{1,*} Ph.D. candidate from Graduate Program in Plant Breeding and Genetics-UFLA. Biology Department, Lavras, MG. e-mail: chpereira88@hotmail.com

² Associate Professor from Biology Department – UFLA. Lavras, MG. e-mail: jarnunes@ufla.br

³ Researchers from Embrapa Beef Cattle – CNPGC - Embrapa/Campo Grande, MS. e-mail: mateus.santos@embrapa.br, liana.jank@embrapa.br, alexandre.araujo@embrapa.br

⁴ Professors from IFAS, University of Florida, Gainesville, FL, USA. e-mail: estebanrios@ufl.edu, sgezan@ufl.edu

RESUMO

Os cruzamentos entre genitores apomíticos e sexuais em *Panicum maximum* Jacq. (sin. *Megathyrus maximus* B.K. Simon & S.W.L. Jacobs) têm gerado progênes com ampla variabilidade genética. Com isso, objetivando a seleção de plantas individuais, i.e. híbridos, dentro dessas progênes, há necessidade de investigações sobre estratégias eficientes de seleção em termos de economicidade e praticidade. A avaliação visual da rebrota das plantas por meio de escores pode contribuir para dinamizar a seleção entre e dentro de progênes. Neste trabalho, objetivou-se avaliar o índice de seleção de Mulamba e Mock, a partir dos valores genéticos preditos entre caracteres agronômicos e de rebrota, para direcionar a seleção entre e dentro de progênes de irmãos completos de *P. maximum*, obtidas de um esquema de cruzamento dialélico entre grupos de genitores sexuais e apomíticos, avaliadas em sete cortes e dois ambientes distintos quanto à fertilidade do solo. A partir do cruzamento dialélico entre 10 genitores apomíticos e 10 sexuais, foram obtidos 86 progênes de irmãos completos, que foram avaliadas em dois níveis de fertilidade do solo, denominado de alta fertilidade (HF) e baixa fertilidade (LF), para os caracteres: matéria seca total (TDMY), matéria seca total de folhas (LDMY), porcentagem de folhas (LDMP), densidade (DR) e velocidade de rebrota (SR), ao longo de sete cortes. As análises estatísticas foram realizadas, considerando a abordagem de Modelo Mistos, via pacote estatístico ASReml-R. Pelos BLUP's, obtidos para cada caráter e cada progênie, foram obtidas as correlações genéticas de *Pearson* entre os caracteres e o valor genético das progênes para o uso do índice de seleção de Mulamba e Mock entre e dentro de progênes. Entre as 26 progênes que tiveram maior destaque, FP9M10, FP8MP7 e FP5MP7 tiveram melhor performance, no ambiente HF enquanto FP9M10, FP1MP4 e FP1MP5, no ambiente LF, para os caracteres agronômicos e de rebrota. Os três melhores indivíduos, quanto ao índice de seleção, a partir dos caracteres de rebrota, estão nas progênes FP8MP8, FP2MP3 e FP4MP10, respectivamente, no ambiente HF enquanto, no ambiente LF, os três melhores indivíduos estão nas progênes FP7MP7 e FP4MP10, respectivamente. Houve maior porcentagem de ganho genético na seleção de progênes, com base no índice de seleção para os caracteres TDMY e LDMY, tanto em ambiente HF quanto LF.

Palavras-chave: melhoramento de forrageiras. Índice de seleção. *Panicum maximum*. Cruzamentos dialélicos.

ABSTRACT

Crosses between apomictic and sexual parents in *Panicum maximum* (syn. *Megathyrus maximus* B.K. Simon & S.W.L. Jacobs) have generated progenies with wide genetic variability. Thus, with the objective of selecting individual plants, i.e. hybrids within these progenies, there is a need for research on efficient selection strategies in terms of economics and practicality. The adoption of selection indexes that aim to aggregate the information about the variation between and within progenies can be useful, in order to dynamize the selection and guarantee the breeding of the species. This work aimed to use the Mulamba and Mock selection index from the predicted values for agronomic traits and regrowth ability to direct the selection among and within full-sib progenies, obtained from a diallel mating design between groups of sexual and apomictic parents, evaluated in seven harvests and in two distinct environments regarding soil fertility. From the diallelic crossing between 10 apomictic parents and 10 sexual parents, 86 full sib progenies were obtained, which were evaluated under two levels of soil fertility, high fertility (HF) and low fertility (LF) soils, for the traits: total dry matter yield (TDMY), leaf dry matter yield (LDMY), percentage of leaves (LDMP), density (DR) and speed of regrowth (SR). Statistical analyses were performed considering the Mixed Model approach, using the statistical package ASReml-R. By the BLUP's obtained for each trait and each progeny, were performed the genetic correlations between the traits and the select of the best progenies based on Mulamba and Mock selection index among and between progenies. Among the 26 superior progenies for the index, FP9M10, FP8MP7 and FP5MP7 had better performance in HF environment while FP9M10, FP1MP4 and FP1MP5 had better performance in LF environment. The top three individuals of the selection index for the regrowth traits were selected in FP8MP8, FP2MP3 and FP4MP10 progenies, in the HF environment while in LF environment the top three individuals were selected in FP7MP7 and FP4MP10 progenies in LF environment. There was a higher percentage of genetic gain in progeny selection based on the selection index for TDMY and LDMY traits, both in HF and LF environments.

Keywords: Forage breeding. Selection index. *Panicum maximum*. Diallelic crosses.

1 INTRODUÇÃO

O rebanho bovino brasileiro teve um aumento, de aproximadamente, 150 milhões em 1990, para 214,69 milhões em 2018, com concomitante redução da área de pastagens de 191,4 milhões de hectares para 162,2 milhões, neste mesmo período (ABIEC, 2019). Parte da explicação, para esse cenário, é atribuída à redução e/ou substituição de áreas das pastagens nativas por pastagens formadas, a partir de cultivares melhoradas, divididas em 70% de pastagens cultivadas e 30% nativas, com aumento de 9,1% na área de pastagens cultivadas em relação às pastagens nativas, no período de 2006 a 2017 (IBGE, 2017). Além disso, estima-se que 90% do rebanho bovino seja alimentado exclusivamente a pasto e 87,4% são criados, recriados e terminados a pasto, enquanto 12,6% são criados e recriados a pasto, porém terminados em confinamento (ABIEC, 2019).

O agronegócio da pecuária brasileira é altamente competitivo, e a sustentabilidade do setor é fortemente alicerçada na alimentação dos animais a pasto (JANK et al., 2014). Os ganhos em desempenho animal (e.g. carne e leite) têm como um dos principais fatores o melhoramento genético das espécies forrageiras, com destaque para *Brachiaria brizantha* (sin. *Urochloa brizantha*), *B. decumbens* (sin. *U. decumbens*), *B. ruziziensis* (sin. *U. ruziensis*), *B. humidicola* (sin. *U. humidicola*) e *Panicum maximum* Jacq. (sin. *Megathyrsus maximum* B.K. Simon & S.W.L. Jacobs). O *P. maximum* (sin. *Megathyrsus maximum*) ocupa 10,7% (~10,8 milhões de hectares) da área de pastagens cultivadas (NOGUEIRA, 2012; ANUALPEC, 2013).

A espécie se mostra bem adaptada aos ambientes de cultivo no Brasil, sendo exigente em fertilidade de solos e recomendados a solos de média à alta fertilidade (JANK et al., 2008). Esse fato remete à necessidade de estratégias de melhoramento genético, para fins de seleção de genótipos, que sejam eficientes no uso de nutrientes e, assim, consigam expressar resiliência e responsividade em ambientes com níveis contrastantes de fertilidade. Ademais, a espécie reúne características favoráveis ao seu cultivo, como alta produtividade de biomassa foliar, elevada qualidade da forragem e excelente acabamento e produtividade em bovinos de corte, sendo, neste caso, utilizada em sistemas intensivos de produção animal.

No Brasil, o melhoramento genético de *P. maximum* é coordenado pela Embrapa Gado de Corte, que possui um banco de germoplasma representativo da variabilidade genética da espécie, recebido do Institut Français de Recherche Scientifique pour le Développement en Coopération (ORSTOM). Desde 1990, a Embrapa Gado de Corte já lançou no mercado algumas cultivares de *P. maximum* a partir da avaliação direta de acessos do banco de germoplasma e/ou hibridações artificiais entre acessos sexuais e apomíticos (JANK et al., 2008). Vale destacar

que a cultivar é uma planta que se reproduz por apomixia. Assim, híbridos obtidos, por meio de cruzamentos entre plantas sexuais x apomíticas, podem ser fixados na primeira geração do cruzamento, por segregação fenotípica 1:1 em função da herança monogênica dominante da apomixia (SAVIDAN et al., 1983).

Explorar a produção de híbridos, por meio de cruzamentos, tem sido uma estratégia eficiente, pois permite a ampliação da variabilidade genética retida nos genótipos apomíticos e possibilita reunir fenótipos favoráveis a caracteres de interesse expressos em indivíduos distintos (FEHR, 1991). Contudo a avaliação e seleção preliminar do grande número de híbridos impõe uma demanda de custo e tempo na fenotipagem de híbridos individuais. Desta forma, estratégias com otimização de uso de tempo e recursos, para proceder à seleção individual, em ensaios de avaliação de progênies oriundas de cruzamentos, têm sido sugeridas, a exemplo do BLUP (*best linear unbiased predictor*) individual simulado (RESENDE; BARBOSA, 2006). Nesta estratégia, os híbridos individuais dentro das parcelas não são mensurados, sendo a amostragem dentro das progênies realizada, proporcionalmente, com base no mérito genético da progênie relativo à progênie de melhor valor genético. Todavia persiste a questão acerca da definição de quais híbridos dentro das progênies devam ser selecionadas. Uma alternativa para isso poderia ser, por meio da avaliação visual dos híbridos individuais dentro das progênies, quanto a caracteres de interesse, por meio de notas (escores) atribuídas, seguindo uma escala, a exemplo da capacidade de rebrota, o que agregaria informações adicionais, conferindo maior acurácia na seleção.

A seleção visual é questionável, especialmente para caracteres quantitativos, mas, em alguns casos, tem sido demonstrada sua eficiência, como em ensaios preliminares em *B. ruziziensis* para a produção de massa verde (TEIXEIRA, 2015). Incremento na eficiência na seleção visual pode ser alcançado, procedendo-se à análise das notas por métodos estatísticos apropriados, baseados em modelos mistos (BERNARDO, 2010; RESENDE, 2002; FONSECA, 2017), levando-se em consideração os delineamentos experimental e genético empregados.

Vale acrescentar que o objetivo de um programa de melhoramento de *P. maximum* é a seleção de híbridos superiores, para vários caracteres de interesse e que a avaliação visual, para determinados caracteres, como a capacidade de rebrota, é rotineiramente feita nos ensaios. A seleção, para múltiplos caracteres, pode ser praticada por diferentes métodos, sendo o índice de seleção o mais empregado (JANK et al., 2005). Os índices de seleção permitem combinar as informações de um conjunto de caracteres, simultaneamente, numa única variável, garantindo assim maior praticidade de uso (CRUZ; REGAZZI, 2012).

O objetivo deste estudo foi avaliar a estratégia de seleção, combinando caracteres agronômicos e de rebrota, para direcionar a seleção entre e dentro de progênies de irmãos-completos de *P. maximum*, obtidas de um esquema de cruzamento dialélico entre grupos de genitores sexuais e apomíticos, avaliadas em dois ambientes contrastantes de fertilidade do solo.

2 MATERIAL E MÉTODOS

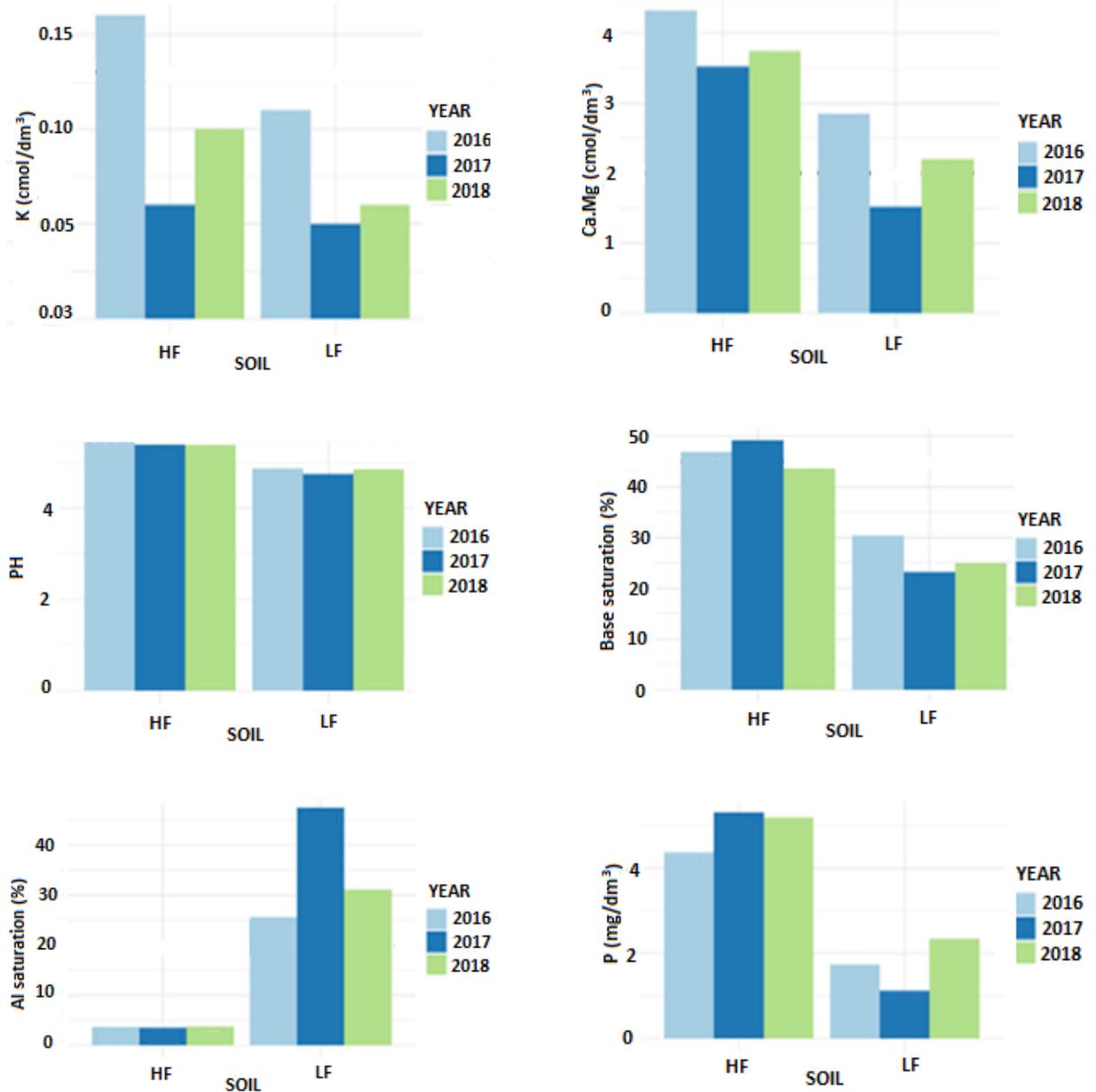
2.1 Descrição do Local e dos Ambientes com Níveis Contrastantes de Fertilidade do Solo

Os ensaios foram conduzidos na Embrapa Gado de Corte (latitude 20° 27' S, longitude 54° 37' O e altitude de 530 m), no município de Campo Grande, Mato Grosso do Sul. O clima é classificado como tipo tropical chuvoso, subtipo AW, segundo a classificação de Köppen, caracterizado pela ocorrência bem definida de um período seco e um período chuvoso, com temperatura média anual de 23° C.

Em julho de 2015, foram coletadas amostras de solo para a análise química da área para realização dos experimentos. A área foi dividida em duas subáreas recebendo diferentes manejos da fertilidade do solo. Para manter os níveis de fertilidade contrastantes, foi realizada a reposição de nutrientes nos ambientes da seguinte forma: a quantidade de potássio foi adicionada de forma diferencial, nas duas áreas, de acordo com o nível de produção de cada área e o nitrogênio foi a mesma quantidade nos dois níveis de fertilidade.

Dessa forma, foram preparados dois ambientes com níveis contrastantes de fertilidade, sendo uma subárea com níveis de fósforo e porcentagem de soma de bases com níveis próximos a 2 ppm e 30%, respectivamente, denominado como ambiente de baixa fertilidade do solo (LF) e a segunda subárea com níveis de fósforo e porcentagem de soma de bases próximos a 6 ppm e 45%, respectivamente, denominado ambiente de alta fertilidade do solo (HF). Quanto à textura do solo, ambos os ambientes possuem 55% de argila no solo, o que garante níveis adequados de absorção do fósforo pela planta. A caracterização da fertilidade do solo destes dois ambientes, com destaque para a alteração no pH, teor de fósforo, saturação de bases e teor de alumínio, é apresentada na Figura 1.

Figura 1 - Representação gráfica do pH, saturação por bases (%), saturação de Al (%), fósforo (P), potássio (K), cálcio e magnésio (Ca.Mg), nos ambientes de alta (HF) e baixa (LF) fertilidade do solo, coletados durante os anos de 2016, 2017 e 2018.



2.2 Cruzamento dialélico e obtenção das progênes de irmãos completos

Para a obtenção das progênes de irmãos completos, foi realizado o cruzamento dialélico entre grupos de genitores apomíticos e sexuais. O primeiro grupo compreendeu 10 genótipos apomíticos autotetraploides, utilizados como genitores masculinos (MP), e o outro grupo composto por 10 genótipos sexuais autotetraploides (FP).

Os genitores masculinos (MP), bem como cinco dos genitores sexuais (FP2, FP3, FP4, FP9 e FP10), foram selecionados, a partir de sucessivas avaliações agronômicas, em vários cortes e anos, a partir de acessos do Banco de Germoplasma de *P. maximum* da Embrapa Gado de Corte, avaliados com base em características agronômicas e morfológicas (JANK et., 1997; JANK et al., 2008). Os demais genitores sexuais (FP1, FP5, FP6, FP7 e FP8) foram obtidos, a partir de hibridações, realizadas no Brasil, entre a planta sexual S10 com cultivares Mombaça e Tanzânia que foram selecionados com base no desempenho *per se* e em cruzamentos.

Sementes dos acessos apomíticos e clones das plantas sexuais foram utilizadas na formação dos blocos de cruzamentos dialélicos. Dez blocos de cruzamento de 250 m² foram formados com as sementes dos parentais apomíticos, utilizados como doadores de pólen. No centro de sub-blocos de 25 m², foram plantadas as mudas de cada uma das plantas sexuais, utilizadas como receptoras de pólen. Os blocos foram instalados em áreas com distância segura, para evitar a contaminação do pólen entre os blocos, com quatro linhas de sorgo biomassa circundando cada bloco.

Após o período de polinização e cruzamento, sementes foram coletadas das plantas sexuais (FP) nos blocos de cruzamentos. Posteriormente, as sementes de cada cruzamento foram semeadas em bandejas com substrato na estufa. Após a germinação das sementes, as mudas foram transplantadas, para tubetes de plástico, usando uma plântula por tubete e foram mantidas, em casa de vegetação, durante dois meses e levadas para aclimatação até serem utilizadas na implantação dos experimentos. Para compor o material genético, foram obtidas 86 progênes de irmãos completos, com 30 híbridos de cada progênie alocadas no ambiente de alta fertilidade (HF) e 30 híbridos no ambiente de baixa fertilidade do solo (LF).

2.3 Descrição e condução dos experimentos

Em dezembro de 2016, foram implementados os experimentos a campo nos dois ambientes de fertilidade do solo. Foi considerado o delineamento experimental alpha-lattice 10 x 11 com três repetições por ambiente (HF e LF), envolvendo 20 genitores (10 MP e 10 FP), quatro cultivares comerciais como testemunhas (Mombaça, Paredão, BRS Tamani e BRS Quênia) e 86 progênes de irmãos completos obtidos nos cruzamentos dialélicos. Neste caso, não foi possível cruzar entre si todos os parentais em combinações, a partir do dialelo, pelo fato de que não houve sincronia de florescimento entre alguns parentais. Logo foram obtidas 86 progênes das 100 esperadas em caso de balanceamento nos cruzamentos dialélicos.

Cada parcela foi composta de 10 plantas individuais, contidas em duas linhas de 2,0 m e espaçadas sob 0,5 m entre si, com espaçamento entre parcelas de 1,0 m. O manejo cultural foi realizado, de acordo com as recomendações técnicas da cultura, com capina manual após cada corte. As parcelas foram cortadas a 20 cm de altura do solo. As avaliações experimentais foram realizadas em sete cortes, sendo um deles realizado durante a estação seca.

Quarenta e cinco dias após o plantio, foi realizado um corte de uniformização dos experimentos, não sendo realizadas avaliações experimentais. As avaliações foram realizadas durante 2017 e 2018. A primeira colheita foi realizada apenas para a uniformização das parcelas, em 6 de fevereiro de 2017 (estação chuvosa). A primeira avaliação experimental foi em 13 de março de 2017 (estação chuvosa), a segunda em 18 de abril de 2017 (estação chuvosa), a terceira em 9 de outubro de 2017 (estação seca), a quarta em 13 de novembro de 2017 (estação chuvosa), o quinto em 18 de dezembro de 2017 (estação chuvosa), o sexto em 24 de janeiro de 2018 (estação chuvosa) e o sétimo em 28 de fevereiro de 2018 (estação chuvosa).

2.4 Caracteres mensurados entre e dentro de progênies

As parcelas experimentais foram cortadas a 20 cm de altura com uma roçadeira costal manual. A forragem removida foi pesada no campo com dinamômetro, para a obtenção do peso total de matéria verde. Uma amostra homogênea de 300 g foi coletada e pesada no laboratório. Após as amostras serem pesadas, as folhas e os caules foram separados, morfologicamente, no laboratório e depois submetidos à secagem em estufa a 65°C. O peso total de matéria seca (TDMY) e o peso de matéria seca da folha (LDMY) foram calculados e convertidos em kg.ha⁻¹. A porcentagem de matéria seca de folhas (LDMP) foi calculada como porcentagem de folhas, quanto à produção total de matéria seca, variando de 0 a 100%.

A avaliação de rebrota, nas plantas individuais, em cada parcela, foi obtida de acordo com duas escalas visuais: densidade de rebrota (DR) e velocidade de rebrota (SR), avaliadas sete dias após cada corte. DR refere-se à densidade de perfilhos rebrotados, em relação à área da touceira em cada planta, de acordo com a escala: 1 = menos de 20%; 2 = 20% - 40%; 3 = 40% - 60%; 4 = 60% - 80% e 5 mais de 80% dos perfilhos rebrotados. SR refere-se à velocidade de crescimento das folhas, após o corte, a qual foi avaliada, seguindo a escala sugerida por Braz (2012), em que: 1 = baixo; 2 = médio e 3 = alto crescimento em altura.

2.5 Análises estatísticas

Os dados fenotípicos foram analisados, considerando a estrutura do delineamento experimental e esquema de cruzamento dialélico, usando a abordagem de modelos mistos de Henderson e o método de estimação da máxima verossimilhança restrita (PATTERSON; THOMPSON, 1971; HENDERSON, 1984; MÖHRING et al., 2011). O seguinte modelo estatístico foi ajustado para cada caráter, considerando a estrutura multicolheitas para cada ambiente (PEDROZO et al., 2011):

- 1) Modelo para seleção entre progênes:

$$\mathbf{y} = \boldsymbol{\mu} + \mathbf{X}_1\mathbf{s} + \mathbf{X}_2\mathbf{c} + \mathbf{X}_3\mathbf{r.s} + \mathbf{X}_4\mathbf{b.r.s} + \mathbf{Z}_1\mathbf{b.r} + \mathbf{Z}_2\mathbf{m.t} + \mathbf{Z}_3\mathbf{f.t} + \mathbf{Z}_4\mathbf{p.t} + \mathbf{e}$$

- 2) Modelo para seleção dentro de progênes:

$$\mathbf{y} = \boldsymbol{\mu} + \mathbf{X}_1\mathbf{h} + \mathbf{X}_2\mathbf{h.r} + \mathbf{Z}_1\mathbf{b.r} + \mathbf{Z}_2\mathbf{f.p.i} + \mathbf{e}$$

em que \mathbf{y} é o vetor dos dados fenotípicos; $\boldsymbol{\mu}$ é a média geral; \mathbf{r} é vetor dos efeitos fixos da repetição; \mathbf{c} é vetor dos efeitos fixos das cultivares testemunhas; \mathbf{t} é vetor dos efeitos fixos do tipo do genótipo, com parental masculino e feminino considerados como tipo testemunhas e as progênes consideradas como tipo prole; \mathbf{s} é vetor dos efeitos fixos de set, em que set é a coluna de ambiente em cada colheita; $\mathbf{r.s}$ é vetor dos efeitos fixos de repetição dentro de set; $\mathbf{b.r.s}$ é vetor dos efeitos fixos do bloco do látice dentro da repetição dentro de set; \mathbf{h} é vetor dos efeitos fixos de colheitas; $\mathbf{h.r}$ é vetor dos efeitos fixos de repetições dentro de colheitas; $\mathbf{m.t}$ é um vetor de efeitos aleatórios do parental masculino *per se* dentro do tipo testemunhas (CGC MP), com $\mathbf{m.t} \sim MVN(0, G_m \otimes I)$; $\mathbf{f.t}$ é um vetor de efeitos aleatórios do parental feminino *per se* dentro do tipo testemunhas (CGC FP), com $\mathbf{f.t} \sim MVN(0, G_f \otimes I)$; $\mathbf{p.t}$ é um vetor de efeitos aleatórios of progênes dentro do tipo prole (CEC de progênes), com $\mathbf{h.t} \sim MVN(0, G_p \otimes I)$; \mathbf{e} é o vetor de resíduos, com $\mathbf{e} \sim MVN(0, R \otimes I)$; $\mathbf{b.r}$ é um vetor dos efeitos aleatórios do bloco do látice dentro de colheita, com $\mathbf{b.r} \sim MVN(0, G_h \otimes I)$; $\mathbf{f.p.i}$ é um vetor dos efeitos aleatórios de indivíduos dentro de parcelas dentro de progênes irmãos germanos, com $\mathbf{f.p.i} \sim MVN(0, G_f \otimes I)$; \mathbf{e} é um vetor de resíduos, com $\mathbf{e} \sim MVN(0, R \otimes I)$. \mathbf{X}_1 , \mathbf{X}_2 , \mathbf{X}_3 e \mathbf{X}_4 são as

matrizes de incidência para efeitos fixos e Z_1 , Z_2 , Z_3 e Z_4 são as matrizes de incidência para efeitos aleatórios. G é uma matriz de variância-covariância para o efeito de progênes de irmãos germanos dentro de colheitas. R é uma matriz de variância-covariância (VCOV) para os resíduos em cada ambiente. I é uma matriz de identidade (id).

A correlação genética de *Pearson* entre os caracteres foi estimada, via software R, de forma aproximada, a partir das predições BLUP das progênes, que estima a associação linear entre variáveis a partir dos BLUP's. Ademais, para estimar o valor genotípico das progênes (VG_{PRO}) obtidas pelos cruzamentos, utilizou-se a expressão:

$$VG_{PRO} = \mu + CGC_{MP} + CGC_{FP} + CEC_{PRO}$$

em que μ é a média geral de cada característica; GCA_{MP} é a capacidade geral de combinação do MP; GCA_{FP} é a capacidade geral de combinação do FP e CEC_{PRO} é a capacidade específica de combinação das progênes.

A partir do valor genético das progênes obtido, para cada característica, procedeu-se à sua soma por progênie, obtendo os valores do Índice de Mulamba e Mock (MULAMBA; MOCK, 1978), pela expressão:

$$I_{MM(i)} = \sum_{k=1}^n u_k r_{ik}$$

em que $I_{MM(i)}$ é o valor do índice de Mulamba e Mock associado à progênie i ; u_k é o peso econômico do caráter k ; r_{ik} é o posto associado ao valor genético da progênie i relativo ao caráter k .

Para a seleção das melhores progênes, foi aplicado o índice de seleção de Mulamba e Mock, pelo somatório do valor genético das progênes, nos diferentes caracteres, associados ao peso econômico a cada característica. Quanto ao peso econômico, foi considerado o peso de 20% para os caracteres: TDMY, LDMY e LDMP. Para os caracteres DR e SR, foi adotado o peso de 6% e 14%, respectivamente. Dessa forma, foram distribuídos os pesos econômicos em porcentagem, para os cinco caracteres em estudo, que somados fecham em 100%. A partir do ranqueamento das progênes pelo índice, foi atribuída uma intensidade de seleção de 30%, o que representou 26 progênes selecionadas a partir das 86 progênes obtidas pelos cruzamentos dialélicos. Com o valor genético, também foi possível estimar o ganho genético em

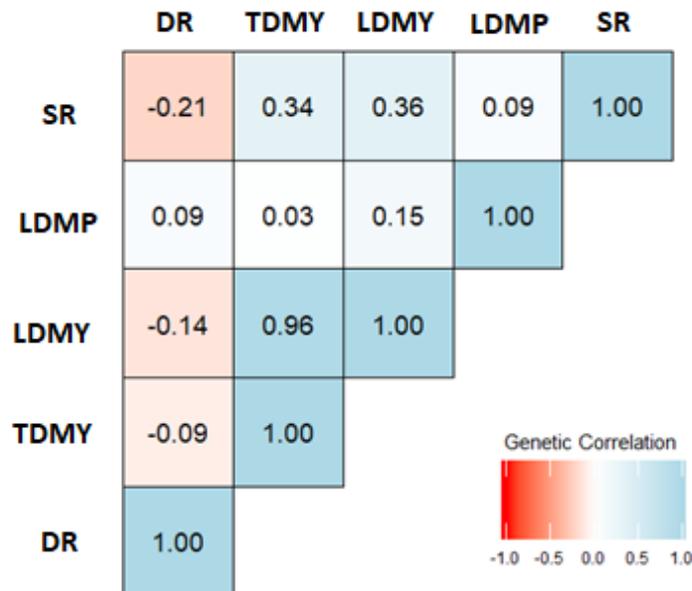
porcentagem para cada caráter, obtido a partir da diferença do valor genético médio das 26 progênies selecionadas com o valor genético médio das 86 progênies.

Para a seleção dentro das 26 melhores progênies selecionadas, foi utilizado o valor do índice de seleção aplicado aos caracteres DR e SR, a partir dos BLUP's estimados, com base nas informações em nível de planta. Neste caso, como o índice de seleção foi composto com apenas dois caracteres, foi considerado o peso econômico de 70% para SR e 30% para DR. A partir do ranqueamento dos híbridos dentro das progênies pelo índice, uma intensidade de seleção de 10% foi aplicada para selecionar os melhores indivíduos dentro das progênies. Dessa forma, de 780 indivíduos obtidos pelas 26 melhores progênies, 78 indivíduos foram selecionados, considerando cada ambiente de fertilidade (HF e LF).

3 RESULTADOS

Pela Figura 2 estão dispostas as magnitudes das correlações genéticas entre os caracteres LDMP, TDMY, LDMY, DR e SR. Pelos quadrantes de tonalidade azul mais escura estão as correlações de maiores magnitudes e, de tonalidade mais clara, as correlações de menores magnitudes. Destaca-se a correlação entre os caracteres TDMY e LDMY (0,96), uma vez que são altamente associados, diferindo entre a matéria seca total que envolve o peso dos colmos, folhas e material morto, enquanto LDMY considera apenas a matéria seca de folhas. Para os demais caracteres, o valor das estimativas foi de moderada à baixa magnitude, com o caráter DR negativamente correlacionado com os caracteres SR, LDMY e TDMY (Figura 2).

Figura 2 - Correlações genéticas de *Pearson* (r), a partir dos BLUP's estimados, para a obtenção do índice de seleção de Mulamba e Mock, considerando os caracteres: porcentagem de folhas (LDMP), matéria seca total (TDMY), matéria seca total de folhas (LDMY), densidade (DR) e velocidade de rebrota (SR).



Pela Tabela 2 estão ranqueadas as progênies com base no valor genético estimado pelo índice de seleção de Mulamba e Mock, considerado os caracteres agrônômicos e de rebrota, para a seleção das melhores progênies, aplicando a intensidade de seleção de 10%. As progênies ordenadas de 1 a 26 atenderam a intensidade de seleção aplicada e se destacaram quanto aos caracteres considerados pelo índice de seleção entre progênies (Tabela 2).

Estas progênies foram selecionadas, para compor o índice de seleção de Mulamba e Mock de rebrota, a fim de obter os melhores indivíduos na próxima etapa de seleção. Nota-se que as progênies FP9MP10, FP8MP7e FP5MP7 tiveram maior destaque, com base no índice de seleção para o ambiente HF, enquanto as progênies FP9MP10, FP1MP4 e FP1MP5 tiveram melhor desempenho no ambiente LF.

Tabela 2 - Número da progênie (N^o), código da progênie (GEN) e valor do índice de seleção de Mulamba e Mock, em solo de alta fertilidade (I M&M_HF) e baixa fertilidade (I M&M_LF), para o ranqueamento e seleção entre progênies, a partir dos caracteres porcentagem de folhas (LDMP), matéria seca total (TDMY), matéria seca total de folhas (LDMY), densidade (DR) e velocidade de rebrota (SR).

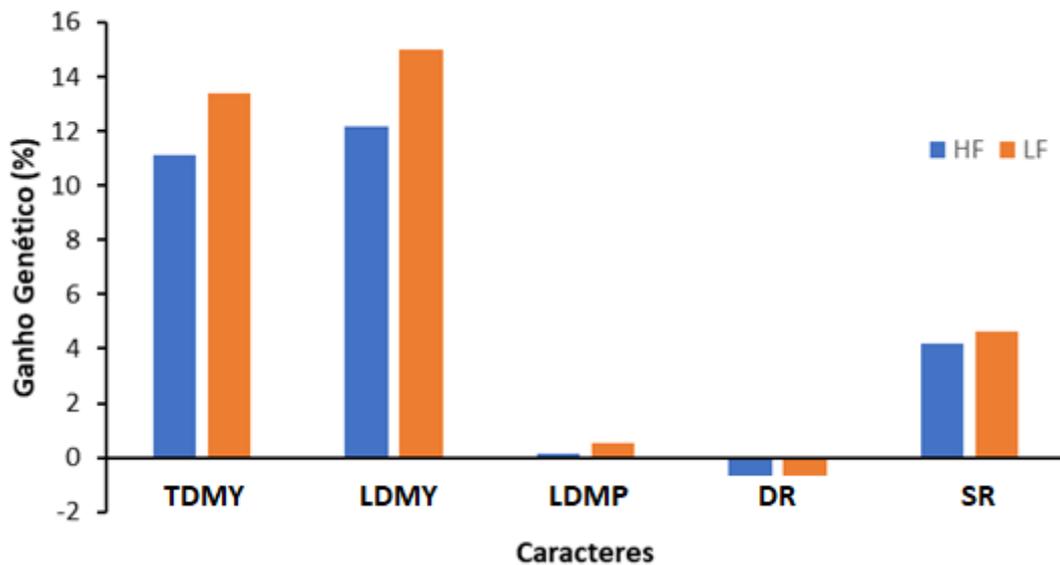
N ^o	GEN	I M&M_HF	N ^o	GEN	I M&M_LF
1	FP9MP10	1289.69	1	FP9MP10	928.06
2	FP8MP7	1255.78	2	FP1MP4	867.25
3	FP5MP7	1238.24	3	FP1MP5	863.54
4	FP7MP10	1237	4	FP8MP7	841.61
5	FP7MP3	1236.5	5	FP7MP4	841.06
6	FP7MP7	1235.73	6	FP4MP3	840.22
7	FP7MP2	1234.21	7	FP1MP8	833.7
8	FP7MP4	1232.62	8	FP7MP2	825.73
9	FP1MP4	1231.58	9	FP7MP3	825.58
10	FP1MP8	1211.43	10	FP5MP7	816.8
11	FP8MP8	1207.93	11	P10MP10	814.81
12	FP8MP10	1207.23	12	FP6MP3	813.42
13	FP6MP3	1197.36	13	FP7MP10	813.17
14	FP4MP3	1195.74	14	FP8MP10	809
15	FP5MP10	1194.87	15	FP8MP8	803.21
16	FP1MP2	1180.68	16	FP2MP3	794.72
17	FP1MP7	1170.18	17	FP8MP4	793.45
18	FP8MP4	1165.95	18	FP1MP6	792.31
19	FP5MP8	1163.04	19	FP5MP10	791.15
20	FP5MP3	1157.83	20	FP1MP2	788.42
21	FP7MP8	1157.81	21	FP7MP7	785.33
22	FP4MP10	1153.47	22	FP1MP1	783.93
23	FP1MP6	1151.64	23	FP10MP3	778.9
24	FP5MP2	1151.13	24	FP4MP10	776.4
25	FP1MP10	1150.98	25	FP9MP3	766.97
26	FP6MP7	1150.96	26	FP6MP4	761.21

*Progênies selecionadas, considerando a intensidade de seleção de 30%, aplicada no ranqueamento obtido pelos resultados do índice de seleção de Mulamba e Mock.

Pela Figura 3 pode ser observado o ganho genético, em termos percentuais, para cada característica, nos ambientes HF e LF. Os caracteres TDMY e LDMY tiveram maior porcentagem de ganho genético, em torno de 11% e 12% em ambiente HF e 14% e 15% em ambiente LF, respectivamente. Os demais caracteres apresentaram baixa magnitudes com o

ganho genético, principalmente, para DR, em que as melhores progênes selecionadas pelo índice não foram as melhores para esta característica.

Figura 3 - Gráfico da porcentagem do ganho genético por caráter: (porcentagem de folhas (LDMP), matéria seca total (TDMY), matéria seca total de folhas (LDMY), densidade (DR) e velocidade de rebrota (SR), a partir das 26 progênes de irmãos germanos (PRO), selecionadas no ambiente de alta fertilidade (HF) e baixa fertilidade do solo (LF).



Quanto à seleção dos indivíduos dentro das 26 progênes selecionadas, pela Tabela 3 tem-se o número de híbridos individuais que foram promissores, quanto ao índice de seleção dos caracteres de rebrota (DR e SR), atendendo a intensidade de seleção de 10%.

Pelas informações dos indivíduos, em cada parcela de cada progênie, foi possível obter os BLUP's por indivíduo dentro das melhores progênes selecionadas na etapa anterior. Pelos resultados da Tabela 4, é possível localizar os melhores indivíduos ranqueados, com base no índice de seleção para os caracteres de rebrota (DR e SR), para cada ambiente de fertilidade (HF e LF).

Como exemplo, no ambiente HF, tem-se o híbrido 9, localizado na parcela 172 da progênie FP8MP8, com melhor desempenho, a partir do índice de seleção entre os caracteres DR e SR. Para o ambiente LF, o melhor desempenho foi o híbrido 6, na parcela 199 da progênie FP7MP7. Como foi aplicada a intensidade de seleção de 10%, para a seleção dos melhores híbridos dentro das melhores progênes, 78 híbridos foram selecionados para cada ambiente de fertilidade (Tabela 4).

Tabela 4 - Ranqueamento dos melhores híbridos individuais selecionados pela ordem de 1 a 10 (INDIV), dentro da parcela (PLOT) de cada progênie (PRO), para cada ambiente (ENV) de fertilidade (HF), considerando a intensidade de seleção de 10% no índice de rebrota (I_HF e I_LF).

(continua)

Nº	PRO	PLOT	INDIV	I_HF	PRO	PLOT	INDIV	I_LF
1	FP8MP8	172	9	8.25	FP7MP7	199	6	8.15
2	FP2MP3	99	1	8.02	FP4MP10	238	1	7.89
3	FP4MP10	125	10	7.11	FP4MP10	139	6	7.81
4	FP1MP8	213	6	6.94	FP1MP7	177	1	7.54
5	FP4MP3	321	6	6.4	FP1MP7	177	8	7.23
6	FP5MP10	42	6	6.09	FP1MP8	122	6	7.06
7	FP4MP10	103	5	6.07	FP6MP7	296	1	7.04
8	FP8MP4	106	10	6.06	FP7MP3	42	5	7.03
9	FP7MP10	65	3	5.95	FP5MP10	301	5	6.94
10	FP2MP3	114	8	5.85	FP4MP3	316	10	6.91
11	FP7MP10	65	1	5.68	FP1MP8	55	1	6.88
12	FP2MP3	241	10	5.64	FP9MP10	29	5	6.79
13	FP1MP6	40	1	5.62	FP7MP7	276	10	6.79
14	FP9MP3	202	1	5.62	FP7MP4	275	5	6.44
15	FP7MP7	124	2	5.37	FP7MP3	240	10	6.34
16	FP1MP4	39	1	5.26	FP7MP8	194	6	6.23
17	FP1MP1	45	5	5.18	FP5MP7	13	1	6.12
18	FP7MP10	200	2	5.1	FP8MP10	136	6	6.1
19	FP1MP8	285	4	5.08	FP5MP7	13	5	6.04
20	FP7MP4	36	5	5.05	FP7MP3	42	1	5.99
21	FP1MP6	40	4	4.87	FP8MP10	256	1	5.83
22	FP1MP5	83	4	4.87	FP1MP4	154	1	5.81
23	FP6MP3	165	1	4.78	FP4MP3	19	2	5.69
24	FP8MP10	258	7	4.77	FP1MP6	186	5	5.66
25	FP1MP8	213	8	4.77	FP1MP6	186	8	5.6
26	FP1MP1	300	4	4.69	FP8MP10	136	10	5.54
27	FP1MP8	213	1	4.66	FP1MP8	122	1	5.48
28	FP4MP3	321	2	4.64	FP7MP4	131	2	5.33
29	FP1MP1	300	10	4.64	FP4MP3	316	6	5.23
30	FP9MP10	205	5	4.58	FP1MP8	55	10	5.18
31	FP1MP6	288	6	4.53	FP8MP10	136	3	5.16
32	FP7MP7	14	10	4.49	FP6MP3	7	10	5.16
33	FP7MP4	320	2	4.47	FP8MP7	142	1	5.08
34	FP7MP3	5	6	4.37	FP5MP8	320	5	5.06
35	FP10MP3	48	7	4.35	FP7MP3	151	1	5.03
36	FP2MP3	99	2	4.34	FP1MP8	311	5	5.02
37	FP8MP4	106	8	4.3	FP1MP8	55	3	4.92
38	FP1MP1	45	9	4.28	FP7MP7	199	10	4.85
39	FP8MP8	172	3	4.27	FP5MP7	223	2	4.76
40	FP9MP10	205	1	4.26	FP6MP7	67	7	4.71
41	FP2MP3	114	1	4.21	FP1MP6	186	2	4.64
42	FP10MP1	215	10	4.2	FP7MP10	250	5	4.59
43	FP10MP3	48	6	4.2	FP1MP7	12	5	4.55
44	FP9MP3	304	2	4.16	FP5MP2	121	1	4.47
45	FP8MP8	282	5	4.15	FP7MP10	250	3	4.45
46	FP7MP4	320	5	4.12	FP5MP7	13	4	4.44

Tabela 4 - Ranqueamento dos melhores híbridos individuais selecionadas pela ordem de 1 a 10 (INDIV), dentro da parcela (PLOT) de cada progênie (PRO), para cada ambiente (ENV) de fertilidade (HF), considerando a intensidade de seleção de 10% no índice de rebrota (I_HF e I_LF).

Nº	PRO	PLOT	INDIV	I_HF	(conclusão)			
					PRO	PLOT	INDIV	I_LF
47	FP1MP4	39	10	4.08	FP1MP6	56	5	4.44
48	FP7MP3	123	7	4.08	FP9MP10	132	1	4.44
49	FP7MP7	124	7	4.07	FP7MP3	240	2	4.39
50	FP8MP4	194	10	4.04	FP7MP7	276	6	4.38
51	FP8MP8	172	6	3.97	FP1MP7	330	6	4.34
52	FP2MP3	241	5	3.97	FP7MP3	42	10	4.32
53	FP1MP8	54	6	3.95	FP1MP10	181	6	4.31
54	FP4MP10	323	8	3.94	FP6MP7	67	5	4.29
55	FP1MP6	193	1	3.94	FP9MP10	302	6	4.19
56	FP7MP2	209	10	3.91	FP4MP3	316	2	4.16
57	FP1MP8	54	2	3.89	FP1MP8	122	7	4.16
58	FP4MP3	192	6	3.89	FP4MP10	139	7	4.15
59	FP4MP3	192	10	3.86	FP5MP8	320	1	4.15
60	FP1MP6	193	2	3.85	FP5MP7	115	6	4.12
61	FP10MP3	171	1	3.85	FP4MP3	211	8	4.11
62	FP1MP6	193	7	3.85	FP1MP6	56	10	4.03
63	FP8MP10	258	6	3.83	FP7MP2	37	5	4.02
64	FP8MP4	302	2	3.73	FP1MP6	56	7	4.01
65	FP9MP10	262	4	3.7	FP1MP8	55	9	4
66	FP5MP7	26	5	3.65	FP1MP2	88	1	3.99
67	FP1MP8	213	4	3.65	FP4MP3	19	10	3.97
68	FP9MP10	262	5	3.63	FP7MP7	64	4	3.97
69	FP1MP1	198	7	3.63	FP7MP4	79	8	3.96
70	FP2MP3	241	7	3.62	FP9MP10	29	9	3.94
71	FP10MP3	315	6	3.61	FP7MP2	284	1	3.93
72	FP8MP10	86	5	3.59	FP1MP8	311	8	3.93
73	FP7MP10	65	5	3.57	FP1MP7	330	1	3.92
74	FP10MP3	171	3	3.54	FP1MP2	88	9	3.91
75	FP5MP7	134	10	3.49	FP8MP8	33	7	3.9
76	FP7MP4	320	1	3.47	FP7MP4	79	4	3.88
77	FP4MP3	192	7	3.45	FP7MP4	79	1	3.87
78	FP1MP1	45	10	3.44	FP1MP8	122	9	3.87

4 DISCUSSÕES

Os programas de melhoramento de forrageiras tropicais no Brasil, com evidência para o programa de melhoramento da Embrapa Gado de Corte, têm buscado utilizar acessos sexuais que permitem o cruzamento com acessos apomíticos e, então, ampliar a variabilidade por meio de cruzamentos direcionados, sendo possível realizar a seleção de progênies superiores e obter progresso com o melhoramento (JANK, et al., 2008).

Neste sentido, este trabalho envolve a seleção, com base em caracteres agronômicos, avaliados em progênies obtidas de um esquema de cruzamento dialélico entre grupos de genitores sexuais e apomíticos, assim como a seleção de híbridos individuais dentro das melhores progênies, com base nos caracteres de rebrota, considerando dois ambientes distintos de fertilidade.

Alguns trabalhos têm evidenciado que escassez de fósforo é um dos principais fatores limitantes para a produção de forragem e responsável direto pela degradação de pastagens, principalmente nos solos brasileiros (SCHUNKE et al., 1989; CARNEIRO et al., 2016; TORRES et al., 2016). Neste contexto, Torres et al (2016) avaliaram o efeito de doses crescentes de P no desenvolvimento inicial e produção de forragem de quatro cultivares de *P. maximum*.

A partir das cultivares Massai, Mombaça, Áries e Atlas, foram avaliados os caracteres: altura, comprimento e largura da lâmina foliar, número de perfilhos, massa seca da parte aérea e das raízes, em cinco doses de fósforo (0, 5, 10, 30 e 45 mg.dm⁻³). Foi constatado que a dose aproximada de 25 mg.dm⁻³ de fósforo proporcionou melhor desenvolvimento inicial e produção de forragem em todas as cultivares e a cultivar Mombaça apresentou melhor desenvolvimento inicial e produção de forragem.

Na avaliação de 401 acessos de *P. maximum*, em solo com duas repetições sem adubo, e duas repetições adubadas, Jank e Savidan (1984) relataram que, apesar de não ser possível afirmar definitivamente sobre a exigência em fertilidade desses acessos, pode-se afirmar que aqueles que se destacaram, em ambiente sem adubação, também se destacaram quando adubados. Além disso, não foi observado nenhum acesso que teve destaque, no ambiente sem adubação, a ponto de poder ser divulgado como genótipo específico, para as condições de solos ácidos de Cerrado, sem necessidade de adubação.

A correlação genética entre os caracteres de interesse é importante, para se conhecer a associação dos genótipos, em relação à cada característica de importância para o melhorista. Se as características são altamente associadas, dificilmente o ranqueamento dos genótipos serão

diferentes entre si, e genes responsáveis pela expressão desta característica podem ser pleiotrópicos ou estar intimamente ligados. Neste trabalho, destaca-se a correlação entre os caracteres TDMY e LDMY (0,96), que ranqueiam os genótipos de maneira semelhante e, neste caso, apenas um caráter seria suficiente para gerar informação acerca dos melhores genótipos. Já para os demais caracteres, o valor das estimativas foi de moderada à baixa magnitude, com correlações negativas entre os caracteres DR e SR, DR e LDMY e DR e TDMY (Figura 2).

Com a avaliação simultânea de multicares, um desafio que surge é de como analisar o conjunto de dados, considerando os diversos caracteres de interesse, de forma a obter informações sobre quais genótipos possuem melhor performance e são passíveis de serem selecionados. Neste sentido, a aplicação do índice de seleção pode ser útil, pois considera as informações de vários caracteres de interesse para a seleção dos genótipos.

Na Figura 3 tem-se o ganho genético, em termos percentuais, para cada característica, nos ambientes HF e LF. Foi observado que, para TDMY e LDMY, houve maior porcentagem de ganho genético, em torno de 12% no ambiente HF e 15% no ambiente LF. Os demais caracteres apresentaram baixa magnitudes com o ganho genético. No caso da característica DR, ela foi penalizada pela atribuição de menor peso econômico, o que diminuiu o ganho em termos percentuais. Neste caso, para a avaliação de rebrota, foi atribuído peso econômico de 30% para DR e 70% para SR.

Na Tabela 2, tem-se o ranqueamento das 86 progênies de irmãos germanos, a partir do índice de seleção de Mulamba e Mock, com base nos caracteres agrônômicos e de rebrota. Considerando a intensidade de seleção de 30%, as 26 primeiras progênies foram selecionadas. As progênies FP1MP5, FP2MP3 e FP9MP10 tiveram maior destaque, com base no índice de seleção, com uma provável concentração de alelos favoráveis, quanto aos caracteres envolvidos pelo índice de seleção, sendo promissores para as próximas etapas do processo melhoramento da espécie.

Outro fato é que, como as progênies foram oriundas de cruzamentos entre plantas apomíticas e sexuais, espera-se que a progênie gerada, a partir de um cruzamento entre um genitor sexual feminino e um doador de pólen apomítico, segregue para o modo reprodutivo na razão de 1: 1 (PESSIM et al., 2010). Dessa forma, as melhores plantas dentro de uma progênie que foram selecionadas podem ser apomíticas ou sexuais e poderão seguir para as próximas fases de avaliação e serem candidatas a cultivares caso apomíticas ou ser incorporadas no programa de seleção recorrente populacional e serem utilizadas como genitoras sexuais em futuros cruzamentos.

A aplicação do método do índice de seleção tem sido eficiente no melhoramento de plantas forrageiras tropicais. Em um trabalho referente ao *P. maximum*, foi possível inferir sobre a superioridade dos genótipos em relação às cultivares comerciais e concluir que este método de seleção é interessante e valioso para que se obtenha a classificação dos melhores candidatos às fases subsequentes de avaliação, dentro do programa de melhoramento (RESENDE, 2007).

Sobrinho et al. (2005), trabalhando na identificação de híbridos de capim elefante com maior potencial produtivo e com boa qualidade da forragem, utilizaram o índice de seleção do somatório das classificações nas diferentes características avaliadas. Neste trabalho, foi observada a superioridade de alguns híbridos, em relação às testemunhas, considerando-se tanto as características de produção como de qualidade da forragem aplicadas ao índice de seleção.

Pela seleção dos melhores híbridos dentro das melhores progênes, foi aplicada a intensidade de seleção de 10% e 78 híbridos foram identificados como promissoras em cada ambiente de fertilidade do solo (Tabela 4). É notório salientar que, embora o efeito da interação G x A não tenha sido muito pronunciado, a classificação dos melhores híbridos dentro das melhores progênes foi diferente quanto ao ranqueamento feito pelo índice de seleção, para os ambientes HF e LF.

Em relação à fertilidade do solo, *P. maximum* é exigente em fertilidade do solo e, mesmo que se possa selecionar algum material um pouco menos exigente, os genótipos, a serem lançados no futuro, resultantes de qualquer programa de melhoramento, sempre serão de alta produção e, como tal, sempre necessitarão de reposição de adubação (JANK, 1995). Entretanto Jank et al. (1994) relataram que há margem para a seleção de genótipos menos exigentes à fertilidade do solo. Ao comparar os acessos avaliados em solo com e sem adubação, foi constatado que 43,4% dos 394 acessos avaliados apresentaram um crescimento maior que o genótipo 'Colômbio' no bloco não adubado. Porém o que se observa é que progênes que tiveram boa performance, no ambiente HF, também mantiveram boa performance no ambiente LF.

Com a seleção entre e dentro de progênes oriundas de cruzamentos entre genitores sexuais e apomíticos, foi possível sugerir quais progênes e quais híbridos dentro destas progênes são promissoras a partir dos principais caracteres agronômicos e de rebrota. Neste caso, os três melhores indivíduos, quanto ao índice de seleção, a partir dos caracteres de rebrota, estão nas progênes FP8MP8, FP2MP3 e FP4MP10, respectivamente, no ambiente HF, enquanto, no ambiente LF, estão os três melhores indivíduos nas progênes FP7MP7 e FP4MP10, respectivamente.

Assumindo a metodologia do índice de seleção de Mulamba e Mock, é possível balizar a seleção dos melhores genótipos com base nas principais características almeçadas pelos

melhoristas de plantas forrageiras, de forma a otimizar e aumentar a eficiência do programa de melhoramento de *P. maximum* da Embrapa Gado de Corte.

5 CONCLUSÕES

A estratégia de seleção, combinando os caracteres agronômicos e de rebrota por meio do índice de seleção, foi eficiente para discriminar as progênes de irmãos-completos nos diferentes ambientes de fertilidade do solo.

Houve maior porcentagem de ganho genético, na seleção de progênes, com base no índice de seleção para os caracteres TDMY e LDMY, tanto em ambiente HF quanto LF.

A seleção visual associada ao índice de seleção, para os caracteres de rebrota, pode contribuir para a avaliação de um maior número de plantas e reduzir o tempo nessas avaliações dentro de progênes de irmãos-completos.

Agradecimentos

Os autores agradecem à Universidade Federal de Lavras (UFLA), Embrapa Gado de Corte (CNPGC), Associação para o Fomento à Pesquisa de Melhoramento de Sementes Forrageiras (Unipasto), FUNDECT, Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) e “University of Florida”, pela disponibilidade de recursos, conhecimento técnico, apoio financeiro e bolsa de estudos.

REFERÊNCIAS

- ABIEC (2019). Beef REPORT-Perfil da Pecuária no Brasil. **Associação Brasileira das Indústrias Exportadoras de Carnes**. Disponível em: <www.abiec.com.br/control/uploads/arquivos/sumario2019portugues.pdf> Acesso em: 10/05/2019.
- BASSO, K.C. **Estimação de parâmetros genéticos e índice de seleção em genótipos de *Brachiaria brizantha***. 2005. 63 p. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal) - Universidade Federal de Mato Grosso do Sul, Dourados, 2005.
- BERNARDO, R. **Quantitative traits in Plants**. Woodbury: Stemma Press, 2010. 390 p.
- CARNEIRO, J. S. S. et al. Resposta do capim mombaça sob efeito de fontes e doses de fósforo na adubação de formação. **Journal of Bioenergy and Food Science**, v. 4, n. 1, p. 12-25, 2016.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. **Métodos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4a ed. Viçosa, UFV, 2012. 414 p.
- FEHR, W. **Principles of cultivar development: theory and technique**. Macmillian Publishing Company, 1991. 510 p.
- FONSECA, J. M. O. F. **Avaliação visual em braquiária: número de avaliadores e modelos de análise**. 2017. 83 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2017.
- HENDERSON, C. R. **Applications of linear models in animal breeding**. Guelph: University of Guelph, 1984. 462 p.
- INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. Censo gropecuário: 2017: resultados preliminares. ISSN: 01036157. Rio de Janeiro, 2017.
- JANK, L. et al. 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.
- _____. Melhoramento e seleção de variedades de *Panicum maximum*. In: **Simpósio Sobre Manejo da Pastagem**, Piracicaba: FEALQ, p.21-58, 1995.
- _____. Preliminary performance of *Panicum maximum* accessions and hybrids in Brazil. In: INTERNATIONAL GRASSLAND CONGRESS, 4., 2005, Dublin. **Anais...** Dublin: IGC, 2005. 109 p.
- _____. Melhoramento Genético de *Panicum maximum* Jacq. In: RESENDE, R.M.S.; VALLE, C.B.; JANK, L. (Editores). **Melhoramento de forrageiras tropicais**. Campo Grande: Embrapa Gado de Corte, p. 55-87, 2008.
- JANK, L.; SAVIDAN, Y. H. **Melhoramento de *Panicum maximum***. In: APRESENTAÇÃO DO PROJETO E DO MATERIAL. Campo Grande: EMBRAPA-CNPGC, 1984. 12 p.

- MATIAS, F.I. et al. Contribution of Additive and Dominance Effects on Agronomical and Nutritive Traits, and Multivariate Selection on *Urochloa spp.* Hybrids. **Crop Science**, v. 58, p. 1-15, 2018.
- MÖHRING, J.; MELCHINGER, A. E.; PIEPHO, H. P. REML-Based diallel analysis. **Crop Science**, v. 51, n. 2, p. 470-478, 2011.
- 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. 7, n. 1, p. 40-51, 1978.
- NOGUEIRA, M. P. Rally da Pecuária faz diagnóstico de nossas pastagens. **Balde Branco**, p. 43-45, 2012.
- PATTERSON, H. D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrika**, London, v. 58, p. 545-554, 1971.
- PEDROZO, C. Â. et al. A Repeatability of full-sib sugarcane families across harvests and the efficiency of early selection. **Euphytica**, v. 182, n. 3, p. 423-436, 2011.
- PESSIM, C. et al. Meiotic behavior in *Panicum maximum* Jacq. (Poaceae: Panicoideae: Paniceae): hybrids and their genitors. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 32, n. 3, p. 417-422, 2010.
- PIEPHO, H. P.; ECKL, T. Analysis of series of variety trials with perennial crops. **Grass and Forage Science**, v. 69, n. 3, p. 431-440, 2014.
- PRICE, D. L.; CASLER, M. D. Predictive relationships between plant morphological traits and biomass yield in switchgrass. **Crop Science**, v. 54, n. 2, p. 637-645, 2014.
- RESENDE, M. D. V.; BARBOSA, M. H. P. Selection via simulated individual BLUP based on family genotypic effects in sugarcane. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 41, n. 3, p. 421-429, 2006.
- RESENDE, M. D. V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002. 975 p.
- _____. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Embrapa Florestas, Colombo, 2007. 561 p.
- SAVIDAN, Y. H. Genetics and utilization of apomixis for the improvement of guineagrass (*Panicum maximum* Jacq.). In: 14° INTERNATIONAL GRASSLAND CONGRESS, 1983, Lexington. Proceedings, Boulder: Westview Press. Lexington: IGC, p. 182-184. 1983.
- SAVIDAN, Y. H. et al. Breeding *Panicum maximum* in Brazil: 1. Genetic resources, modes of reproduction and breeding procedures. **Euphytica**, Wageningen, v. 41, p. 107-112, 1989.
- SCHUNKE, et al. Variabilidade genética de genótipos de *Panicum maximum* em resposta à calagem e fósforo. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 26., 1989, Porto Alegre. **Anais...** Porto Alegre: SBZ, 1989. p. 67.

SOBRINHO, F. S.; PEREIRA, A.V.; LEDO, F. J. S. Avaliação agronômica de híbridos interespecíficos entre capim-elefante e milheto. **Pesq. agropec. bras.**, Brasília, v. 40, n. 9, p. 873-880, 2005.

SOUSA, A. C. B. de et al. Molecular Diversity and Genetic Structure of Guineagrass (*Panicum maximum* Jacq.), a Tropical Pasture Grass. **Tropical Plant Biology**, v. 4, n. 3-4, p. 185-202, 2011.

TEIXEIRA, D. H. L. **Eficiência da seleção visual para produtividade de biomassa verde de *Brachiaria ruziziensis***. 2015. 85 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2015.

TORRES, F. E. et al. Doses of phosphorus on initial development and forage production of cultivars of *Panicum maximum*. **Bioscience Journal**, v. 32, n. 6, p. 1537-1544, 2016.

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

VENCOVSKY, R. Princípios de genética quantitativa. **Publicação Didática do Departamento de Genética**, Piracicaba, v. 16, p. 47-56, 1977.