



JULIANA ANDRADE DIAS

**STATISTICAL MODELING AND SELECTION EFFICIENCY
ON *Urochloa ruziziensis* BREEDING**

**LAVRAS – MG
2019**

JULIANA ANDRADE DIAS

**STATISTICAL MODELING AND SELECTION EFFICIENCY ON *Urochloa*
ruziziensis BREEDING**

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

Orientador

Dra. Flávia Maria Avelar Gonçalves

Coorientador

Dr. Fausto de Souza Sobrinho

**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).

Dias, Juliana Andrade.

Statistical modeling and selection efficiency on *Urochloa
ruziziensis* breeding / Juliana Andrade Dias. - 2019.

58 p. : il.

Orientador(a): Flávia Maria Avelar Gonçalves.

Coorientador(a): Fausto de Souza Sobrinho.

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

Bibliografia.

1. *Brachiaria ruziziensis*. 2. Modelos Mistos. 3. Seleção Visual.
I. Gonçalves, Flávia Maria Avelar. II. Souza Sobrinho, Fausto de.
III. Título.

JULIANA ANDRADE DIAS

**STATISTICAL MODELING AND SELECTION EFFICIENCY ON *Urochloa*
ruziziensis BREEDING**

**MODELAGEM ESTATÍSTICA E EFICIÊNCIA DA SELEÇÃO NO
MELHORAMENTO DE *Urochloa ruziziensis***

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

APROVADA em 30/08/2019

Dra. Flávia Maria Avelar Gonçalves	UFLA
Dr. José Airton Rodrigues Nunes	UFLA
Dr. Marco Aurelio Caldas de Pinho Pessoa Filho	EMBRAPA
Dr. Fausto de Souza Sobrinho	EMBRAPA
Dr. João Cândido de Souza	UFLA

Dra. Flávia Maria Avelar Gonçalves
Orientadora

Dr. Fausto de Souza Sobrinho
Coorientador

**LAVRAS – MG
2019**

Aos meus pais, José e Andréa, a minha irmã Mariana, ao meu marido Bruno e ao meu tio Tadeu, que sempre me apoiaram e incentivaram nesta caminhada.

DEDICO!

AGRADECIMENTOS

Primeiramente agradeço à Deus pelo dom da vida e por sempre se fazer presente, iluminando o meu caminho.

À Universidade Federal de Lavras e ao programa de pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, pela oportunidade concedida. Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pela concessão da bolsa de estudos. À CAPES e à FAPEMIG.

Aos meus pais, José e Andréa pelo incentivo, apoio incondicional, paciência, amor e por todos os sonhos que abriram mão para que o meu se realizasse.

A minha irmã Mariana pela paciência, carinho, atenção, dedicação e por estar sempre ao meu lado me apoiando em todos os momentos.

Ao meu Tio Tadeu por todo carinho e ensinamentos durante todos esses anos.

Ao meu marido Bruno, por toda paciência, carinho, amor, por toda ajuda e incentivo, por sempre estar ao meu lado, por me apoiar e entender todas as minhas ausências. Minha eterna gratidão, carinho e amor.

À professora Flávia pela oportunidade, pela orientação na elaboração e execução deste projeto, pelos ensinamentos, pela paciência e confiança e principalmente, por sempre ter sido mais que uma orientadora.

À Embrapa Gado de Leite e ao Programa de Melhoramento Genético de *U. ruziziensis*, com destaque especial ao Fausto por toda disponibilidade, orientação e ajuda na elaboração e execução desse estudo.

Aos professores do programa de pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas: César, João Bosco, Magno e Vânia pelos conhecimentos transmitidos e em especial ao João Cândido, Elaine e José Airton, por toda ajuda e disponibilidade em todos os momentos.

Aos amigos do grupo Melhoramento de Plantas Perenes, por toda ajuda, amizade e prazerosa convivência. Um agradecimento especial ao Lucas, por toda paciência, ajuda, amizade e por tornar os meus dias de trabalho mais prazerosos e felizes.

Aos amigos do GEN pela amizade e convivência.

À banca por terem aceitado o convite e por toda contribuição

À todos que contribuíram direta e indiretamente para que este sonho se tornasse realidade.

A todos vocês, o meu muito obrigado!

RESUMO GERAL

Urochloa ruziziensis (R. Germ. & C.M. Evrard) Crins (sin. *Brachiaria ruziziensis*) é uma espécie diploide e totalmente sexual, possui grande valor para a diversificação de pastagens, principalmente para a produção de leite e grande potencial para pastagem devido à elevada qualidade nutricional, boa aceitação pelos animais e a boa relação folha/colmo. As avaliações e seleção de genótipos nos programas de melhoramento da espécie, normalmente são realizadas a partir de medições em uma mesma parcela ao longo de diferentes cortes, sendo um processo demorado que demanda a utilização de metodologias que sejam capazes de lidar com a complexidade dos dados gerados. Portanto, os métodos estatísticos para a análise deste tipo de dados, devem considerar a variação espacial e a correlação temporal entre medidas repetidas, além de modelar apropriadamente os efeitos genéticos ao longo do tempo. Além disso, a identificação de caracteres intimamente relacionados à produtividade, pode possibilitar a seleção indireta para produção de forragem, fazendo com que as avaliações se tornem mais ágeis e acuradas, maximizando os ganhos e minimizando o tempo e custo no lançamento de novas cultivares. Com isso, o presente estudo teve como objetivos avaliar diferentes estruturas de covariâncias para as matrizes residual e genética, verificar suas implicações na seleção de clones e avaliar a eficiência da seleção visual para produção de biomassa verde em *U. ruziziensis* por meio de notas do vigor das plantas nas abordagens unitrait e multitrait verificando qual abordagem maximiza a acurácia preditiva dos valores genéticos. Foram avaliados 254 clones de *U. ruziziensis* juntamente com as cultivares Marandu (*U. brizantha*) e Basilisk (*U. decumbens*) sob nove cortes em látice triplo 16x16 com parcelas de uma planta, no campo experimental da Embrapa Gado de Leite (Coronel Pacheco - MG). Inicialmente para investigar o impacto da modelagem estatística na seleção de clones, as matrizes de covariância para os efeitos genéticos e residuais foram modeladas para a produção de biomassa verde e a escolha do modelo que melhor se ajustou aos dados foi realizada por meio do Critério de Informação Bayesiano (BIC). Posteriormente, para verificar a eficiência da seleção visual para produção de biomassa verde por meio de notas do vigor das plantas, realizou-se as análises conjuntas unitrait e multitrait de produção de biomassa verde e vigor. Verificou-se que as estruturas de covariância mudam de acordo com os dados em estudo, sendo necessário verificar quais estruturas proporcionam melhor qualidade de ajuste aos dados, devido ao impacto nas estimativas de parâmetros genéticos, na precisão experimental e também na seleção dos melhores genótipos e continuidade dos programas de melhoramento genético. Além disso, foi possível verificar que a seleção visual para produção, por meio do vigor das plantas, pode ser uma ferramenta útil nos programas de melhoramento de *U. ruziziensis*, em especial ao utilizar a abordagem multitrait.

Palavras-chave: *Brachiaria ruziziensis*. Modelos Mistos. Seleção Indireta. BLUP unitrait e multitrait.

ABSTRACT

The *Urochloa ruziziensis* (R. Germ. & C.M. Evrard) Crins (sin. *Brachiaria ruziziensis*) is diploid and presents sexual reproduction, has great value for pasture diversification, particularly for milk production and it has great pasture potential due to its high nutritional quality, good animal acceptance and good leaf/stem ratio. Evaluations and selection of genotypes in breeding programs are usually based on measurements made on several cuttings over time in the same experimental plot, being a time consuming process that requiring methodologies capable of dealing with the complexity of the data generated. Therefore, statistical methods for analysis of this type of data should consider the spatial variation and temporal correlation between repeated measures, as well as the possibility of heterogeneity of variance and appropriately model genetic effects over time. In addition, the identification of traits closely related to yield may enable indirect selection for forage production, making evaluations more agile and accurate, maximizing gains and minimizing time and cost in launching new cultivars. Thus, the present study aimed to evaluate different covariance structures for the residual and genetic matrices, verify their implications for clone selection and verify the efficiency of visual selection for green biomass production in *U. ruziziensis* using the plant vigor on univariate and multivariate analysis verifying which approach maximizes the predictive accuracy of genetic values. A total of 254 *U. ruziziensis* clones were evaluated in nine cuts in an incomplete block design with three replicates and plot of one plant together with the cultivars Marandu (*U. brizantha*) and Basilisk (*U. decumbens*) on the experimental field of Embrapa Gado de Leite (Coronel Pacheco - MG). To investigate the statistical modeling in clone selection, the covariance matrices for genetic and residual effects were modeled for green biomass production and the choice of the best model was by BIC. To verify the efficiency of visual selection, univariate and multivariate analyzes of green biomass production and vigor were performed, considering different selection strategies. It was found that the covariance structures change according to the data under study, and it is necessary to verify which structures provide the best quality of fit to the data, due to the impact on genetic parameter estimates, experimental precision and on the selection and continuity of the breeding programs. In addition, it was possible to verify that the visual selection for forage production through plant vigor can be a useful tool in *U. ruziziensis* breeding programs, especially when using the multivariate approach.

Keywords: *Brachiaria ruziziensis*. Mixed models. Indirect Selection. BLUP univariate and multivariate.

SUMÁRIO

PRIMEIRA PARTE.....	08
1 INTRODUÇÃO GERAL.....	08
2 REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	12
SEGUNDA PARTE.....	16
ARTIGO 1 - VARIANCE STRUCTURE MODELLING IMPLICATIONS FOR CLONES SELECTION IN <i>Urochloa ruziziensis</i>.....	16
Abstract.....	17
1 Introduction.....	17
2 Material and Methods.....	19
3 Results.....	24
4 Discussion.....	27
5 Conclusion.....	30
6 References.....	31
ARTIGO 2 - EFICIÊNCIA DA SELEÇÃO INDIRETA PARA PRODUÇÃO DE BIOMASSA VERDE EM <i>Urochloa ruziziensis</i>.....	35
Resumo.....	36
1 Introdução.....	36
2 Material e Métodos.....	39
3 Resultados.....	44
4 Discussão.....	49
5 Conclusão.....	52
6 Referências Bibliográficas.....	52

PRIMEIRA PARTE

1 INTRODUÇÃO GERAL

O Brasil é um dos maiores produtores mundiais de leite e carne bovina (USDA/FOREIGN AGRICULTURAL SERVICE, 2019), tendo as pastagens como principal fonte de alimento dos rebanhos, por meio do pastejo direto. O clima tropical e a extensão territorial favorecem o emprego do pastejo direto contribuindo efetivamente na redução dos custos de produção com a suplementação da alimentação desses animais (CARVALHO et al., 2009).

As forrageiras tropicais do gênero *Urochloa* P.Beauv. (sin *Brachiaria* (Trin.) Griseb.) são amplamente distribuídas em países tropicais e subtropicais e desempenham um papel fundamental na pecuária brasileira, uma vez que constituem uma das principais fontes de alimentação do rebanho bovino brasileiro, com cerca de 100 milhões de hectares, ou seja, 90% da área cultivada com pastagem em todo território nacional (SIMEÃO et al., 2016). Os limites taxonômicos entre *Brachiaria* e *Urochloa* ainda não estão totalmente estabelecidos, sendo sugerido que algumas espécies de *Brachiaria* sejam incluídas no gênero *Urochloa* (TORRES-GONZÁLEZ; MORTON, 2005; SALARIATO et al., 2010; TEIXEIRA et al., 2019). Portanto, nesse estudo *Brachiaria* e *Urochloa* serão utilizadas como sinônimos.

Os principais destaques das forrageiras desse gênero são a boa adaptação as condições de solos ácidos e pobres, alta produtividade, elevado valor nutritivo da forragem e alta resistência aos fatores bióticos e abióticos. As principais espécies têm sido cultivadas nos mais variados ambientes, abrangendo desde várzeas inundadas, margens de florestas ralas até regiões semidesérticas (VALLE et al., 2008; VALLE; JANK; RESENDE, 2009).

Devido à sua importância, tornou-se amplamente estudada por diferentes pesquisadores, com o objetivo de aumentar a produtividade e área de plantio das espécies de *Urochloa*. Para isso, a seleção a partir da variabilidade natural em coleções foi um dos primeiros métodos de melhoramento utilizado para forrageiras tropicais no Brasil (VALLE et al., 2008, 2010; VALLE; JANK; RESENDE, 2009).

Os primeiros programas de melhoramento genético *per se* de *Urochloa*, iniciaram-se na década de 80, pela Embrapa Gado de Corte os quais visavam principalmente o aumento de produtividade, qualidade da forragem, resistência à pragas e doenças, produção de sementes de boa qualidade, uso eficiente de fertilizantes, adaptação a estresses edafoclimáticos, além da digestibilidade, composição química e consumo animal (VALLE et al., 2008, 2010; VALLE; JANK; RESENDE, 2009). Apesar dos grandes avanços obtidos nos programas de melhoramento das espécies de *Urochloa*, os mesmos ainda não se encontram no mesmo nível

das outras culturas de importância econômica no Brasil, uma vez que os investimentos nos programas de melhoramento ainda são pequenos e o número de pesquisadores trabalhando nesta área ainda é incipiente (VALLE et al., 2008; SOUZA SOBRINHO; AUAD, 2013).

Dentre as espécies de *Brachiaria* cultivadas no país, a *U. ruziziensis* é a única espécie totalmente sexual e diploide. Uma das barreiras encontradas na obtenção de híbridos interespecíficos era a diferença de ploidia, uma vez que as demais espécies de *Brachiaria* são poliploides e apomíticas. Com os avanços nas pesquisas com o gênero, em relação a duplicação cromossômica, a barreira da ploidia para a realização dos cruzamentos interespecíficos foi minimizada com a duplicação cromossômica de *U. ruziziensis*, viabilizando assim a produção de híbridos intra e interespecíficos para a avaliação do desempenho agrônomico e ampliação da variabilidade genética (VALLE et al., 2008; VALLE; JANK; RESENDE, 2009; SIMEÃO et al., 2016; SIMEÃO; SILVA; VALLE, 2016).

A *U. ruziziensis* possui grande valor para a diversificação das pastagens, principalmente para a produção de leite e tem sido utilizada principalmente em sistemas de integração lavoura-pecuária-floresta (ILPF). Contudo, apresenta grande potencial para pastagem devido à elevada qualidade nutricional, boa aceitação pelos animais e a boa relação folha/colmo. Além disso, possui estabelecimento e crescimento rápido, principalmente em épocas favoráveis ao seu desenvolvimento, contudo, é suscetível a cigarrinha-das-pastagens e não tolera solos ácidos nem longos períodos de seca, implicando em uma redução significativa de sua produção (VALLE; JANK; RESENDE, 2009; SOUZA SOBRINHO et al., 2010; SOUZA SOBRINHO; LÉDO; KOPP, 2011; PESSOA-FILHO et al., 2015).

A Embrapa Gado de Leite iniciou em 2004 o programa de melhoramento genético em *U. ruziziensis*. Desde este período já foram conduzidos até o momento três ciclos de seleção recorrente intrapopulacional. Os resultados obtidos evidenciam a existência de grande variabilidade genética para todas as características avaliadas, permitindo a seleção e demonstrando a possibilidade de obtenção de cultivares melhoradas. Além disso, foram identificados materiais genéticos com alta produtividade e qualidade de forragem superiores às cultivares disponíveis no mercado e genótipos com padrão de resistência às cigarrinhas-das-pastagens semelhante à cultivar Marandu (*U. brizantha*), utilizada atualmente como o padrão de resistência desta praga (SOUZA SOBRINHO et al., 2016).

Durante a condução do programa de melhoramento da espécie, a avaliação e seleção dos genótipos superiores é realizada por meio de diversos cortes em uma mesma parcela o que denota um período de tempo maior para o lançamento de novas cultivares (SOUZA

SOBRINHO et al., 2010). Diante disso, torna-se imprescindível o emprego de metodologias que auxiliam nesse processo, maximizando os ganhos e permitindo uma seleção eficiente e acurada, em menor tempo e com os menores custos.

Perante a grande variabilidade e complexidade de dados oriundos dos programas de melhoramento, são necessários métodos estatísticos precisos, eficientes e informativos, que permitem considerar a variação espacial e a correlação temporal entre as medidas repetidas, a presença de heterogeneidade das variâncias, além de modelar apropriadamente os efeitos genéticos ao longo do tempo (HU; SPILKE, 2011; DE FAVERI et al., 2015).

Em sua grande maioria os dados longitudinais de *U. ruziziensis* têm sido analisados por meio do modelo de parcelas subdivididas no tempo (SOUZA SOBRINHO; LÉDO; KOPP, 2011; DIAS et al., 2013), nesse tipo de análise a estrutura de covariância utilizada é denominada de simetria composta (CS). Essa estrutura postula que as variâncias de cada medição são iguais, bem como a correlação existente entre elas, independente da distância temporal entre elas, desconsiderando portanto, a possibilidade de existência de diferentes correlações temporal entre as mensurações, assim como heterogeneidade de variâncias (SMITH et al., 2007; DE FAVERI et al., 2015; ANDRADE et al., 2016).

Em culturas como cana-de-açúcar, café, pinha, pinus e alfafa, o modelo utilizando homogeneidade de variâncias e covariâncias (CS) não apresentou um bom ajustamento aos dados, demonstrando não ser o mais indicado para análise de dados longitudinais dessas culturas (APIOLAZA; GILMOUR; GARRICK, 2000; KELLY et al., 2007; CECON et al., 2008; CILAS; MONTAGNON; BAR-HEN, 2011; HU; SPILKE, 2011; MARIGUELE et al., 2011; PIEPHO; ECKL, 2014; SILVA; DUARTE; REIS, 2015; DE FAVERI et al., 2015; ANDRADE et al., 2016; BALSALOBRE et al., 2016; PEREIRA et al., 2018). Outro aspecto importante a ser considerado é o fato de que as estruturas de variância-covariância que melhor se ajustam aos dados poder variar de acordo com o conjunto em estudo, ressaltando a importância em verificar o modelo que melhor representa os dados de *U. ruziziensis*, uma vez que tais informações ainda são escassas.

Nesse sentido, os modelos lineares mistos têm-se mostrado uma ferramenta eficiente de análise de dados longitudinais, uma vez que possibilitam a modelagem estatística das covariâncias para efeitos aleatórios, sendo capaz de investigar a presença de heterocedasticidade e diferentes correlações entre as mensurações (SMITH et al., 2007; PIEPHO et al., 2008; DE FAVERI et al., 2015; ANDRADE et al., 2016).

Outro ponto a ser destacado com relação ao uso de modelos mistos é seu emprego para predição de valores genéticos e estimação de parâmetros genéticos e fenotípicos de modo mais acurado. Para isso, as estimativas dos parâmetros dos componentes de variância são obtidas por máxima verossimilhança restrita (REML) e os valores genotípicos obtidos por meio da melhor predição linear não viesada (BLUP) (PIEPHO et al., 2008; BALSALOBRE et al., 2016). Além disso, permite a obtenção das estimativas dos componentes de variância simultaneamente à predição dos valores genéticos por meio da metodologia REML/BLUP (RESENDE, 2007).

A possibilidade em prever simultaneamente os valores genotípicos para duas ou mais características por meio do BLUP multi-trait também é outro grande destaque para a metodologia, uma vez que, ao considerar simultaneamente a covariância existente entre as diferentes características na análise pode possibilitar uma maior acurácia na predição dos valores genéticos (PIEPHO et al., 2008; VIANA et al., 2010; ALVES et al., 2018). A utilização dessa metodologia permitiu maior eficiência na obtenção de estimativas de herdabilidade e acurácia seletiva e também no ganho genético em diferentes culturas anuais e perenes, incluindo, milho, feijão e eucalipto (VIANA et al., 2010; BALESTRE et al., 2013; ALVES et al., 2018), demonstrando assim a ampla aplicabilidade da metodologia.

Diante disso, a aplicação da abordagem dos modelos mistos têm-se tornando cada vez mais popular nos programas de melhoramento de plantas, particularmente, por ser uma metodologia capaz de lidar com as estruturas complexas de covariâncias e com desbalanceamento dos dados. Além disso, permite que as diferentes características obtidas nos programas de melhoramento sejam analisadas simultaneamente, sendo portanto, uma abordagem mais realista e com uma maior capacidade preditiva em comparação aos modelos lineares fixos (SMITH et al., 2007; PIEPHO et al., 2008; BALESTRE et al., 2013; BALSALOBRE et al., 2016).

A identificação de caracteres intimamente relacionados à produtividade, além do emprego de métodos estatísticos que proporcionam maior qualidade de ajuste aos dados, pode possibilitar a seleção indireta para produção de forragem, uma vez que a seleção direta para essa característica é lenta e trabalhosa, fazendo com que as avaliações se tornem mais ágeis e acuradas, maximizando assim, os ganhos e minimizando o tempo e os custos no lançamento de novas cultivares (COSTA et al., 2009; BORGES et al., 2012). Neste sentido, o emprego da seleção visual para produção permitiria a avaliação de um maior número de genótipos e uma rapidez nas estimativas da produção de forragem, economizando assim tempo e recursos (COSTA et al., 2009).

A utilização de critérios visuais, como o vigor das plantas, para determinar a produção de massa forrageira tem-se mostrado ser uma boa estratégia para seleção, uma vez que apresenta uma alta associação com a produção de forragem, além de ser um método prático, rápido, não destrutivo e acessível, permitindo a avaliação de um grande número de genótipos em comparação a produção de forragem estimada a partir da pesagem dos materiais (MITTELMANN; BUCHWEITZ; GOULART, 2006; COSTA et al., 2009; EDVAN et al., 2016; SILVA et al., 2016; FONSECA, 2017; TEIXEIRA et al., 2019).

Em culturas como trevo-vermelho, azevém anual, *U. decumbens* e *U. ruziziensis*, a seleção preliminar indireta para produção de forragem tem-se mostrado tão precisa quanto à mensuração direta, indicando ser uma prática que pode ser adotada nos programas de melhoramento. Além disso, a seleção indireta pode possibilitar uma redução do tamanho das populações e a eliminação de genótipos inferiores, principalmente nas etapas iniciais de melhoramento em que a variabilidade fenotípica é ampla e a intensidade de seleção aplicada pode ser menos rigorosa (BOWMAN et al., 2004; MITTELMANN; BUCHWEITZ; GOULART, 2006; COSTA et al., 2009; RIDAY, 2009; SORIANO et al., 2012; FONSECA, 2017; TEIXEIRA et al., 2019).

Embora a utilização de modelos lineares mistos tenha demonstrado eficiência em diferentes culturas, o emprego, assim como, a eficiência do mesmo para a seleção de clones em *U. ruziziensis* ainda é pouco investigada. Além disso, a efetividade da seleção visual para a estimativa da produtividade de biomassa verde de *U. ruziziensis* em diferentes cortes precisa ser melhor elucidada. Deste modo, o emprego de metodologias que possibilitem a maximização dos ganhos genéticos pode ser vantajosa, especialmente no lançamento de novas cultivares no mercado em um menor tempo e com os menores custos possíveis. Neste sentido, os objetivos gerais desse trabalho foram verificar o impacto da modelagem estatística na seleção de clones e avaliar a eficiência da seleção visual para a produção de biomassa verde em *U. ruziziensis*.

2 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALVES, R. S. et al. Multiple-trait BLUP: a suitable strategy for genetic selection of Eucalyptus. **Tree Genetics and Genomes**, v. 14, n. 5. p. 77, 2018.

ANDRADE, V. T. et al. Statistical modeling implications for coffee progenies selection. **Euphytica**, v. 207, n. 1, p. 177–189, 2016.

APIOLAZA, L. A.; GILMOUR, A. R.; GARRICK, D. J. Variance modelling of longitudinal height data from a *Pinus radiata* progeny test. **Canadian Journal of Forest Research**, v. 30, n. 4, p. 645–654, 2000.

- BALESTRE, M. et al. Applications of multi-trait selection in common bean using real and simulated experiments. **Euphytica**, v. 189, n. 2, p. 225-238, 2013.
- BALSALOBRE, T. W. A. et al. Mixed modeling of yield components and brown rust resistance in sugarcane families. **Agronomy Journal**, v. 108, n. 5, p. 1824–1837, 2016.
- BORGES, V. et al. Associação entre caracteres e análise de trilha na seleção de progênies de meios-irmãos de *Brachiaria uziziensis*. **Revista Ceres**, v. 58, n.6, p. 765-772, 2012.
- BOWMAN, D. T. et al. Visual Selection for Yield in Cotton Breeding Programs. **The Journal of Cotton Science**, v. 8, p. 62-68, 2004.
- CECON, P. R. et al. Análise de medidas repetidas na avaliação de clones de café “Conilon”. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 43, n. 9, p. 1171–1176, 2008.
- CARVALHO, P.C.F. et al. Do bocado ao pastoreio de precisão: Compreendendo a interfase planta: Animal para explorar a multifuncionalidade das pastagens. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 38, p. 109-122, 2009.
- CILAS, C.; MONTAGNON, C.; BAR-HEN, A. Yield stability in clones of *Coffea canephora* in the short and medium term: Longitudinal data analyses and measures of stability over time. **Tree Genetics and Genomes**, v. 7, n. 2, p. 421–429, 2011.
- COSTA, B. M. da; et al. Estimativa da produção de forragem em pastagem de *Brachiaria decumbens*. **Archivos de zootecnia**, v. 58, n. 221, p. 141–144, 2009.
- DE FAVERI, J. et al. Statistical methods for analysis of multi-harvest data from perennial pasture variety selection trials. **Crop and Pasture Science**, v. 66, n. 9, p. 947–962, 2015.
- DIAS, K. O. das G. et al. Tamanho de parcela e efeito de bordadura no melhoramento de *urochloa ruziziensis*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 48, n. 11, p. 1426–1431, 2013.
- EDVAN, R. et al. Methods for estimating forage mass in pastures in a tropical climate. **Revista de Ciências Agrárias**, v. 39, n. 1, p. 36-45, 2016.
- FONSECA, J. M. O. **Avaliação visual em braquiária: número de avaliadores e modelos de análise**. 2017. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, 2017.
- HU, X.; SPILKE, J. Variance-covariance structure and its influence on variety assessment in regional crop trials. **Field Crops Research**, v. 120, n. 1, p. 1-8, 2011.
- KELLY, A. M. et al. The accuracy of varietal selection using factor analytic models for multi-environment plant breeding trials. **Crop Science**, v. 47, n. 3, p. 1063-1070, 2007.
- MARIGUELE, K. H. et al. Métodos de análise de dados longitudinais para o melhoramento genético da pinha. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 46, n. 12, p. 1657–1664, dez. 2011.
- MENDONÇA, L. F. et al. Accuracy and simultaneous selection gains for grain yield and earliness in tropical maize lines. **Maydica**, v. 61, n. 3, 2016.

- MITTELMANN, A.; BUCHWEITZ, E. D.; GOULART, E. S. Indirect selection of forage yield in *Italian ryegrass*. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 6, p. 104-106, 2006.
- PEREIRA, F. A. C. et al. Selection of *Coffea arabica* L. hybrids using mixed models with different structures of variance-covariance matrices. **Coffee Science**, v. 13, n. 3, p. 304–311, 27 set. 2018.
- PESSOA-FILHO, M. A. A. P. et al. Genetic diversity and structure of ruzigrass germplasm collected in Africa and Brasil. **Crop Science**, v. 55, n. 6, p. 2736-2745, 2015.
- PIEPHO, H. P. et al. BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. **Euphytica**, 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.
- RESENDE, M. D. V. de. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 561 p.
- RIDAY, H. Correlations between visual biomass scores and forage yield in space planted red clover (*Trifolium pratense* L.) breeding nurseries. **Euphytica**, v. 170, n. 3, p. 339-345, 2009.
- SALARIATO, D. L. et al. Molecular phylogeny of the subtribe Melinidinae (Poaceae: Panicoideae: Paniceae) and evolutionary trends in the homogenization of inflorescences. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, Illinois, v. 56, p. 355-369, 2010.
- SILVA, G. M. da et al. Avaliação de forrageiras tropicais: Revisão. **Publicações em Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 10, n. 3, p. 190–196, 2016.
- SILVA, E. N.; DUARTE, J. B.; REIS, A. J. dos S. Seleção da matriz de variância-covariância residual na análise de ensaios varietais com medidas repetidas em cana-de-açúcar. **Ciência Rural**, v. 45, n. 6, p. 993–999, 2015.
- SIMEÃO, R. et al. Genetic evaluation and selection index in tetraploid *Brachiaria ruziziensis*. **Plant Breeding**, v. 135, n. 2, p. 246–253, 2016.
- SIMEÃO, R. M.; SILVA, A. S.; VALLE, C. B. Flowering traits in tetraploid *Brachiaria ruziziensis* breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 16, n. 2, 2016.
- 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.
- SORIANO, V. de S. et al. Produção animal e vegetal em pastagem de *Cynodon* manejada sob diferentes ofertas de forragem por ovinos de dois grupos genéticos. **Ciência Rural**, v. 43, n. 1, p. 145–150, 4 dez. 2012.
- SOUZA, F. F. de. **Produção e qualidade de forragem de progênies de *Brachiaria ruziziensis***. 2007. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Universidade Federal de Lavras, 2007.

- SOUZA SOBRINHO, F. S. et al. Repetibilidade de características agronômicas e número de cortes necessários para seleção de *Urochloa ruziziensis*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 45, n. 6, p. 579–584, 2010.
- SOUZA SOBRINHO, F. S.; LÉDO, F. J. da S.; KOPP, M. M. Estacionalidade e estabilidade de produção de forragem de progênies de *Brachiaria ruziziensis*. **Ciencia e Agrotecnologia**, v. 35, n. 4, p. 685–691, 2011.
- SOUZA SOBRINHO, F. S.; AUAD, A. M. Genetic Improvement of *Brachiaria ruziziensis* at Embrapa Dairy Cattle. In: JANK, L. et al. (Ed.). **Forage breeding and Biotechnology**. 1. ed. Brasília: EMBRAPA, 2013. p. 59–75.
- SOUZA SOBRINHO, F. et al. Melhoramento genético de *Brachiaria ruziziensis*: histórico e estratégias. In: **Tópicos especiais em Ciência Animal IV**. 1 ed. Alegre : CAUFES, v.1, p. 309-329, 2016.
- TEIXEIRA, D. H. L. et al. Visual selection of *Urochloa ruziziensis* genotypes for green biomass yield. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 42, 2019.
- TORRES GONZÁLEZ, A.M.; MORTON, C. M. Molecular and morphological phylogenetic analysis of *Brachiaria* and *Urochloa* (Poaceae). **Molecular Phylogenetics and Evolution**, Illinois, v. 37, p. 35-44, 2005.
- USDA - United States Department of Agriculture. **Livestock and Poultry: World Markets and Trade**. In: Foreign Agricultural Service/USDA. Office of Global Analysis, April 2019.
- VALLE, C. B. et al. Melhoramento genético de *Brachiaria*. In: RESENDE, R. M. S.; VALLE, C. B.; JANK, L. (Ed.). **MELHORAMENTO DE FORRAGEIRAS TROPICAIS**. 1. ed. Campo Grande, MS: EMBRAPA, 2008. p. 13–53.
- VALLE, C. B.; JANK, L.; RESENDE, R. M. S. O melhoramento de forrageiras tropicais no Brasil. **Revista Ceres**, v. 56, n. 4, 2009.
- VALLE, C. B. et al. Gênero *Brachiaria*. In: FONSECA, D. M. DA; MARTUSCELLO, J. A. (Ed.). **PLANTAS FORRAGEIRAS**. 1. ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 2010. p. 30–77.
- VIANA, J. M. S. et al. Multi-trait BLUP in half-sib selection of annual crops. **Plant Breeding**, v. 129, n. 6, p. 599-604, 2010.

SEGUNDA PARTE

ARTIGO 1 – IMPLICATIONS OF STATISTICAL MODELING ON CLONE SELECTION IN *Urochloa ruziziensis*.

Artigo redigido conforme as normas NBR 6022 (ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DE
NORMAS TÉCNICAS, 2003).

IMPLICATIONS OF STATISTICAL MODELING ON CLONE SELECTION IN *Urochloa ruziziensis*.

Abstract

The selection of genotypes in *Urochloa ruziziensis* is usually based on measurements performed on several cuttings over time in the same experimental plot. Statistical methods for the analysis of this type of data should consider the temporal correlation between repeated measures, as well as the possibility of heterogeneity of variance. However, it is common to analyze these data with the split-plot-in-time model using the compound symmetry structure, that assuming homogeneity of variances and covariances between harvests. The aim of this study was to fit different covariance structures under a mixed model framework for longitudinal data on *U. ruziziensis* and to check its implications on the ranking and selection of clones. A total of 254 *U. ruziziensis* clones were evaluated in nine cuts for the green biomass yield (GBY - g/plot) in an incomplete block design. The antedependence model (ANTE) for residual effects and heterogeneous first-order autoregressive (AR1H) for genetic effects was the one that best fit the data, impacting estimates of heritability, genetic gain, selective accuracy, ranking, and coincidence index of the best clones. Therefore, the present study evidences the importance of verifying which model interprets better the biological reality contained in the data, due to the impact on selection and continuity of breeding programs.

Key words: *Brachiaria ruziziensis*, genetic gain, mixed models, covariance structure, ranking.

1 Introduction

Some forage species of the genus *Urochloa* are among those most used by Brazilian cattle ranching, as one of the main sources of feed for cattle through direct grazing, being cultivated in about 90% of the pasture area, equivalent to approximately 100 million hectares (SIMEÃO et al., 2016). Thus, the importance of forage plants and the role of the breeding programs for the country's economy is evident. The *Urochloa ruziziensis* (R. Germ. & C.M. Evrard) Crins (sin. *Brachiaria ruziziensis*) is diploid and presents sexual reproduction, has been used mainly in the integrated crop-livestock-forest system (ICLF), however, it has great pasture potential due to its high nutritional quality, good animal acceptance and good leaf/stem ratio and has great value for pasture diversification, particularly for milk production (SOUZA

SOBRINHO et al., 2010; SOUZA SOBRINHO; LÉDO; KOPP, 2011; PESSOA-FILHO et al., 2015).

In *U. ruziziensis* breeding programs, superior genotype evaluations and selections are performed over a longer period of time, using a large number of evaluations on the same experimental plot, in order to identify and select the best genotypes. Therefore, research is needed to increase the reliability in the identification and selection of genotypes, so that they are performed more efficiently and accurately, effectively contributing to the improvement of the species (SOUZA SOBRINHO et al., 2010).

Most of the longitudinal data from breeding programs of the species of *Urochloa* are analyzed using the split-plot-in-time model with the covariance structure denominated compound symmetry (CS) (SOUZA SOBRINHO; LÉDO; KOPP, 2011; DIAS et al., 2013; MATEUS et al., 2015; MATIAS et al., 2016; FIGUEIREDO et al., 2019; TEIXEIRA et al., 2019). This structure assumes homogeneity of variances and covariances between the cuts, independent of the temporal distance between them, disregarding, therefore, the possibility of the existence of different temporal correlations between the cuts, as well as heterogeneity of variances for the residual and genetic effects (SMITH et al., 2007; HU; SPILKE, 2011; DE FAVERI et al., 2015; ANDRADE et al., 2016).

Given the complexity of *U. ruziziensis* data, the model with homogeneous variances and covariance (CS) may not be consistent with the trait under study, which may affect the prediction of an individual's genetic value. Don't evaluate the model that best represents the data may cause changes in the estimated value of genetic parameters and may even cause changes in the rank of the evaluated genotypes (APIOLAZA; GILMOUR; GARRICK, 2000; ANDRADE et al., 2016). Therefore, statistical methods for the analysis of this data must be precise, efficient and informative, interpret the biological reality contained in the data. In addition, they should consider the spatial variation, heterogeneity of variances, the different temporal correlation between the repeated measures and appropriately model the genetic effects over time (DE FAVERI et al., 2015; HU; SPILKE, 2011).

In this sense, mixed linear models have been used successfully in perennial crop breeding programs, since they allow the use of different variance-covariance (VCOV) structures for random effects that follow the correlation patterns between harvests and even between localities, allowing to investigate the presence of heteroscedasticity and different correlations between the measurements (HENDERSON, 1984; SMITH et al., 2007; PIEPHO et al., 2008; PASTINA et al., 2012; BALSALOBRE et al., 2016). In addition, estimates of the

parameters of variance components obtained by restricted maximum likelihood (REML) and genotypic values obtained through the best linear unbiased prediction (BLUP) can provide more accurate estimates, which are used in the ranking and selection of superior genotypes (PIEPHO et al., 2008; BALSALOBRE et al., 2016).

Another efficient alternative for analysis longitudinal data in *U. ruziziensis* is the multi-trait BLUP, also known as the model with an unstructured covariance matrix (UN). This methodology has been considered the optimal procedure for the analysis of repeated measures, because it uses all pieces of information simultaneously and treats repeated measures as different and correlated traits, considering their heritabilities and genetic and residual correlations (MARIGUELE et al., 2011; MRODE, 2014; ALVES et al., 2019). This covariance structure is applied to all random factors of the statistical model such as genotype effects, plot effects, and residual effects (GILMOUR et al., 2004). However, one of the limitations presented for this methodology is the high computational demand, being able present convergence problems, with difficult to adjust this model on the data, special with a larger number of repeated measures (RESENDE, 2007; PIEPHO et al., 2008; MARIGUELE et al., 2011).

The use of statistical models that do not adequately represent the data set can lead to changes in the prediction of clone genetic values, influencing in the rankings among genotypes, the selection of superior individuals and the genetic gains achieved (PEREIRA et al., 2018; SMITH et al., 2007; ANDRADE et al., 2016). Therefore, the aim of this work was to compare ways of repeated measures analysis for longitudinal data on *U. ruziziensis* and to check its implications on the ranking and selection of clones.

2 Material and Methods

2.1 Experimental data

The experiment was conducted at the Experimental Field of Embrapa Dairy Cattle, located in Coronel Pacheco, State of Minas Gerais. The municipality is located in the region of Zona da Mata Mineira, at 414m altitude. According to the Köppen classification, the climate of the region is Cwa, with annual averages of 22.5°C temperature and 1.600mm rainfall. The soil of the experimental area is classified as Alic Red Yellow Argisol (SANTOS et al., 2006).

A total of 254 *U. ruziziensis* clones from the Embrapa Dairy Cattle breeding program were evaluated along with the cultivars Marandu (*U. brizantha*) and Basilisk (*U. decumbens*) used as checks. A 16x16 triple lattice experimental design was used. The plots consisted of one plant, spaced in one meter.

Upon planting, a fertilization was carried out with 350 kg ha⁻¹ of the 8-28-16 NPK formula. In the year of evaluation, a topdressing was applied with one ton per hectare of the 20-05-20 NPK formula, divided along the cuts and carried out in the rainy periods. Manual weeding was performed when necessary.

Two months after planting the experiment, there was a standardization cut. Subsequently, nine evaluation cuts (10 cm high from the ground), on the following dates: (09/01/2013; 05/02/2013; 27/03/2013; 06/06/2013; 05/09/2013; 23/10/2013; 16/12/2013; 24/02/2014; 29/04/2014), were carried out, each measuring Green Biomass Yield (GBY - g / plot).

2.2 Statistical analysis

In the all analysis, the fixed (Empirical Best Linear Unbiased Estimator - E-BLUE) and random (Empirical Best Linear Unbiased Prediction - E-BLUP) effects were estimated through a solution of the system of equations of Henderson (1975). All components of variance were estimated by residual or restricted maximum likelihood (REML) (PATTERSON; THOMPSON, 1971).

2.2.1 Single cutting analysis

Initially, the individual analyses were performed for each cut using a mixed linear model, as:

$$y = X\beta + Z_1b + Z_2g + e,$$

where: y is the vector of phenotypic data; β is the vector of fixed effects (constant and replications); b is the vector of the random effects of blocks within replications, where $b \sim \text{MVN}(0, I\sigma_b^2)$; g is the vector of the random effects of clones, $g \sim \text{MVN}(0, I\sigma_g^2)$; e is the vector of the residual errors, $e \sim \text{MVN}(0, I\sigma_e^2)$; X , Z_1 and Z_2 are the incidence matrices for fixed and random effects, respectively, and I is an identity matrix of order appropriate to the respective random effect.

From the results of the individual analyses the mean clones heritability were estimated according to Cullis et al. (2006), the following expression: $h^2 = 1 - \frac{\bar{v}_\Delta^{\text{BLUP}}}{2\sigma_g^2}$, where: $\bar{v}_\Delta^{\text{BLUP}}$ is the mean variance of a pair-wise difference of E-BLUPs of the clones and σ_g^2 is the genetic variance of clones. The selective accuracy ($\hat{r}_{\hat{g}g}$) were estimated according to RESENDE;

DUARTE (2007), the following expression: $\hat{r}_{gg} = \sqrt{1 - \frac{PEV}{\sigma_g^2}}$, where: PEV is the average prediction error variance of E-BLUP.

Moreover, Spearman's rank correlations between the E-BLUPs of the clones were estimated. The significance of the correlations was tested using a non-parametric bootstrap in the boot package in the R software (DAVISON; HINKLEY, 1997; CATHY; RIPLEY, 2017; PEREIRA et al., 2017).

All analyzes were performed using the R software and Asreml in R environment (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2016; BUTLER et al., 2017).

2.2.2 Multi-cutting analysis

The joint analysis across the multiple cuttings was performed in using the split-plot-in-time model, using a linear mixed model according to Smith et al. (2007). We tested different variance-covariance structures and choose the model that best fitted the data. This model was compared to the homogeneous model (compound symmetry), which assumes equal variances for all cuts and equal covariances between all pairs of cuts. The model is given by the following equation:

$$y = X\beta + Z_1g + Z_2b + e,$$

where: y is the vector of phenotypic data; β is the vector of fixed effects that includes the effects of replications, cuttings and its interactions added to the constant; g is the vector of the random effects of clones within cuttings, $g \sim MVN(0, G)$; b is the vector of the random effects of blocks within replications, $b \sim MVN(0, I\sigma_b^2)$; e is the vector of the residual errors, $e \sim MVN(0, R)$; X , Z_1 and Z_2 are the incidence matrices for fixed and random effects, respectively, and I is an identity matrix of order appropriate to the respective random effect.

The covariance structures for R and G are: $R = R_h \otimes I_n$, where R_h is the residual covariance matrix that accommodates the temporal correlation between the cuttings and the possible presence of variance heterogeneity between cuts for each plot. I_n is the $n \times n$ identity matrix, where n is the number of useful plots; $G = G_h \otimes I_p$, where G_h is the genetic covariance matrix for cuttings. I_p is the $p \times p$ identity matrix, where p is the number of clones.

The different structures of the temporal covariance matrices for the residuals (matrix R) and also for the matrix of genetic effects (matrix G) with varying complexities, ranging from the compound symmetry (CS) to unstructured (US), were tested. The best fitted structure for the covariance matrices was chosen sequentially, according to Smith et al. (2007). Firstly, we chose

the best structure for the matrix R, then, using the best structure identified for R previously, the best structure for G was identified. Structures presenting convergence problems were eliminated from the analyses. The compare goodness of fit of the different models to select the ideal structure for the R and G matrices was performed using the Schwarz Information Criterion (BIC) (SCHWARZ, 1978). The models with lower BIC values were chosen, allowing the choice of the one that best fits the data.

The E-BLUPs of each clones over the cuttings were estimated according to Smith et al. (2007), where: $E - BLUP = \sum_h w_h \widehat{g}_{ih}$, in which \widehat{g}_{ih} is the E-BLUP of clone i within the cut h and w_h is the assigned weight of each cut, where $w_h = 1/m$, where m is the number of cuts.

The clone mean-based heritability was calculated according to Cullis et al. (2006), the following expression: $h^2 = 1 - \frac{\bar{v}_{\Delta}^{BLUP}}{2\bar{\sigma}_g^2}$, where: \bar{v}_{Δ}^{BLUP} is the mean variance of a pair-wise difference of E-BLUPs of the clones and $\bar{\sigma}_g^2$ is the average genetic variance of clones for j^{th} cuts, taken from the diagonal model for G (KELLY et al., 2007). The selective accuracy ($\hat{r}_{\hat{g}g}$) was estimated through the $\hat{r}_{\hat{g}g} = \sqrt{1 - \frac{PEV}{\bar{\sigma}_g^2}}$, where: PEV is the average prediction error variance of E-BLUP (RESENDE; DUARTE, 2007).

To compare the model that best fitted the data with homogeneous model (compound symmetry) we used the Bayes factors (BF) through of the BIC values, according to Jeffreys (1961), Neath; Cavanaugh (2012) and Jarosz; Wiley (2014), using the following equation: $BF \approx \exp\left\{-\frac{1}{2} BIC_{12}\right\}$, were $BIC_{12} = BIC_1 - BIC_2$, were BIC_1 is the BIC value to homogeneous model (CS) (M1) and BIC_2 the BIC value to the best model fitted the data (M2). The interpretation of Bayes Factor is: if $BF \geq 1$, the M1 is supported; $0.316 \leq BF < 1$, minimal evidence against M1; $0.1 \leq BF < 0.316$, substantial evidence against M1; $0.03 \leq BF < 0.01$, strong evidence against M1; $0.01 \leq BF < 0.03$ very strong evidence against M1; $BF < 0.01$ decisive evidence against M1.

We used the multi-trait BLUP for to choose the best way of repeated measures analysis on *U. ruziziensis*, where the cuts were considered as different characteristics, according to Alves et al. (2019), using the following model:

$$y = X\beta + Z_1g + Z_2b + e,$$

where: y is the vector of phenotypic data; β is the vector of fixed effects of replications, added to the constant; g is the vector of the random effects of clones, $g \sim MVN(0, I\sigma_g^2)$; b is the vector of the random effects of blocks, $b \sim MVN(0, I\sigma_b^2)$; e is the vector of the residual errors, $e \sim$

MVN $(0, I\sigma_e^2)$; X , Z_1 and Z_2 are the incidence matrices for fixed and random effects, respectively, and I is an identity matrix of order appropriate to the respective random effect. The random effects are assumed unstructured covariance structures (US).

The data were also analyzed considering only the effects of blocks within replications as random, for estimation of E-BLUE for clones. The mean heritability of the clones were estimated with the following expression: $h^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \frac{\sigma_{gc}^2}{c} + \frac{\sigma_{gr}^2}{r} + \frac{\sigma_e^2}{cr}}$, where: σ_g^2 is the genetic variance of the clones; σ_{gc}^2 is the variance of clone x cuts interactions; σ_{gr}^2 is the variance of clone x r repetitions interaction; σ_e^2 is the residual variance; c is the number of the cuts and r is the number of the repetition. The selective accuracy (\hat{r}_{gg}) was estimated through the $\hat{r}_{gg} = \sqrt{1 - \frac{1}{F}}$, where: F (Snedecor) is the value of the variance ratio for clone effects, associated with the analysis (RESENDE; DUARTE, 2007).

2.3 Influence on ranking and selection

Firstly, we estimated of the Spearman correlation between of the E-BLUPs and E-BLUEs of the models. The significance of the correlations was also tested using a non-parametric bootstrap in the boot package in R software (DAVISON; HINKLEY, 1997; CATHY; RIPLEY, 2017; PEREIRA et al., 2017).

From the E-BLUPs and E-BLUEs obtained according to the models used, the ranking of the clones and the selection of the best twenty-six (selection intensity of 10%) were performed. From the selection of the best clones, the coincidence index (CI) was calculated between the models, according to Hamblin and Zimmerman (1986): $CI = \frac{A-C}{B-C}$, where: A is the number of coincident clones among the 26 best selected in each model; B is the number of clones selected, in case 26; C is the number of clones selected by random (10% of B).

The absolute selection gain (SG) was also estimated by means of the E-BLUP mean of the twenty-six selected clones and also the selection gain relative to the overall mean (SG%), dividing the absolute gain by the overall mean, for each selected model. The selection gain (GS) in the E-BLUE model was calculated using the expression: $GS (\%) = \frac{ds \times h^2}{\bar{X}}$, where: ds is selection differential, calculated as the difference between the mean of the twenty-six selected clones and the overall mean; h^2 is the broad-sense heritability at the mean clone; \bar{X} is the overall mean.

All analyzes were performed using the R software and Asreml in R environment (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2016; BUTLER et al., 2017).

3 Results

3.1 Exploratory analysis

The genetic variance components of clones presented significance at 5% probability by the likelihood ratio test (LRT) in all the cuts, evidencing the existence of genetic variability among the clones, thus indicating the possibility of gains with the selection of those superiors. There was a marked heterogeneity of genetic variances along the cuts, with a reduction in estimates in the final cuts. This result can be partly explained by the occurrence of a period of drought during the development and harvest of the plants, making the performance of the clones more similar, thus losing genetic variance, which may impact the estimates of heritability, which in general, decreased in the final cuts (TABLE 1).

Table 1 - Estimation of the mean Green Biomass Yield (GBY), genetic variance (σ_g^2), residual variance (σ_e^2), residual maximum likelihood ratio test (REMLRT), p -value, mean heritability (h^2) and selective accuracy (\hat{r}_{gg}).

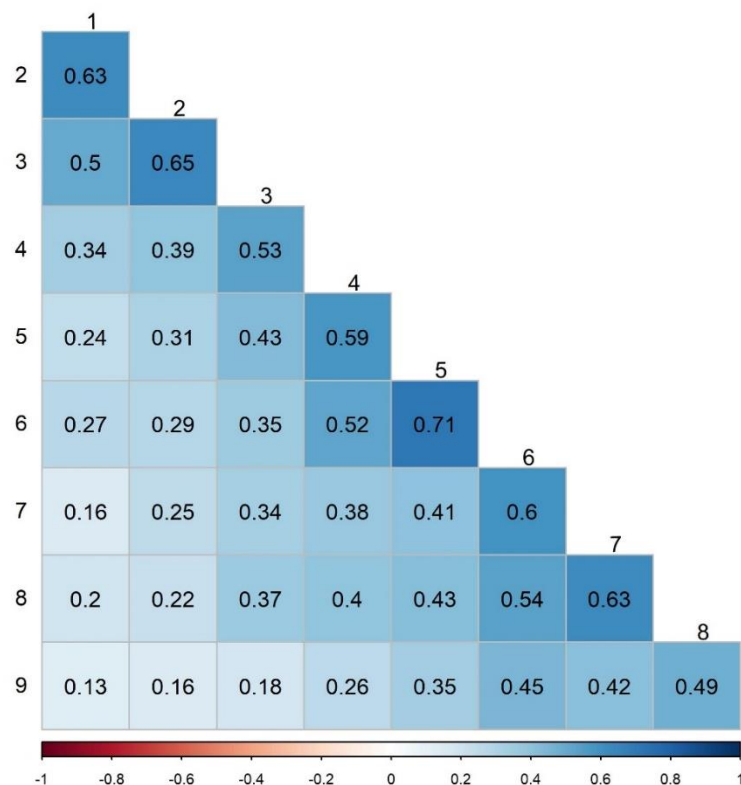
Cut	GBY	σ_g^2	σ_e^2	REMLRT	p -value	h^2	\hat{r}_{gg}
1	1696.71	1.41E+05	4.43E+05	33.76	6.24E-09	0.46	0.68
2	1087.64	5.98E+04	1.37E+05	56.01	7.23E-14	0.55	0.74
3	1666.99	1.48E+05	3.21E+05	55.97	7.34E-14	0.56	0.74
4	1124.88	6.02E+04	1.44E+05	51.15	8.54E-13	0.53	0.72
5	1153.98	6.95E+04	1.39E+05	60.91	6.00E-15	0.56	0.75
6	1655.07	7.82E+04	2.48E+05	30.36	3.59E-08	0.45	0.67
7	1759.34	4.26E+04	3.82E+05	5.45	1.96E-02	0.23	0.48
8	1026.46	3.73E+04	1.76E+05	16.11	5.99E-05	0.36	0.60
9	1186.12	3.73E+04	1.75E+05	9.89	1.66E-03	0.29	0.54

Fonte: Do autor (2019).

Spearman's correlations between pairs of cuts ranged from 0.13 (1 and 9) to 0.71 (5 and 6). In general, the correlation estimates were low and 70% of these correlations were lower than 0.5. In general, the highest estimates were between cuts followed, which was greater than 0.5 except between cuts 8 and 9. As the temporal distance between the cuts increases, the

correlations decrease, where the most distant cuts were the least correlated. On average, the cuts 1 and 9 was the one that presented the smallest magnitudes of correlation with the other cuts. These results indicate a change in genotype ranking along the cuts, evidenced mainly between the initial and final cuts. The alterations in the ranking suggest the presence of the genotype x cut interaction, where the behavior of the genotypes is not coincident along the cuts. All correlations showed significance by non-parametric bootstrap (FIGURE 1).

Figure 1 - Spearman correlation between E-BLUPs values for green biomass yield along the nine evaluation cuts.



Fonte: Do autor (2019).

3.2 Variance-Covariance structure model

When checking the goodness of fit of the different models in the joint analysis, through the adjustment criterion (BIC), the best residual variance-covariance matrix for the green biomass yield of the data set under study is the Antedependence (ANTE) and for the genetic effects was the first-order autoregressive with heterogeneous variances (AR1H). The AR1H structure assumes variance heterogeneity and suggests correlations decline exponentially with the distance between the cuts, where closer time-measurements present higher correlations. Just as AR1H, the ANTE structure assumes that the most distant correlations are less correlated and still deal with the heterogeneity of variances. The Bayes Factor (BF) value was lowest than

0.0001, so the evidence is decisive against the homogeneous model (CS), therefore, the AR1H model is favored by the data (TABLE 2).

Table 2 - Summary of the adjustments of the models with number of parameter (NP), BIC value and likelihood (logREML) for the model homogeneous (CS) and the ANTE (R) AR1H (G) model for the green biomass yield (GBY - g/plot) and the Bayes Factor (BF).

Model	NP	BIC	logREML	BF
Homogeneous (CS)	2	87708.46	-43832.28	<0.0001
ANTE (R) AR1H (G)	27	86277.81	-43016.00	

ANTE= Antedependence; CS= Compound symmetry; AR1H= First order-autoregressive with heterogeneous variances.

Fonte: Do autor (2019).

3.3 Influence on ranking and selection

When comparing the estimates of heritability and selective accuracy, it was observed that the homogeneous (compound symmetry), presented the lowest estimates of these parameters. The fixed model presented the lowest estimates of the genetic gain for the green biomass yield (TABLE 3).

The model with the structures ANTE for residual effects and AR1H for genetic effects (ANTE (R) AR1H (G)) presented the highest estimates of heritability and genetic gain, as well as the highest accuracy. This model presented a genetic gain higher than the E-BLUE model of 25.56%, that is, a gain of 72 grams with the selection of the best clones. When comparing the homogeneous (CS) and AR1H model, the genetic gain was 23.13% higher, a gain of 67 grams. It is noticed that this model can better capture the variation of the data under study, it is the one that comes to the closest reality, providing reliable and more accurate estimates (TABLE 3).

Table 3 - Heritability (h^2), selective accuracy (\hat{r}_{gg}), selection gain (SG) and selection gain relative to the original mean (SG%) for the models.

Model	h^2	\hat{r}_{gg}	SG	SG (%)
E-BLUE	0.59	0.79	281.83 (100%)	15.20
CS	0.57	0.75	287.39 (101.97%)	20.92
Multitrait	0.62	0.79	318.73 (113.09%)	23.20
ANTE (R) AR1H (G)	0.63	0.80	353.86 (125.56%)	25.76

CS= Compound symmetry; ANTE= Antedependence; AR1H= First order-autoregressive with heterogeneous variances.

Fonte: Do autor (2019).

Spearman's correlation between the models was high, so, the change of the rank the clones between the models was small. The AR1H and Multitrait model presented the biggest estimates of the correlation (0.97). The lowest correlation estimates were between the AR1H and Multitrait models with the E-BLUE model (0.89) (TABLE 4).

The coincidence index with the selection of the best clones was also high between the models. The largest estimate was between the homogeneous (CS) and E-BLUE model, with a coincidence of 25 clones. The lowest estimates were between the AR1H and Multitrait models with the homogeneous model (CS), with a coincidence of 19 clones (TABLE 4).

Table 4 - Coincidence index (%) (Below the Diagonal) and Spearman Correlation (Above the Diagonal) between the models that best fitted the data.

	AR1H	CS	Multitrait	E-BLUE
AR1H	1.00	0.95*	0.97*	0.89*
CS	70	1.00	0.94*	0.93*
Multitrait	79	70	1.00	0.89*
E-BLUE	74	96	74	1.00

* significance by the non-parametric bootstrap.

4 Discussion

In the breeding programs, it is essential that there is sufficient genetic variability for the selection of the best genotypes to achieve genetic progress in future generations. By means of the individual and joint analyses, it was verified a wide genetic variability and sufficient heritability estimates to obtain gains with the selection of the best clones, like observed in the joint analysis.

The results obtained in this article present a more accurate form of longitudinal data analysis for *U. ruziziensis*. Although analysis of this type of data are mostly performed through the split-in-plot-model with compound symmetry structure, which assumes equal variances for all cuts and equal covariances between all pairs of cuts (HU; SPILKE, 2011; DE FAVERI et al., 2015; ANDRADE et al., 2016). The present study, aiming to obtain more accurate and reliable genetic predictions, using different methodologies for analysis of the longitudinal data, showed that this type of analysis was not the most suitable for the data set.

When checking the quality of fit of the different models, it was observed that the ANTE structure for the residual effects and AR1H for the genetic effects were the most suitable for analysis of this data set, since they presented the lowest estimates of BIC. Another important

result in favor of AR1H model is the Bayes Factor (BF), we used BF for comparing the AR1H and CS model, according to Jeffreys (1961), Neath; Cavanaugh (2012) and Jarosz; Wiley (2014) the result suggest than AR1H model is more likely for the data and the evidence is decisive against CS model. According to Neath; Cavanaugh (2012) the BIC estimates provide an effective scientific measure for describing the results of a model selection problem.

The AR1H and ANTE structures assume variance heterogeneity and suggest that the correlations between the measures decrease with the increase in the interval between them (WOLFINGER, 1996; DE FAVERI et al., 2015; ANDRADE et al., 2016). When observing the Spearman correlation between the E-BLUPs in the individual analyses, we observed this pattern of reducing the correlation between the more distant cuts, thus corroborating with the selection of these matrices. In this sense, the indication of these structures can be explained in part, due to the fact that they deal with the marked heterogeneity of variance between the cuts and also with the different temporal correlations between them. Thus, it is possible to capture all the possible variations and to assume smaller temporal correlations with increasing time interval between the cuts (WOLFINGER, 1996; DE FAVERI et al., 2015; ANDRADE et al., 2016; BALSALOBRE et al., 2016).

It is common in data of repeated measures that the serial correlation is smaller the greater the distance in time between the measures. Therefore, a higher correlation between close cuttings and a lower correlation between distant cuts is expected (BJÖRNSSON, 1978; PIEPHO; ECKL, 2014; DE FAVERI et al., 2015; BALSALOBRE et al., 2016). This is probably due to the physiological and genetic changes of the plants, where the genes expressed in the first agricultural years may not be expressed in subsequent years (PASTINA et al., 2012; BALSALOBRE et al., 2016).

The multitrait BLUP model also showed was better than CS and E-BLUE model for data analysis. This model considers a larger amount of data and genetic and residual correlations between as repeated measures in the estimates of the components (BAUER; LÉON, 2008; PIEPHO et al., 2008; MRODE, 2014). However, one of the limitations presented by BLUP multi-trait is the high computational demand, with a larger number of repeated measures this model is difficult to adjust this model may present convergence problems (RESENDE, 2007; PIEPHO et al., 2008; MARIGUELE et al., 2011).

Similar results, where the homogeneous model (compound symmetry) was not the most suitable for longitudinal data analysis, were found by other authors for different crops, such as sugarcane, coffee, pine, pinus, alfalfa, and others (APIOLAZA; GILMOUR; GARRICK, 2000;

SMITH et al., 2007; CECON et al., 2008; CILAS; MONTAGNON; BAR-HEN, 2011; HU; SPILKE, 2011; MARIGUELE et al., 2011; PIEPHO; ECKL, 2014; DE FAVERI et al., 2015; SILVA; DUARTE; REIS, 2015; ANDRADE et al., 2016; BALSALOBRE et al., 2016; PEREIRA et al., 2018). These results can be explained because the homogeneous model does not consider the different temporal correlations, besides the different variances that can exist among the measures, being, therefore, an inefficient model in the case of a high heterogeneity of variances and covariances among repeated measures (SMITH et al., 2007; HU; SPILKE, 2011; DE FAVERI et al., 2015; ANDRADE et al., 2016).

Another important result is visualized when comparing the CS and E-BLUE models. Although highly correlated and with a high coincidence index among the best clones, the E-BLUE model presented higher estimates of heritability and selective accuracy, but the CS model provided a higher genetic gain. According to Piepho; Möhring (2007), Molenaar et al. (2018), Schmidt et al. (2019), the standard heritability estimate used for the E-BLUE model assumes balanced data, non-correlated and homoscedastic genetic effects. If one of these presuppositions is violated, there will not be a simple linear relationship between response to selection and selection differential, in other words, the correlation between phenotypic value and response to selection differs between genotypes (PIEPHO; MÖHRING, 2007). Schmidt et al. (2019) compared the estimates for broad-sense heritability computed via the standard method to other alternative estimation methods in a multi-environment trial. They checked that the standard method may overestimate heritability, while other methods deal better with unbalanced data. Therefore, in front of unbalanced data, genetics effects correlated and heterogeneous, like this paper, the heritability estimated from E-BLUE model was overestimated, hence, it is better to get E-BLUPs than to have the E-BLUE.

Watching at the Spearman's correlation estimates between the models and the coincidence index among the best clones, we noticed that the changes were small. However, the biggest changes were visualized in the estimation of genetic parameters, such as heritability and on the prediction of clone genetic values, which can be seen in the impact caused in the selection gain estimation. Similar result was found by Andrade et al. (2016) in coffee, the authors found that the homogeneous model resulted in lower heritability magnitudes and gain with selection, however, the correlation between the progeny rank and the coincidence index with the selection of the best progenies was high among the different models, changing only one progeny in relation to the model that best fit the data and the homogeneous model in the annual harvests. Therefore, given the results, it's important to check the model that best fits the data and that

interprets the biological reality contained in the data, with more reliable estimates of genetic gain, heritability and selective accurate.

When comparing our results and those found in the literature, it is noted that the most indicated model can vary between the evaluated traits, between crops and even within the same characteristic with the use of different datasets. Thus, it is essential to verify the model that best represents the response pattern of the trait, thus making it impossible to previously indicate a structure for the analysis of experiments with time-repeated measures (APIOLAZA; GILMOUR; GARRICK, 2000; CECON et al., 2008; SILVA; DUARTE; REIS, 2015; ANDRADE et al., 2016; PEREIRA et al., 2018).

The modeling of the data was superior to the model currently adopted by crop breeders, allowing to work both the heterogeneity of variance and more complex covariance structures, reinforcing the importance in checking the models that best fit the data set coming from repeated measures, due to the consequences on the prediction of clone genetic values, estimates of selective accuracy and heritability and alteration in genetic gain, thus influencing the selection and progress of breeding programs.

Therefore, the results presented in this article study are of great relevance to the literature due to the scarcity of information on the different models for the analysis of repeated measures in *U. ruziziensis*. Thus, providing a more precise approach to the analysis of longitudinal data, taking into account the different temporal correlations, as well as the heterogeneity of variances. In addition, it enables genetic effects to be modeled appropriately over time. Thus, the modeling of residual and genetic effects allows the selection of the model that best represents the data set under study, improving the predictive power of estimates such as heritability and genetic gain, with more accurate estimates that better approximate reality, increasing thus the efficiency of the selection of superior genotypes.

5 Conclusion

The homogeneous model not suitable for longitudinal data analysis in *U. ruziziensis*.

The model with the Antedependence (ANTE) structure for residuals and First-order heterogeneous autoregressive (AR1H) structure for genetic effects are the best approaches for analysis of this data of *U. ruziziensis*.

The use of the different variance-covariance structures provides changes in the estimation of genetic parameters, on the prediction of clone genetic values, and in the estimates of genetic gain and heritability, resulting in more realistic and accurate estimates. Therefore,

essential to check the model that best fits the data set under study before the selection of the best genotypes and continuity of breeding programs.

6 References

ALVES, R. S. et al. Multiple-trait BLUP in longitudinal data analysis on *Jatropha curcas* breeding for bioenergy. **Industrial Crops & Products**, v. 130, p. 558–561, 2019.

ANDRADE, V. T. et al. Statistical modeling implications for coffee progenies selection. **Euphytica**, v. 207, n. 1, p. 177–189, 2016.

APIOLAZA, L. A.; GILMOUR, A. R.; GARRICK, D. J. Variance modelling of longitudinal height data from a *Pinus radiata* progeny test. **Canadian Journal of Forest Research**, v. 30, n. 4, p. 645–654, 2000.

BALSALOBRE, T. W. A. et al. Mixed modeling of yield components and brown rust resistance in sugarcane families. **Agronomy Journal**, v. 108, n. 5, p. 1824–1837, 2016.

BAUER, A. M.; LÉON, J. Multiple-trait breeding values for parental selection in self-pollinating crops. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 116, n. 2, p. 235–242, 2008.

BJÖRNSSON, H. Analysis of a series of long-term grassland experiments with autocorrelated errors. **Biometrics**, v. 34, n. 4, p. 645–651, 1978.

BUTLER, D. G. et al. **ASReml-R Reference Manual Version 4**. VSN International Ltd. Hemel Hempstead, 2017.

CATHY, A.; RIPLEY, B. Boot: Bootstrap R (S-Plus) functions. **R package version 1.3-20 CRAN R Project**, 2017.

CECON, P. R. et al. Análise de medidas repetidas na avaliação de clones de café “Conilon”. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 43, n. 9, p. 1171–1176, 2008.

CILAS, C.; MONTAGNON, C.; BAR-HEN, A. Yield stability in clones of *Coffea canephora* in the short and medium term: Longitudinal data analyses and measures of stability over time. **Tree Genetics and Genomes**, v. 7, n. 2, p. 421–429, 2011.

CULLIS, B. R. et al. On the design of early generation variety trials with correlated data. **Journal of Agricultural, Biological, and Environmental Statistics**, v. 11, n. 4, p. 381–393, 2006.

DAVISON, A. C.; HINKLEY, D. V. **Bootstrap Methods And Their Application**. Cambridge: Cambridge University Press. 1997.

DE FAVERI, J. et al. Statistical methods for analysis of multi-harvest data from perennial pasture variety selection trials. **Crop and Pasture Science**, v. 66, n. 9, p. 947–962, 2015.

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

FIGUEIREDO, U. J. et al. Evaluating early selection in perennial tropical forages. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 19, p. 291-299, 2019.

GILMOUR, A. R. et al. An efficient computing strategy for prediction in mixed linear models. **Computational Statistics & Data Analysis**, v. 44, p. 571–586, 2004.

HAMBLIN, J.; ZIMMERMAN, M. J. O. Breeding common bean for yield mixtures. **Plant Breeding Reviews**, Westport, v. 4, p. 245-272, 1986.

HENDERSON, C. R. Best Linear Unbiased Estimation and Prediction under a Selection Model. **Biometrics**, v. 31, n. 2, p. 423, 1975.

HENDERSON, C. R. **Applications of linear models in animal breeding**. 1984.

HU, X.; SPILKE, J. Variance-covariance structure and its influence on variety assessment in regional crop trials. **Field Crops Research**, v. 120, n. 1, p. 1-8, 2011.

JAROSZ, A. F.; WILEY, J. "What Are the Odds? A Practical Guide to Computing and Reporting Bayes Factors," **The Journal of Problem Solving**: V. 7, n. 1, 2014.

JEFFREYS, H. **Theory of probability** (3rd Ed.). Oxford, UK: Oxford University Press, 1961.

KELLY, A. M. et al. The accuracy of varietal selection using factor analytic models for multi-environment plant breeding trials. **Crop Science**, v. 47, n. 3, p. 1063-1070, 2007.

MARIGUELE, K. H. et al. Métodos de análise de dados longitudinais para o melhoramento genético da pinha. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 46, n. 12, p. 1657–1664, dez. 2011.

MATEUS, R. G. et al. Genetic parameters and selection of *Brachiaria decumbens* hybrids for agronomic traits and resistance to spittlebugs. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 15, p. 227-234, 2015.

MATIAS, F. I. et al. Estimate of genetic parameters in *Brachiaria decumbens* hybrids. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 16, p. 115-122, 2016.

MOLENAAR, H. et al. Phenotypic Selection in Ornamental Breeding: It's Better to Have the BLUPs Than to Have the BLUES. **Front. Plant Sci.** v. 9, n. 1511, 2018.

MRODE, R.A. **Linear Models for the Prediction of Animal Breeding Values**. 3^a edition. CAB International, Wallingford, Oxon, UK, 2014.

NEATH, A.A.; CAVANAUGH, J. The Bayesian information criterion: Background, derivation, and applications. **Wiley Interdisciplinary Reviews: Computational Statistics**, v. 4, p. 199-203, 2012.

PASTINA, M. M. et al. A mixed model QTL analysis for sugarcane multiple-harvest-location trial data. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 124, n. 5, p. 835-849, 2012.

PATTERSON, H. D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrika**, v. 58, n. 3, p. 545–554, 1971.

- PEREIRA, F. et al. Implications of the population effect in the selection of soybean progeny. **Plant Breeding**, v. 135, n. 5, p. 679-687, 2017.
- PEREIRA, F. A. C. et al. Selection of *Coffea arabica* L. hybrids using mixed models with different structures of variance-covariance matrices. **Coffee Science**, v. 13, n. 3, p. 304–311, 27 set. 2018.
- PESSOA-FILHO, M. A. A. P. et al. Genetic diversity and structure of ruzigrass germplasm collected in Africa and Brasil. **Crop Science**, v. 55, n. 6, p. 2736-2745, 2015.
- PIEPHO, H. P.; MÖHRING, J. Computing heritability and selection response from unbalanced plant breeding trials. **Genetics**, v. 177, p. 1881–1888, 2007.
- PIEPHO, H. P. et al. BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. **Euphytica**, 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.
- R DEVELOPMENT CORE TEAM. R: A Language and Environment for Statistical Computing. **R Foundation for Statistical Computing**, 2016.
- RESENDE, M.D.V. de. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 561p.
- RESENDE, M. D. V. de; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical (Agricultural Research in the Tropics)**, v. 37, n. 3, p. 182–194, 2007.
- SANTOS, H. G. dos et al. **Sistema Brasileiro de Classificação de Solos**. 5. ed. Brasília, DF: Embrapa, 2006.
- SCHMIDT, P. et al. Estimating Broad-Sense Heritability with Unbalanced Data from Agricultural Cultivar Trials. **Crop Science**, v. 59, n. 2, p. 525-536, 2019.
- SCHWARZ, G. Estimating the Dimension of a Model. **The Annals of Statistics**, v. 6, n. 2, p. 461–464, 1978.
- SILVA, E. N.; DUARTE, J. B.; REIS, A. J. dos S. Seleção da matriz de variância-covariância residual na análise de ensaios varietais com medidas repetidas em cana-de-açúcar. **Ciência Rural**, v. 45, n. 6, p. 993–999, 2015.
- SIMEÃO, R. et al. Genetic evaluation and selection index in tetraploid *Brachiaria ruziziensis*. **Plant Breeding**, v. 135, n. 2, p. 246–253, 2016.
- 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.

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

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

TEIXEIRA, D. H. L. et al. Visual selection of *Urochloa ruziziensis* genotypes for green biomass yield. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 42, 2019.

WOLFINGER, R. D. Heterogeneous variance-covariance structures for repeated measures. **Journal of Agricultural, Biological, and Environmental Statistics**, v. 1, n. 2, p. 205–230, 1996.

**Artigo 2 – EFICIÊNCIA DA SELEÇÃO INDIRETA PARA PRODUÇÃO DE
BIOMASSA VERDE EM *Urochloa ruziziensis*.**

Artigo redigido conforme as normas NBR 6022 (ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DE
NORMAS TÉCNICAS, 2003).

EFICIÊNCIA DA SELEÇÃO INDIRETA PARA PRODUÇÃO DE BIOMASSA VERDE EM *Urochloa ruziziensis*.

Resumo

A seleção de genótipos superiores para produção de forragem em *Urochloa ruziziensis* é realizada por meio de sucessivas avaliações em uma mesma parcela experimental, o que demanda um período de tempo maior. A identificação de caracteres que estejam associados a produtividade pode maximizar os ganhos genéticos, reduzindo o tempo e custos no lançamento de novas cultivares. Portanto, o objetivo deste estudo foi verificar a eficiência da seleção visual para produção de biomassa verde por meio do vigor das plantas em *U. ruziziensis* por meio das abordagens unitrait e multitrait verificando qual abordagem maximiza a acurácia preditiva dos valores genéticos. Foram avaliados 254 clones de *U. ruziziensis* juntamente com as cultivares Marandu (*U. brizantha*) e Basilisk (*U. decumbens*) em látice triplo 16x16 com parcelas de uma planta. Foi estimada a produção de biomassa verde (peso verde) e o vigor das plantas em nove cortes de avaliação. Realizou-se as análises individuais e conjuntas nas abordagens unitrait e multitrait, via modelos mistos. Verificou-se a eficiência da seleção visual por meio do vigor das plantas por meio do ganho genético direto e indireto, do índice de coincidência entre os vinte e seis melhores clones para ambos caracteres e também pela correlação classificatória de Spearman entre os valores genéticos preditos (E-BLUPs) para ambos os métodos de predição. As análises foram realizadas pelo software R utilizando o pacote Asreml. Os ganhos com a seleção direta para peso verde foram superiores aos ganhos indiretos, contudo, o vigor apresentou uma boa associação genética com o peso verde, podendo ser utilizado na seleção para produção, em especial nas fases iniciais dos programas de melhoramento, proporcionando uma economia de tempo e recursos. A abordagem multitrait para peso verde e vigor foi superior a unitrait na predição dos valores genéticos dos clones, além de estimativas mais precisas de acurácia seletiva e herdabilidade, podendo ser empregada nos programas de melhoramento de *U. ruziziensis*.

Palavras-chave: *Brachiaria ruziziensis*. Seleção Visual. Modelos mistos. BLUP uni e multitrait.

1 Introdução

As forrageiras tropicais do gênero *Urochloa* desempenham um papel fundamental na pecuária brasileira, uma vez que a alimentação do rebanho bovino brasileiro é baseada no

pastejo direto, sendo cultivada em uma área estimada em torno de 100 milhões de hectares, o que corresponde aproximadamente 90% da área cultivada com pastagem em todo território nacional (SIMEÃO et al., 2016). Entre as espécies cultivadas no país, a *Urochloa ruziziensis* (R. Germ. & C.M. Evrard) Crins (sin. *Brachiaria ruziziensis*) é uma espécie diploide e totalmente sexual, que embora não seja a mais plantada entre as espécies do gênero, têm grande potencial para pastagem devido a elevada qualidade nutricional, boa aceitação pelos animais e boa relação folha/colmo, além de possuir grande valor para a diversificação das pastagens, principalmente para a produção de leite (SOUZA SOBRINHO et al., 2010; SOUZA SOBRINHO; LÉDO; KOPP, 2011; PESSOA-FILHO et al., 2015).

O programa de melhoramento de *U. ruziziensis* da Embrapa Gado de Leite iniciou-se em 2004, sendo conduzidos até o momento três ciclos de seleção recorrente intrapopulacional. Foram identificados materiais genéticos com produtividade e qualidade de forragem superiores as cultivares disponíveis no mercado. Além disso, também foi possível a identificação de genótipos com padrão de resistência às cigarrinhas das pastagens semelhante a cultivar Marandu (*U. brizantha*), considerada atualmente como padrão de resistência desta praga (SOUZA SOBRINHO et al., 2016).

Os programas de melhoramento da espécie buscam principalmente disponibilizar cultivares com capacidade produtiva superiores às pré-existentes no mercado, uma vez que a produção de forragem é uma das características mais importante a ser considerada na seleção (SOUZA SOBRINHO et al., 2009). Para isso, são realizadas sucessivas avaliações durante um período de tempo maior, com elevado número de cortes e genótipos, em especial nas fases iniciais do programa de melhoramento, a fim de possibilitar a identificação e seleção dos melhores genótipos, demandando recursos físicos e financeiros (SOUZA SOBRINHO et al., 2010). Portanto, é imprescindível a utilização de metodologias que auxiliam neste processo, maximizando a acurácia preditiva e os ganhos com a seleção. Deste modo, a identificação de caracteres intimamente relacionados à produtividade pode possibilitar a seleção indireta para produção de forragem, tornando assim as avaliações mais ágeis, minimizando o tempo e custo durante as etapas de melhoramento (COSTA et al., 2009; SOUZA SOBRINHO et al., 2010; BORGES et al., 2012).

A seleção por meio de critérios visuais, como o vigor das plantas, pode ser uma boa alternativa para determinar a produção de massa forrageira, uma vez que apresenta uma alta associação com a produção de forragem, além de ser um método prático, rápido, não destrutivo e acessível, permitindo a avaliação de um grande número de genótipos (MITTELMANN;

BUCHWEITZ; GOULART, 2006; COSTA et al., 2009; EDVAN et al., 2016; SILVA et al., 2016). Em culturas como trevo-vermelho, azevém anual e *Urochloa decumbens*, a seleção preliminar indireta para produção de forragem tem-se mostrado tão precisa quanto a mensuração direta para produção (BOWMAN et al., 2004; MITTELMANN; BUCHWEITZ; GOULART, 2006; COSTA et al., 2009; RIDAY, 2009; SORIANO et al., 2012). Em *Urochloa ruziziensis*, a seleção visual por meio do vigor demonstrou eficiência moderada a alta em relação a estratégias diretas de seleção para produção de matéria verde como a média fenotípica e o BLUP (TEIXEIRA et al., 2019), podendo ser empregada especialmente nas etapas iniciais dos programas de melhoramento, onde um grande número de genótipos são avaliados e a intensidade de seleção pode ser menos rigorosa.

Devido a complexidade dos dados oriundos dos programas de melhoramento de forrageiras, os métodos estatísticos utilizados precisam ser acurados, eficientes e informativos, devem considerar também a variação espacial e a correlação temporal entre as medidas repetidas, além de modelar apropriadamente os efeitos genéticos ao longo do tempo (HU; SPILKE, 2011; DE FAVERI et al., 2015). Diante disso, uma alternativa para lidar com a complexidade dos dados gerados nos programas de melhoramento é o emprego dos modelos lineares mistos, que vêm sendo empregado com sucesso nos programas de melhoramento animal, de culturas perenes, forrageiras e atualmente nos programas de culturas anuais (BAUER; LÉON, 2008; PIEPHO et al., 2008; VIANA et al., 2010; DE FAVERI et al., 2015; ANDRADE et al., 2016; MENDONÇA et al., 2016; PEREIRA et al., 2017; ALVES et al., 2018; EMATNÉ et al., 2018).

Um dos grandes destaques do emprego dos modelos mistos é a possibilidade de incorporação de informações de parentesco nas análises, a capacidade em lidar com os desbalanceamentos dos dados e com delineamentos não ortogonais. Além disso, possibilita modelar as estruturas de covariância para efeitos aleatórios que seguem padrões diferentes de correlações entre as colheitas e até mesmo entre os locais, permitindo investigar a presença de heterocedasticidade e diferentes correlações entre as mensurações, possibilitando portanto, a identificação de modelos que melhor se ajustam aos dados, resultando em estimativas mais realistas e acuradas (HENDERSON, 1984; SMITH et al., 2007; PIEPHO et al., 2008; PASTINA et al., 2012; BALSALOBRE et al., 2016).

Outro importante aspecto da metodologia é a possibilidade que as diferentes características avaliadas no decorrer dos programas de melhoramento sejam analisadas via modelo univariado (unitrait) e multivariado (multitrait) (HENDERSON, 1984; SMITH et al.,

2007; PIEPHO et al., 2008; PASTINA et al., 2012; BALSALOBRE et al., 2016). A análise multitraít tem demonstrado vantagens em relação a unitraít, proporcionando maior precisão na estimação de parâmetros como herdabilidade e acurácia seletiva, assim como na predição dos valores genéticos, uma vez que considera simultaneamente uma quantidade maior de dados e utiliza as correlações genéticas e residuais entre as características nas estimações, possibilitando a correção dos valores genéticos pela covariância entre os caracteres (BAUER; LÉON, 2008; PIEPHO et al., 2008; VIANA et al., 2010; BALESTRE et al., 2013; MENDONÇA et al., 2016; ALVES et al., 2018; EMATNÉ et al., 2018).

A predição dos valores genéticos e a estimação de parâmetros genéticos e fenotípicos também tem sido mais precisa com a utilização dos modelos mistos. Para isso, as estimativas dos parâmetros dos componentes de variância são obtidas por máxima verossimilhança restrita (REML) e os valores genotípicos obtidos por meio da melhor predição linear não viesada (BLUP) (PIEPHO et al., 2008; BALSALOBRE et al., 2016), permitindo também a obtenção das estimativas dos componentes de variância simultaneamente à predição dos valores genéticos por meio da metodologia REML/BLUP (RESENDE, 2007).

Embora o emprego da seleção visual no melhoramento de plantas forrageiras possa ser considerado um método acessível e de baixo custo, a sua eficiência para a seleção de genótipos superiores para produção de biomassa verde via abordagens unitraít e multitraít ainda precisa ser investigada. Portanto, o objetivo deste estudo foi verificar a eficiência da seleção visual para produção de biomassa verde por meio do vigor das plantas em *U. ruziziensis* por meio das abordagens unitraít e multitraít verificando qual abordagem maximiza a acurácia preditiva dos valores genéticos.

2 Material e Métodos

2.1 Dados e condução do experimento

O experimento foi conduzido no Campo Experimental da Embrapa Gado de Leite, em Coronel Pacheco (MG), situado na região da Zona da Mata Mineira a 414m de altitude. De acordo com a classificação de Koppen, o clima da região é do tipo Cwa, com médias anuais de 22,5°C de temperatura e 1.600mm de precipitação pluviométrica. O solo da área experimental é classificado como Argissolo Vermelho-Amarelo álico (SANTOS et al., 2006).

Foram avaliados 254 clones de *U. ruziziensis* oriundos do programa de melhoramento da Embrapa Gado de Leite, juntamente com as cultivares Marandu (*U. brizantha*) e Basilisk

(*U. decumbes*) utilizadas como testemunhas em delineamento experimental látice triplo 16x16, com parcelas de uma planta, espaçadas em um metro.

No momento do plantio realizou-se uma adubação de 350 kg ha⁻¹ da fórmula NPK 8-28-16. No ano de avaliação, foi aplicada uma adubação em cobertura de uma tonelada por hectare da fórmula NPK 20-05-20, dividida ao longo dos cortes e realizada nos períodos chuvosos. Quando necessário foram realizadas capinas manuais.

Dois meses após o plantio do experimento realizou-se o corte de uniformização, e posteriormente foram feitos nove cortes de avaliação (10 cm de altura em relação ao solo), nas seguintes datas: (09/01/2013; 05/02/2013; 27/03/2013; 06/06/2013; 05/09/2013; 23/10/2013; 16/12/2013; 24/02/2014; 29/04/2014).

Em cada corte foram mensuradas as seguintes características:

a) Vigor das plantas - vigor: Antes de cada corte foram atribuídas notas de vigor para cada genótipo, de acordo com a seguinte escala: notas de 1 a 5 (1 – muito ruim; 2 – ruim; 3 – regular; 4 – bom; 5 – muito bom);

b) Produção de biomassa verde (g/parcela) – peso verde: As plantas foram cortadas e pesadas por meio de balança digital portátil.

2.2 Análises estatístico-genética

Em todas as análises foram obtidas as predições dos valores genotípicos para cada clone. Foram estimados os efeitos fixos (empirical best linear unbiased estimator - E-BLUE) e preditos os aleatórios (empirical best linear unbiased prediction - E-BLUP), via solução do sistema de equações de Henderson (1975). Todos os componentes de variância foram estimados por meio da máxima verossimilhança residual ou restrita (REML) (PATTERSON; THOMPSON, 1971).

2.2.1 Análises Individuais

Inicialmente realizaram-se as análises individuais para cada característica em cada corte via modelo linear misto, descrito a seguir:

$$y = X\beta + Z_1b + Z_2g + e$$

Em que: y é vetor das observações fenotípicas dos cortes; β é o vetor dos efeitos fixos (constante e repetição); b é o vetor dos efeitos aleatórios de blocos dentro de repetições, sendo $b \sim \text{NMV}(0, I\sigma_b^2)$; g é o vetor dos efeitos aleatórios dos clones, $g \sim \text{NMV}(0, I\sigma_g^2)$; e é o vetor dos erros residuais, $e \sim \text{NMV}(0, I\sigma_e^2)$; X , Z_1 e Z_2 são as matrizes de incidência para os efeitos fixos e

aleatórios, respectivamente e I é a matriz identidade de ordem apropriada ao respectivo efeito aleatório.

As análises multitraits para os dois caracteres foram realizadas de acordo com o seguinte modelo:

$$y = X\beta + Z_1b + Z_2g + e$$

Em que: y é vetor das observações fenotípicas dos caracteres; β é o vetor dos efeitos fixos (constante e repetição) para os caracteres; b é o vetor dos efeitos aleatórios de blocos dentro de repetições para os caracteres, sendo $b \sim \text{NMV}(0, I\sigma_b^2)$; g é o vetor dos efeitos aleatórios dos clones para os caracteres, $g \sim \text{NMV}(0, I\sigma_g^2)$; e é o vetor dos erros residuais para os caracteres, $e \sim \text{NMV}(0, I\sigma_e^2)$; X , Z_1 e Z_2 são as matrizes de incidência para os efeitos fixos e aleatórios, respectivamente e I é a matriz identidade de ordem apropriada ao respectivo efeito aleatório. Foi assumido estrutura de covariância do tipo não-estruturada (US) para todos os efeitos aleatórios.

A partir dos resultados das análises individuais para ambos caracteres e métodos de predição estimou-se a herdabilidade na média dos clones de acordo com Cullis et al. (2006), onde: $h^2 = 1 - \frac{\bar{v}_\Delta^{\text{BLUP}}}{2\sigma_g^2}$, em que: $\bar{v}_\Delta^{\text{BLUP}}$ é a variância do erro de predição médio par a par dos efeitos de clones e σ_g^2 é a variância genética dos clones. A acurácia seletiva (\hat{r}_{gg}) foi estimada de acordo com a seguinte expressão: $\hat{r}_{\text{gg}} = \sqrt{1 - \frac{\overline{PEV}}{\sigma_g^2}}$, em que: \overline{PEV} é a variância média do erro de predição (RESENDE; DUARTE, 2007).

Todas as foram realizadas utilizando o software R e Asreml em ambiente R (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2016; BUTLER et al., 2017).

2.2.2 Análises conjuntas

As análises conjuntas de cada característica foram realizadas via modelo linear misto de acordo com Smith et al. (2007):

$$y = X\beta + Z_1b + Z_2g + e$$

Em que: y é o vetor das observações fenotípicas; β é o vetor de efeitos fixos que compreende os efeitos de repetição, corte e suas interações adicionadas à constante; b é o vetor dos efeitos aleatórios dos blocos dentro de repetições nos cortes, $b \sim \text{NMV}(0, I\sigma_b^2)$; g é o vetor dos efeitos aleatórios dos clones dentro dos cortes, $g \sim \text{NMV}(0, G)$; e é o vetor dos erros residuais, $e \sim \text{NMV}(0, R)$; X , Z_1 e Z_2 são as matrizes de incidência para os efeitos fixos e aleatórios, respectivamente e I é a matriz identidade de ordem apropriada ao respectivo efeito aleatório.

As estruturas de variância para R e G são: $R = R_h \otimes I_n$, em que R_h é a matriz de covariância residual (VCOV) que acomoda a correlação temporal entre os cortes e a possível presença de heterogeneidade de variância entre os cortes para cada parcela. I_n é a matriz identidade de tamanho $n \times n$, sendo n o número de parcelas. $G = G_h \otimes I_p$, em que G_h é a matriz de covariância genética para cortes (VCOV). I_p é uma matriz identidade de tamanho $p \times p$, sendo p é o número de clones.

Nas análises conjuntas para produção de biomassa verde e vigor de plantas foram testadas diferentes estruturas das matrizes de variância-covariância para os resíduos (matriz R) e também para a matriz de efeitos genéticos (matriz G), desde estruturas mais simples como simetria composta (CS) até estruturas mais complexas como não-estruturada (US) (SMITH et al., 2007; CECON et al., 2008; DE FAVERI et al., 2015; ANDRADE et al., 2016). Para escolha da estrutura ideal para as matrizes R e G utilizou-se o Critério de Informação de Schwarz (BIC), os melhores modelos foram aqueles que apresentaram os menores valores de BIC (SCHWARZ, 1978).

Inicialmente, realizou-se a escolha da melhor estrutura para a matriz R, posteriormente, utilizando a melhor estrutura identificada para R, foi identificada a melhor estrutura para G (SMITH et al., 2007; DE FAVERI et al., 2015; ANDRADE et al., 2016). As estruturas que apresentaram problemas de convergência foram eliminadas nas análises.

Já a análise conjunta multitrait para os dois caracteres foram realizadas de acordo com o seguinte modelo:

$$y = X\beta + Z_1b + Z_2g + e$$

Em que: y é o vetor das observações fenotípicas dos caracteres; β é o vetor de efeitos fixos que compreende os efeitos de repetição, corte e suas interações adicionadas à constante g é o vetor dos efeitos aleatórios dos clones dentro dos cortes, $g \sim \text{NMV}(0, I\sigma_g^2)$; b é o vetor dos efeitos aleatórios dos blocos dentro de repetições, $b \sim \text{NMV}(0, I\sigma_b^2)$; e é o vetor dos erros residuais, $e \sim \text{NMV}(0, I\sigma_e^2)$; X , Z_1 e Z_2 são as matrizes de incidência para os efeitos fixos e aleatórios, respectivamente e I é a matriz identidade de ordem apropriada ao respectivo efeito aleatório. Foi assumido estrutura de covariância do tipo não-estruturada (US) para os efeitos aleatórios associados aos caracteres. As estruturas de covariâncias para os efeitos residuais (R) e genéticos (G) que melhor se ajustaram aos dados foram testadas, como nas análises unitraits e a escolha do melhor modelo foi realizada por meio do BIC.

Nas análises conjuntas unitraits e multitrait os E-BLUPs de todos os clones foram estimados de acordo com Smith et al. (2007), em que: $E - BLUP = \sum_h w_h \tilde{g}_{ih}$, sendo \tilde{g}_{ih} o E-

BLUP do clone i dentro do corte h e w_h é o peso atribuído de cada corte, de modo que $w_h = 1/m$, e m é o número de cortes.

A partir dos resultados das análises conjuntas, estimou-se a herdabilidade na média dos clones de acordo com Cullis et al. (2006), onde: $h^2 = 1 - \frac{\bar{v}_\Delta^{\text{BLUP}}}{2\sigma_g^2}$, em que: $\bar{v}_\Delta^{\text{BLUP}}$ é a variância do erro de predição médio par a par dos efeitos de clones e σ_g^2 é a variância genética média dos clones ao longo dos cortes, obtida a partir da média dos componentes genéticos para cada corte (KELLY et al., 2007). A acurácia seletiva ($\hat{r}_{\hat{g}g}$) foi estimada de acordo com a seguinte expressão: $\hat{r}_{\hat{g}g} = \sqrt{1 - \frac{\overline{PEV}}{\sigma_g^2}}$, em que: \overline{PEV} é a variância média do erro de predição (RESENDE; DUARTE, 2007).

2.3 Eficiência da multitrait e estimação das correlações genéticas e residuais

A eficiência relativa da abordagem multitrait em relação a unitrait foi estimada de acordo com Almeida Filho et al. (2016): $Ef(\%) = 100 \frac{\hat{r}_{\hat{g}g(m)} - \hat{r}_{\hat{g}g(u)}}{\hat{r}_{\hat{g}g(u)}}$ em que, $\hat{r}_{\hat{g}g(m)}$ e $\hat{r}_{\hat{g}g(u)}$ são as estimativas de acurácia seletiva nas análises multitraits e unitraits, respectivamente.

Para verificar a associação entre os caracteres, foram estimadas as correlações genéticas e residuais por meio das análises multitraits, de acordo com as seguintes expressões (FALCONER; MACKAY, 1996):

$$r_{g(X,Y)} = \frac{\sigma_{gXY}}{\sqrt{\sigma_{gX}^2 \times \sigma_{gY}^2}} \quad r_{e(X,Y)} = \frac{\sigma_{eXY}}{\sqrt{\sigma_{eX}^2 \times \sigma_{eY}^2}}$$

Em que: $r_{g(X,Y)}$ e $r_{e(X,Y)}$ são as correlações genéticas e residuais, respectivamente, entre as características X e Y; σ_{gXY} e σ_{eXY} são as covariâncias genéticas e residuais, respectivamente, entre o desempenho dos clones para as características X e Y; σ_{gX}^2 e σ_{gY}^2 são as variâncias genéticas dos clones para as características X e Y; σ_{eX}^2 e σ_{eY}^2 são as variâncias residuais dos clones para as características X e Y.

2.4 Eficiência da seleção indireta para produção

Com base nos resultados obtidos nas análises conjuntas nas abordagens unitrait e multitrait, selecionou-se os vinte e seis melhores clones (intensidade de seleção de 10%) para ambos os caracteres, para estimação dos seguintes parâmetros:

- I. Ganho genético direto para peso verde e vigor e ganho genético indireto para peso verde com a seleção realizada a partir dos melhores clones selecionados pelo vigor das plantas.

Para as estimativas dos ganhos diretos e indiretos, estimou-se o ganho genético absoluto (GS) por meio da média E-BLUP dos vinte e seis clones selecionados e também o ganho genético relativo (GS%) dividindo-se o ganho absoluto pela média geral;

- II. Correlação classificatória de Spearman entre os E-BLUPs. A significância foi verificada utilizando bootstrap não paramétrico no pacote boot no software R (DAVISON; HINKLEY, 1997; CATHY; RIPLEY, 2017; PEREIRA et al., 2017);
- III. Índice de coincidência (IC %) entre os melhores clones (intensidade de seleção de 10%) das duas características, de acordo com Hamblin e Zimmerman (1986): $IC = \frac{A-C}{B-C} \times 100$, em que: A é o número de clones coincidentes entre os 26 melhores selecionados em cada característica; B é o número de clones selecionados, no caso 26; C é o número de clones selecionados devido ao acaso (neste caso, 10% de B).

Todas as foram realizadas utilizando o software R e Asreml em ambiente R (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2016; BUTLER et al., 2017).

3 Resultados

3.1 Análises Exploratórias

Os valores de herdabilidade e acurácia seletiva foram moderados a altos para as duas características avaliadas, indicando a possibilidade em obter sucesso com a seleção dos melhores clones. Em todos os cortes avaliados, as maiores estimativas desses parâmetros foram para o vigor em ambos métodos de predição. Em geral, houve um incremento nas estimativas desses parâmetros na abordagem multitrait, em especial para peso verde (TABELA 1).

A eficiência relativa da multitrait em relação a unitrait foi maior para peso verde, com as maiores estimativas nos cortes sete e nove e menores nos cortes cinco e oito. Para o vigor, os cortes dois, três, quatro, cinco e nove não apresentaram alterações nas estimativas de acurácia seletiva e/ou estimativa menor na multitrait. Em geral, os incrementos nas estimativas de herdabilidade e acurácia seletiva foram maiores nos cortes com as menores estimativas desses parâmetros (TABELA 1).

Ao observar as estimativas de acurácia seletiva e herdabilidade, nota-se que estas foram reduzindo no decorrer dos cortes para ambos caracteres, com menores estimativas nos três últimos cortes. Nas análises unitraits, os cortes sete e nove apresentaram as maiores diferenças nas estimativas desses parâmetros entre peso verde e vigor, esses cortes também foram os que apresentaram as maiores eficiências com a multitrait, dando um indicativo da importância das estimativas de herdabilidade para a eficiência na multitrait. O quinto corte apresentou a menor

diferença nas estimativas de herdabilidade e acurácia seletiva entre peso verde e vigor, o que pode explicar em partes o fato desse corte ter apresentado o menor incremento com a multitrait para peso verde (TABELA 1).

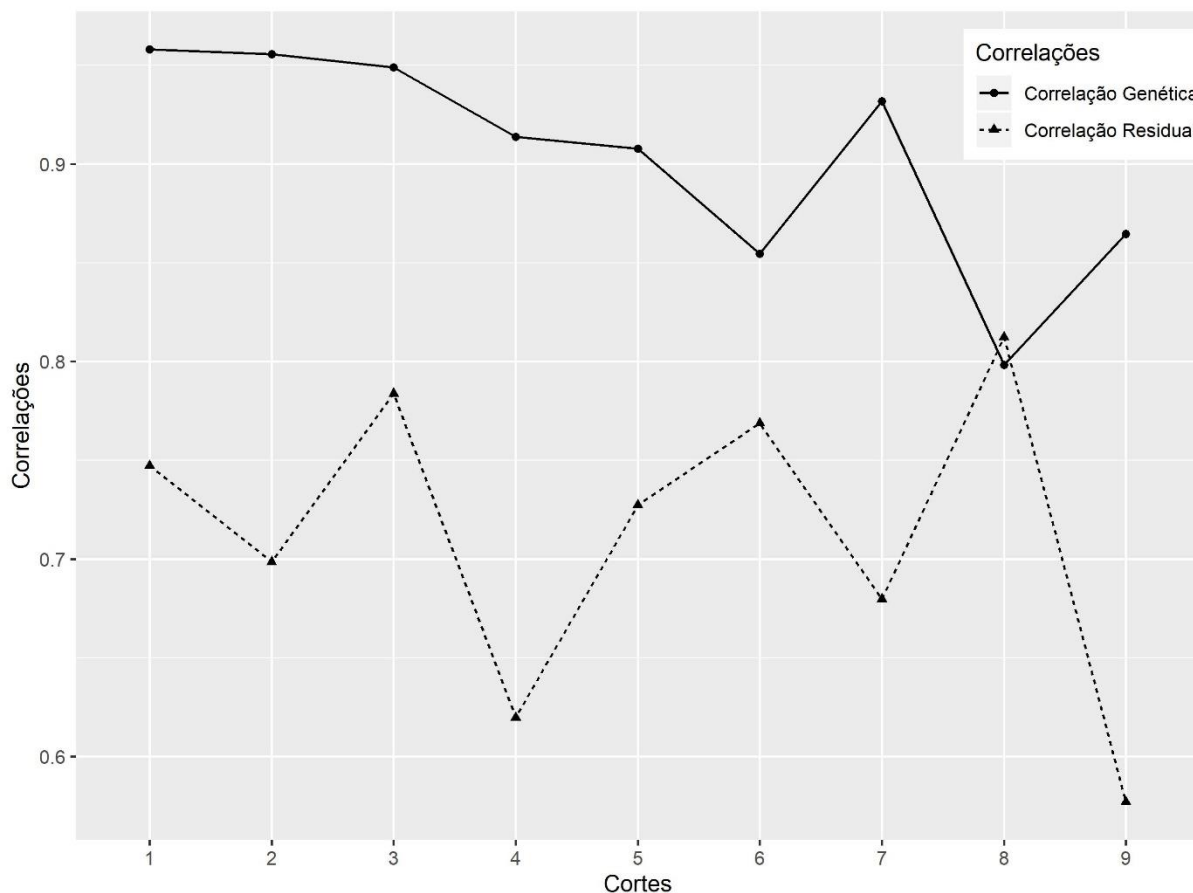
Tabela 1 - Estimativas do peso verde médio (PV), vigor médio das plantas (Vigor), herdabilidade média para peso verde e vigor (h^2), acurácia seletiva para peso verde e vigor ($\hat{r}_{g\bar{g}}$), nas análises unitrait e multitrait e eficiência relativa da multitrait ($Ef(\%)$) ao longo de nove cortes de avaliação.

Corte	Médias Gerais		Unitrait				Multitrait					
			Peso Verde		Vigor		Peso Verde			Vigor		
	PV	Vigor	h^2	$\hat{r}_{g\bar{g}}$	h^2	$\hat{r}_{g\bar{g}}$	h^2	$\hat{r}_{g\bar{g}}$	$Ef(\%)$	h^2	$\hat{r}_{g\bar{g}}$	$Ef(\%)$
1	1696,71	2,51	0,46	0,68	0,52	0,72	0,52	0,72	6,02	0,53	0,73	1,14
2	1087,64	3,12	0,55	0,74	0,69	0,83	0,65	0,80	8,21	0,69	0,83	0,09
3	1666,99	3,02	0,56	0,74	0,66	0,81	0,61	0,78	5,20	0,66	0,81	0,18
4	1124,88	2,72	0,53	0,72	0,62	0,79	0,58	0,76	5,47	0,62	0,78	-0,23
5	1153,98	2,67	0,56	0,75	0,61	0,78	0,59	0,77	2,07	0,62	0,79	0,30
6	1655,07	3,28	0,45	0,67	0,61	0,78	0,50	0,71	5,52	0,62	0,79	0,66
7	1759,34	3,18	0,23	0,48	0,49	0,70	0,42	0,65	35,96	0,50	0,71	1,10
8	1026,46	2,73	0,36	0,60	0,45	0,67	0,38	0,61	2,31	0,46	0,68	1,46
9	1186,12	3,06	0,29	0,54	0,56	0,74	0,43	0,66	21,63	0,56	0,75	0,31

Fonte: Do autor (2019).

As correlações genéticas entre as características foram positivas e de alta magnitude em todos os cortes, variando de 80% a 96%, o que indica a existência de boa associação entre os caracteres. As maiores estimativas foram nos três primeiros cortes e a menor no oitavo corte. As correlações residuais foram positivas, variando de 58% a 81%, evidenciando que o ambiente influenciou igualmente nos caracteres. O corte oito apresentou a menor diferença entre as estimativas de correlação genética e residual, sendo a correlação residual superior a genética. Além disso, houve uma baixa melhora nas estimativas de herdabilidade e acurácia seletiva por meio da multitrait para peso verde, apresentando a menor eficiência relativa, já para o vigor, demonstrou a melhor eficiência relativa da multitrait. Portanto, os resultados relacionados as correlações genética e residual podem ter impactado no baixo incremento com a multitrait, apesar desse corte apresentar uma das maiores diferenças nas estimativas entre peso verde e vigor em ambos métodos de predição (FIGURA 1).

Figura 1 – Correlação genética e residual entre vigor das plantas e peso verde ao longo dos nove cortes.



Fonte: Do autor (2019).

3.2 Análises Conjuntas

Ao verificar as estruturas de covariância que melhor se ajustaram aos dados nas análises unitraits, verificou-se que as estruturas foram as mesmas para ambos caracteres, sendo a matriz Antedependência (ANTE) para os efeitos residuais e Auto-regressivo de primeira ordem heterogêneo (AR1H) para os efeitos genéticos. Na análise multitrait o modelo que melhor se ajustou aos dados foi com a estrutura Auto-regressivo de primeira ordem (AR1) para os efeitos genéticos e residuais. Esses resultados demonstram a importância em verificar quais estruturas melhor se ajustam aos dados uma vez que os resultados podem mudar de acordo com as características e com o conjunto de dados (TABELA 2).

Tabela 2 - Resumo das estruturas de variância-covariância com valor do ajustamento (BIC) e valor da verossimilhança (logREML) para peso verde e vigor nas análises unitraits e na multitraits.

Característica	Modelo	BIC	logREML
Peso Verde	ANTE(R) AR1H(G)	86277,81	-43016,00
Vigor	ANTE(R) AR1H(G)	-907,71	576,76
Multitrait	AR1(R) AR1(G)	83705,99	-41800,90

ANTE: Antependência; AR1H: Auto-regressivo de primeira ordem heterogêneo; AR1: Auto-regressivo de primeira ordem.

Fonte: Do autor (2019).

As estimativas de herdabilidade média e acurácia seletiva para peso verde foram inferiores às obtidas para vigor nas análises unitraits e multitraits. Ao comparar os dois métodos de predição, a análise multitrait proporcionou um incremento nas estimativas desses parâmetros para ambos caracteres, em especial para peso verde onde a eficiência da multitrait em relação a unitraits foi de 8,47%. A correlação genética entre os caracteres foi positiva e de alta magnitude, demonstrando que um aumento no vigor das plantas implicará em aumento no peso verde. A correlação residual foi positiva, evidenciando que o ambiente influenciou igualmente nos caracteres (TABELA 3).

Tabela 3 - Média geral (MG) do peso verde (PV) e vigor das plantas (Vigor), correlação genética (r_g) e residual (r_e) entre os caracteres, herdabilidade média para peso verde e vigor (h^2), acurácia seletiva para peso verde e vigor ($\hat{r}_{g\hat{g}}$) nas análises conjuntas unitraits e multitraits e eficiência relativa da multitrait ($Ef(\%)$).

Características	MG	r_g	r_e	Unitrait		Multitrait		
				h^2	$\hat{r}_{g\hat{g}}$	h^2	$\hat{r}_{g\hat{g}}$	$Ef(\%)$
PV	1373,70	0,96	0,54	0,63	0,80	0,76	0,87	8,47
Vigor	2,92			0,72	0,85	0,78	0,88	4,28

Fonte: Do autor (2019).

Ao observar as estimativas de ganhos genéticos diretos e indiretos nota-se que a abordagem multitrait foi superior a unitraits para ambos caracteres. O maior incremento foi para peso verde, com um aumento de 29,56 gramas na estimativa de ganho direto (TABELA 4).

O ganho obtido com a seleção direta para peso verde foi superior ao obtido com a seleção indireta nos dois métodos de predição, contudo, a seleção com base no vigor proporcionou significativos ganhos para peso verde, confirmando assim, a correlação genética positiva existente entre os caracteres. Na multitrait, a diferença entre ganho direto e indireto foi

menor. Além disso, o ganho indireto para peso verde foi superior ao ganho direto na unitrait, demonstrando maior eficiência dessa abordagem, com estimativas mais acuradas e realistas, condizendo assim com os resultados encontrados nas estimativas de herdabilidade e acurácia seletiva (TABELA 4).

Tabela 4 – Estimativas de ganhos genéticos absolutos (GS) e relativos (GS%) diretos e indiretos nas análises unitraits e multitrait para peso verde e vigor das plantas.

Ganho genético	Unitrait			Multitrait		
	Direto		Indireto	Direto		Indireto
	PV	Vigor	PV	PV	Vigor	PV
GS	353,86	0,51	278,12	383,22	0,57	369,31
GS(%)	25,76	17,58	20,25	27,90	19,35	26,88

Fonte: Do autor (2019).

A correlação classificatória de Spearman entre os E-BLUPs para peso verde e vigor nas abordagens unitrait e multitrait variou de 87% a 99%. A menor estimativa desse parâmetro foi entre peso verde e vigor nas análises unitraits e a maior entre peso verde e vigor na multitrait, corroborando assim com os resultados do ganho genético indireto, uma vez que a estimativa de ganho indireto foi maior e a diferença entre ganho direto e indireto foi menor na multitrait. Todas as correlações apresentaram significância pelo bootstrap não paramétrico (TABELA 5).

O índice de coincidência entre os melhores clones variou de 44% a 83%. A coincidência entre os melhores clones para peso verde e vigor foi de 44% na abordagem unitrait, coincidindo treze clones entre os melhores para ambos caracteres. Na abordagem multitrait o índice de coincidência foi de 74%, coincidindo vinte clones (TABELA 5).

Tabela 5 - Correlação de Spearman entre os E-BLUPs e índice de coincidência (IC %) entre os melhores clones para produção de biomassa verde e vigor das plantas nas análises unitraits e multitrait.

	Pvuni	Vigoruni	Pvmulti	Vigormulti
Pvuni	1	0,87*	0,94*	0,90*
Vigoruni	44,44	1	0,95*	0,98*
Pvmulti	70,08	65,81	1	0,99*
Vigormulti	44,44	82,91	74,36	1

* significância por meio do bootstrap não paramétrico.

Fonte: Do autor (2019).

As maiores coincidências e correlações entre os E-BLUPs dos caracteres foi na análise multitraít. Esses resultados condizem com os encontrados para ganho direto e indireto, uma vez que a diferença entre ganho direto e indireto foi menor na multitraít, demonstrando assim ser uma melhor opção para a seleção indireta e também para a seleção direta uma vez que as estimativas de ganho genético absoluto e relativo foram superiores nessa abordagem.

4 Discussão

Os programas de melhoramento de *U. ruziziensis* tem buscado o lançamento de novas cultivares com elevada produtividade e qualidade de forragem, possibilitando um aumento na área plantada com a espécie, por apresentar grande potencial de pastagem devido à elevada qualidade nutricional e boa relação folha/colmo (SOUZA SOBRINHO; LÉDO; KOPP, 2011). A utilização da seleção indireta para produção de forragem por meio de notas de vigor pode ser uma importante ferramenta nos programas de melhoramento, maximizando os ganhos e minimizando o tempo e custo.

A acurácia seletiva é uma importante ferramenta aos melhoristas, uma vez que ela corresponde a correlação entre os valores fenotípicos com os valores genéticos, sendo um importante apontador da confiabilidade do valor fenotípico como indicador do valor genotípico. Assim, quanto maior a correlação, melhor é o critério como um preditor dos valores genéticos, sendo considerada, portanto, uma medida da precisão experimental e um importante indicante da confiança que os melhoristas possuem para a seleção (FALCONER, 1987; FALCONER; MACKAY, 1996; RESENDE; DUARTE, 2007).

Ao utilizar ambos os métodos de predição, unitrait e multitraít, foi possível observar a presença de variabilidade genética entre os clones e valores moderados a altos para herdabilidade e acurácia seletiva para ambos os caracteres, indicando moderada a alta precisão e uma boa confiabilidade na seleção dos clones superiores, refletindo assim no progresso genético ao longo dos ciclos de seleção (RESENDE et al., 2002; RESENDE; DUARTE, 2007). As menores estimativas desses parâmetros foram para peso verde e podem ser decorrentes da grande influência do ambiente nessas estimativas, no qual a herança genética é complexa, pouco conhecida e frequentemente poligênica (VALLE; JANK; RESENDE, 2009).

Em *U. ruziziensis*, Teixeira et al. (2019) observaram estimativas de herdabilidade para produção de biomassa verde variando de 0,31 e 0,63 com duas e quatro avaliações, em experimento em blocos aumentados e látice, respectivamente. Em outras espécies do gênero, tais como *U. decumbens*, a produção de massa verde e seca possui estimativas moderadas a

elevadas, oscilando entre 0,52 a 0,79, (FIGUEIREDO; NUNES; VALLE, 2012; MATEUS et al., 2015; MATIAS et al., 2016). Em *U. brizantha* Basso et al. (2009) observaram estimativas oscilando entre 0,64 a 0,73 para seis avaliações e entre 0,78 a 0,84 com doze avaliações, período considerado como ideal para realizar a seleção de genótipos superiores para a cultura segundo os autores. Já em híbridos de *U. ruziziensis* e *U. brizantha*, Resende et al. (2007) verificaram estimativas oscilando entre 0,37 e 0,52. Portanto, os resultados encontrados nesse trabalho estão de acordo com os descritos na literatura para as diferentes espécies do gênero *Urochloa*.

Para se obter ganhos com a seleção indireta para peso verde, é necessário a existência de correlação genética entre os caracteres, essa correlação pode ser decorrente da pleiotropia e/ou ligação dos genes que controlam os caracteres (FALCONER; MACKAY, 1996). As avaliações de critérios visuais, como vigor das plantas, têm apresentado uma boa associação com o peso verde e peso seco (MITTELMANN; BUCHWEITZ; GOULART, 2006; BASSO et al., 2009; RIDAY, 2009; BORGES et al., 2012). As avaliações do vigor, podem sofrer uma menor influência ambiental, são de fácil atribuição, simples e rápidas de avaliar e altamente correlacionada com peso verde, sendo portanto, uma alternativa interessante para possibilitar a seleção indireta para produção de forragem (MITTELMANN; BUCHWEITZ; GOULART, 2006; DOS SANTOS et al., 2018). Portanto, os resultados encontrados nesse trabalho corroboram com os descritos nas literaturas com altas estimativas de correlações genéticas entre os caracteres, indicando a possibilidade de ganhos para produção com a seleção a partir do vigor das plantas, como pode ser constatado nas estimativas de ganho indireto.

A seleção indireta para produção de biomassa verde por meio do vigor se mostrou eficiente em função dos ganhos genéticos obtidos e também por maximizar a acurácia preditiva, em especial ao considerar a abordagem multitrait. Além disso, a avaliação visual para produção é um método rápido, de baixo custo e não destrutivo (COSTA et al., 2009), possibilitando a avaliação de um maior número de genótipos. Portanto, uma alternativa para o uso eficiente desses critérios nos programas de melhoramento de forrageiras, seria a combinação da estimativa visual e da amostragem direta, em que algumas amostras são cortadas para verificar a eficiência da seleção visual (COSTA et al., 2009; EDVAN et al., 2016). Para isso, uma alternativa seria a avaliação mais branda por meio do vigor, permitindo a seleção de um maior número de clones, seguida de uma seleção mais rígida a partir da produção de biomassa verde, aferida somente nos melhores genótipos e não em toda população.

O vigor como critério de seleção para produção de biomassa verde pode ser uma estratégia útil nas fases iniciais dos programas de melhoramento, momento em que se avalia

elevado número de genótipos. Teixeira et al. (2019) constataram que, apesar dos ganhos com a seleção para produção de biomassa verde serem superiores ao utilizar a seleção por meio do BLUP em detrimento da seleção visual, a seleção visual por meio do vigor mostrou eficiência moderada a alta em relação a utilização da média fenotípica e do BLUP. Os autores verificaram que a medida que aplicou-se uma intensidade de seleção mais baixa a coincidência entre os métodos foi maior. Portanto, as avaliações por meio do vigor podem ser empregadas nas etapas iniciais e as avaliações diretas para produção seriam realizadas nas etapas finais dos programas de melhoramento.

A eficiência da seleção visual pode estar relacionada a diversos fatores, incluindo, a herdabilidade, o número de parcelas e repetições, assim como a cultura que está sendo melhorada, além da subjetividade, experiência prévia e o percentual de concordância dos avaliadores, sendo portanto, o treinamento destes indispensável para o emprego da seleção visual no melhoramento de plantas (PEDREIRA, 2002; COSTA et al., 2009; EDVAN et al., 2016). Outro importante aspecto relacionado a eficiência da seleção visual é o número ótimo de avaliadores para proceder as avaliações. Segundo Fonseca (2017) a eficiência da nota para fins de seleção para produção de massa verde em *U. ruziziensis* aumenta a medida que o número de avaliadores aumenta, sendo recomendado o emprego de três avaliadores para fins de otimização da seleção por meio de notas de vigor.

A abordagem multitrait demonstrou ser uma importante ferramenta para maximizar os ganhos genéticos e as estimativas de herdabilidade e acurácia seletiva. Essa abordagem usa as correlações genéticas e residuais entre as características nas estimações na predição dos valores genéticos, portanto, a eficiência do método pode estar relacionada a correlação existente entre as características e as estimativas de herdabilidade (BAUER; LÉON, 2008; PIEPHO et al., 2008; VIANA et al., 2010; BALESTRE et al., 2013; MENDONCA et al., 2016; ALVES et al., 2018; EMATNÉ et al., 2018).

Segundo Piepho et al. (2008) e Balestre et al. (2013) a abordagem multitrait é mais vantajosa quando as características são altamente correlacionadas e também quando as características apresentam herdabilidade de baixa a moderada. Em contrapartida, segundo Bauer; Léon (2008) e Viana et al. (2010) a vantagem da abordagem multitrait poderá ser maior quando as características são negativamente correlacionadas, uma vez que a seleção baseada na análise multitrait deverá proporcionar oportunidades de ganho simultâneo em ambas as características, proporcionando maiores ganhos com a seleção. Assim, quando às estimativas de herdabilidade são semelhantes, as características favoravelmente correlacionadas e valores

semelhantes de correlação genética e residual, a adoção do modelo multivariado pode não fornecer um aumento na acurácia preditiva dos valores genéticos, com predições semelhantes entre os dois métodos, não justificando assim sua adoção (BAUER; LÉON, 2008; VIANA et al., 2010; VOLPATO et al., 2019) .

Apesar dos ganhos genéticos indiretos terem sido inferiores ao ganho direto, ao utilizar o BLUP multitrait para predição dos valores genéticos e a estimação dos ganhos, notou-se que a seleção com base no vigor foi superior a seleção direta para peso verde na unitrait. Portanto, a utilização das notas de vigor na predição dos valores genéticos de peso verde demonstrou ser uma eficiente estratégia, devido a correção dos valores genéticos pela covariância entre os caracteres e pode ser utilizada até mesmo nas etapas finais do programa de melhoramento, podendo fornecer um aumento na acurácia preditiva dos valores genéticos, maximizando assim, os ganhos no decorrer do programa.

5 Conclusão

O vigor das plantas demonstrou uma boa associação genética com o peso verde, sendo uma ferramenta útil nos programas de melhoramento de *U. ruziziensis* para a seleção indireta para peso verde, especialmente nas etapas iniciais dos programas de melhoramento.

A análise multitrait proporcionou uma maximização dos ganhos genéticos e da acurácia seletiva, demonstrando ser mais eficiente e informativa que a análise unitrait com relação ao vigor e peso verde, podendo ser empregada nos programas de melhoramento de *U. ruziziensis*.

6 Referências Bibliográficas

ALMEIDA FILHO, J. E. et al. Multi-trait BLUP model indicates sorghum hybrids with genetic potential for agronomic and nutritional traits. **Genetics and Molecular Research**, v.15, n. 1, 2016.

ALVES, R. S. et al. Multiple-trait BLUP: a suitable strategy for genetic selection of Eucalyptus. **Tree Genetics and Genomes**, v. 14, n. 5. p. 77, 2018.

ANDRADE, V. T. et al. Statistical modeling implications for coffee progenies selection. **Euphytica**, v. 207, n. 1, p. 177–189, 2016.

BALESTRE, M. et al. Applications of multi-trait selection in common bean using real and simulated experiments. **Euphytica**, v. 189, n. 2, p. 225-238, 2013.

BALSALOBRE, T. W. A. et al. Mixed modeling of yield components and brown rust resistance in sugarcane families. **Agronomy Journal**, v. 108, n. 5, p. 1824–1837, 2016.

- BASSO, K. C. et al. Avaliação de acessos de *Brachiaria brizantha* stapf e estimativas de parâmetros genéticos para caracteres agronômicos. **Acta Scientiarum Agronomy**, v. 31, n. 1, p. 17-22, 2009.
- BAUER, A. M.; LÉON, J. Multiple-trait breeding values for parental selection in self-pollinating crops. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 116, n. 2, p. 235-242, 2008.
- BORGES, V. et al. Associação entre caracteres e análise de trilha na seleção de progênes de meios-irmãos de *Brachiaria uziziensis*. **Revista Ceres**, v. 58, n.6, p. 765-772, 2012.
- BOWMAN, D. T. et al. Visual Selection for Yield in Cotton Breeding Programs. **The Journal of Cotton Science**, v. 8, p. 62-68, 2004.
- BUTLER, D. G. et al. **ASReml-R Reference Manual Version 4**. VSN International Ltd Hemel Hempstead, 2017.
- CATHY, A.; RIPLEY, B. **Boot: Bootstrap R (S-Plus) functions. R package version 1.3-CRAN R Project**, 2017.
- CECON, P. R. et al. Análise de medidas repetidas na avaliação de clones de café “Conilon”. **Pesquisa Agropecuaria Brasileira**, v. 43, n. 9, p. 1171–1176, 2008.
- COSTA, B. M. da; et al. Estimativa da produção de forragem em pastagem de *Brachiaria decumbens*. **Archivos de zootecnia**, v. 58, n. 221, p. 141–144, 2009.
- CULLIS, B. R. et al. On the design of early generation variety trials with correlated data. **Journal of Agricultural, Biological, and Environmental Statistics**, v. 11, n. 4, p. 381–393, 2006.
- DAVISON, A. C.; HINKLEY, D. V. **Bootstrap Methods And Their Application**. Cambridge: Cambridge University Press, 1997.
- DE FAVERI, J. et al. Statistical methods for analysis of multi-harvest data from perennial pasture variety selection trials. **Crop and Pasture Science**, v. 66, n. 9, p. 947–962, 2015.
- DOS SANTOS, I. G. et al. Direct, indirect and simultaneous selection as strategies for alfalfa breeding on forage yield and nutritive value. **Pesquisa Agropecuaria Tropical**, v. 48, n. 2, 2018.
- EDVAN, R. et al. Methods for estimating forage mass in pastures in a tropical climate. **Revista de Ciências Agrárias**, v. 39, n. 1, p. 36-45, 2016.
- EMATNÉ, H. J. et al. Genetic progress in popcorn recurrent selection by a multivariate mixed-model approach. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 42, n. 2, p. 159–167, mar. 2018.
- FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa, MG: Editora UFV, 1987.
- FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to Quantitative Genetics**. 4. ed. London: Pearson, 1996.

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

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

HAMBLIN, J.; ZIMMERMAN, M. J. O. Breeding common bean for yield mixtures. **Plant Breeding Reviews**, Westport, v. 4, p. 245-272, 1986.

HENDERSON, C. R. Best Linear Unbiased Estimation and Prediction under a Selection Model. **Biometrics**, v. 31, n. 2, p. 423, 1975.

HENDERSON, C. R. **Applications of linear models in animal breeding**. 1984.

HU, X.; SPILKE, J. Variance-covariance structure and its influence on variety assessment in regional crop trials. **Field Crops Research**, v. 120, n. 1, p. 1-8, 2011.

KELLY, A. M. et al. The accuracy of varietal selection using factor analytic models for multi-environment plant breeding trials. **Crop Science**, v. 47, n. 3, p. 1063-1070, 2007.

MATEUS, R. G. et al. Genetic parameters and selection of *Brachiaria decumbens* hybrids for agronomic traits and resistance to spittlebugs. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 15, p. 227-234, 2015.

MATIAS, F. I. et al. Estimate of genetic parameters in *Brachiaria decumbens* hybrids. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 16, p. 115-122, 2016.

MENDONÇA, L. F. et al. Accuracy and simultaneous selection gains for grain yield and earliness in tropical maize lines. **Maydica**, v. 61, n. 3, 2016.

MITTELMANN, A.; BUCHWEITZ, E. D.; GOULART, E. S. Indirect selection of forage yield in *Italian ryegrass*. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 6, p. 104-106, 2006.

PASTINA, M. M. et al. A mixed model QTL analysis for sugarcane multiple-harvest-location trial data. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 124, n. 5, p. 835-849, 2012.

PATTERSON, H. D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrika**, v. 58, n. 3, p. 545–554, 1971.

PEDREIRA, C. G. S. Avanços metodológicos na avaliação de pastagens. In: **Anais 39º REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA**. Refice, 2002.

PEREIRA, F. et al. Implications of the population effect in the selection of soybean progeny. **Plant Breeding**, v. 135, n. 5, p. 679-687, 2017.

PESSOA-FILHO, M. A. A. P. et al. Genetic diversity and structure of ruzigrass germplasm collected in Africa and Brasil. **Crop Science**, v. 55, n. 6, p. 2736-2745, 2015.

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

R DEVELOPMENT CORE TEAM. R: A Language and Environment for Statistical Computing. **R Foundation for Statistical Computing**, 2016.

RESENDE, R. M. S. et al. Estimaco de parmetros genticos e predico de valores genotpicos de cruzamentos interespecficos em *Brachiaria*. In: Reunio Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia. 39., 2002, Recife. **Resumos...** Recife:SBZ, 2002.

RESENDE, M. D. V. de; DUARTE, J. B. Preciso e controle de qualidade em experimentos de avaliao de cultivares. **Pesquisa Agropecuria Tropical (Agricultural Research in the Tropics)**, v. 37, n. 3, p. 182–194, 2007.

RESENDE, M. D. V. de. **Matemtica e estatstica na anlise de experimentos e no melhoramento gentico**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 561 p.

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

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

SANTOS, H. G. dos et al. **Sistema Brasileiro de Classificao de Solos**. 5. ed. Brallia, DF: Embrapa, 2006.

SCHWARZ, G. Estimating the Dimension of a Model. **The Annals of Statistics**, v. 6, n. 2, p. 461–464, 1978.

SILVA, G. M. da et al. Avaliao de forrageiras tropicais: Reviso. **Publicao em Medicina Veterinria e Zootecnia**, v. 10, n. 3, p. 190–196, 2016.

SIMEO, R. et al. Genetic evaluation and selection index in tetraploid *Brachiaria ruziziensis*. **Plant Breeding**, v. 135, n. 2, p. 246–253, 2016.

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.

SORIANO, V. de S. et al. Produo animal e vegetal em pastagem de *Cynodon* manejada sob diferentes ofertas de forragem por ovinos de dois grupos genticos. **Cincia Rural**, v. 43, n. 1, p. 145–150, 4 dez. 2012.

SOUZA SOBRINHO, F. de S. et al. Produtividade e qualidade da forragem de *Brachiaria* na Regio Norte Fluminense. **Pesquisa Aplicada & Agrotecnologia**, v. 2, n. 3, 2009.

SOUZA SOBRINHO, F. S. et al. Repetibilidade de caractersticas agronmicas e nmero de cortes necessrios para seleo de *Urochloa ruziziensis*. **Pesquisa Agropecuria Brasileira**, v. 45, n. 6, p. 579–584, 2010.

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

SOUZA SOBRINHO, F. et al. Melhoramento genético de *Brachiaria ruziziensis*: histórico e estratégias. In: **Tópicos especiais em Ciência Animal IV.1** ed. Alegre : CAUFES, v.1, p. 309-329, 2016.

TEIXEIRA, D. H. L. et al. Visual selection of *Urochloa ruziziensis* genotypes for green biomass yield. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 42, 2019.

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

VIANA, J. M. S. et al. Multi-trait BLUP in half-sib selection of annual crops. **Plant Breeding**, v. 129, n. 6, p. 599-604, 2010.

VOLPATO, L. et al. Multi-trait multi-environment models in the genetic selection of segregating soybean progeny. **PLOS ONE**, v. 14, n. 4, 2019