

**PROSPECÇÃO DE GENÓTIPOS DE CAPIM-ELEFANTE PARA FINS
ENERGÉTICOS COM BASE EM ANÁLISE MULTIVARIADA E
MODELOS MISTOS**

ANA KESIA FARIA VIDAL

**UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE
DARCY RIBEIRO – UENF**

**CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ
FEVEREIRO - 2022**

**PROSPECÇÃO DE GENÓTIPOS DE CAPIM-ELEFANTE PARA FINS
ENERGÉTICOS COM BASE EM ANÁLISE MULTIVARIADA E
MODELOS MISTOS**

ANA KESIA FARIA VIDAL

Tese apresentada ao Centro de Ciências e
Tecnologias Agropecuárias da Universidade
Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro,
como parte das exigências para obtenção do
título de Doutora em Genética e Melhoramento
de Plantas.

Orientador: Prof. Rogério Figueiredo Daher

CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ
FEVEREIRO - 2022

FICHA CATALOGRÁFICA

UENF - Bibliotecas

Elaborada com os dados fornecidos pela autora.

V648

Vidal, Ana Kesia Faria.

Prospecção de genótipos de capim-elefante para fins energéticos com base em análise multivariada e modelos mistos / Ana Kesia Faria Vidal. - Campos dos Goytacazes, RJ, 2022.

79 f.

Bibliografia: 52 - 67.

Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, 2022.

Orientador: Rogerio Figueiredo Daher.

1. melhoramento de plantas. 2. bioenergia. 3. recursos genéticos. 4. *Pennisetum purpureum Schumach.*. I. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. II. Título.

CDD - 631.5233

PROSPECÇÃO DE GENÓTIPOS DE CAPIM-ELEFANTE PARA FINS
ENERGÉTICOS COM BASE EM ANÁLISE MULTIVARIADA E
MODELOS MISTOS

ANA KESIA FARIA VIDAL

“Tese apresentada ao Centro de Ciências e
Tecnologias Agropecuárias da Universidade
Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro,
como parte das exigências para obtenção do
título de Doutora em Genética e Melhoramento
de Plantas.”

Aprovada em 14 de fevereiro de 2022.

Comissão Examinadora:



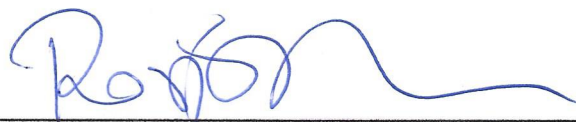
Prof.^a Verônica Brito da Silva (D.Sc., Genética e Melhoramento de Plantas) - UFPI



Prof. Geraldo de Amaral Gravina (D.Sc., Produção Vegetal) - UENF



Prof. Marcelo Vivas (D.Sc., Genética e Melhoramento de Plantas) - UENF



Prof. Rogério Figueiredo Daher (D.Sc., Produção Vegetal) - UENF
(Orientador)

DEDICATÓRIA

Dedico a Deus, pois dele, por ele e para ele são todas as coisas.

A ele seja a glória para sempre! Amém.

Romanos 11:36

AGRADECIMENTOS

À Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, pela formação.

Ao meu orientador e amigo, Professor Dr. Rogério Figueiredo Daher, pela oportunidade que me deu de desenvolver este trabalho, por dedicar parte do seu tempo para me ajudar, pelo incentivo, pela dedicação, pela confiança e pela amizade ao longo deste trajeto.

Aos membros de banca, pelo aceite para participar da minha banca e por todas as valiosas contribuições.

Aos professores do Programa que sempre se dedicaram em passar seus conhecimentos com entusiasmo e amor, pelas trocas de conhecimento e experiências, que foram tão importantes para a minha vida acadêmica.

Ao secretário do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, José Daniel Valle de Almeida, pela paciência, carinho e amizade, por sempre nos receber com um sorriso no rosto e presteza para sanar todas as nossas dúvidas.

Aos Técnicos de Campo da PESAGRO, por toda a ajuda durante as avaliações do experimento e pela amizade que construímos ao longo desta trajetória, por todo carinho recebido e interesse constante em me ajudar.

À equipe de alunos do capim-elefante, por toda ajuda na coleta de dados no campo, pela amizade e momentos de descontração. Um agradecimento

especial aos queridos amigos e pós-doutorandos do grupo, Moisés Ambrósio e Grasiela Santana, por toda ajuda com as análises deste trabalho.

Agradeço a minhas filhas Helena e Manuela, por me incentivarem todos os dias a ser uma pessoa melhor, por me apresentarem o maior amor do mundo. Vocês me ensinam, me motivam e me dão forças. Mamãe ama muito vocês!

Agradeço à minha mãe por superar todas as dificuldades da vida e por ser meu exemplo. Foi graças a você que me tornei o que sou hoje. Obrigada por cada incentivo e por ter sempre colocado a educação em primeiro lugar.

Ao Rafael, por estar comigo em todos os momentos, me apoiar em cada decisão difícil, chorar e rir junto comigo. Te agradeço por ser o pai dos nossos maiores tesouros. Me orgulho imensamente por te ter escolhido para ser meu companheiro de vida e pai das nossas filhas. Obrigada por tudo!

Às minhas irmãs Mariana e Juliana, por serem minhas melhores amigas e em todos os momentos que puderam estar juntos me proporcionaram muita felicidade. Obrigada pelo apoio, incentivo, amizade e amor. Estamos juntas desde sempre e pretendo que fiquemos assim.

À minha amiga Kaysa Lacerda, que esteve comigo no momento que mais precisei de ajuda durante a realização deste doutorado, me ajudando, apoiando, sendo mais que uma amiga, uma irmã. Minha eterna gratidão.

A todos os demais que de forma direta ou indireta contribuíram para a realização deste sonho, meu muito obrigada!

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001.

SUMÁRIO

RESUMO	vi
ABSTRACT	viii
1. INTRODUÇÃO	1
2. OBJETIVOS	4
2.1. Objetivo geral	4
2.2. Objetivos específicos.....	4
3. CAPITULOS.....	5
3.1. DIVERSIDADE GENÉTICA EM GENÓTIPOS DE CAPIM-ELEFANTE USANDO AGRUPAMENTO HIERÁRQUICO COM BASE EM COMPONENTES PRINCIPAIS	5
3.1.1. INTRODUÇÃO.....	5
3.1.2. REVISÃO DE LITERATURA.....	7
3.1.2.1. Aspectos gerais da cultura do capim-elefante.....	7
3.1.2.2. Melhoramento genético do capim-elefante para fins energéticos da UENF.....	8
3.1.2.3. Análise multivariada	10
3.1.3. MATERIAL E MÉTODOS.....	13
3.1.3.1. Caracterização da área experimental.....	13
3.1.3.2. Obtenção das progênies	14
3.1.3.3. Implantação e condução do experimento.....	15
3.1.3.4. Características avaliadas	16

3.1.3.5. Análises estatísticas.....	16
3.1.4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	18
3.1.5. CONCLUSÕES.....	27
3.2. ESTIMATIVAS DE REPETIBILIDADE E PREDIÇÃO DE GANHOS GENÉTICOS ENTRE E DENTRO DE FAMÍLIAS DE MEIOS-IRMÃOS DE CAPIM-ELEFANTE PARA FINS ENERGÉTICOS VIA MODELOS MISTOS ...	28
3.2.1. INTRODUÇÃO.....	28
3.2.2. REVISÃO DE LITERATURA.....	30
3.2.2.1. Seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos	30
3.2.2.2. Parâmetros genéticos no melhoramento do capim-elefante	32
3.2.2.3. Modelos mistos no melhoramento genético de plantas.....	34
3.2.3. MATERIAL E METODOS.....	36
3.2.3.1. Caracterização da área experimental.....	36
3.2.3.2. Obtenção das progênes	38
3.2.3.3. Implantação e condução do experimento.....	39
3.2.3.4. Características avaliadas	39
3.2.3.5. Análises via modelos mistos	40
3.2.4. RESULTADOS E DISCUSSÕES.....	42
3.2.5. CONCLUSÕES.....	51
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	52

RESUMO

VIDAL, Ana Kesia Faria; D.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; fevereiro de 2022; PROSPECÇÃO DE GENÓTIPOS DE CAPIM-ELEFANTE PARA FINS ENERGÉTICOS COM BASE EM ANÁLISE MULTIVARIADA E MODELOS MISTOS; Orientador: Prof. Rogério Figueiredo Daher; Conselheiros: Prof. Messias Gonzaga Pereira e Prof. Marcelo Vivas.

A Universidade Estadual do Norte fluminense Darcy Ribeiro (UENF) tem desenvolvido estudos com a cultura do capim-elefante (*Pennisetum purpureum*, *syn. Cenchrus purpureus*), selecionando genótipos especificamente para produção de energia. O capim-elefante é uma espécie que tem grande importância forrageira, porém, nos últimos anos, despontou como uma cultura promissora para produção de energia por apresentar alta produção de biomassa, perenidade, rápido crescimento, ampla adaptação, elevado teor de fibras, alta relação C/N e elevado poder calorífico. Por se tratar de uma planta perene, para o melhoramento da espécie, há um dispêndio de várias etapas, que envolvem desde o desenvolvimento de populações até o lançamento de cultivares e longos ciclos de melhoramento. O presente estudo teve como objetivos avaliar a divergência genética entre genótipos oriundos de famílias de meios-irmãos de capim-elefante e selecionar, via modelos mistos, os genótipos que apresentem características superiores para produção de energia. O experimento foi implantado em uma área experimental pertencente à Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), localizada nas dependências do Centro Estadual de Pesquisas em Agroenergia e Aproveitamento de Resíduos (CEPEAAR), da Estação Experimental

da PESAGRO-RIO, em Campos dos Goytacazes, RJ. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados com três repetições. Foram avaliadas 9 famílias de meios-irmãos e 8 plantas por parcela. No primeiro capítulo, foram feitas uma análise de componentes principais e o agrupamento hierárquico com base em componentes principais (HCPC). As análises aplicadas para obtenção dos componentes e agrupamento foram feitas no software R. No segundo capítulo, foram feitas a análise de deviance, a estimação dos parâmetros genéticos e do coeficiente de repetibilidade e a predição dos ganhos entre e dentro das famílias pela metodologia REML/BLUP. Foi utilizado o modelo 8 do programa computacional SELEGEM - REML/BLUP. De acordo com as análises feitas no primeiro capítulo, o agrupamento hierárquico propiciou a formação de três grupos distintos, sendo os cruzamentos entre os genótipos do grupo 3 aqueles que apresentaram alta produção de matéria seca e altura com genótipos dos grupos 1 e 2, de modo a obter genótipos que têm, além de alta produção de matéria seca, menor número de perfilhos, maior diâmetro de colmo, características desejáveis na cultura visando à produção de biomassa energética. Existe ampla variabilidade dentro das famílias, tendo em vista que todas apresentam genótipos promissores que se agruparam em diferentes grupos. No segundo capítulo, os coeficientes de repetibilidade encontrados com dois cortes de avaliação foram considerados altos, indicando a realização de apenas duas medições para estimar o valor real dos genótipos, com confiabilidade acima de 60% para as características ALT e NP e acima de 80% para PMS. Dezesesseis genótipos foram identificados e selecionados por apresentarem potencial produtivo, sendo eles os genótipos 25, 31, 32, 35 e 37 (família 2), 93 (família 4), 100 (família 5), 132, 138 e 143 (família 6), 195 e 196 (família 8), 206, 208, 211 e 212 (família 9). Esses genótipos podem ser utilizados como genitores nos programas de melhoramento genético do capim-elefante visando à produção de bioenergia.

ABSTRACT

VIDAL, Ana Kesia Faria; D.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; February 2022; PROSPECTING ELEPHANT GRASS GENOTYPES FOR ENERGY PURPOSES BASED ON MULTIVARIATIONAL ANALYSIS AND MIXED MODELS; Advisor: Prof. Rogério Figueiredo Daher; Committee Members: Prof. Messias Gonzaga Pereira and Prof. Marcelo Vivas.

The Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) has developed studies with the culture of elephant grass (*Pennisetum purpureum*, syn. *Cenchrus purpureus*), selecting genotypes specifically for energy production. Elephant grass is a species that has great forage importance, however, in recent years, it has emerged as a promising crop for energy production due to its high biomass production, perenniality, rapid growth, wide adaptation, high fiber content, high C/N and high calorific value. As it is a perennial plant, for the improvement of the species, there is an expenditure of several stages, which involve from the development of populations to the launch of cultivars and long cycles of improvement. The present study aimed to evaluate the genetic divergence between genotypes from half-sib families of elephant grass and to select, via mixed models, the genotypes that present superior characteristics for energy production. The experiment was implemented in an experimental area belonging to the Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), located on the premises of the Centro Estadual de Pesquisas em Agroenergia e Aproveitamento de Resíduos (CEPEAAR), da Estação Experimental da PESAGRO-RIO, in Campos dos Goytacazes, RJ. The experimental design used was randomized blocks with

three replications. Nine half-sib families and eight plants per plot were evaluated. In the first chapter, a principal components analysis and hierarchical clustering based on principal components (HCPC) were performed. The analyzes applied to obtain the components and grouping were carried out in the R software. In the second chapter, the deviance analysis, the estimation of genetic parameters and the repeatability coefficient and the prediction of gains between and within families were carried out by the REML/ BLUP Model 8 of the computer program SELEGEM - REML/BLUP was used. According to the analyzes carried out in the first chapter, the hierarchical grouping allowed the formation of three distinct groups, and the crosses between the genotypes of group 3 were those that showed high production of dry matter and height with genotypes of groups 1 and 2, so to obtain genotypes that have, in addition to high dry matter production, a smaller number of tillers, a larger stem diameter, desirable characteristics in the crop aiming at the production of energetic biomass. There is wide variability within the families, considering that all have promising genotypes that clustered in different groups. In the second chapter, the repeatability coefficients found with two evaluation cuts were considered high, indicating the performance of only two measurements to estimate the real value of the genotypes, with reliability above 60% for the ALT and NP traits and above 80% for PMS. Sixteen genotypes were identified and selected for presenting productive potential, being genotypes 25, 31, 32, 35 and 37 (family 2), 93 (family 4), 100 (family 5), 132, 138 and 143 (family 6), 195 and 196 (family 8), 206, 208, 211 and 212 (family 9). These genotypes can be used as parents in elephant grass genetic improvement programs aimed at producing bioenergy.

1. INTRODUÇÃO

A utilização de combustíveis fósseis tem sido amplamente criticada pelos impactos ambientais por eles provocados. Em virtude disso, assuntos relacionados ao meio ambiente, principalmente o aumento dos níveis de CO₂ atmosférico e o conseqüente impacto no aquecimento global, têm dado força à criação de políticas ambientais que visem à utilização de energias menos agressivas ao meio ambiente.

A XXVI Conferência do Clima (COP 26), realizada em Glasgow, na Escócia em 2021, implementou esforços para redução de emissões de carbono e contenção dos efeitos do aquecimento global. Nesta Conferência, ficou decidido que todos os 198 países que participaram do evento estão obrigados a informar detalhadamente as emissões de gases de efeito estufa (GEE) até 2024, permitindo elaborar planos de redução efetivos. Entre as formas para redução das emissões de CO₂ abordadas na COP, está a utilização de bioenergia (Ryan e Rothman, 2021).

Levando em consideração o clima, o Brasil apresenta grande potencial para utilização de matrizes energéticas renováveis, sendo a utilização da biomassa como fonte de energia uma das alternativas que melhor contemplam a vocação natural do Brasil. O Brasil é o país com melhor localização geográfica e condições climáticas para esta finalidade, porém seu uso está aquém do seu potencial produtivo (Escobar e Coelho, 2013).

O capim-elefante (*Pennisetum purpureum*, syn. *Cenchrus purpureus*) é uma espécie de capim tropical perene com ampla variação fenotípica em relação às características botânicas e à importância como forrageira (Vidal et al., 2021).

Nos últimos anos, esta cultura despontou como promissora para produção de energia por apresentar alta produção de biomassa, perenidade, rápido crescimento, ampla adaptação, elevado teor de fibras, alta relação C/N e elevado poder calorífico. Podendo ser utilizado para abastecer caldeiras, serve como matéria-prima de etanol celulósico, chamado de 2ª geração, além de se transformar em lenha ecológica (Chies, 2008; Fontoura et al., 2015; Rocha et al., 2015; Vidal et al., 2017).

Apesar de todas as suas potencialidades, o maior desafio para os melhoristas é a obtenção de cultivares que sejam selecionadas especificamente para produção de energia, tendo em vista que as características desejáveis para esta função são totalmente diferentes daquelas desejáveis para alimentação animal. Neste âmbito, o melhoramento genético vegetal, quando bem conduzido, apoiado e direcionado para a busca de resultados práticos, é uma das melhores alternativas para o desenvolvimento de novas cultivares.

Neste sentido, vale destacar a importância do Programa de Melhoramento Genético do Capim-Elefante na UENF, que vem sendo conduzido desde 2007, tendo por objetivo desenvolver genótipos adaptados às condições edafoclimáticas da região Norte Fluminense, voltados tanto para produção animal como para produção de energia (Lima et al., 2011; Rossi et al., 2014; Daher et al., 2014; Menezes et al., 2014; Oliveira, et al., 2014; Santos et al., 2014, Rocha, et al., 2015; Sousa et al., 2016; Freitas et al., 2018; Silva et al., 2020; Gravina et al., 2020; Vidal et al., 2022).

Porém, por se tratar de uma planta perene, para o melhoramento da espécie, há um dispêndio de várias etapas, que envolvem desde o desenvolvimento de populações até o lançamento de cultivares e longos ciclos de melhoramento. Diante disso, o melhoramento genético do capim-elefante deverá considerar o uso de novos critérios de seleção e a exploração da variabilidade existente na própria espécie (Pereira et al., 2018).

O procedimento de seleção de materiais genéticos que apresentem respostas favoráveis ao maior número de características de interesse com eficiência é muito importante para os programas de melhoramento. Dessa forma, técnicas de análises multivariadas possibilitam ao melhorista apontar os genótipos potenciais para serem utilizados em cruzamentos nos programas de melhoramento genético, facilitando, conseqüentemente, a seleção de materiais promissores, indicando quais genótipos que sob seleção proporcionam a maior magnitude de ganhos genéticos para as características de interesse, em função

da divergência genética entre os genitores utilizados no cruzamento (Tobar-Tosse et al., 2015).

Neste contexto, após a obtenção dos cruzamentos, para avaliação da progênie, a seleção entre e dentro de famílias surge como opções, pois seleciona tanto as melhores famílias quanto os melhores genótipos dentro das famílias (Cruz et al., 2014). Porém é importante que durante a seleção, o melhorista utilize metodologias com maior acurácia estatística, principalmente quando se trabalha com características com ampla variabilidade genética (Andrade et al., 2016).

A melhor predição não viesada (BLUP), proposta por Henderson (1985) com uso de componentes de variância estimados via máxima verossimilhança restrita (REML) (Patterson e Thompson, 1971), contempla simultaneamente as informações de família e de genótipo com elevados valores genotípicos, gerando, com isso, maior probabilidade de seleção de clones potenciais (Xavier et al., 2014).

Embora haja híbridos em fase final de teste para lançamento de cultivares, existe a necessidade de obtenção de mais híbridos visando à produção de biomassa energética. Sendo assim, em continuação ao programa de melhoramento genético do capim-elefante, no presente trabalho foram feitos um estudo de diversidade genética por meio no agrupamento hierárquico com base em componentes principais e a estimação dos parâmetros genéticos e predição de valores genéticos em nove famílias de meios-irmãos de capim-elefante via metodologia de modelos mistos.

As progênies mais produtivas e divergentes serão selecionadas como genitores para avançar geração e dar continuidade ao melhoramento do capim-elefante. O objetivo do programa de melhoramento será fazer cruzamentos controlados entre os genótipos pertencentes as famílias de meios-irmãos para avançar geração com novas famílias de irmãos-completos de capim-elefante. A obtenção de mais combinações promissoras é feita na expectativa de contribuir para a futura recomendação de híbridos cada vez melhores, que reúnam potencial superior para caracteres de interesse para produção de bioenergia.

2. OBJETIVOS

2.1. Objetivo geral

Avaliar a divergência genética entre famílias de meios-irmãos de capim-elefante, bem como selecionar, via modelos mistos, os genótipos que se apresentem superiores para produção de energia.

2.2. Objetivos específicos

- a) Avaliar a estrutura de variação via componentes principais dos genótipos de capim-elefante;
- b) Analisar por meio do agrupamento hierárquico a formação de grupos distintos dos 216 genótipos de capim-elefante;
- c) Estimar os componentes de variância das famílias de meios-irmãos utilizando a metodologia REML;
- d) Predizer os valores genéticos das famílias de meios-irmãos pela melhor predição linear não viesada (BLUP); e
- e) Verificar, via modelos mistos, a repetibilidade das variáveis avaliadas em dois cortes.

3. CAPÍTULOS

3.1. DIVERSIDADE GENÉTICA EM FAMÍLIAS DE MEIOS-IRMÃOS DE CAPIM-ELEFANTE USANDO AGRUPAMENTO HIERÁRQUICO COM BASE EM COMPONENTES PRINCIPAIS

3.1.1. INTRODUÇÃO

Com o aumento da população e das inovações tecnológicas, espera-se que o consumo de energia aumente rapidamente nos próximos anos (Coyle e Simmons, 2014). Este aumento no consumo causará o esgotamento dos recursos de combustíveis fósseis não renováveis e o aquecimento global. Os combustíveis fósseis representam 81% do fornecimento total de energia primária em todo o mundo. As energias renováveis contribuíram com apenas 13,8% na oferta de energia primária em 2018 (Statistics, 2019).

A biomassa como fonte de energia renovável desempenha papel vital para atender a demanda global em diversos setores, fornecendo 55,6% da energia renovável, com uma participação significativa em todos os continentes (Statistics, 2019). Nesse contexto, o uso da biomassa para produção de energia se apresenta como uma fonte promissora, sendo necessária a busca por novas fontes de biomassa.

Entre as culturas utilizadas para produção de energia a partir da biomassa, o capim-elefante [*Cenchrus purpureus* (Schumach.) Morrone] vem ganhando destaque pela sua elevada produção de matéria seca, de 59,26 t.ha⁻¹ ano⁻¹ (Silva et al., 2020), e pelo seu rápido crescimento, sendo seu corte feito aos 10 meses (Vidal et al., 2022). Porém, mesmo com a relevância da cultura, ainda é necessário avançar nas pesquisas voltadas ao desenvolvimento de novas cultivares.

Nos programas de melhoramento genético, novas cultivares são obtidas a partir de cruzamentos, cujos genótipos obtidos apresentam variabilidade genética, possibilitando a identificação de genótipos superiores com características importantes para produção de energia (Rodrigues et al., 2017). Neste contexto, faz-se necessário conduzir estudos que propiciem o entendimento da diversidade genética da cultura, com o intuito de auxiliar a realização dos cruzamentos, contribuindo para o desenvolvimento de novas cultivares de capim-elefante que podem ser obtidas pelo avanço de gerações.

Para seleção de genitores, geralmente são feitos estudos distintos para avaliações de variabilidade genética e de desempenho agrônômico (Oliveira et al., 2014; Rocha et al., 2015). Para este trabalho, empregamos uma metodologia que faz o agrupamento hierárquico em componentes principais, combinando uma análise fatorial e um processo de agrupamento posterior, com base na classificação hierárquica de Ward. Com a utilização desta técnica, é possível associar desempenho agrônômico e de diversidade em uma única análise (Rocha et al., 2013), fazendo a avaliação simultânea de todos os genótipos em estudo, com redução da dimensionalidade original do conjunto de dados e mínima perda de informação.

Levando em consideração a importância da cultura e as vantagens na utilização desta técnica, objetivou-se, neste trabalho, quantificar a divergência genética de nove famílias de meios-irmãos visando à identificação de genótipos com maior divergência genética e potencial produtivo para hibridação, utilizando a metodologia do agrupamento hierárquico com base em componentes principais.

3.1.2. REVISÃO DE LITERATURA

3.1.2.1. Aspectos gerais da cultura do capim-elefante

O capim-elefante foi inicialmente descrito e classificado taxonomicamente como *Pennisetum purpureum Schumach* (Stapt e Hubbard, 1934; Pereira et al., 2016), e após as mudanças no gênero, foi proposta a mudança na denominação da espécie para *Cenchrus purpureus (Schumach.) Morrone*. Atualmente, é considerado pertencente à família *Poaceae*, subfamília *Panicoideae*, tribo *Paniceae*, a qual reúne os mais importantes gêneros de plantas forrageiras tropicais, como *Urochloa*, *Megathyrsus*, *Setaria*, entre outras (Chemisquy et al., 2010).

Identificada no início do século XX pelo Coronel Napier (Cavalcante e Lira, 2010), o capim-elefante tem como centro de origem e variabilidade genética uma extensa área da África tropical, compondo as principais áreas de biodiversidade os territórios da Guiné, Moçambique, Angola, Zimbábue e sul do Quênia (Ferreira e Pereira, 2005).

Foi introduzido no Brasil, em 1920, no Rio Grande do Sul, com estacas provenientes dos Estados Unidos, tendo uma segunda introdução ocorrido em 1921, com estacas oriundas de Cuba. Logo após a introdução, seu cultivo foi disseminado por todo país por apresentar ampla adaptação ao ambiente tropical e elevado potencial de produção e qualidade de forragem (Pereira et al., 2008; Cavalcante e Lira et al., 2010).

O capim-elefante é uma forrageira perene, de crescimento cespitoso, sua altura varia de dois a seis metros. Apresenta caules do tipo colmo, eretos, cilíndricos, glabros e cheios. Touceiras com numerosos perfilhos, podendo alcançar um metro de diâmetro. Tem rizomas curtos, folhas com inserções alternas, de coloração verde escura, clara ou púrpura, que podem ser pubescentes ou não, chegando a alcançar dez centímetros de largura e 110 cm de comprimento. A nervura central larga é brancacenta, bainha lanosa, invaginante, fina e estriada, lígula curta, brancacenta e ciliada. A inflorescência é uma panícula primária e terminal, espiciforme, cilíndrica, reta, podendo ser solitária ou não. A panícula tem, em média, 15 cm de comprimento, formada por espiguetas envolvidas por um tufo de cerdas de tamanhos desiguais, de

coloração amarelada e púrpura. A planta produz muitos perfilhos aéreos e basilares, podendo formar densas touceiras, apesar de não cobrirem totalmente o solo (Nascimento Junior, 1981; Deresz, 1999; Pereira et al., 2016).

O capim-elefante é uma espécie alotetraploide ($2n=4x=28$), com comportamento diploide normal, apresentando genoma A'A'BB (Hanna, 1984; Techio et al., 2008). A taxa de polinização cruzada nessa espécie dependerá da época de florescimento e do arranjo físico das populações, pois apresenta protoginia com intervalo médio de tempo decorrido entre a emissão dos estigmas e a abertura das anteras de três a quatro dias (Pereira, 1994), tal fato dificulta a autofecundação e facilita os cruzamentos controlados.

O cultivo desta espécie é feito principalmente por propagação vegetativa (Pereira e Lédo, 2008) pelo fato de suas sementes apresentarem baixa germinação e vigor em razão da depressão por endogamia. Isso porque a maioria das cultivares são clones, e as sementes produzidas provêm de autofecundação do mesmo genótipo. A propagação vegetativa se apresenta como uma vantagem, pois, uma vez obtidos genótipos superiores provenientes de cruzamentos, é possível fixá-los e propagá-los, mantendo, assim, a constituição genotípica.

3.1.2.2. Melhoramento genético do capim-elefante para fins energéticos da UENF

O capim-elefante foi inicialmente selecionado visando apenas à alimentação animal, e para este fim, o foco do programa de melhoramento é selecionar genótipos com alta porcentagem de folhas, alta concentração de nitrogênio e proteína e baixos teores de fibras, sendo a produção de biomassa considerada fator secundário, em prol da obtenção de alta qualidade nutricional (Rengsirikul et al., 2013).

Em contrapartida, para a produção de bioenergia, o objetivo é obter o rendimento máximo de biomassa, com qualidade adequada, seja para a combustão direta ou para a conversão em biocombustíveis (Strezov et al., 2008; Prochnow et al., 2009; Naik et al., 2010). Portanto, há necessidade de se proceder a uma seleção objetivando encontrar genótipos com aptidão para produção de energia.

A variabilidade genética é a base do processo de seleção, sendo essencial para o melhoramento de qualquer espécie, pois auxilia na escolha dos genitores que, ao serem cruzados, produzam híbridos superiores aos genitores em média e variância (Pimentel et al., 2013; Daronch et al., 2014). Por isso, é de suma importância fazer uma avaliação da variabilidade existente (Harlan, 1983), de modo a identificar genótipos com vantagens adaptativas (tolerância à seca, à geada, à salinidade, ao fogo) e reprodutivas (florescimento, produção, tamanho, vigor e % de germinação das sementes). Diante disso, a seleção de genitores para os programas de melhoramento e o manejo da variabilidade nos bancos de germoplasma dependem da disponibilidade de informações precisas sobre o grau de divergência genética entre os acessos.

A Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) vem desenvolvendo diversos estudos com o capim-elefante, sendo uma das linhas de pesquisa do grupo a obtenção de genótipos promissores para produção de bioenergia. Uma das primeiras pesquisas feitas pelo grupo ocorreu em 2010, quando Lima et al. (2011) conduziram um estudo da diversidade genética entre 46 clones de capim-elefante do Banco Ativo de Germoplasma de Capim-Elefante (BAGCE) CCTA/UENF, com o objetivo de caracterizar molecularmente os acessos e de identificar possíveis duplicatas. Os autores concluíram que existe alta variabilidade entre os acessos, indicando não haver duplicatas.

Oliveira et al. (2014) desenvolveram estudos de pré-melhoramento no Banco Ativo de Germoplasma de Capim-Elefante (BAGCE) CCTA/UENF, avaliando 85 genótipos com o objetivo de estimar a diversidade, bem como identificar genótipos superiores. Neste estudo, foram identificados 20 genótipos elite e formados 25 grupos heteróticos, demonstrando a alta variabilidade presente no banco.

Posteriormente, Oliveira et al. (2017) também avaliaram a diversidade genética do Banco Ativo de Germoplasma de Capim-Elefante (BAGCE) CCTA/UENF, com o objetivo de estimar a diversidade genética entre 85 genótipos de capim-elefante por meio de caracteres morfológicos quantitativos e multivariados, tendo validado a existência de variabilidade entre os acessos de *Cenchrus purpureus* (Schumacher) Morrone avaliados no banco ativo de germoplasma, e a análise de agrupamento possibilitou a orientação de cruzamentos envolvendo 10 grupos heteróticos.

Rodrigues et al. (2017), seguidos por Vidal et al. (2019), utilizando dez genótipos de capim-elefante previamente selecionados com base em estudos para produção de biomassa (Oliveira et al., 2014), agregando características como florescimento tardio, produção de matéria seca, diâmetro do colmo, número de perfilhos, bem como com base na distância genética (Lima et al., 2011; Oliveira et al., 2017), fizeram cruzamentos controlados em delineamento genético dialélico circulante para obtenção de uma população com o objetivo de híbridos de capim-elefante, via modelos mistos (REML/BLUP), para produção de bioenergia.

Silva et al. (2020), seguidos por Cassaro (2018), também fizeram cruzamentos dirigidos entre acessos de capim-elefante para obtenção das combinações híbridas entre genótipos promissores. Em ambos os trabalhos, foram encontrados, a partir dos cruzamentos dialélicos, combinações híbridas que superaram os genitores. Os híbridos mais promissores encontrados em ambos os trabalhos estão compondo o primeiro ensaio de Valor de Cultivo de Uso (VCU) do programa de melhoramento do capim-elefante para fins energéticos da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF).

3.1.2.3. Análise multivariada

As técnicas de análise multivariada apresentam-se como instrumentos poderosos na análise de dados em razão de permitirem combinar informações múltiplas (Godoi, 1985). No melhoramento de plantas, essas técnicas possibilitam prever fenômenos genéticos, baseando-se, simultaneamente, em um complexo de variáveis de importância tanto genética quanto evolutiva. A aplicação em larga escala é recente, porém as principais técnicas de análise multivariada foram propostas há bastante tempo e, embora não coincidentes, as diferentes abordagens se complementam no sentido de facilitar a percepção dos objetivos relacionados a cada técnica (Duarte, 1997).

As análises multivariadas consistem em explicar a estrutura da matriz de dados, X , de ordem $n \times p$ (sendo p o número de variáveis aleatórias e n o número de observações) por meio de combinações lineares não correlacionadas das p variáveis originais. Mesmo que haja p variáveis para reproduzir a variabilidade total do sistema, grande parte dessa variabilidade pode ser explicada por um

número k de componentes principais, sendo $k \leq p$. Assim, há tanto informação explicada pelas k componentes quanto pelas p variáveis originais. Portanto, essas k componentes principais podem substituir as p variáveis, e o conjunto de dados que antes era de ordem $n \times p$ passa a ser reduzido para $n \times k$. Com esse método, é possível reduzir o conjunto de dados a ser estudado, facilitando sua interpretação pela obtenção de variáveis aleatórias não correlacionadas (Johnson e Wichern, 2014)

Cruz et al. (2014) classificam as aplicações de análise estatística multivariada em três grupos. O primeiro grupo corresponde às técnicas de análises inferenciais sobre médias e inclui a análise de variância multivariada (MANOVA), análise de regressão multivariada e análise de trilha. O segundo grupo trata das técnicas de análises inferenciais sobre a estrutura de covariâncias e inclui a análise de componentes principais, análise fatorial e análise de correlações canônicas. O terceiro está relacionado às técnicas de análises para classificação e agrupamento e inclui as análises discriminantes e de classificação e análises de agrupamento

Com a análise de Componentes Principais (ACP), é possível transformar um grupo de variáveis relacionadas (ou correlacionadas) em um grupo de variáveis não relacionadas (ou não correlacionadas), que quantificam em proporções decrescentes a variação dos dados originais sem perder informação do conjunto de dados. Com a utilização desta metodologia, é possível reduzir a complexidade existente nos dados e ao mesmo tempo o número de variáveis que necessariamente devem ser consideradas (Prieto-Moreno et al., 2015).

A análise de agrupamento objetiva encontrar uma alocação significativa de observações para grupos que são semelhantes em relação a um conjunto de variáveis observadas, ou seja, através de uma medida de similaridade ou de distância. Neste procedimento, os autores incluem procedimentos para construção de dendogramas e mapas (Andrade et al., 2018).

Entre os métodos de agrupamento utilizados, muitos algoritmos são disponíveis, entre eles o agrupamento hierárquico. Nos métodos hierárquicos, cada genótipo é tomado, inicialmente, como um grupo, totalizando n grupos. Os grupos mais próximos são reunidos, sucessivamente, segundo algum critério, até que finalmente todos os genótipos formem um único grupo (Manly, 1986).

Há vários critérios disponíveis para reunir genótipos em grupos nas etapas sucessivas de agrupamento, alguns deles são: método do vizinho mais próximo ou da ligação simples (“single linkage method” - SLM); método da ligação completa, encadeamento completo ou do vizinho mais distante (“complete linkage method” - CLM); método da ligação média, ponderada (“weighted pair group method with average - WPGMA) ou não ponderada (“unweighted pair group method with average - UPGMA); método da ligação de densidade; método de Ward; método do centróide; etc. Entre estes métodos, são de maior uso em genética e melhoramento de plantas os métodos do vizinho mais próximo e da ligação média não ponderada (UPGMA). Em segundo plano, ganhando aplicabilidade, vem o método de Ward (Silva et al., 2014; Oliveira et al., 2018; Sarkar et al., 2018).

O método proposto por Ward (1963) fundamenta-se em agrupar a cada passo unidades taxonômicas que resultem num menor crescimento do índice E (índice de variância). O método, também chamado de critério de variância mínima de Ward, verifica, em cada estágio, todos os possíveis pares de unidades, calcula E e seleciona o par com menor valor para o índice. Este índice é obtido: 1) pela média de cada unidade de agrupamento; 2) pela distância entre cada genótipo do grupo e sua média; 3) pela soma dos quadrados dessas distâncias dentro de cada grupo; e 4) o E é calculado adicionando as somas de quadrados de cada grupo.

Todas essas técnicas têm sido amplamente utilizadas no melhoramento genético de várias culturas, incluindo mamão (Santana et al., 2021), feijão (Paramesh et al., 2016), arroz (Samonte et al., 2013; Sharifi e Ebadi 2018), manga (Maia et al., 2016), espinafre (Sabaghnia et al., 2015), canola (Dehghani et al., 2008), feijão-de-vagem (Oliveira et al., 2018), pimentas aromáticas (Abu Ngozi et al., 2011), milho (Oliveira et al., 2019) e capim-elefante (Gravina et al., 2020), para identificar as relações entre características, avaliar os genótipos com base em múltiplas características, bem como para inferir sobre a divergência entre os genótipos.

3.1.3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1.3.1. Caracterização da área experimental

O experimento foi implantado na área experimental do Centro Estadual de Pesquisas em Agroenergia e Aproveitamento de Resíduos (CEPAAR-PESAGRO-RIO), no município de Campos dos Goytacazes, RJ, situado a 21°44'47" S, 41°18'24" W e 11 m de altitude.

Os dados meteorológicos foram obtidos da estação automática agrometeorológica, localizada próximo à área experimental. A Figura 1 apresenta os valores mensais de precipitação pluvial e temperatura referentes ao período da condução do experimento (novembro de 2019 a agosto de 2021) e os dados da normal climatológica da cidade (1981-2010). Durante os 22 meses de condução do experimento, foi registrada uma precipitação pluvial acumulada de 2.197 mm. Em relação à temperatura, os valores estão na faixa de 16 a 33 °C.

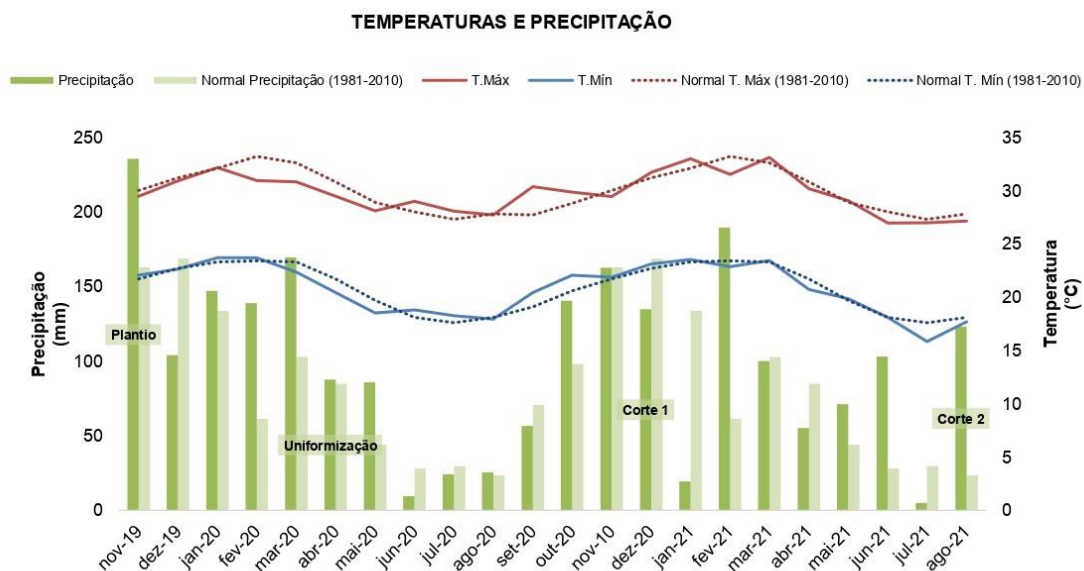


Figura 1. Temperaturas e precipitação ocorridas durante o experimento de capim-elefante e Normal Climatológica (1981 a 2010). Campos dos Goytacazes, 2019-2021.

O capim-elefante desenvolve-se bem em ambientes com temperatura entre 18 e 35 °C, sendo a temperatura ótima equivalente 24 °C (Carvalho et al,

1997). O município de Campos dos Goytacazes, segundo a classificação de Köppen do clima, é Aw, apresentando clima tropical. Chove muito mais no verão do que no inverno. De acordo com a normal climatológica (1981- 2010), a temperatura máxima média anual é de 29,90°C e a mínima, de 20,80°C. A pluviosidade média anual é de 1.055,3 mm. Deste modo, a cidade de Campos dos Goytacazes apresenta características climáticas que propiciam o desenvolvimento ótimo da cultura.

O solo da área experimental em que os genótipos foram cultivados se caracteriza como um solo de terraço, classificado como Argissolo Amarelo, distrófico, apresentando as seguintes características: pH 5,3; fósforo (mg dm^{-3}) 36; potássio (mg dm^{-3}) 166; Ca ($\text{cmol}_c \text{ dm}^{-3}$) 1,5; Mg ($\text{cmol}_c \text{ dm}^{-3}$) 0,6; Al ($\text{cmol}_c \text{ dm}^{-3}$) 0,1; H + Al ($\text{cmol}_c \text{ dm}^{-3}$) 2,4; Na ($\text{cmol}_c \text{ dm}^{-3}$); C (%) 1,18; Matéria Orgânica (%) 2,03.

3.1.3.2. Obtenção das progênes

Para obtenção das famílias, foram utilizados genótipos provenientes do Banco Ativo de Germoplasma de Capim-Elefante (BAGCE) do LEAG/CCTA/UENF, localizado em Campos dos Goytacazes-RJ. Para tanto, foram selecionados os nove genótipos mais produtivos no quesito produção de matéria seca, segundo Oliveira et al. (2013) e Rocha et al. (2015) (Tabela 1).

Tabela 1. Identificação dos nove genitores provenientes do Banco Ativo de Germoplasma de Capim-Elefante (BAGCE) do LEAG/CCTA/UENF, utilizados como genitores femininos para obtenção das famílias de meios-irmãos e dos 216 genótipos obtidos nos cruzamentos. Campos dos Goytacazes, RJ.

Identificação		Genitor Feminino	BAGCE	Procedência
Famílias	Genótipos			
F1	1-24	Gigante de Pinda	7	Pindamonhangaba-SP
F2	25-48	Pasto Panamá	74	Panamá
F3	49-72	903-77 ou Australiano	68	Brasil
F4	73-96	Gramafante	45	Colômbia
F5	97-120	Três Rios	3	Nova Odessa-SP
F6	121-144	Elefante de Pinda	26	Colômbia
F7	145-168	Duro de Volta Grande	34	UFRRJ- Seropédica
F8	169-192	Taiwan A-46	33	UFRRJ- Seropédica
F9	193-216	King Grass	51	Embrapa Gado de leite

Os cruzamentos foram feitos no período de junho a agosto de 2019, época do florescimento da cultura. Foi permitido que os cruzamentos ocorressem naturalmente e posteriormente foram colhidas as panículas dos respectivos genótipos. As panículas foram colhidas no início da época de florescimento, no meio da estação e ao fim da época de florescimento. Tal procedimento foi adotado de modo a propiciar coleta de sementes polinizadas por genitores precoces e tardios e assim garantir maior variabilidade para as famílias obtidas. Após a coleta, as sementes de cada genótipo foram misturadas, colocadas em papel alumínio e acondicionadas em geladeira. No dia 18 de setembro de 2019, foi feita a semeadura em bandejas de isopor contendo 128 células, que foram preenchidas com substrato florestal e mantidas em casa de vegetação, durante 60 dias, equipada com um sistema de irrigação para propiciar condições ideais para germinação e manutenção das plântulas.

3.1.3.3. Implantação e condução do experimento

O preparo do solo consistiu de duas gradagens aradoras. O transplante das plântulas para o campo foi feito no dia 18 de novembro de 2019. Foi feita irrigação suplementar por sistema de aspersão convencional apenas na fase de implantação e estabelecimento das plantas (novembro e dezembro), a fim de garantir seu estabelecimento e desenvolvimento nesta fase inicial.

Na condução do experimento, a adubação foi feita de acordo com os resultados obtidos na análise de solo e a recomendação do manual de calagem e adubação, tendo sido parcelada em três épocas: no plantio e uma vez em cada corte de avaliação (Freire et al., 2017). Para tanto, no plantio, foram distribuídos em cada linha 60 g de superfosfato simples e, aos 50 dias após o plantio, foi feita a adubação de cobertura utilizando 70 g de ureia e 40 g de KCl por linha, correspondendo a 28,6 kg de N e 24 kg de K_2O por hectare.

Para avaliação das famílias, utilizou-se o delineamento em blocos ao acaso, com três repetições. A parcela foi constituída por uma linha de 15 m com espaçamento de 1,50 x 1,50m, totalizando 10 plantas por parcela. A área útil foi representada pelas oito plantas centrais, foram consideradas como bordadura as plantas das extremidades da linha. A Tabela 1 mostra a identificação dos 216 genótipos que compõem a área útil, de acordo com as famílias a que pertencem

No dia 14 de abril de 2020, foi feito o corte de uniformização, dando início ao período de avaliação do experimento. Os cortes de avaliação foram feitos após oito meses de crescimento das plantas, tendo sido feitos dois cortes de avaliação. O primeiro corte ocorreu no dia 01 de dezembro de 2020 e o segundo, no dia 30 de julho de 2021.

3.1.3.4. Características avaliadas

As avaliações foram feitas em oito plantas individuais de cada parcela e aferidas as seguintes características:

- Produção de matéria seca (PMS, t.ha⁻¹) - foi retirada uma amostra de cada planta ao acaso picada e acondicionada em saco de papel identificado, pesado e colocado em estufa a 65 °C por 72 horas. Em seguida, as amostras foram novamente pesadas para obtenção da amostra seca ao ar (ASA). O material seco foi moído em moinho tipo Willey com peneira de 5 mm e acondicionado em sacos plásticos para a determinação da amostra seca em estufa (ASE). Para a determinação da ASE, 2 g de cada material moído, foram mantidos em estufa a 105°C por 18 horas e, posteriormente, novamente pesados.
- Porcentagem de matéria seca (%MS, %) - obtida pela divisão da massa seca da planta pelo peso fresco e multiplicado por 100.
- Número de perfilhos (NP) – feito pela contagem do número de perfilhos de cada uma das plantas avaliadas;
- Altura de plantas (ALT, m) – mensurada do solo até a inflexão da última folha completamente expandida de cada uma das plantas avaliadas;
- Diâmetro de colmos (DC, mm) – aferido pela média de três perfilhos de cada planta avaliada, mensurado com auxílio de um paquímetro digital a 1 m de altura do solo.

3.1.3.5. Análises estatísticas

Para a estatística descritiva, foram utilizadas as médias (cada valor é a média dos dois cortes de avaliação) de cinco características morfoagronômicas relacionadas à produção de energia, avaliadas em 216 genótipos pertencentes a

nove famílias de meios-irmãos de capim-elefante. O valor mínimo, valor máximo, desvio padrão e o coeficiente de variação (CV%).

Primeiramente foi feita uma análise de componentes principais (ACP) utilizando os dados coletados nos 216 genótipos. Os dados foram submetidos ao teste de esfericidade de Bartlett (nível de significância de 95%), que testou a hipótese de que a matriz de correlação é uma matriz de identidade, e de Kaiser-Meyer-Olkin, que testou a adequação de nosso conjunto de dados para análise fatorial. Foram apresentados os autovalores de todos os componentes principais. Os autovetores foram usados para diferenciar quanto à força e à direção os efeitos dos genótipos para as características avaliadas nos componentes principais. Os dois primeiros CPs (CP1, CP2) e o CP3 apresentaram as maiores variabilidades nos parâmetros testados.

O biplot foi gerado com base nos valores dos genótipos, utilizando o CP1 no eixo horizontal e o CP2 no eixo vertical. Foi utilizada a contribuição efetiva dos genótipos nos três primeiros componentes. A correlação de Person entre a distância e as matrizes cofenéticas foi utilizada para determinar a coesão do cluster.

Submetemos os resultados da análise de componentes principais ao agrupamento hierárquico (HCPC) usando o método de Ward para reunir genótipos semelhantes em grupos. HCPC é um dos principais métodos descritivos de dados. É utilizado para agrupar genótipos com padrões semelhantes de respostas de dados quantitativos. O objetivo é classificar os genótipos em grupos o mais homogêneo possível (Anderberg, 1973). O número ideal de grupos foi determinado por um dendrograma e critério de inércia. No dendrograma, mudanças significativas entre dois níveis de corte sugerem um número ótimo de grupos (Lebart et al., 2000).

Para a visualização dos grupos, foi elaborado um gráfico projetando os genótipos em função das distâncias entre os grupos, utilizando os dois primeiros componentes principais.

As análises aplicadas ao componente principal, ao biplot e ao agrupamento hierárquico para estimação da diversidade foram feitas utilizando o software R (R Core Team 2017). Os pacotes `psych`, `FactoMineR` e `factoextra` foram utilizados para a PCA, e para a análise de agrupamento, foram utilizados os pacotes `hclust`, `ggplot2`, `ggpubr` e `factoextra`.

3.1.4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise descritiva comprovou que os maiores coeficientes de variação encontrados foram para as características produção de matéria seca (PMS) e número de perfilhos (NP), seguido por diâmetro de colmo (DC). Os demais valores de coeficiente de variação (CV%) obtidos nas variáveis foram considerados baixos. Esses resultados demonstram confiabilidade nas escolhas dos delineamentos experimentais utilizados, bem como nas estratégias de condução e avaliação dos experimentos feitas para o melhoramento do capim-elefante (Tabela 2).

Os altos valores de CV% obtidos para PMS (37,53%), NP (30,51) e DC (21,40) são aceitáveis, tendo em vista que as características avaliadas neste estudo são quantitativas e, por consequência, muito influenciadas pelo ambiente. Daher et al. (2017), Gravina et al. (2020), Menezes et al. (2016) e Souza et al. (2017) encontraram resultados semelhantes para CV%, trabalhando com capim-elefante, ao avaliar as mesmas características quantitativas avaliadas neste trabalho.

Tabela 2. Estatística descritiva para características morfoagronômicas de 216 genótipos pertencentes a nove famílias de meios-irmãos de capim-elefante. Campos dos Goytacazes, 2019 - 2021.

Características	Unidade	Mínimo	Máximo	Média	Desvio Padrão	CV (%)
PMS	t.ha ⁻¹	4,40	36,35	14,92	5,60	37,53
%MS	%	21,90	45,30	32,82	3,62	11,04
ALT	m	2,10	3,85	3,11	0,28	9,01
DC	mm	3,15	9,15	5,28	1,13	21,40
NP	Perfilhos	12,00	70,00	34,82	10,62	30,51

CV: Coeficiente de variação; PMS: Produção de matéria seca; %MS: Porcentagem de matéria seca; ALT: Altura de plantas; DC: Diâmetro de colmo; NP: Número de perfilhos

A análise de componentes principais (ACP) reduz o número de variáveis primárias para descrever a variação total de uma população e explicar a contribuição das características para a variação total (El-Hashash et al., 2016).

Desta forma, melhora a interpretação dos dados, permitindo obter o máximo possível de informações em um menor número de CP.

Neste estudo, foi possível obter três componentes significativos (Tabela 3). A significância dos componentes foi considerada tendo como base o critério da raiz latente (Hair Jr et al., 2009). Neste critério, autovalores maiores que um são considerados significativos na análise dos CPs. Cargas fatoriais mostram a correlação entre a variável e o componente, indicando a qualidade da representação, tendo sido consideradas as mais relevantes quando apresentaram valores acima de 0,58.

Os dois primeiros CPs da análise biplot representaram um total de 64% da variação acumulada (Tabela 3). Conforme Yang et al. (2009), pelo menos 60% da variação dos dados deve ser explicada pelos dois primeiros CPs. Valores semelhantes para variação total detectada pelo CPs foram relatados por Gravina et al. (2020) que, ao avaliar características morfoagrômicas em genótipos de capim-elefante, obtiveram um total de 70,07% da variação total explicada nos dois primeiros CPs.

Tabela 3. Cargas, autovalores, variância e variância acumulada nos componentes principais de 216 genótipos pertencentes a nove famílias de meios-irmãos de capim-elefante, avaliadas em dois cortes. Campos dos Goytacazes, 2019 - 2021.

Características	Componentes				
	CP1	CP2	CP3	CP4	CP5
PMS	0,89 ^a	0,31	0,01	0,05	-0,33
%MS	0,08	0,41	0,90 ^a	0,09	0,1
ALT	0,67 ^a	-0,45	0,16	-0,55	0,11
DC	0,61 ^a	-0,58 ^a	0	0,52	0,14
NP	0,48	0,74 ^a	-0,4	-0,01	0,26
Autovalores	1,85 ^b	1,35 ^b	1,00 ^b	0,59	0,21
% Variância	37,03	27,00	19,89	11,80	4,28
% Variância Acumulada	37,03	64,03	83,92	95,72	100

^aCargas > 0.58 são significativas; ^b autovalores > 1 são significativos. PMS: Produção de matéria seca; %MS: Porcentagem de matéria seca; ALT: Altura de plantas; DC: Diâmetro de colmo; NP: Número de perfilhos.

Para outras espécies, ao trabalhar com características quantitativas, foram encontrados resultados semelhantes. Em feijão-vagem, os caracteres agronômicos nos dois primeiros CPs explicaram 63,50% da variação total (Oliveira et al., 2018). Yildirim et al. (2018), avaliando a qualidade do grão em genótipos de trigo, obtiveram 71,15% da variação explicada nos dois primeiros CPs. Em pimenta, Baba et al. (2019), avaliando as concentrações de metabólitos secundários, obtiveram uma variação explicada nos dois primeiros CPs de 63,14 e 59,61% em frutos verdes e maduros, respectivamente.

A Tabela 3 apresenta detalhadamente os descritores que mais contribuíram para a discriminação dos acessos, sendo estes os descritores que apresentam maiores autovalores para os respectivos componentes. A característica PMS apresentou a maior importância para a discriminação dos genótipos (0,89), seguida de altura de plantas (ALT) (0,67) e DC (0,61) no CP1, que é o de maior importância, pois explicou 37% da variação total. Segundo Al Naggar et al. (2020), a importância de um CP é dada de acordo com a variância total explicada por ele.

Com relação ao CP2, as características número de perfilhos (NP) e diâmetro de colmo (DC) foram as que se destacaram. No CP3, apenas a característica porcentagem de matéria seca (%MS) contribuiu para a variância do componente. A análise dos componentes principais permitiu reduzir a dimensionalidade das variáveis inter-relacionadas, se mostrando eficientes na correlação multivariada de genótipos e estudos de seleção da representação gráfica. (Maia et al., 2016).

Os 25 genótipos que mais contribuíram, de acordo com a suas pontuações nos componentes principais, estão apresentados na Figura 2. Houve seleção dos genótipos das nove famílias avaliadas, demonstrando variabilidade dentro das famílias, tendo em vista que todas têm genótipos promissores. A família 2 contribuiu com 20% dos genótipos selecionados, seguida da família 8, com 16%. As famílias 3, 5 e 9 contribuíram com 12% cada e as famílias 2, 4 e 7 com 8%. A família 6 teve apenas 1 genótipo selecionado, representando apenas 4% dos genótipos selecionados. Além da variabilidade disponível, para obtenção de genótipos superiores é necessário que estes genótipos tenham características de interesse para os programas de melhoramento genético de capim-elefante e que apresentem características favoráveis à produção de bioenergia.

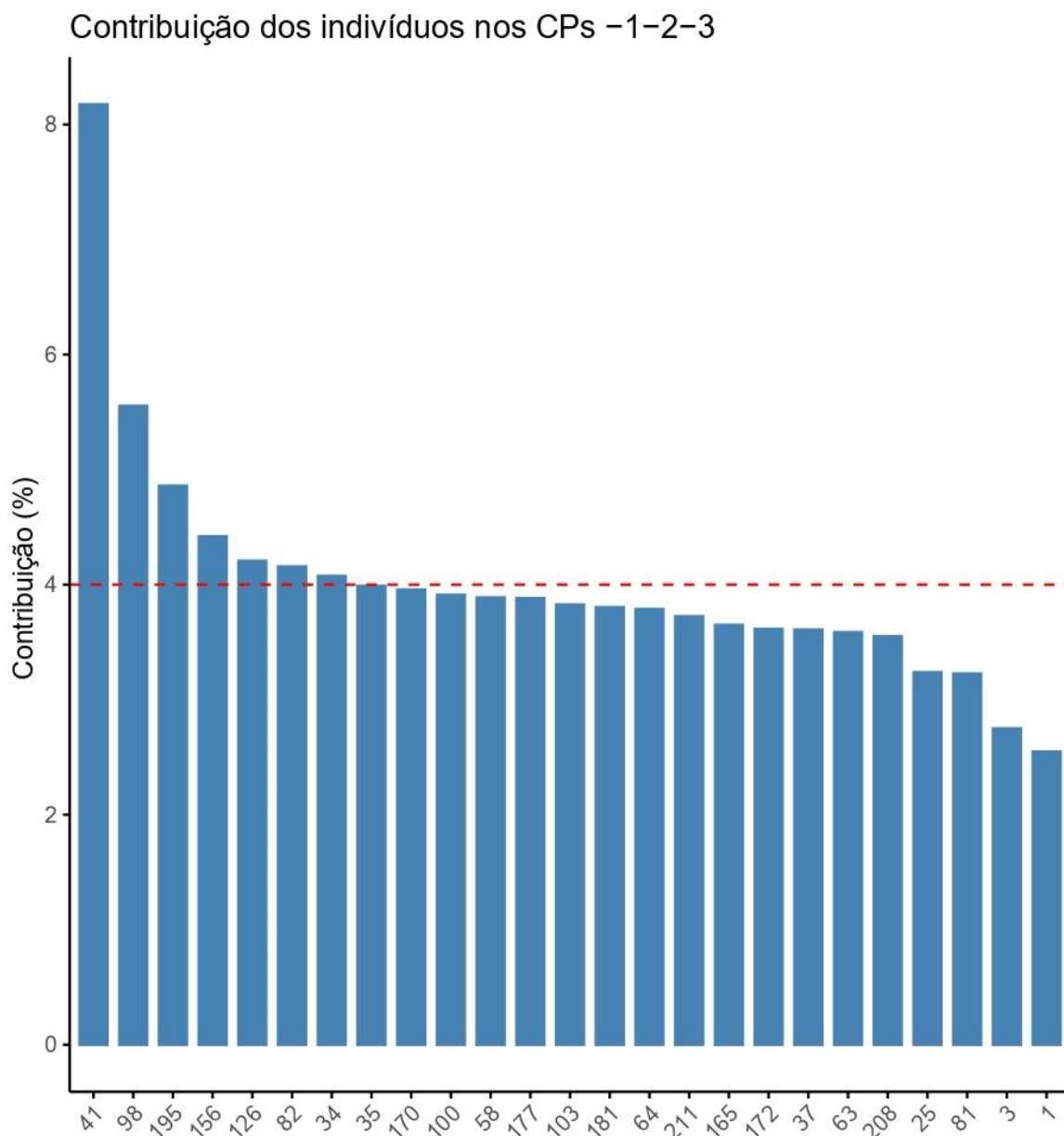


Figura 2. Contribuição (%) dos 25 melhores genótipos de capim-elefantes para variabilidade com base em três componentes principais

A Figura 3 mostra um gráfico Biplot com a projeção das variáveis avaliadas. É possível observar uma relação multivariada entre as variáveis, além de selecionar genótipos de acordo com a variável com a qual se correlaciona. No gráfico, os valores dos genótipos e variáveis são plotados em escalas diferentes. As variáveis com ângulos menores que 90° são correlacionadas positivamente e aquelas com ângulos com mais de 90° são negativamente correlacionadas. As variáveis que apresentarem ângulo de 90° não têm nenhuma correlação (Yan e Frégeau-Reid, 2008).

Os estudos de correlações entre características auxiliam o melhorista na tomada de decisão, tendo em vista que o processo de seleção é dificultado pela existência de características de baixa herdabilidade ou de difícil mensuração, por isso é de extrema importância conhecer como e quanto a variação de uma característica pode se refletir nas demais (Santana et al., 2021).

A variável PMS foi correlacionada positivamente com todas as demais características avaliadas, sendo a maior correlação com a característica NP. A característica PMS é a de maior importância para a cultura visando à produção de energia. Segundo Rossi et al. (2014), uma planta com elevado número de perfilhos tem menor altura e diâmetro, causando plantas com baixos teores de fibras e elevados teores de nitrogênio, por consequência, apresenta baixo poder calorífico. Em contrapartida, observa-se que, quando a planta perfilha menos, seus colmos são mais robustos e as plantas mais altas, com elevados teores de fibra, baixos teores de nitrogênio e, conseqüentemente, alto poder calorífico.

A característica %MS apresentou correção negativa com as características DC e ausência de correlação, com as características ALT e NP. A %MS tem grande importância para a cultura para fins energéticos, tendo em vista que esta característica influencia diretamente o poder calorífico da biomassa. Durante a queima, em caso de baixa %MS, ocorre perda de calor nos gases de combustão em forma de vapor de água. Deste modo, quanto maior o teor de umidade, menor a quantidade de energia proporcionada pelo combustível (Calegari et al., 2005). Deste modo, ao selecionar genótipos que apresentem elevados escores no CP1 (PMS, ALT e DC) e no CP3 (%MS), teremos maiores chances de encontrar genótipos promissores para produção de energia (Rossi et al., 2014; Daher et al., 2018).

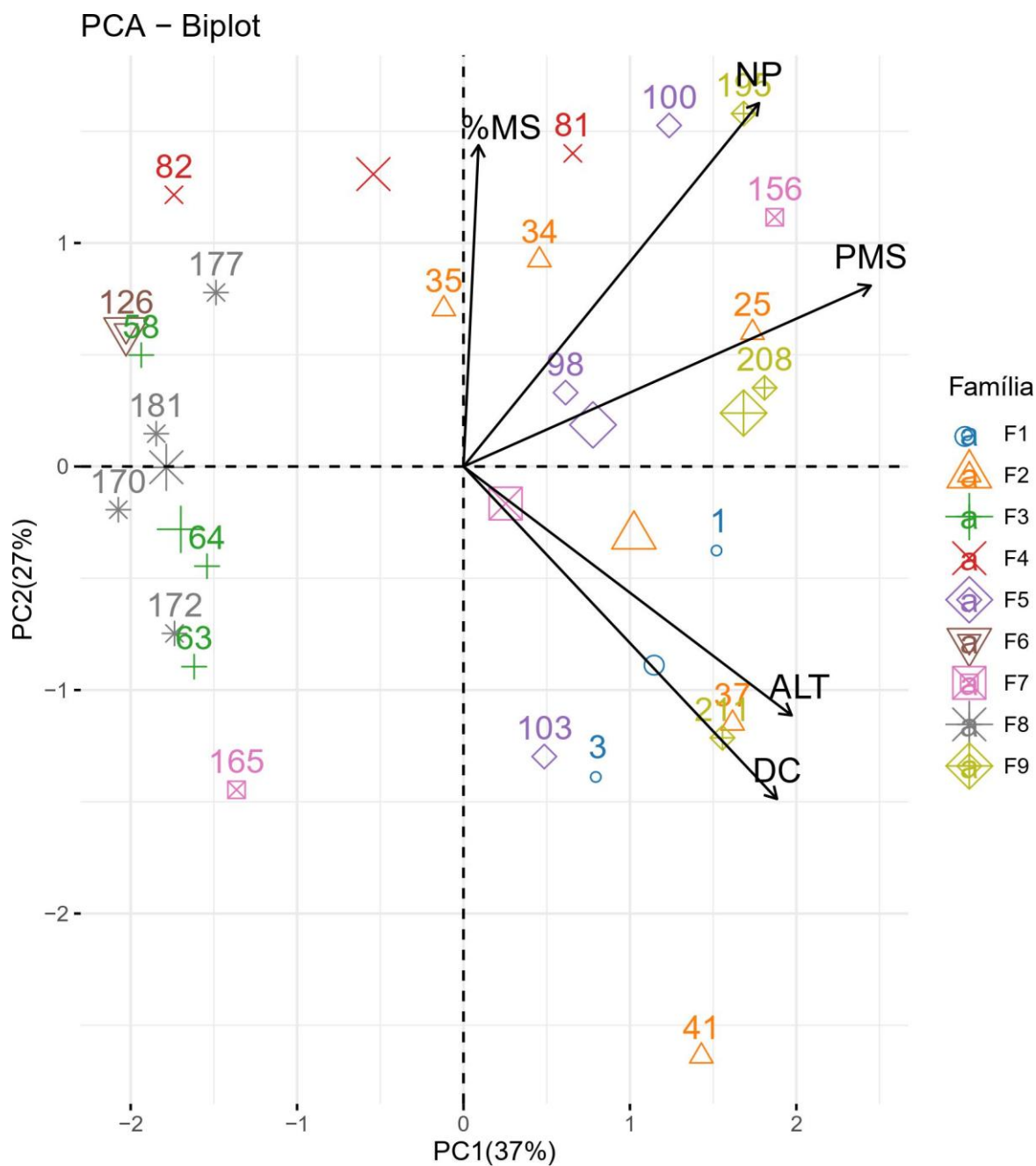


Figura 3. Biplot com a projeção das variáveis: Produção de matéria seca; %MS: Porcentagem de matéria seca; ALT: Altura de plantas; DC: Diâmetro de colmo; NP: Número de perfilhos de 216 genótipos de capim-elefante com identificação apenas dos top 25 genótipos.

Para o agrupamento hierárquico, empregamos uma metodologia que combina análise de componentes e um processo de agrupamento posterior baseado na classificação hierárquica de Ward. O agrupamento hierárquico com base na análise de componentes principais tem como principal objetivo maximizar a variância total dos pontos projetados, ou seja, definir o subespaço que melhor representa a diversidade dos genótipos, agrupando os genótipos segundo seu comportamento dentro da população (Hongyu et al., 2016). O critério de agregação utilizado foi com base no índice de Ward. (Granato et al., 2018). Este método tem como referência um critério clássico de soma de quadrados, produzindo grupos de modo a minimizar a dispersão dentro do grupo (Murtagh e Legendre, 2014).

Na Figura 4 é apresentada uma classificação hierárquica, cujos elementos terminais da árvore são os genótipos. O número de grupos pode então ser escolhido, levando em consideração que quanto maior a inércia melhor é o agrupamento (Arguelles et al., 2014). Sugere-se um nível de corte calculado sobre os ganhos de inércia. Este corte sugerido foi utilizado, e a árvore foi cortada automaticamente, resultando na formação de três grupos.

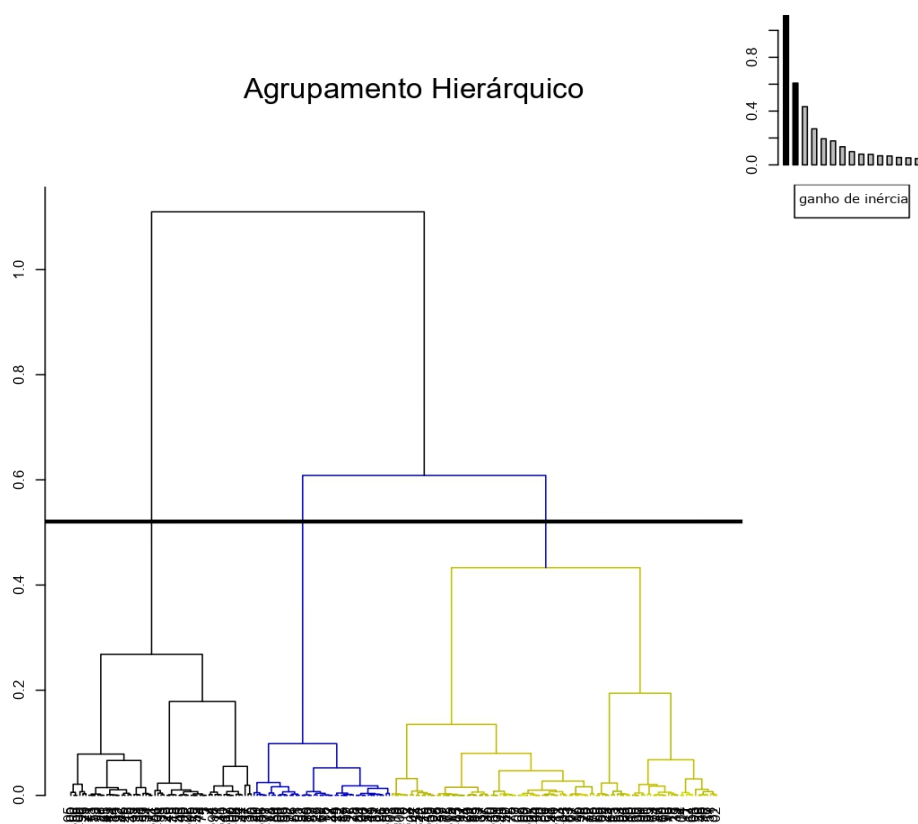


Figura 4. Agrupamento hierárquico e partição inicial

Na Figura 5, o particionamento em três grupos é apresentado no gráfico de dispersão produzido pelos dois primeiros componentes principais. Os três grupos formados têm elipses em torno de si como um método de validação interna dos resultados do agrupamento. Essas elipses criam as áreas dos grupos formados, o que facilita a separação dos grupos com maior clareza. Os 25 melhores genótipos têm suas identificações e foram marcados com símbolos diferentes de acordo com o grupo a que pertencem, os demais genótipos foram apenas sinalizados pelos símbolos em função dos grupos a que pertencem.

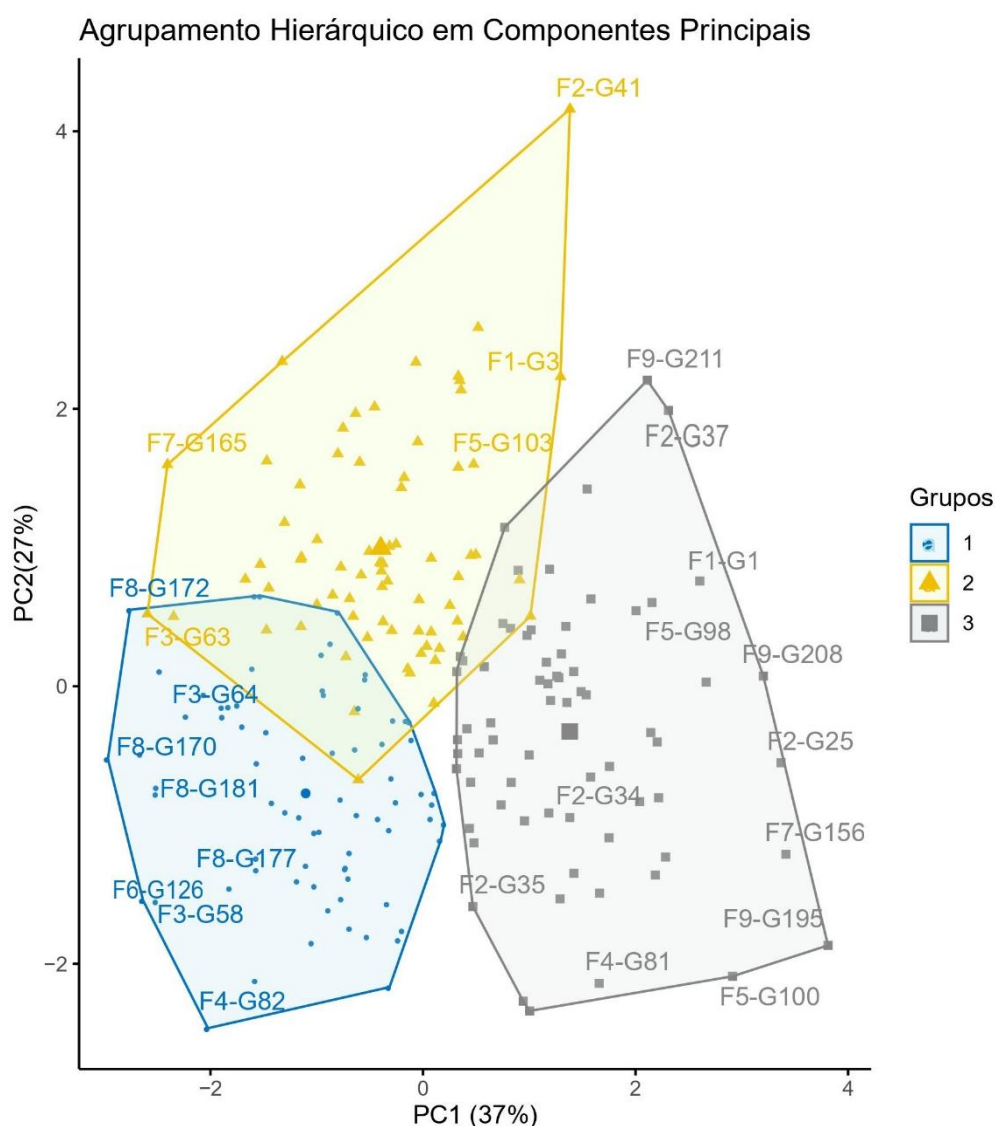


Figura 5. Agrupamento hierárquico com base nos dois primeiros componentes principais e elipses em torno dos grupos formados por 216 genótipos com identificação apenas dos top 25 genótipos, pertencentes às nove famílias de meios-irmãos de capim-elefante. Campos dos Goytacazes, 2019 - 2021.

O primeiro grupo foi formado por 75 genótipos, sendo a maior parte deles pertencentes às famílias 3, 4, 6 e 8, com 14, 12, 13 e 11 genótipos, respectivamente. Neste grupo, foram agrupados os genótipos que apresentaram os maiores valores para a característica %MS. O grupo dois agrupou os genótipos com maiores DC e foi composto por 72 genótipos, com maior participação da família 5 com 13 genótipos, seguido das famílias 7 e 9 com 10 genótipos cada (Tabela 5).

Tabela 5. Descrição dos grupos em função das cinco características avaliadas. Campos dos Goytacazes, 2019 - 2021.

Características	Unidade	Média do grupo		
		Grupo 1 (75)	Grupo 2 (72)	Grupo 3 (69)
PMS	t.ha ⁻¹	11,55	12,71	20,88
%MS	%	34,09	30,37	33,98
ALT	m	2,92	3,17	3,22
DC	mm	4,34	5,98	5,55
NP	Perfilhos	31,72	29,59	43,64

Com relação ao grupo 3, ele conteve 69 genótipos, com maior contribuição das famílias 2 e 9, com 11 genótipos cada, tendo sido agrupados os genótipos que apresentaram os maiores valores para as características PMS, ALT e NP (Tabela 5). Nesta análise, foram consideradas as distâncias entre acessos, sem vinculação da família, sendo, dessa forma, possível observar a existência de ampla variabilidade entre as famílias avaliadas, visto que genótipos pertencentes à mesma família não se agruparam, mas se distribuíram em diferentes grupos.

As análises feitas neste estudo permitem confirmar a variabilidade dentro das nove famílias avaliadas. Estes resultados já eram esperados, tendo em vista que os 216 genótipos de capim-elefante avaliados são provenientes de nove famílias de meios-irmãos, e os grãos de pólen podem ter vindo de diferentes genitores masculinos. Com os resultados obtidos neste trabalho, os melhoristas conseguirão gerenciar os futuros cruzamentos entre genótipos contrastantes.

É possível indicar cruzamentos entre genótipos promissores do Grupo 3 que apresentaram alta produção de matéria seca e altura com genótipos dos

grupos 1 e 2, de modo a obter genótipos que tenham, além de alta produção de matéria seca, menor número de perfilhos, maior diâmetro de colmo e, por consequência, elevados teores de fibra, baixos teores de nitrogênio e alto poder calorífico (Rossi et al., 2014), características de grande importância para o capim-elefante visando à produção de energia .

3.1.5. CONCLUSÕES

As características produção de matéria seca, altura de plantas e diâmetro do colmo são de maior importância para a discriminação dos genótipos em capim-elefante.

Existe grande variabilidade dentro das famílias avaliadas.

Os cruzamentos entre os genótipos do grupo três com genótipos dos grupos um e dois são recomendados para o desenvolvimento de genótipos produtivos visando à produção de energia.

3.2. ESTIMATIVAS DE REPETIBILIDADE E PREDIÇÃO DE GANHOS GENÉTICOS ENTRE E DENTRO DE FAMÍLIAS DE MEIOS-IRMÃOS DE CAPIM-ELEFANTE PARA FINS ENERGÉTICOS VIA MODELOS MISTOS

3.2.1. INTRODUÇÃO

Diante do crescimento econômico e populacional, houve aumento da demanda global por eletricidade. A demanda global de eletricidade é suprida por mais de 79% de fontes não renováveis, como os combustíveis fósseis (EIA, 2018). A produção de energia pelo uso de combustíveis fósseis é extremamente prejudicial ao ambiente. No Brasil, este cenário é bem melhor, tendo em vista que a eletricidade utilizada é predominantemente renovável. A energia proveniente das hidroelétricas responde por 64,9% da oferta (BEN, 2020). Todavia o sistema elétrico passou a conviver com um aumento do potencial de instabilidade decorrente da intermitência e da sazonalidade dessas fontes renováveis. Se a estocagem não for factível ou viável à segurança da eletricidade e ao abastecimento, considerando o crescimento previsto da demanda no futuro, fica ameaçada (EPE, 2019).

Em função disso, diversos países estão buscando mudanças e intensificando a inserção de outras fontes energéticas, sobretudo as renováveis (Wolf et al., 2016). No Brasil, quando os reservatórios de água estão baixos, é comum a necessidade de recorrer à energia gerada pelas termoelétricas, impactando nas despesas do consumidor. Por sua vez, o país não dispõe de

quantidade significativa de carvão mineral e de gás natural suficientes para atender a necessidade nacional. As usinas, em geral, são movidas a diesel e a óleo combustível, de baixa eficiência e alto nível de emissões, fato este que oferece boas perspectivas para a geração termelétrica com a biomassa.

Diante disso, o capim-elefante (*Cenchrus purpureus* (Schumach.) Morrone) destaca-se pelo seu potencial de produção de biomassa. A produtividade do capim-elefante pode atingir até 59 toneladas de biomassa por hectare ano (Silva et al., 2020). Aliado à sua alta produção, o capim-elefante apresenta características bromatológicas, como celulose, hemiceluloses, lignina, teor de umidade, densidade, relação C/N e poder calorífico, que reafirmam seu alto potencial para produção de energia (Saidur, et al., 2011; Vidal et al., 2017; Freitas et al., 2018). Além disso, a cultura tem como vantagem adicional a baixa exigência de nutrientes para seu desenvolvimento, tornando-se uma das mais importantes forrageiras tropicais destinadas à produção de bioenergia (Queno et al., 2011).

Por conseguinte, torna-se necessário o desenvolvimento de estudos voltados para obtenção de genótipos de interesse, que apresentem características favoráveis à produção de energia. Entretanto esta seleção não é uma tarefa fácil, uma vez que caracteres como produtividade têm uma ação gênica complexa, sofrendo alta influência do meio ambiente (Viana e Resende 2014), como mostram os resultados obtidos em diversos estudos avaliando características produtivas do capim-elefante (Rodrigues et al., 2017; Stida et al., 2018; Silva et al., 2018).

Deste modo, ao fazer a seleção, o melhorista deve utilizar métodos precisos de seleção. A metodologia de modelos mistos REML/BLUP vem sendo uma ótima alternativa para a seleção de genótipos para características altamente influenciadas pelo ambiente por envolver a estimação dos componentes de variância pelo método de máxima verossimilhança restrita (Restricted Maximum Likelihood - REML) e a predição dos valores genotípicos pela melhor predição linear não viciada (Best Linear Unbiased Prediction - BLUP), resultando num processo de seleção mais acurado (Resende, 2009).

Esta metodologia vem se tornando cada vez mais rotineira no melhoramento de plantas, sendo utilizada em diversas culturas. Como exemplos, podemos citar cana-de-açúcar (Gonçalves et al., 2014), mamão (Cortes et al.,

2019; Silva et al., 2017a), maracujá (Silva et al., 2017b), goiaba (Gomes et al., 2017), milho (Vittorazzi et al., 2017), feijão-caupi (Cruz et al., 2021) bem como o capim-elefante (Menezes et al., 2016; Stida et al., 2018; Silva et al., 2020). Em todos estes trabalhos, a seleção via modelos mistos proporcionou ganhos significativos aos programas de melhoramento.

Outra vantagem da utilização da metodologia REML/BLUP é ser possível estimar o coeficiente de repetibilidade. Tal estimativa tem grande relevância, tendo em vista que a seleção, em espécies perenes, especialmente para características relacionadas à produtividade, demanda muito tempo em razão dos longos ciclos produtivo e reprodutivo e da necessidade de condução de experimentos grandes e onerosos. Com o uso desta metodologia, é possível prever quantas avaliações serão necessárias para a seleção com maior confiabilidade. Sendo assim, a herdabilidade estimada, a repetibilidade individual e os parâmetros de correlação genotípica durante as colheitas são essenciais para o melhorista selecionar genótipos superiores (Marçal et al., 2016)

Diante do exposto, considerando a importância do capim-elefante para fins energéticos, este estudo teve como objetivo inferir qual o número mínimo de avaliações necessárias para fazer a seleção com confiabilidade, além de estimar os componentes de variância e prever os ganhos genéticos entre e dentro de famílias de meios-irmãos de capim-elefante pela metodologia dos modelos mistos.

3.2.2. REVISÃO DE LITERATURA

3.2.2.1. Seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos

A seleção de progênes de meios-irmãos, proposta inicialmente por Lonquist (1964) e Paterniani (1967), promove aumento da frequência de alelos favoráveis sem elevar as taxas de endogamia, aumenta a precisão da seleção intrapopulacional, não requer polinização manual e é de fácil execução. Esta metodologia tem obtido bons resultados desde o início da sua utilização pela

eficiência da seleção e facilidade em obter as estimativas dos parâmetros genéticos. Com isso, prolonga-se cada vez mais o uso desta metodologia.

A principal dificuldade encontrada pelos melhoristas nos programas de melhoramento de capim-elefante é a seleção de genótipos promissores nas fases iniciais. Esta dificuldade ocorre pela grande quantidade de genótipos que precisam ser avaliados. Nestas fases, não são usados delineamentos experimentais para genótipos. Isto é, cada genótipo apresenta uma única repetição. Desta maneira, a seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos, com o objetivo de alterar a média populacional de uma ou mais características, objetivando o aprimoramento ou adequação aos interesses de estudo, é considerada uma excelente estratégia (Vencovsky; Barriga, 1992).

Na seleção das famílias superiores, é feito um teste de progênie, método rotineiramente utilizado no melhoramento de plantas. Este método é considerado uma forma de seleção de famílias, tendo em vista que a seleção é feita com base no valor médio da progênie, posteriormente são selecionados os genótipos potenciais dentro desta família (Jackson e McRae, 1998).

Diversos estudos têm demonstrado que a seleção entre e dentro de famílias apresenta uma significativa vantagem, como mostra o trabalho de Borges et al. (2017), que, ao quantificar o progresso genético com a seleção entre e dentro de progênies para a produção de frutos de pupunha, encontraram que a seleção dos três melhores genótipos por família proporcionou a manutenção do número efetivo, associado a uma menor redução no ganho de seleção.

Souza et al. (2017), ao avaliar progênies F_2 de feijão-vagem para caracteres relacionados à produção de vagens e grãos através do procedimento REML/BLUP, fizeram a seleção entre e dentro de progênies e obtiveram ganhos genéticos aditivos preditos com a seleção de 36,05% na produção de grãos e 33,5% na produção de vagens verdes. Estes autores concluíram que a seleção via BLUP para a produção de vagens e grãos possibilitou a predição e a obtenção de ganhos genéticos significativos para o melhoramento do feijão-vagem nas próximas gerações.

Em goiabeira, Quintal et al. (2017), visando à geração de novas variedades de goiaba com atributos superiores, conduziram um estudo com dezessete famílias segregantes. A seleção entre famílias indicou os maiores valores para diversas características de interesse, revelando que, para o presente

estudo, essa prática seria eficaz, uma vez que essas características permitiram os maiores valores de acurácia de seleção entre as famílias.

Contudo a tarefa de selecionar progênes superiores não é fácil, uma vez que os caracteres de importância, em sua maioria quantitativos, apresentam comportamento complexo, por serem mais influenciados pelo ambiente e inter-relacionados de tal forma que a seleção de um provoca uma série de mudanças em outros (Cruz; Regazzi, 2001). O uso de metodologias com maior acurácia estatística é uma alternativa, tendo em vista que o conhecimento da magnitude das estimativas de herdabilidade, dos coeficientes de correlação genética e fenotípica e das estimativas de ganho esperado com seleção auxilia na condução de um programa de melhoramento e nas tomadas de decisão (Borém; Miranda, 2017).

3.2.2.2. Parâmetros genéticos no melhoramento do capim-elefante

A estimação dos parâmetros genéticos tem grande importância no melhoramento genético de qualquer cultura, pois possibilita conhecer a estrutura genética da população para fins de seleção e da sua variância genotípica (Ramalho et al., 2012). Levando em consideração que as variações ambientais mascaram as de natureza genética, quanto maior a proporção da variabilidade decorrente dos efeitos de ambiente em relação à variabilidade total, mais difícil será a seleção efetiva dos genótipos superiores (Borém e Miranda, 2017).

Com a estimação dos parâmetros genéticos, é possível predizer os valores genéticos, o que auxiliará os melhoristas nas tomadas de decisão (Cruz et al., 2012). O conhecimento dos componentes da variabilidade fenotípica auxiliará na escolha dos métodos de melhoramento, dos locais para a condução dos testes de rendimento, do número de repetições e da predição dos ganhos de seleção (Viana e Resende, 2014).

A variância fenotípica pode ser dividida em variação produzida pelo ambiente, variação resultado dos efeitos genotípicos e a última variância pela interação do genótipo com o ambiente. A variância genotípica, por sua vez, pode ser desdobrada em variância genética aditiva, variância de dominância e variância epistática (Vencovsky, 1969).

O conhecimento da variabilidade genética existente através de parâmetros genéticos como herdabilidade, coeficiente de correlação genética e as implicações dos efeitos ambientais sobre estas estimativas, refletidas na interação genótipo x ambiente, têm importância fundamental em qualquer programa de melhoramento, pois indica o controle genético do caráter, importante para o estabelecimento de estratégias de seleção (Falconer, 1987).

A herdabilidade (h^2) é um dos parâmetros genéticos que mais contribuem para o trabalho do melhorista. Diz respeito à proporção relativa das influências genéticas e ambientais na manifestação fenotípica das características e indica o grau de facilidade ou dificuldade para melhorar determinada característica. A herdabilidade fundamenta a estratégia a ser usada no melhoramento genético de uma característica. Em outras palavras, expressa a confiança do valor fenotípico como um guia para o valor genético; por esta razão, entra em quase todas as fórmulas relacionadas com métodos de melhoramento, e muitas decisões práticas sobre procedimentos a serem usados dependem de sua magnitude como estratégias de seleção para um determinado caráter na população (Falconer, 1987).

É possível estimar dois tipos de herdabilidade: no sentido amplo e no sentido restrito. No sentido amplo, a herdabilidade pode ser definida como a razão da variância genotípica pela variância fenotípica, enquanto no sentido restrito, a razão da variância genética aditiva pela variância fenotípica, ou seja, leva em consideração apenas a parte da variação genética que passa para a próxima geração (Falconer e Mackay, 1996).

Quanto maior o coeficiente de herdabilidade, maior o sucesso de uma seleção para dado caráter, o que resulta numa relação positiva entre alta herdabilidade e eficácia seletiva (Van Vleck, 1993). De acordo com Resende (2009), a herdabilidade pode ser classificada como baixa ($h < 0.15$), mediana ($0.15 < h < 0.50$) e de alta magnitude ($h > 0.50$). Quando a herdabilidade de uma característica é baixa, ela evidencia que grande parte da variação da característica é devida aos diferentes ambientes aos quais os genótipos estão sujeitos. Altos valores para a herdabilidade significam que as diferenças genéticas entre os genótipos são responsáveis, em grande parte, pela variação da característica (Bourdon, 1998).

O REML/BLUP permite estimar componentes de variância, parâmetros genéticos, acurácia de predição e predizer os ganhos de seleção (Resende, 2016). Em consequência, é possível inferir sobre a interação do genótipo com o ambiente, estimar a acurácia das avaliações e identificar os genótipos promissores (Alves, 2016). A melhor predição não viesada (BLUP) com uso de componentes de variância estimados via máxima verossimilhança restrita (REML) representa potencial avanço no melhoramento de plantas.

3.2.2.3. Modelos mistos no melhoramento genético de plantas

A metodologia de modelos mistos foi proposta por Charles Roy Henderson em 1949, tendo sido adotada primeiramente no melhoramento animal (Henderson, 1975), mas os trabalhos utilizando modelos mistos nos estudos em genética vegetal eram bem escassos.

Porém o uso da metodologia dos modelos mistos passou a ser empregada em diversas culturas, tendo em vista as vantagens que essa abordagem oferece frente às dificuldades (perda de parcelas experimentais, heterogeneidade de variâncias ambientais etc.) rotineiramente encontradas em experimentos agrônômicos, principalmente em estudos que requerem muitos ensaios (Borges et al., 2010; Carias et al., 2016; Menezes et al., 2016; Rodrigues et al., 2017)

O problema central do melhoramento genético é a predição dos valores genéticos dos vários genótipos em avaliação, e esta predição necessita de componentes de variância conhecidos ou estimados com precisão (Resende, 2007). A melhor predição não viesada (BLUP), proposta por Henderson (1975) com uso de componentes de variância estimados via máxima verossimilhança restrita (REML) (Patterson e Thompson, 1971), representa potencial avanço no melhoramento de plantas.

O REML é uma generalização da ANOVA para situações mais complexas. Para situações simples, os dois procedimentos são equivalentes, mas para as situações mais complexas encontradas na prática, a ANOVA é um procedimento apenas aproximado (Resende, 2007). No BLUP, a média é a mesma para todos os tratamentos genéticos, uma vez que, em termos de processo de estimação, se trata de uma mesma população (Gonçalves e Fritsche

Neto, 2012), de modo que a acurácia seletiva é maximizada e o erro de predição, minimizado. Além disso, fornece valores genéticos não viciados, maximiza o ganho genético por ciclo de seleção e a probabilidade de seleção do melhor entre dois ou mais genótipos.

As principais vantagens práticas do REML/BLUP são permitir a predição acurada e não viesada dos valores genéticos, propiciar obter informações específicas sobre o mérito da progênie e de genótipos nas progênies, com vantagem para experimentos desbalanceados, considerar até mesmo o ambiente da repetição onde está localizado o genótipo, permitir a comparação de genótipos ou variedades através do tempo (gerações, anos) e espaço (locais, blocos), permitir a simultânea correção para os efeitos ambientais, estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos, permitir lidar com estruturas complexas de dados (medidas repetidas, diferentes anos, locais e delineamentos) e poder ser aplicado a dados desbalanceados e a delineamentos não ortogonais. No caso de dados desbalanceados, a ANOVA conduz a imprecisas estimativas de componentes de variância e, conseqüentemente, a predições não acuradas de valores genéticos (Resende, 2007; Sturion e Resende, 2010).

Em razão da vantagens desse método, seu emprego no melhoramento de espécies tem crescido expressivamente, podendo ser aplicado em diferentes espécies como mamão (Cortes et al., 2019), maracujá (Silva et al., 2017b), milho (Vittorazzi et al., 2017), feijão-caupi (Cruz et al., 2021) bem como no capim-elefante (Menezes et al., 2016; Stida et al., 2018; Silva et al., 2020).

Estudos conduzidos por Vivas et al. (2014) para estimar os componentes de variância e o valor genético de progênies de mamoeiro para incidência e severidade de mancha-de-phoma via modelos mistos possibilitaram selecionar genótipos com valores negativos de efeitos genéticos aditivos tanto para severidade quanto para incidência da doença nas folhas.

Quintal et al. (2017) conduziram e analisaram pelo procedimento REML/BLUP, em nível de genótipos, 17 famílias segregantes de goiabeira. As estimativas para parâmetros genéticos revelaram excelente potencial de seleção da população e variabilidade genética suficiente para o melhoramento genético da população a curto e longo prazo.

Nogueira et al. (2019) fizeram uma seleção das melhores progênes e genótipos de um teste de progênes de irmãos completos de eucalipto com base no tamanho efetivo populacional, endogamia e ganho genético. As estimativas de herdabilidade e acurácia seletiva deste trabalho possibilitaram redução do cruzamento de genótipos aparentados, maximização dos ganhos genéticos e a transformação do experimento em pomares de sementes por mudas.

Trabalho conduzido por Evangelista et al. (2021) para estimar parâmetros genéticos e comparar diferentes estratégias de seleção no contexto de modelos mistos para melhoramento da soja encontrou alta precisão seletiva, indicando alta confiabilidade dos resultados. Além disso, os resultados mostraram que os genótipos de soja mais produtivos apresentam alta adaptabilidade e estabilidade.

Rodrigues et al. (2017) fizeram uma seleção de famílias e progênes de capim-elefante para produzir bioenergia via reml/blup, tendo a variância genética nas famílias avaliadas sido explicada pelos efeitos genéticos aditivos e de dominância. As famílias selecionadas apresentaram maior número de genótipos potenciais para características como altura da planta, diâmetro do colmo porcentagem de matéria seca e produção de matéria seca.

Silva et al. (2020) fizeram uma avaliação da produção de energia em famílias de irmãos completos de capim-elefante por modelos mistos, em que cento e vinte progênes de irmãos completos de cruzamentos foram avaliados em dois cortes e um ambiente. Neste estudo, a herdabilidade da família chegou a 0,81 e 0,92%, no primeiro e segundo corte, respectivamente. Estes mesmos autores afirmam que o método REML / BLUP mostrou-se adequado para a seleção de genótipos de capim-elefante para fins energéticos.

3.2.3. MATERIAL E METODOS

3.2.3.1. Caracterização da área experimental

O experimento foi implantado em uma área experimental pertencente à Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), localizada nas

dependências do Centro Estadual de Pesquisas em Agroenergia e Aproveitamento de Resíduos (CEPEAA), da Estação Experimental da PESAGRO-RIO, em Campos dos Goytacazes, RJ, situado a 21°44'47" S, 41°18'24" W e 11 m de altitude.

Os dados meteorológicos foram obtidos da estação automática agrometeorológica, localizada próximo à área experimental. Na Figura 1 estão apresentados os valores mensais de precipitação pluvial e de temperatura referentes ao período da condução do experimento (novembro de 2019 a agosto de 2021).

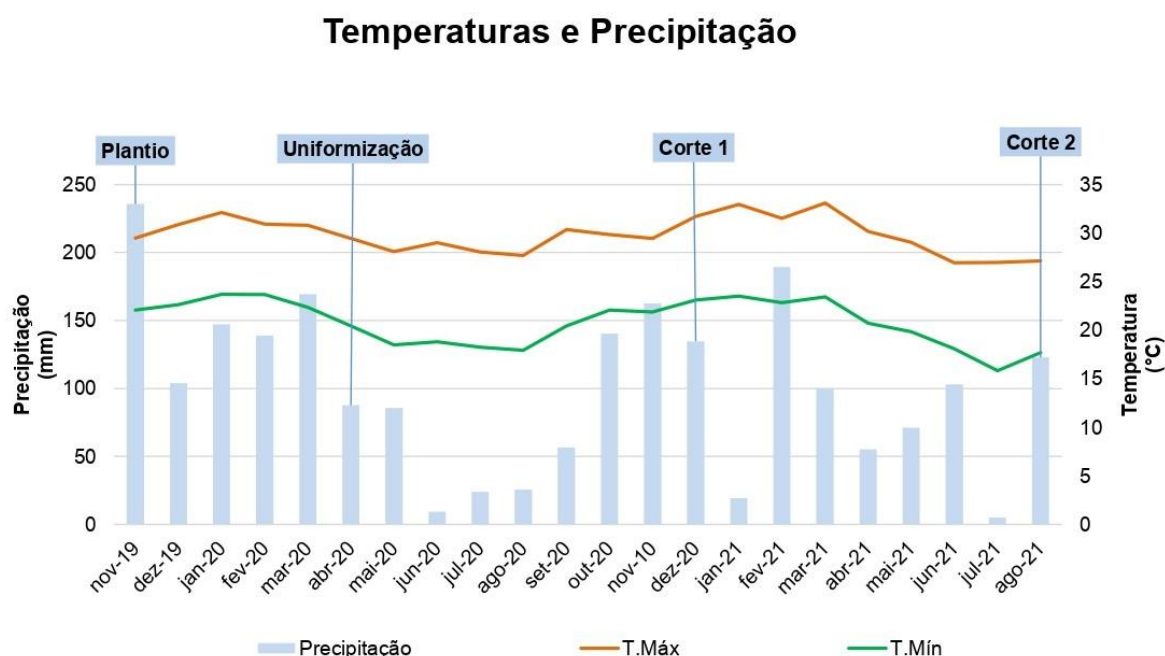


Figura 1. Temperaturas e precipitação ocorridas durante o experimento de capim-elefante. Campos dos Goytacazes, 2019-2021.

O solo da área experimental no qual os genótipos foram cultivados se caracteriza como solo de terraço, classificado como Argissolo Amarelo distrófico (EMBRAPA 2006) e apresenta as seguintes características: pH 5,3; fósforo (mg dm^{-3}) 36; potássio (mg dm^{-3}) 166; Ca ($\text{cmol}_c \text{dm}^{-3}$) 1,5; Mg ($\text{cmol}_c \text{dm}^{-3}$) ($\text{cmol}_c \text{dm}^{-3}$) 0,6; Al ($\text{cmol}_c \text{dm}^{-3}$) 0,1; H + Al ($\text{cmol}_c \text{dm}^{-3}$) 2,4; Na ($\text{cmol}_c \text{dm}^{-3}$); C (%) 1,18; Matéria Orgânica (%) 2,03.

3.2.3.2. Obtenção das progênies

Para obtenção das famílias, foram utilizados genótipos provenientes do Banco Ativo de Germoplasma de Capim-Elefante (BAGCE) do LEAG/CCTA/UENF, localizado em Campos dos Goytacazes-RJ. Para tanto, foram selecionados os nove genótipos mais produtivos no quesito produção de matéria seca, segundo Oliveira et al., (2013) e Rocha et al., (2015) (Tabela2).

Tabela 1. Identificação dos nove genitores provenientes do Banco Ativo de Germoplasma de Capim-Elefante (BAGCE) do LEAG/CCTA/UENF, utilizados como genitores femininos para obtenção das famílias de meios-irmãos. Campos dos Goytacazes, RJ.

Família	Genitor Feminino	BAGCE	Procedência
1	Gigante de Pinda	7	Pindamonhangaba-SP
2	Pasto Panamá	74	Panamá
3	903-77 ou Australiano	68	Brasil
4	Gramafante	45	Colômbia
5	Três Rios	3	Nova Odessa-SP
6	Elefante de Pinda	26	Colômbia
7	Duro de Volta Grande	34	UFRRJ- Seropédica
8	Taiwan A-46	33	UFRRJ- Seropédica
9	King Grass	51	Embrapa Gado de leite

Os cruzamentos foram feitos entre os meses de junho e agosto de 2019, época do florescimento da cultura. Foi permitido que os cruzamentos ocorressem naturalmente e, posteriormente, foram colhidas as panículas dos respectivos genótipos. As panículas foram colhidas no início da época de florescimento, no meio da estação e ao fim da época de florescimento. Tal procedimento foi adotado de modo a propiciar a coleta de sementes polinizadas por genitores precoces e tardios e assim garantir maior variabilidade para as famílias obtidas. Após a coleta, as sementes de cada genótipo foram misturadas, colocadas em papel alumínio e acondicionadas em geladeira. No dia 18 de setembro de 2019, foi feita a semeadura em bandejas de isopor contendo 128 células que foram preenchidas com substrato florestal e mantidas em casa de

vegetação, durante 60 dias, equipada com um sistema de irrigação para propiciar condições ideais para germinação e manutenção das plântulas. No dia 14 de abril de 2020, foi feito o corte de uniformização, dando início ao período de avaliação do experimento.

3.2.3.3. Implantação e condução do experimento

O preparo do solo consistiu de duas gradagens aradoras. O transplante das plântulas para o campo foi feito no dia 18 de novembro de 2019. Foi feita irrigação suplementar por sistema de aspersão convencional apenas na fase de implantação e estabelecimento das plantas (novembro e dezembro) a fim de garantir o estabelecimento e o desenvolvimento das plantas nesta fase inicial.

Na condução do experimento, a adubação foi feita de acordo com os resultados obtidos na análise de solo e a recomendação do manual de calagem e adubação, parcelada em três épocas: no plantio e uma em cada corte de avaliação (Freire et al., 2017). Para tanto, no plantio, foram distribuídos em cada linha 60 g de superfosfato simples e aos 50 dias após o plantio, foi feita a adubação de cobertura, utilizando 70 g de ureia e 40 g de KCl por linha, correspondendo a 28,6 kg de N e 24 kg de K₂O por hectare.

Para avaliação das famílias, foi utilizado delineamento em blocos ao acaso, com três repetições. A parcela foi constituída por uma linha de 15 m com espaçamento de 1,50 x 1,50m, totalizando 10 plantas por parcela. A área útil foi representada pelas oito plantas centrais, foram consideradas como bordadura as plantas das extremidades da linha. A identificação dos 216 genótipos que compõem a área útil, de acordo com as famílias a que pertencem, está apresentada na Tabela 2.

Os cortes de avaliação foram feitos após oito meses de crescimento das plantas, tendo sido feitos dois cortes de avaliação. O primeiro corte ocorreu no dia 01 de dezembro de 2020 e o segundo, no dia 30 de julho de 2021.

3.2.3.4. Características avaliadas

As avaliações foram feitas em oito plantas individuais, de cada parcela e aferidas as seguintes características:

- Produção de matéria seca (PMS, t.ha⁻¹) - foi retirada uma amostra de cada planta ao acaso, picada e acondicionada em saco de papel identificado, pesado e colocado em estufa a 65 °C por 72 horas. Em seguida, as amostras foram

novamente pesadas para obtenção da amostra seca ao ar (ASA). O material seco foi moído em moinho tipo Willey com peneira de 5 mm e acondicionado em sacos plásticos para a determinação da amostra seca em estufa (ASE). Para a determinação da ASE, 2 g de cada material moído foram mantidos em estufa a 105°C por 18 horas e, posteriormente, novamente pesados.

- Número de perfilhos (NP) – feito pela contagem do número de perfilhos de cada uma das plantas avaliadas;
- Altura de plantas (ALT, m) – mensurada do solo até a inflexão da última folha completamente expandida de cada uma das plantas avaliadas;
- Diâmetro de colmos (DC, mm) – aferido pela média de três perfilhos de cada planta avaliada, mensurado com auxílio de um paquímetro digital a 1 m de altura do solo.

3.2.3.5. Análises estatísticas via modelos mistos

Para as características avaliadas, foram feitas a análise de deviance, a estimação dos parâmetros genéticos e a predição dos ganhos entre e dentro das famílias via modelos mistos (REML/BLUP).

De acordo com modelo descrito em Viana e Resende (2014), a análise de deviance foi obtida da seguinte forma:

$$D = -2\ln(L)$$

$$\ln(L) = -1/2\ln|X'V^{-1}X| - 1/2\ln|V| - 1/2(y - Xm)'V^{-1}(y - Xm),$$

em que $\ln(L)$ é o ponto máximo da função de logaritmo de máxima verossimilhança restrita (REML); y é o vetor da variável analisada; m é o vetor dos efeitos das observações, assumido fixo; X é a matriz de incidência dos efeitos fixos; e V é a matriz de variância-covariância de y .

O teste estatístico LRT (teste de razão de verossimilhança) foi utilizado para testar o significado dos efeitos, da seguinte forma:

$$\text{LRT: } -2\ln(L_{se}) + 2\ln(L_{fm}),$$

em que L_{se} é o ponto máximo da função de máxima verossimilhança para o modelo reduzido (sem os efeitos) e L_{fm} é o ponto máximo da função de máxima verossimilhança para o modelo completo. As variáveis foram analisadas pelo software Selegen- REML/BLUP (Resende, 2009), que foi utilizado para obter os componentes de variância por meio da máxima verossimilhança restrita (REML) e

os valores genotípicos individuais por meio do melhor preditor linear não viesado (BLUP).

Para a abordagem REML/BLUP, foi utilizado o modelo 8 do programa computacional SELEGEM - REML/BLUP para avaliação de Genótipos em Progenies de Meios-irmãos (ou Polinização Aberta em Espécies Alógamas) – Várias Observações por Parcela, um local e em várias colheitas no delineamento em Blocos Completos com Resultado por Genótipo (Resende, 2009). A predição dos valores genéticos foi feita utilizando a abordagem dos modelos mistos, sendo adotado um modelo de acordo com a equação descrita abaixo:

$$y = X_m + Z_a + W_p + T_s + e,$$

em que y é o vetor de dados, m é o vetor dos efeitos das combinações medição-repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), p é vetor dos efeitos de parcela (aleatórios), s é vetor dos efeitos permanentes (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos. O vetor m contempla todas as medições em todas as repetições e ajusta simultaneamente para os efeitos de repetições, medição e interação repetição x medição.

Os componentes da variância fenotípica fornecidos pelo modelo foram os seguintes:

V_a : variância genética aditiva;

V_{parc} : variância ambiental entre parcelas;

V_{perm} : variância dos efeitos permanentes;

V_e : variância residual temporária;

V_f : variância fenotípica individual;

$h^2_a = h^2$: herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos.

r : repetibilidade individual;

c^2_{parc} : coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; e

c^2_{perm} : coeficiente de determinação dos efeitos permanentes.

Média geral do experimento.

Os componentes da variância para o cálculo do coeficiente de repetibilidade foram estimados com o procedimento da máxima verossimilhança restrita (REML), sendo a repetibilidade em nível de parcela (ρ) estimada por:

$$\rho = \frac{V_g + V_{perm}}{V_p}$$

$$\rho = \frac{\sigma_a^2 + \sigma_p^2 + \sigma_i^2 + \sigma_s^2}{\sigma_a^2 + \sigma_p^2 + \sigma_i^2 + \sigma_s^2 + \sigma_e^2}$$

Em que V_g é a variância genética entre as plantas; V_{perm} é a variância dos efeitos permanentes; e V_p é a variância fenotípica.

3.2.4. RESULTADOS E DISCUSSÕES

Pelo teste da razão de verossimilhança, apenas a característica altura (ALT) apresentou efeitos significativos ($P < 0,05$) para a fonte variação família. Com relação à fonte variação parcela, a característica ALT apresentou efeito significativo a 1% ($P < 0,01$) e as demais características apresentaram efeito significativo a 5% ($P < 0,05$) (Tabela 2).

A ausência dos efeitos significativos para a fonte variação genótipo entre as características produção de matéria seca (PMS), diâmetro de colmo (DC) e número de perfilhos (NP), denota que a seleção entre famílias propiciará menores ganhos em função da baixa variabilidade presente entre as famílias. As significâncias para os efeitos de parcela indicam variabilidade genética significativa dentro da parcela. Dessa forma, não se torna interessante à seleção entre, mas, sim, dentro de famílias (Borém e Miranda, 2017).

A variância fenotípica foi desmembrada em variância genética aditiva, variância ambiental entre parcelas, variância dos efeitos permanentes e variância residual temporária. Observa-se que a contribuição da variância genética aditiva foi pequena para todas as características avaliadas, predominando os efeitos ambientais. Houve maior contribuição da variância dos efeitos permanentes (V_{perm}) para a característica PMS e da variância residual temporária (V_e) para as demais características (Tabela 3).

Tabela 2. Análise de *Deviance* para as características produção de matéria seca (PMS), altura (ALT), diâmetro de colmo (DC) e número de perfilhos (NP) em famílias de meios-irmãos de capim-elefante, avaliadas em dois cortes. Campos dos Goytacazes, 2019 - 2021.

Fonte		PMS	ALT	DC	NP
Família	Deviance	1946,24 ^{ns}	-468,03*	804 ^{ns}	2542,99 ^{ns}
	LRT	0,85	4,34	0,71	0,2
Parcela	Deviance	1950,7*	-462,08**	809,86*	2549,26*
	LRT	5,31	10,29	6,57	6,47
Amb, permanente	Deviance	1997,35**	-472,37 ^{ns}	803,31 ^{ns}	2575,22**
	LRT	51,96	0	0,02	32,43
Modelo Completo	Deviance	1945,39	-472,37	803,29	2542,79

LRT: Teste da razão de verossimilhança; ^{ns}, **, *: Não significativo, Significativo ao nível de 1% (6,63) e 5% (3,84) de probabilidade, respectivamente, pelo teste Qui-quadrado com 1 grau de liberdade.

Este resultado era esperado, uma vez que as características avaliadas neste estudo são controladas por muitos genes e altamente afetadas pelo ambiente de cultivo (Souza et al., 2017). Todavia, levando em consideração a forma de propagação da cultura (propagação vegetativa), é possível aproveitar toda a variância genética, seja ela de natureza aditiva, dominante ou epistática (Cruz et al., 2014).

Tabela 3. Componentes de variância obtidos pelo REML individual para as características produção de matéria seca (PMS), altura (ALT), diâmetro de colmo (DC) e número de perfilhos (NP) em famílias de meios-irmãos de capim-elefante, avaliadas em dois cortes. Campos dos Goytacazes, 2019 - 2021.

Componentes de Variância	PMS	ALT	DC	NP
V _a	6,881	0,057	0,266	10,963
V _{parc}	3,769	0,011	0,168	15,642
V _{perm}	17,009	0,001	0,022	53,478
V _e	13,720	0,062	1,942	77,610
V _f	41,379	0,131	2,397	157,690
h ² _a	0,166	0,435	0,111	0,070
R	0,668	0,525	0,190	0,508
c ² _{parc}	0,091	0,084	0,070	0,099
c ² _{perm}	0,411	0,005	0,009	0,339
Média Geral	14,917	3,106	5,275	34,817

V_a: variância genética aditiva; V_{parc}: variância ambiental entre parcelas; V_{perm}: variância dos efeitos permanentes; V_e: variância residual temporária; V_f: variância fenotípica individual; h²_a: herdabilidade individual no sentido restrito; R: repetibilidade individual; c²_{parc}: coeficiente de determinação dos efeitos de parcela e c²_{perm}: coeficiente de determinação dos efeitos permanentes.

As estimativas de herdabilidade individual no sentido restrito (h^2_a) foram consideradas baixas para três das quatro características avaliadas. Apenas a característica ALT obteve valor de herdabilidade considerado mediano (0,435), seguindo classificação de Resende (2009). Conhecer a magnitude da herdabilidade é muito importante no melhoramento genético, pois determina o grau de dificuldade no melhoramento da característica. As baixas estimativas de h^2_a encontradas neste trabalho dificultam a seleção para essas características. Entretanto Resende (2009) descreve que as herdabilidades individuais de baixa magnitude são comuns para caracteres quantitativos. Além disso, a utilização de procedimentos de seleção via modelos mistos se justifica, pois mesmo com caracteres de baixa herdabilidade, os ganhos genéticos favoráveis são preditos e os genótipos têm potencial para a seleção (Viana e Resende, 2014).

A repetibilidade individual (R) apresentou alta magnitude para a característica PMS (0,668). Sabe-se que a PMS é uma das características mais importantes, quando se pensa em capim-elefante visando à produção de energia. Deste modo, os altos valores de repetibilidade obtidos para esta característica indicam que é possível prever o valor real dos genótipos com um número relativamente pequeno de medições, indicando que haverá pouco ganho em acurácia com o aumento do número de medidas (Sánchez et al., 2017).

Para as características ALT e NP, a repetibilidade individual foi considerada mediana e para DC baixa. Quando a repetibilidade é baixa, grande número de repetições são necessárias para alcançar um valor de determinação satisfatório. O conhecimento das estimativas de repetibilidade permite que a fase de avaliação seja executada com eficiência e dispêndio mínimo de tempo e mão de obra, maximizando a eficiência de seleção (Viana e Resende, 2014).

A maximização da eficiência de seleção ocorre quando é feita mais de uma medição em cada genótipo, considerando que o valor genotípico é mais bem mensurado quando é feita mais de uma medição, tendo em vista que os melhores genótipos em uma avaliação não são necessariamente os melhores em outra. O coeficiente de repetibilidade serve exatamente para medir a alta ou pequena capacidade que as plantas têm para repetir a expressão do caráter (Resende, 2016). Portanto, o uso do coeficiente de repetibilidade em características relacionadas à produtividade, associado à propagação vegetativa, é uma estratégia de melhoramento eficiente.

Os coeficientes de determinação da repetibilidade com duas medições variaram de 0,32 a 0,80. De acordo com Resende (2009), o coeficiente de repetibilidade é classificado como alto ($r \geq 0.60$), médio ($0.30 < r < 0.60$) e baixo ($r \leq 0.30$). Assim, os coeficientes de repetibilidade obtidos neste trabalho foram considerados altos para todas as características, exceto para diâmetro de colmo (Tabela 4). A utilização de apenas duas medidas já foi considerada suficiente para estimar o valor real dos genótipos, com confiabilidade acima de 60% para as características ALT e NP e acima de 80% para PMS (Tabela 4). Viana e Resende (2014) destacam que, quando se seleciona um grupo de genótipos, valores de coeficiente de determinação acima de 80% podem ser considerados adequados.

Os resultados encontrados neste trabalho são de grande relevância, quando comparados com outros trabalhos conduzidos com capim-elefante, em que o número de medições necessárias para fazer a seleção com confiabilidade foi muito maior do que os encontrados neste experimento. Souza et al. (2017), ao estimar o coeficiente de repetibilidade em 73 genótipos de capim-elefante utilizando os métodos de análise de variância, componentes principais e análise estrutural, concluíram que devem ser feitos pelo menos nove cortes para predizer o valor real dos genótipos para a característica PMS com 80% de confiabilidade. Ferreira et al. (2021), ao avaliarem dezenove clones e duas testemunhas em seis ambientes com a metodologia de modelo misto (REML / BLUP), também concluíram que pelo menos sete colheitas são necessárias para atingir uma precisão de 80%, para PMS.

A acurácia dos valores fenotípicos permanentes com base em m cortes de avaliação (A_{cm}) mede a proximidade entre os valores genéticos preditos e verdadeiros e é um indicador da qualidade da informação experimental, levando em consideração a herdabilidade, o coeficiente de repetibilidade e a precisão experimental. Segundo Resende e Alves (2020), a acurácia é classificada como de alta magnitude quando maior $R > 0,70$ e baixa quando $R < 0,50$.

Tabela 4. Eficiência das medidas repetidas previstas pelo Blup para as características produção de matéria seca (PMS), altura (ALT), diâmetro de colmo (DC) e número de perfilhos (NP) em famílias de meios-irmãos de capim-elefante, avaliadas em dois cortes. Campos dos Goytacazes, 2019 - 2021.

m	PMS				ALT				DC				NP			
	h^2_m	R	A_{cm}	Ef	h^2_m	R	A_{cm}	Ef	h^2_m	R	A_{cm}	Ef	h^2_m	R	A_{cm}	Ef
1	0,17	0,67	0,41	1,00	0,44	0,52	0,66	1,00	0,11	0,19	0,33	1,00	0,07	0,51	0,26	1,00
2	0,20	0,80	0,45	1,09	0,57	0,69	0,76	1,15	0,19	0,32	0,43	1,30	0,09	0,67	0,30	1,15
3	0,21	0,86	0,46	1,13	0,64	0,77	0,80	1,21	0,24	0,41	0,49	1,47	0,10	0,76	0,32	1,22
4	0,22	0,89	0,47	1,15	0,68	0,82	0,82	1,25	0,28	0,48	0,53	1,60	0,11	0,80	0,33	1,26
5	0,23	0,91	0,48	1,17	0,70	0,85	0,84	1,27	0,31	0,54	0,56	1,69	0,11	0,84	0,34	1,28
6	0,23	0,92	0,48	1,18	0,72	0,87	0,85	1,29	0,34	0,58	0,58	1,75	0,12	0,86	0,34	1,30
7	0,23	0,93	0,48	1,18	0,73	0,89	0,86	1,30	0,36	0,62	0,60	1,81	0,12	0,88	0,35	1,32
8	0,23	0,94	0,48	1,19	0,74	0,90	0,86	1,31	0,38	0,65	0,62	1,85	0,12	0,89	0,35	1,33
9	0,24	0,95	0,49	1,19	0,75	0,91	0,87	1,32	0,40	0,68	0,63	1,89	0,12	0,90	0,35	1,33
10	0,24	0,95	0,49	1,19	0,76	0,92	0,87	1,32	0,41	0,70	0,64	1,92	0,12	0,91	0,35	1,34

h^2_m : herdabilidade em nível de genótipos associada à média de colheitas; Coeficiente de determinação da repetibilidade (R^2), acurácia dos valores fenotípicos permanentes baseados em m cortes de avaliação (A_{cm}) e eficiência das m avaliações, comparadas com a situação em que apenas uma avaliação é realizada (Ef).

Os valores encontrados neste trabalho com dois cortes de avaliação foram considerados baixos para as características PMS, DC e NP (0,45, 0,43 e 0,30, respectivamente) e altos para ALT (0,76). As baixas estimativas da herdabilidade encontradas neste estudo podem ter contribuído para os baixos valores de acurácia seletiva para as referidas características. No entanto, essas características foram eficazes para direcionar o número mínimo de avaliações que devem ser feitas na população.

A realização de dois cortes de avaliação possibilitou aumento da eficiência seletiva (Ef) de 9% para PMS, 15% para ALT, 30% para DC e 15% para NP. Com base nos valores de coeficiente de repetibilidade e das referidas eficiências encontradas, não é vantajoso fazer mais de dois cortes para seleção de genótipos de capim-elefante para produção de energia, tendo em vista que com dois cortes foi atingindo um valor de determinação genética considerada suficiente para estimar o valor real dos genótipos, com confiabilidade acima de 80% para PMS. Assim, pode-se afirmar que há um cenário favorável para a seleção genética dos genótipos avaliados.

A Tabela 5 mostra a classificações dos valores genotípicos, ganho genético e a nova média (BLUP individual) para as nove famílias de meios-irmãos de capim-elefante. As estimativas de ganho obtidas para PMS foram as mais expressivas entre as características avaliadas, com ganhos que variaram de 18,37% com a seleção da família 9 a 0% com a seleção da família 3. O principal objetivo de uma cultura dedicada à bioenergia é alcançar altos rendimentos de energia e biomassa seca total por unidade de área (Anderson et al., 2016), sendo assim, a família citada tem potencial para produzir 18% acima da média geral do experimento.

Para as demais características, os melhores ganhos variaram de 11,27 a 6,78%. As famílias 9 e 2 foram as mais bem classificadas para a maioria das características avaliadas, mostrando seu alto potencial produtivo. Porém, como já apresentado na análise de deviance, Tabela 2, a maior variabilidade presente neste estudo se encontra dentro das famílias, e com isso a seleção individual possibilitará maiores ganhos, tendo em vista que a variabilidade genética é essencial para a viabilidade da seleção de materiais genéticos superiores (Beltrame et al., 2012).

Tabela 5. Ordenamento, ganho predito e a nova média para as características produção de matéria seca (PMS), altura (ALT), diâmetro de colmo (DC) e número de perfilhos (NP) em famílias de meios-irmãos de capim-elefante, avaliadas em dois cortes. Campos dos Goytacazes, 2019 - 2021.

Ordem	PMS			ALT			DC			NP		
	Família	Ganho (%)	Nova Média	Família	Ganho (%)	Nova Média	Família	Ganho (%)	Nova Média	Família	Ganho (%)	Nova Média
1	9	18,37	17,66	2	11,27	3,46	5	7,96	5,69	6	6,78	37,18
2	2	16,63	17,40	9	9,98	3,42	9	7,77	5,69	5	6,23	36,98
3	6	11,93	16,70	7	7,41	3,34	1	6,45	5,62	4	5,54	36,75
4	1	9,39	16,31	5	5,80	3,28	7	5,31	5,56	3	4,05	36,22
5	5	7,11	15,98	1	4,51	3,24	2	4,36	5,50	2	2,99	35,86
6	7	5,56	15,74	4	2,90	3,20	8	3,41	5,46	7	2,18	35,57
7	4	4,22	15,54	8	1,93	3,16	4	2,27	5,40	1	1,55	35,35
8	8	2,21	15,25	3	0,97	3,13	6	1,33	5,34	8	0,78	35,08
9	3	0,00	14,92	6	0,00	3,11	3	0,00	5,27	9	0,00	34,82

A seleção individual dentro das famílias é baseada em uma série de características morfoagronômicas com o objetivo de ter um número expressivo de genótipos que aumentem a probabilidade de que pelo uma dessas plantas associe várias características de interesse agrônomo, uma vez que o genótipo será fixo (clone) por seleção (Barbosa et al., 2005). Diante disso, para efeito de seleção, entre os 216 genótipos avaliados foram selecionados os 25 melhores dentro de cada uma das quatro características avaliadas. No total, foram selecionados 83 genótipos. (Tabela 5).

Todos os genótipos selecionados apresentaram nova média maior do que a média geral do experimento (PMS: 14,917; ALT: 3,106; DC: 5,275 e NP: 34,817). Os ganhos genéticos obtidos entre os genótipos selecionados variaram de 30,50 a 16,56% para PMS. A utilização desses genótipos na forma de clones proporcionará ganhos de até 30% na produtividade, sem custo adicional com insumos e mão de obra. Resultados similares foram encontrados por Stida et al. (2017), que, ao selecionar 80 acessos de capim-elefante via REML/BLUP, obtiveram ganhos de 32% para produção de matéria seca. Já para Silva et al. (2020), os ganhos obtidos com a seleção de famílias de irmãos completos de capim-elefante foram de apenas 17%.

Entre os 83 genótipos selecionados, o genótipo 37 (família 2) e o 208 (família 9) se destacaram simultaneamente em 3 características, incluindo bom desempenho para PMS. Outros 13 genótipos se destacaram em duas características (incluindo PMS), foram eles os genótipos 25, 31, 32 e 35, pertencentes à família 2, o genótipo 93 da família 4 e o genótipo 100 da família 5. Na família 6, destacaram-se os genótipos 132, 138 e 143, e na família 9, os genótipos 196, 206, 211 e 212. Vale destacar também o genótipo 195 da família 9, que apresentou o melhor desempenho para produção de matéria seca.

Os genótipos que se destacam, além de estarem entre os 85 melhores e se destacarem em mais de uma característica, eles, por serem propagados assexuadamente por meio de colmos, seguem para a etapa seguinte de testes em ensaios com delineamento experimental e validação, com isso acelerando o processo de lançamento de novas cultivares (Zhou e Joshi, 2012). Os genótipos selecionados também têm potencial para serem utilizados como genitores na obtenção de novas famílias, dando continuidade ao programa de melhoramento.

Tabela 6. Ordenamento, ganho predito e a nova média para as características produção de matéria seca (PMS), altura (ALT), diâmetro de colmo (DC) e número de perfilhos (NP) em famílias de meios-irmãos de capim-elefante, avaliadas em dois cortes. Campos dos Goytacazes, 2019 - 2021.

Ordem	PMS				ALT				DC				NP			
	Ind,	F	Ganho (%)	Nova Média	Ind,	F	Ganho (%)	Nova Média	Ind,	F	Ganho (%)	Nova Média	Ind,	F	Ganho (%)	Nova Média
1	195	9	30,50	19,47	41	2	16,42	3,62	211	9	14,60	6,05	81	4	8,76	37,87
2	208	9	27,75	19,05	204	9	16,42	3,61	114	5	12,70	5,95	134	6	8,59	37,80
3	25	2	26,14	18,81	108	5	15,78	3,60	41	2	12,13	5,91	100	5	8,21	37,68
4	35	2	24,74	18,61	31	2	15,45	3,58	37	2	11,37	5,88	143	6	7,93	37,58
5	211	9	23,87	18,48	25	2	14,81	3,57	202	9	11,00	5,85	156	7	7,73	37,51
6	100	5	23,20	18,37	3	1	14,49	3,56	42	2	10,62	5,83	93	4	7,58	37,46
7	196	9	22,59	18,29	55	3	14,17	3,55	198	9	10,24	5,82	95	4	7,50	37,43
8	48	2	22,06	18,21	88	4	13,84	3,54	207	9	10,05	5,80	130	6	7,35	37,37
9	10	1	21,45	18,12	35	2	13,84	3,53	104	5	9,86	5,79	121	6	7,21	37,33
10	37	2	20,85	18,03	196	9	13,52	3,53	115	5	9,67	5,79	142	6	7,09	37,29
11	1	1	20,38	17,96	40	2	13,20	3,52	98	5	9,48	5,78	138	6	7,01	37,25
12	193	9	19,98	17,90	30	2	13,20	3,52	15	1	9,29	5,77	104	5	6,92	37,22
13	200	9	19,64	17,84	32	2	13,20	3,51	117	5	9,29	5,76	144	6	6,81	37,19
14	31	2	19,31	17,80	154	7	12,88	3,51	145	7	9,10	5,75	127	6	6,72	37,16
15	212	9	18,97	17,75	198	9	12,88	3,50	208	9	8,91	5,74	132	6	6,63	37,13
16	206	9	18,70	17,71	47	2	12,56	3,50	105	5	8,72	5,74	114	5	6,55	37,10
17	215	9	18,44	17,67	208	9	12,56	3,49	109	5	8,72	5,73	117	5	6,49	37,07
18	138	6	18,23	17,63	37	2	12,23	3,49	203	9	8,53	5,72	85	4	6,40	37,05
19	143	6	17,97	17,59	33	2	11,91	3,48	107	5	8,34	5,72	112	5	6,35	37,02
20	34	2	17,70	17,55	212	9	11,91	3,48	111	5	8,34	5,71	73	4	6,29	37,00
21	93	4	17,43	17,52	206	9	11,59	3,47	216	9	8,15	5,71	110	5	6,20	36,98
22	132	6	17,16	17,48	85	4	11,59	3,47	7	1	8,15	5,70	122	6	6,15	36,96
23	14	1	16,96	17,45	194	9	11,27	3,46	197	9	7,96	5,70	133	6	6,09	36,94
24	32	2	16,76	17,41	210	9	11,27	3,46	4	1	7,96	5,69	74	4	6,03	36,92
25	43	2	16,56	17,38	7	1	10,95	3,45	103	5	7,96	5,69	125	6	6,00	36,90

Ind.: Genótipo; F: Família.

3.2.5. CONCLUSÕES

Há variabilidade genética significativa para seleção dentro das famílias avaliadas.

Os altos valores de repetibilidade obtidos demonstram que o desempenho dos genótipos é constante entre as medições, o que indica a necessidade de apenas duas avaliações para seleção dos genótipos superiores com maior confiabilidade para produção de matéria seca.

Dezesseis genótipos foram identificados e selecionados por apresentarem potencial produtivo, são eles os genótipos 25, 31, 32, 35 e 37 (família 2), 93 (família 4), 100 (família 5), 132, 138 e 143 (família 6), 195, 196 206, 208, 211 e 212 (família 9). Esses genótipos podem ser utilizados como genitores nos programas de melhoramento genético do capim-elefante visando à produção de bioenergia.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Abu N.E., Uguru M.I., Obi I.U. (2011) Genotype by trait relations of yield and yield components in aromatic peppers (*Capsicum annum*) based on GT biplot. *Journal of Plant Breeding and Crop Science*. 3:382-390.
- Al-Naggar, A.M., Shafik, M., Musa, Rabeh. (2020). Genetic Diversity Based on Morphological Traits of 19 Maize Genotypes Using Principal Component Analysis and GT Biplot. *Annual Research & Review in Biology*. 35:68-85.
- Alves, R.S (2016). *BLUP via modelos de normas de reação na avaliação da interação genótipos x ambientes em plantas*. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.
- Anderberg M.R. (1973). *Chapter 6—hierarchical clustering methods*. In: Anderberg MR, editor. *Cluster Analysis for Applications*. London: Academic Press. p. 131–55.
- Anderson, W.F., Sarath, G., Edme, S., Casler, M.D., Mitchell, R.B., Tobias, C.M., Andrade, D.B., Oliveira, A.S., Pinto, C.A.G., Pires, R.M.O., Oliveira, A.S., Silva, M.A., Carvalho, M.L.M. (2016) Detection of green seeds in soybean lots by the seed analysis system (SAS). *International Journal of Current Research*, 8:26462-26465.

- Andrade, E.K.P., Andrade, A.R.S., Zamora, V.R.O., Silva, P.R.L.A., Santos, M.S., Azevedo, P.R. (2018) Estudos de periodicidades e de regiões pluviometricamente homogêneas no Agreste pernambucano. *Journal of Environmental Analysis and Progress*. 3:100-117.
- Argüelles, M., Benavides, C., Fernández, I. (2014) A new approach to the identification of regional clusters: hierarchical clustering on principal components, *Applied Economics*, 46:2511-2519.
- Baba, V.Y., Constantino, L.V., Ivamoto, S.T., Moreira, A.F.P., Madeira, T.B., Nixdorf, S.L., Rodrigues, R., Gonçalves, L.S.A. (2019) Capsicum Colletotrichum interaction: Identification of resistance sources and quantification of secondary metabolites in unripe and ripe fruits in response to anthracnose infection. *Sci Horti (Amsterdam)* 246:469–477
- Barbosa, M.H.P., Resende, M.D.V., Bressiani, J.A., Silveira, L.C.I., Peternelli, L.A. (2005). Selection of sugarcane families and parents by Reml/Blup. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 5:443-450.
- Beltrame, R., Bisognin, D.A., Mattos, B.D., Cargnelutti Filho, A., Haselein, C.R., Gatto, D.A., Santos, G.A. (2012). Desempenho silvicultural e seleção precoce de clones de híbridos de eucalipto. *Pesq. agropec. bras.*, Brasília, 47:791-796.
- BEN, Balanço Energético Nacional (2020) Ano base 2019 / Empresa de Pesquisa Energética. – Rio de Janeiro. Disponível em: https://www.epe.gov.br/sites-pt/publicacoes-dados-abertos/publicacoes/PublicacoesArquivos/publicacao-479/topico-528/BEN2020_sp.pdf. Acesso em 2021.
- Borém, A., Miranda, G. V., Fritsche-Neto, R. (2017) *Melhoramento de Plantas – 7ª Edição*. Editora UFV, 543p.
- Borges, C.V., Ferreira, F.M., de Souza, V.F., Atroch, A.L., Rocha, R.B. (2017) Seleção entre e dentro de progênies para a produção de frutos de pupunha. *Rev. Ciências Agrárias*, 60:177-184.
- Borges, V., Soares, A.A., Reis, M.S., Resende, M.D.V., Cornélio, V.M.O., Leite, N. A., Vieira, A.R. (2010) Desempenho genotípico de linhagens de arroz de terras altas utilizando metodologia de modelos mistos. *Bragantia*, 69: 833-841.

- Bourdon, R.M. (1998) Shortcomings of current genetic evaluation systems. *Journal of Animal Science*, 76: 2308-2323.
- Calegari, L. Foelkel, C.E.B., Haselein, C.R., Andrade, J.L.S., Silveira P., Santini, E.J. (2005) Características de algumas biomassas usadas na geração de energia no Sul do Brasil. *Biomassa & Energia*, 2:37-46.
- Carias, C.M.D.O.M., Gravina, G.A., Ferrão, M.A.G., da Fonseca, A.F.A., Ferrão, R.G., Vivas, M., Viana, A.P. (2016) Predição de ganhos genéticos via modelos mistos em Progênes de café conilon. *Coffee Science*, 11:39- 45.
- Carvalho, M.M., Alvim, M.J., Xavier, D.J., Carvalho, L. de A. (1997) Capim-elefante: Produção e utilização. Juiz de Fora, Embrapa-CNPGL, p.31- 46.
- Cassaro, S. (2018) *Seleção de híbridos de capim-elefante para fins energéticos utilizando modelos mistos*. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Campos dos Goytacazes – RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense – UENF, 66p.
- Cavalcante, M., Lira, M.A. (2010) Variabilidade genética em *Pennisetum purpureum Schumacher*. *Revista Caatinga*, 23:153-163.
- Chemisquy, M.A., Giussani, L.M., Scataglini, M.A., Kellogg, E.A., Morrone, O. (2010). Phylogenetic studies favour the unification of *Pennisetum*, *Cenchrus* and *Odontelytrum* (Poaceae): a combined nuclear, plastid and morphological analysis, and nomenclatural combinations in *Cenchrus*. *Annals of Botany*, 6:107-130.
- Chies, V. (2008). *Pesquisa investe em capim como fonte de energia*. Edição 59. Brasília: Embrapa Agroenergia.p. 4-8.
- Cortes, D.F.M., Santa-Catarina, R., Vettorazzi, J.C.F., Ramos, H.C.C.R., Viana, A.P., Pereira, M.G. (2019) Development of superior lines of papaya from the Formosa group using the pedigree method and REML/Blup procedure. *Bragantia*. 78:350–360.
- Coyle, E.D., Simmons, R.A. (2014) *Understanding the global energy crisis*. Purdue University Press.

- Cruz C.D., Regazzi A.J., Carneiro, P.C.S. (2014) Métodos biométricos aplicados ao melhoramento genético: volume 2. Viçosa: UFV, Imprensa Universitária. 668p.
- Cruz, D.P.D., Gravina, G.D.A., Vivas, M., Entringer, G.C., Souza, Y.P.D., Rocha, R.S., Silva, R.D.K.G.D. (2021). Combined selection for adaptability, genotypic stability and cowpea yield from mixed models. *Ciência Rural*, 51:1-12.
- Daher, R.F., Rodrigues, E.V., Araújo, M.S.B., Pinheiro, L., Gravina, G.A., Ledo, F.J.S., Pereira, A.V. (2017). Variação sazonal na produção de forragem de clones intra e interespecíficos de capim-elefante. *Agrarian*. 10:284-294.
- Daher, R.F., Souza, L.B., Gravina, G.A., Machado, J.C., Ramos, H.C., Silva, V.Q., Gottardo, R.D. (2014). Use of elephant grass for energy production in Campos dos Goytacazes-RJ, Brazil. *Genetics and molecular research*,13:10898-10908.
- Daronch, D.J., Peluzio, J.M., Afférri, F.S., Nascimento, M.O. (2014) Capacidade combinatória de cultivares de soja em F2, sob condições de cerrado tocaninense. *Bioscience Journal*, 30: 688-695.
- Dehghani, H., Omid, H., Sabaghnia, N. (2008) Graphic analysis of trait relations of rapeseed using the biplot method. *Agronomy Journal*, 100: 1443–1449.
- Deresz, F. (1999) *Utilização do capim-elefante sob pastejo rotativo para produção de leite e carne*. Juiz de Fora, Embrapa-CNPGL, 29p. (Circular técnica 54).
- Dias, J.M.C.S., Souza, D.T., Braga, M., Onoyama, M.M., Miranda, C.H.B., Barbosa, P.F.D., Rocha, J.D. (2012) *Produção de briquetes e pellets a partir de resíduos agrícolas, agroindustriais e florestais*. Brasília: Embrapa Agroenergia. 130p.
- El-Hashash, Essam. (2016). Genetic Diversity of Soybean Yield Based on Cluster and Principal Component Analyses. *Journal of Advances in Biology & Biotechnology*. 10:1-9.
- EPE, Empresa de pesquisa energética. (2019) *Balanço energético nacional: Relatório síntese, ano base 2018*. Rio de Janeiro: Ministério de Minas e

Energia. Disponível em: <https://www.epe.gov.br/sites-pt/publicacoes-dados-abertos/publicacoes/PublicacoesArquivos/publicacao-377/topico-470/Relat%C3%B3rio%20S%C3%ADntese%20BEN%202019%20Ano%20Base%202018.pdf>. Acesso em 2021.

Escobar, J.F., Coelho, S.T., (2013) Situação da biomassa lignocelulósica no Brasil: perspectivas para o uso dos pellets de madeira nos setores energointensivos. *Jornal Brasileiro das Indústrias de Biomassa*, 11:1-4.

Evangelista, J.S.C., Alves, R.S., Peixoto, M.A., de Resende, M.D.V, Teodoro, P.E., da Silva, F.L., Bhering, L.L. (2021) Soybean productivity, stability, and adaptability through mixed model methodology. *Ciência Rural*, 51:2-12.

Falconer, D.S. (1987) *Introdução à genética quantitativa*. Viçosa: UFV, Imprensa Universitária, 279p

Falconer, D.S., Mackay, T.F.C. (1996) *Introduction to quantitative genetics*. 4.ed. Edinburgh: Longman Group Limited, 464p.

Ferreira, F.M., Bhering, L.L., Fernandes, F.D., da Silva Lédo, F.J., Rangel, J. H.A., Kopp, M., Machado, J. C. (2021). Optimal harvest number and genotypic evaluation of total dry biomass, stability, and adaptability of elephant grass clones for bioenergy purposes. *Biomass and Bioenergy*, 149:106104-106114.

Ferreira, R.P., Pereira, A.V. *Melhoramento de forrageiras*. In: Borém M, A. (Ed.). *Melhoramento de espécies cultivadas*. (2005) Viçosa, MG: UFV, p. 781-812.

Fontoura, C.F., Brandão, L.E., Gomes, L.L. (2015). Elephant grass biorefineries: towards a cleaner Brazilian energy matrix? *Journal of Cleaner Production*, 96:85–93.

Freire, L.R., Balieiro, F.C., Zonta E., Anjos L.H.C., Pereira, M.G., Lima, E., Guerra, J.G.M., Ferreira, M.B.C., Leal M.A. de A., Campos, D.V.B., Polidoro J.C. (2017) *Manual de calagem e adubação*. 404p.

Freitas, R.S., Barbé, T.C., Daher, R.F., Vidal, A.K.F., Stida, W.S., da Silva, V.B., Menezes, B.R. da S., Pereira, A.V. (2018). Chemical Composition and Energy

Yield of Elephant-Grass Biomass as Function of Five Different Production Ages. *Journal of Agricultural Science*, 10:343-353

Genovese, A.L., Udaeta, M.E.M., Galvao, L.C.R. (2006) *Aspectos energéticos da biomassa como recurso no Brasil e no mundo*. 6º Encontro de Energia no Meio Rural, Campinas-SP.

Gomes, V.M., Ribeiro, R. M., Viana, A.P., Souza, R.M., Santos, E.A., Rodrigues, D.L., Almeida, O. F. (2017) Inheritance of resistance to *Meloidogyne enterolobii* and individual selection in segregating populations of *Psidium* spp. *Journal of Plant Pathology*, 148: 699-708

Gonçalves, G.M., Viana, A.P., Amaral Junior, A.T.D., Resende, M.D.V.D. (2014) Breeding new sugarcane clones by mixed models under genotype by environmental interaction. *Scientia Agricola*, 71:66-71.

Gonçalves, M.C., Fritsche-Neto, R. (2012) *Tópicos especiais de biometria no melhoramento de plantas*, 229p..

Granato, D., Karnopp, A., Ruth, S. (2014). Characterization and comparison of phenolic composition, antioxidant capacity and instrumental taste profile of juices from different botanical origins. *Journal of the Science of Food and Agriculture*. 95: 1997-2006.

Granato, D., Santos, G.J.S., Escher, G.B., Ferreira, B.J., Maggio, R.M. (2018). Use of principal component analysis (PCA) and hierarchical cluster analysis (HCA) for multivariate association between bioactive compounds and functional properties in foods: A critical perspective. *Trends in Food Science & Technology*, 72:83-90.

Gravina, L.M., Oliveira, T.R.A., Daher, R.F., Gravina, G.A., Vidal, A.K.V., Stida, W.F., Cruz, D.P., de Sant'Anna, C.Q.S.S., Rocha, R.S., Pereira, A.V., Gustavo, G.H. (2020) Multivariate analysis in the selection of elephant grass genotypes for biomass production. *Renewable Energy*, 160:1265–1268.

Hair, J.J.F., Black, W.C., Babin, B.J., Anderson, R.E., Tatham, R.L. (2009) *Análise multivariada de dados*. 6 ed. Porto Alegre: Bookman.

- Hale, A.L., Sattler, S.E., Knoll, J.E. (2016) Dedicated Herbaceous Biomass Feedstock Genetics and Development. *Bioenergy. Res.* 9:399–411.
- Hanna, W.W., Gaines, T.P., Gonzalez, B., Monson, W.G. (1984). Effect of ploidy on yield and quality of pearl milletx Napiergrass hybrids. *Agronomy Journal*, 76:969-971.
- Harlan, J.R. (1983) *The ecope for collection and improvement of forage plants*. In: Mcivor, J.G.; Bray R. A. (Ed) Genetic Resources of forage plants. East Melbourne, 314p.
- Henderson, C.R. (1985) Best linear unbiased prediction of non-additive genetic merits in non-inbred populations. *Journal of Animal Science*, 60:111-117.
- Hongyu, K. (2018). Análise Fatorial Exploratória: resumo teórico, aplicação e interpretação. *Engineering and Science*, 7: 88-103.
- IEA, Energy and climate change. World Energy Perspective Specification Representative (2015), 200p. Disponível em:<https://iea.blob.core.windows.net/assets/8d783513-fd22-463a-b57d-a0d8d608d86f/WEO2015SpecialReportonEnergyandClimateChange.pdf>. Acesso em 2021.
- Jackson, P.A., McRae, T.A. (1998). Gains from selection of broadly adapted and specifically adapted sugarcane families. *Field Crops Research*, 59:151-162.
- Johnson, R.A., Wichern, D.W. (2014) *Applied Multivariate Statistical Analysis*. 773p.
- Köppen, W. (1948) *Climatologia: con um estúdio de los climas de La Tierra*, México: Fondo de Cultura Economica, 479 p.
- Lebart, L., Morineau, A. and Piron, M. (1995) *Statistique Exploratoire Multidimensionnelle*, Dunod, Paris.
- Lima, R.S., Daher, R.F., Goncalves, L.S., Rossi, D.A., do Amaral Júnior, A.T., Pereira, M.G., e Lédo, F.J.S. (2011) RAPD and ISSR markers in the evaluation of genetic divergence among accessions of elephant grass. *Genetics Molecular Research*, 10:1304-1313

- Lonquist, J.H. (1967) Mass selection for prolificacy in maize. *Der Züchter*, 37:185-188.
- Lustosa, M.C., May, P., da Vinha, V. (2010). *Economia do meio ambiente*. 2. ed. Rio de Janeiro: Campus.
- Maia, M.C.C., Araújo, L.B.D., Dias, C.T.D.S., Oliveira, L.C.D., Vasconcelos, L. F. L., Carvalho Júnior, J.E.V.D., Simeão, M., Bastos, Y.G.M. (2016) Selection of mango rosa genotypes in a breeding population using the multivariate-biplot method. *Ciência Rural*, 46:1689-1694
- Manly, B.F.J. (1986) *Multivariate Statistical Methods: A Primer*. Chapman & Hall, London.
- Marçal, T.S., Guilhen, J.H.S., Oliveira, W.B.S., Ferreira, M.F.S., Resende, M.D.V., Ferreira, A. (2016) Repeatability of biometric characteristics of Juçara palm fruit. *Bioscience Journal*, 32:890–898.
- Mendes, F.F., Guimarães, L.J.M., Souza, J.C., Guimarães, P.E.O., Pacheco, C.A.P., Machado, J.R.A., Meirelles, W.F., Sidney, A.R.S., (2012). Adaptability and stability of maize varieties using mixed model methodology. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 12:111-117.
- Menezes, B.R., Daher, R.F., Gravina, G.A., do Amaral Júnior, A.T., Oliveira, A.V., Schneider, L.S., Silva, V.B. (2014) Correlações e análise de trilha em capim elefante para fins energéticos. *Revista Brasileira de Ciências Agrárias*, 9:465-470.
- Menezes, B.R.S., Daher, R.F., Gravina, G.A., Gottardo, R.D., Schneider, L. Rocha, A.S. (2016). Comportamento Per se de híbridos de capim-elefante para fins energéticos. *Comunicata Scientiae*, 7:73-85.
- Murtagh, F., Legendre, P. (2014). Ward's hierarchical agglomerative Clustering method: Which algorithms implement Ward's criterion? *Journal of Classification*, 31:274–295.

- Naik, S.N., Goud, V.V., Rout, P.K., Dalai, A.K. (2010). Production of First and Second Generation Biofuels: A Comprehensive Review. *Renewable and Sustainable Energy Reviews*, 14:578-597.
- Nascimento Jr., D. (1981) *Informações sobre plantas forrageiras*. Viçosa, MG, UFV Imprensa Universitária, 56p.
- Nogueira, T.A.P.C., Nunes, A.C.P., Santos, G.A., Takahashi, E.K., Resende, M.D.V., Corradi, I.S. (2019). Estimativa de parâmetros genéticos em progênie de irmãos completos de eucalipto e otimização de seleção. *Scientia Forestalis*, 47:451-462.
- Oliveira, A.V., Daher, R.F., Menezes, B.R.S., Gravina, G.A., Sousa, L.B. Gonçalves, A.C.S., Oliveira, M.L.F. (2013) Avaliação do Desenvolvimento de 73 Genótipos de Capim-Elefante em Campos dos Goytacazes – RJ. *Boletim da Indústria Animal*. 70:11-131.
- Oliveira, M.L.F., Daher, R.F., Gravina, G.D.A., da Silva, V.B., Viana, A.P., Rodrigues, E.V., Rocha, A.D.S. (2014). Pre-breeding of elephant grass for energy purposes and biomass analysis in Campos dos Goytacazes-RJ, Brazil. *African Journal of Agricultural Research*, 9:2743-2758.
- Oliveira, M.L.F., Daher, R.F., Menezes, B.R.S., Vivas, M., Rocha, A. dos S., Ponciano, N.J., Amaral Junior, A.T., Araujo, M. do S.B., Pereira, T.N.S., and Silva, V.B. (2017). Genetic diversity of elephant grass (*Cenchrus purpureus* [Schumach.] Morrone) for energetic production based on quantitative and multi-category traits. *Chilean Journal of Agricultural Research*, 77:48-57.
- Oliveira, T.R.A., Gravina, G.A., Oliveira, G.H.F.D., Araújo, K.C., Araújo, L.C.D., Daher, R.F., Vivas, M., Gravina, L.M., Cruz, D.P.D. (2018) The GT BILOT analysis of green bean traits. *Ciência Rural*, 48:1-6.
- Paramesh, M., Reddy, D., Priya, M.S., Sumathi, P., Sudhakar, P., Reddy, K. (2016) GT biplot analysis for yield and drought related traits in mung bean (*Vigna radiata* L, Wilczek). *Electronic Journal of Plant Breeding*, 7:538-543.
- Paterniani, E. (1967) Selection among and within half-sib families in a brazilian population of maize (*Zea mays* L.). *Crop Science*, 7:212-216.

- Patterson, H.D., (1971) Thompson, R. Recovery of interblock information when block sizes are unequal. *Biometrika*, 58:545-554.
- Payne, J.H. (1989) *Operações unitárias na produção de açúcar de cana de açúcar*. São Paulo: Nobel. 211p.
- Pereira, A.V. (1994) *Germoplasma e diversidade genética do capim-elefante*. In: *Simpósio sobre Capim-Elefante*. Juiz de Fora. Anais Coronel Pacheco: EMBRAPA CNPGL, 111p.
- Pereira, A.V., Léo, F.J.S. (2008) *Melhoramento genético de Pennisetum purpureum*. In. Resende, R.M.S., Vale, C.B., Jank, L. (Eds.). *Melhoramento de forrageiras tropicais*, p.89-116.
- Pereira, A.V., Machado, M.A., Azevedo, A.L.S., do Nascimento, C.S., Campos, A. L., da Silva Léo, F.J. (2008). Diversidade genética entre acessos de capim-elefante obtida com marcadores moleculares. *Revista Brasileira de Zootecnia*, 37:1216-1221.
- Pereira, A.V., Morenz, M.J.F., Léo, F.J.S., Ferreira, R.P. (2016) *Capim-elefante: Versatilidades de usos na pecuária de leite*. In: Vilela, D.; Ferreira, R.P.; Fernandes, E.N.; Juntolli, F.V. (Org.) *Pecuária de leite no Brasil*. 1. ed. Brasília, DF: Embrapa, Parte 2, cap. 3, p. 187-211.
- Pereira, M.P.D.C.F., Costa, E.V.S., Pereira, B.L.C., Carvalho, A.M.M.L., Carneiro, A.D.C.O., Costa, A. (2016) Torrefação de cavacos de eucalipto para fins energéticos. *Pesquisa Florestal Brasileira*, 36:269-275.
- Pimentel, A.J.B., Ribeiro, G., Souza, M.A., Moura, L.M., Assis, J.C., Machado, J.C. (2013) Comparação de métodos de seleção de genitores e populações segregantes aplicados ao melhoramento de trigo. *Bragantia*, 72:113-121.
- Prieto-Moreno, A., Llanes-Santiago, O., García-Moreno, E. (2015) Principal components selection for dimensionality reduction using discriminant information applied to fault diagnosis. *Journal of Process Control*, 33:14-24.

- Prochnow, A., Heiermann, M., Ploechl, M., Amon, T., Hobbs, P.J. (2009) Bioenergy from permanent grassland - A review: 2. Combustion. *Bioresource Technology*. 100:4945-4954.
- Quéno, L.M.R., de Souza, A.N., Ângelo, H., do Vale, A.T., Martins, I.S. (2011) Custo de produção das biomassas de eucalipto e capim-elefante para energia. *Cerne* [on-line]. 7: 417-426.
- Quintal, S.S.R., Viana, A.P., Campos, B.M., Vivas, M., Amaral Júnior, A.T. (2017). Selection via mixed models in segregating guava families based on yield and quality traits. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 39:1-8.
- R Foundation. (2017) R: the R project for statistical computing. Disponível em: <https://www.r-project.org/>. Acesso em 2021.
- Ramalho, M.A.P., Abreu, A.F.B., Santos, J.B., Nunes, J.A.R. (2012) *Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas*. Lavras: UFLA, 522p.
- Rengsirikul, K., Ishii, Y., Kangvansaichol, K., Sripichitt, P., Punsuvonm V., Vaithanomsat, P., Nakamane, G., Tudsri, S. (2013) Biomass yield, chemical composition and potential ethanol yields of 8 cultivars of napiergrass (*Pennisetum purpureum* Schumach) harvested 3-monthly in central Thailand. *Journal Sustainable Bioenergy Systems*, 3:107–112.
- Resende, M.D.V. (2007) *Matemática e Estatística na Análise de Experimentos e no Melhoramento Genético*. EMBRAPA (ed). 561p.
- Resende, M.D.V. (2009) *Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes* EMBRAPA (ed). 975p.
- Resende, M.D.V. (2016) Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 16:330 -339.
- Rocha, A.S., Daher, R.F., Gravina, G.A., Pereira, A.V., Rodrigues, E.V., Viana, A.P., Silva, V.Q.R., Amaral Junior, T.A., Oliveira, M.L.F., Oliveira, E.S. (2016) Comparison of stability methods in elephantgrass genotypes for energy purposes. *African Journal of Agricultural Research*, 10:4283-4294.

- Rocha, R.B., Vieira, D.S., Ramalho, A.R., Teixeira, A.L. (2013) caracterização e uso da variabilidade genética de banco ativo de germoplasma de *Coffea canephora* Pierre ex Froehner. *Coffee Science*, 8:478-485
- Rodrigues, E.V., Daher, R.F., Santos, A., Vivas, M., Machado, J.C., Gravina, G.A., Souza, Y.P., Vidal, A.K.F., Rocha, A.S., Freitas, R.S (2017). Selecting elephant grass families and progenies to produce bioenergy through mixed models (REML/BLUP). *Genetics and molecular research*, 16:2-12.
- Rossi, D.A., da Silva Menezes, B.R., Daher, R.F., de Amaral Gravina, G., de Lima, R.N., da Silva Léo, F.J., Souza, C.L.M. (2014). Canonical correlations in elephant grass for energy purposes. *African Journal of Biotechnology*, 13:3667-3671.
- Ryan, A.J., Rothman, R.H. (2021) Engineering chemistry to meet COP26 targets. *Nature Reviews Chemistry*, 1:1-3.
- Sabaghnia, N., Behtash, F., Janmohammad, M. (2015) Graphic Analysis of Trait Relations of Spinach (*Spinacia oleracea* L.) Landraces Using the Biplot Method. *Acta Universitatis Agriculturae et Silviculturae Mendelianae Brunensis* 63:1187-1194.
- Saidur, R., Abdelaziz, E.A., Demirbas, A., Hossaina, M.S., Mekhilef, S. (2011). A review on biomass as a fuel for boilers. *Renewable and Sustainable Energy Reviews*. 15:2262-2289.
- Sánchez, C.F.B., Alves, R.S., Garcia, A.D.P., Teodoro, P.E., Peixoto, L.A., Silva, L.A., Bhering, L.L., Resende, M.D.V. (2017) Estimates of repeatability coefficients and the number of the optimum measure to select superior genotypes in *Annona muricata* L. *Genetics and Molecular Research* 16:1–8.
- Santana, J.G.S., Ramos, H.C.C., Miranda, D.P., Santa Catarina, R., Vettorazzi, J.C.F., Poltronieri, T.P.S., Duarte, R.P., Pirovani, A.A.V., Bohry, D., Amaral Júnior, A.T., Pereira, M.G. (2021). Genotype analysis by trait is a practical and efficient approach on discrimination of inbred lines and identification of papaya (*Carica papaya* L.) ideotypes for fruit quality. *Euphytica*, 217:1-12.

- Santos, M.M.P., Daher, R.F., Ponciano, N.J., Gravina, G.A., Pereira, A.V., Santos, C.L. (2014) Respostas do capim-elefante sob doses de adubação azotada de cobertura para fins energéticos. *Revista de Ciências Agrárias*, 37:100-108.
- Sarkar, D., Paira, Biswadip Das, Nuclear mRNA degradation tunes the gain of the unfolded protein response in *Saccharomyces cerevisiae*. *Nucleic Acids Research*, 46:1139–1156.
- Silva, F.H., Viana, A.P., Ferreira, R., Freitas, J., Santos, J., Lima, R.D. (2014). Quantificação da diversidade genética em progênies de maracujazeiro-azedo utilizando a metodologia Ward-MLM: estratégia para formação de grupos heteróticos. *Ciência e Agrotecnologia [on-line]*. 38:240-246.
- Silva, F.H.de.L., Viana, A.P., Santos E.A., Freitas, J.C.de.O., Rodrigues, D.L., Amaral Juniot, A.T.do. (2017b) Prediction of genetic gains by selection indexes and REML/BLUP methodology in a population of sour passion fruit under recurrent selection. *Acta Scientia Agronomy [on-line]*, 39:183-190.
- Silva, T.P., Neto, F. das C.V., Vale, J.C. (2017a) Prediction of genetic gains with selection between and within S2 progenies of papaya using the REML/Blup analysis. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 52:1167–1177.
- Silva, V.B., Daher, R.F., de Souza, Y.P., da Silva, B.R.,M. Santos, E.A., Freitas, R.S., da Silva, E.O., Stida, W.S. Cassaro, S. (2020) Assessment of energy production in full-sibling families of elephant grass by mixed models. *Renewable Energy*, 146:744–749
- Silva, V.B., Daher, R.F., Menezes B.R.S., Gravina, G.A., Araújo, M.S.B., Carvalho Júnior, A.R., da Cruz, D.P., Almeida, B.O., Tardin, F.D. (2018) Selection among and within full-sib families of elephant grass for energy purposes. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 18:89–96.
- Singh, B.P., Singh, H.P., Obeng, E. (2013) *Elephant grass*. In. Singh, B. P. (ed.). Biofuel crops: production, physiology and genetics. Georgia: CABI, p.271-291.
- Sousa, C.M.B., Gravina, G.A., Viana, A.P., Daher, R.F., Souza, C.L.M. (2017) Seleção de progênies F2 de feijão-vagem para produção via REML/BLUP. *Horticultura Brasileira [on-line]*. 35:33-40.

- Sousa, L.B., Daher, R.F., Menezes, B.R.M., Rodrigues, E.V., Tardin, F.D., Gravina, G.A., Pereira, A.V. (2016) Qualidade da biomassa em híbridos de capim-elefante para fins energéticos. *Revista Brasileira de Ciências Agrárias* 11:85–91.
- Souza, Y.P., Daher, R.F., Pereira, A.V., Silva, V.B., Freitas, R.S., Gravina, G.A. (2017) Repeatability and minimum number of evaluations for morpho-agronomic characters of elephant-grass for energy purposes. *Revista Brasileira de Ciências Agrárias*, 12:391-397.
- Stapt, O., Hubbard, C.E. (1934) Pennisetum. In: Prain, D. (Ed.). *Flora of tropical Africa*. Ashford: Reeve. p. 954-1070
- Statistics, Global Bioenergy. "World Bioenergy Association." (2019). Disponível em: http://www.worldbioenergy.org/uploads/191129%20WBA%20GBS%202019_HQ.pdf. Acesso em 2021.
- Stida, W.F., Daher, R.F., Viana, A.P., Vidal, A.K.F., Freitas, R.S., da Silva, V.B., Pereira, A.V., Cassaro, S., Menezes, B.R.S., Furlani, E.P. (2018) Estimation of genetic parameters and selection of elephant-grass (*Pennisetum purpureum* Schumach.) for forage production using mixed models. *Chilean Journal of Agricultural Research*, 78:198– 204
- Strezov, V., Evans, T.J., Hayman, C. (2008). Thermal conversion of elephant grass (*Pennisetum purpureum* Schum) to bio-gas, bio-oil and charcoal. *Bioresource Technology*, 99:8394-8399.
- Sturion, J.A., Resende, M.D.V. (2005) Eficiência do Delineamento Experimental e Capacidade de Teste no Melhoramento Genético da Erva-Mate (*Ilex paraguariensis* St Hil.). *Pesquisa Florestal Brasileira*, 50:3-10.
- Techio, V.H., Davide, L.C., Pedrozo, C.Â., Pereira, A.V. (2008). Viabilidade do grão de pólen de acessos de capim-elefante, milheto. *Acta Scientiarum. Biological Sciences*, 28:7-12.
- Tobar-Tosse, D.E., Castoldi, R.C., Ferraudo, W.S., Charlo, A.S., Oliveira, H.C., Braz, L.T. (2015) Caracterização de genótipos de soja-hortaliça por análise de componentes principais. *Ciência Rural*, 45:1214-1219.

- Van Vleck, L.D. (1993) *Selection index and introduction to mixed models methods*. Boca Raton: CRC Press, 481p.
- Vencovsky, R. (1969) Genética quantitativa. In: KERR, W. C. (Coord.) *Melhoramento e genética*. São Paulo: Melhoramento, p. 17-37.
- Vencovsky, R., Barriga, P. (1992) *Genética biométrica no fitomelhoramento*. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 496p.
- Viana, A.P., de Resende, M.D.V. (2014). *Genética Quantitativa no Melhoramento de Fruteiras* (Interciência, editor).
- Vida, A.K.F., Daher, R.F., Freitas, R.S., Stida, W.S., Lédo, F.J.S., da Silva, V.B., Pereira, A.V., Tardin, F.D., Gravina¹, G.A., Souza, A.G., Ambrósio, M., Santana, J.G.S., Farias, J.C., Leite, C.L., Amaral-Júnior, A.T., Crevelari, J.A. (2022) Growth curve in elephant grass genotypes based on morpho-agronomic traits for energy production. *Chilean journal of agricultural research*. 82:78:87.
- Vidal, A.K.F., Barbé, T.C., Daher, R.F., Filho, J.E.A., Lima, R.S.N., Freitas, R.S., Rossi, D.A., Oliveira, É.S., Menezes, B.R.S., Entringer, G.C., Peixoto, W.F.S., Cassaro, S. (2017). Production potential and chemical composition of elephant grass (*Pennisetum purpureum* Schum.) at different ages for energy purposes. *African Journal of Biotechnology*, 16:1428-1433.
- Vidal, A.K.F., Daher, R.F., de Andrade, E.K.V., Freitas, R.S., Stida, W.F.S., Júnior, A. Tdo Amaral, Menezes, B. Rda S., Pereira, A. V., da Silva, V. B., Tardin, F. D., and De Oliveira, L.J.S. (2021). Estimate of genetic diversity in germplasm of elephant grass accessions in Brazil using the Gower algorithm. *Genetics and Molecular Research*, 20:1-10.
- Vidal, A.K.F., Daher, R.F., Freitas, R.S., Stida, W.F., Tardin, F.D., Rodrigues, E.V., Silva, V.B., Santos, R.M., Santos, P.R. dos, Oliveira, T.R.A. de. (2019). Screening of Elephant Grass Genotypes Following Some Agro-marphological Traits Related to Biomass Production in Rio de Janeiro (Brazil). *Journal of Experimental Agriculture International*, 39:1-10.

- Vittorazzi, C., Junior, A.A., Viana, A.P., Silva, F.H.L., Pena, G.F., Daher, R.F., Pereira, M.G. (2017). Indices estimated using REML/BLUP and introduction of a super-trait for the selection of progenies in popcorn. *Genetics and Molecular Research*, 16:1-10.
- Vivas, M., Silveira, S.F., Viana, A.P., Amaral Junior, A.T., Cardoso, D.L., Pereira, M.G. (2014) Efficiency of circulant diallels via mixed models in the selection of papaya genotypes resistant to foliar fungal diseases. *Genetics and Molecular Research*, 13:4797-4804.
- Ward, J.H. (1963) Hierarchical grouping to optimize an objective function. *Journal of the American Statistical Association*, 58:236 – 244.
- Wolf, C., Klein, D., Richter, K., Weberblaschke, G. (2016) Mitigating environmental impacts through the energetic use of wood: regional displacement factors generated by means of substituting. *Science of the Environment*, 569:395-403.
- Xavier, M.A., Perecin, D., de Toledo Alvim, K.R., de Andrade Landell, M.G., Arantes, F.C. (2014). Seleção de famílias e progênies de irmãos completos de cana-de-açúcar para atributos tecnológicos e de produção pelo método de REML/BLUP. *Bragantia*, 73:253-262.
- Yang, R.C., Crossa, J., Cornelius, P.L., Burgueño, J. (2009) Biplot analysis of genotype \times environment interaction: Proceed with caution. *Crop Science*, 49:1564-1576.
- Yıldırım, M., Barutçular, C., Koc, M., Dizlek, H., EL Sabagh, A., Hossain, A., Islam, M.S., Toptas, I., Basdemir, F., Albayrak, Ö., Akinci, C. (2018). Assessment of the grain quality of wheat genotypes grown under multiple environments using gge biplot analysis. *Fresenius Environmental Bulletin*, 25:1-8.
- Zhou, M., Joshi, S. (2012) Trends in Broad Sense Heritability and Implications for Sugarcane Breeding in South Africa. *Sugar Tech*, 14:40–46.