

REPETIBILIDADE, ADAPTABILIDADE, ESTABILIDADE E
PREDIÇÃO DE GANHOS ENTRE E DENTRO DE FAMÍLIAS DE
MEIOS-IRMÃOS DE CAPIM-ELEFANTE PARA FINS FORRAGEIROS

WANESSA FRANCESCONI STIDA PEIXOTO

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE
DARCY RIBEIRO – UENF

CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ
MARÇO - 2022

REPETIBILIDADE, ADAPTABILIDADE, ESTABILIDADE E
PREDIÇÃO DE GANHOS ENTRE E DENTRO DE FAMÍLIAS DE
MEIOS-IRMÃOS DE CAPIM-ELEFANTE PARA FINS FORRAGEIROS

WANESSA FRANCESCONI STIDA PEIXOTO

“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
MARÇO - 2022

FICHA CATALOGRÁFICA

UENF - Bibliotecas

Elaborada com os dados fornecidos pela autora.

P379

Peixoto, Wanessa Francesconi Stida.

REPETIBILIDADE, ADAPTABILIDADE, ESTABILIDADE E PREDIÇÃO DE GANHOS ENTRE E DENTRO DE FAMÍLIAS DE MEIOS-IRMÃOS DE CAPIM-ELEFANTE PARA FINS FORRAGEIROS / Wanessa Francesconi Stida Peixoto. - Campos dos Goytacazes, RJ, 2022.

73 f. : il.

Bibliografia: 51 - 62.

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. *Cenchrus purpureus* (Schumach.) Morrone. 2. Produção de matéria seca. 3. Alimentação animal. 4. REML/BLUP. 5. GGE Biplot. I. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. II. Título.

CDD - 631.5233

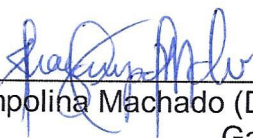
REPETIBILIDADE, ADAPTABILIDADE, ESTABILIDADE E
PREDIÇÃO DE GANHOS ENTRE E DENTRO DE FAMÍLIAS DE
MEIOS IRMÃOS DE CAPIM-ELEFANTE PARA FINS FORRAGEIROS

WANESSA FRANCESCONI STIDA PEIXOTO

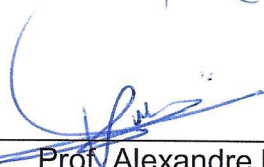
“Tese apresentada ao Centro de Ciências e
Tecnologias Agropecuárias da Universidade
Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro,
como parte das exigências para obtenção do
título de Doutora em Genética e Melhoramento
de Plantas.”

Aprovada em 16 de março de 2022.

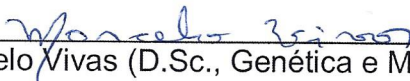
Comissão Examinadora:



Dr. Juarez Campolina Machado (D.Sc., Genética e Melhoramento) - Embrapa
Gado de Leite



Prof. Alexandre Pio Viana (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)

AGRADECIMENTOS

A Deus pelo fôlego de vida, graça, força e amor incondicional;

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

Ao meu orientador Professor Dr. Rogério Figueiredo Daher, por toda atenção, dedicação e incentivo disponibilizado ao longo destes anos;

Ao Dr. Juarez Campolina Machado, pelo aceite e por todas as valiosas sugestões e contribuições;

Aos professores Alexandre Pio Viana e Marcelo Vivas, nossos conselheiros e parceiros, por todo apoio e disponibilidade, pelas considerações, trocas e ensinamentos passados desde o início desta trajetória;

Aos professores do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, por toda dedicação e empenho e por nos contagiarem diariamente com sua experiência e amor pela pesquisa;

Ao José Daniel Valle de Almeida, secretário do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, por toda a ajuda, paciência, eficiência e amizade;

Aos Técnicos da PESAGRO, por toda a ajuda e apoio durante a condução e avaliação do experimento. Dorian, Fernando, João, Júlio Cesar, Luiz, Marcos e Romildo, obrigada por estarem sempre prontos a ajudar;

Agradeço aos meus amigos e companheiros de laboratório, Alexandre, Cleudiane, João, Maxuel, Rafael, Raiane e Grasiela, por todo companheirismo e ajuda. Ao Moisés por toda presteza e por estar sempre disposto a contribuir. À Ana Kesia, por estar sempre presente e ter tornado esta etapa mais leve, por toda amizade e carinho;

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001;

À minha princesa, minha filha Sofia, por me incentivar e inspirar tanto, por me tornar uma pessoa melhor a cada dia e me proporcionar experiências únicas. A mamãe te ama muito!

Agradeço ao meu amor, meu companheiro de todas as horas, Jonathan, por sempre me apoiar e incentivar, por estar sempre ao meu lado e acreditar tanto em mim. Obrigada por toda dedicação a nossa família!

Agradeço à minha mãe por todo apoio e força. Sem dúvidas, você é um exemplo para mim como mãe e mulher. Muito obrigada!

A minha tia Claudete, uma segunda mãe, por se doar tanto, por todo amor e preocupação. A minha irmã Karina por todo apoio e amizade;

A todos que de forma direta ou indireta contribuíram para a realização deste trabalho. Muito obrigada!

SUMÁRIO

RESUMO	vi
ABSTRACT	viii
1. INTRODUÇÃO	1
2. OBJETIVOS	4
2.1. Objetivo geral.....	4
2.2. Objetivos específicos.....	4
3. CAPÍTULOS	5
3.1. COMPARAÇÃO DE MÉTODOS DE ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE RELACIONADOS À PRODUÇÃO DE MATÉRIA SECA EM GENÓTIPOS DE CAPIM-ELEFANTE PARA FINS FORRAGEIROS	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 da cultura do capim-elefante.....	8
3.1.2.3. Interação genótipo x ambiente, adaptabilidade e estabilidade ...	10
3.1.3. MATERIAL E MÉTODOS	11
3.1.3.1. Obtenção das progênies.....	11
3.1.3.2. Área, delineamento e condução experimental.....	12
3.1.3.3. Característica avaliada	14
3.1.3.4. Análises estatísticas	15
3.1.3.4.1. Modelo Misto (REML/BLUP)	32

3.1.3.4.2. GGE Biplot	32
3.1.4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	17
3.1.4.1. Adaptabilidade e Estabilidade via Modelos Mistos	15
3.1.4.2. Adaptabilidade e Estabilidade via GGE Biplot	23
3.1.5. CONCLUSÕES	29
3.2. REPETIBILIDADE E SELEÇÃO ENTRE E DENTRO DE FAMÍLIAS DE MEIOS-IRMÃOS DE CAPIM-ELEFANTE PARA FINS FORRAGEIROS EM DIFERENTES ÉPOCAS DE CORTE	30
3.2.1. INTRODUÇÃO	30
3.2.2. REVISÃO DE LITERATURA	32
3.2.2.1. Capim-elefante para fins forrageiros	32
3.2.2.2. Melhoramento de famílias de meios-irmãos	33
3.2.2.3. Seleção via modelos mistos (REML/BLUP)	34
3.2.2.4. Análise de medidas repetidas	35
3.2.3. MATERIAL E MÉTODOS	37
3.2.3.1. Obtenção da população	35
3.2.3.2. Área, delineamento e condução experimental	35
3.2.3.3. Análise via modelos mistos	35
3.2.4. RESULTADOS E DISCUSSÕES	41
3.2.5. CONCLUSÕES	50
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	51

RESUMO

PEIXOTO, Wanessa Francesconi Stida; D.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; março de 2022; REPETIBILIDADE, ADAPTABILIDADE, ESTABILIDADE E PREDIÇÃO DE GANHOS ENTRE E DENTRO DE FAMÍLIAS DE MEIOS-IRMÃOS DE CAPIM-ELEFANTE PARA FINS FORRAGEIROS; Orientador: D.Sc. Rogério Figueiredo Daher; Conselheiros: D.Sc. Alexandre Pio Viana e D.Sc. Marcelo Vivas.

O capim-elefante está entre as forrageiras mais utilizadas nos sistemas de produção animal em todo o mundo, apresentando destaque como uma das mais importantes devido ao seu elevado potencial produtivo, capacidade de suporte e qualidade nutritiva. O Programa de Melhoramento Genético da cultura do capim-elefante da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) tem por um dos objetivos obter, avaliar e selecionar genótipos superiores para fins forrageiros adaptados às condições edafoclimáticas do Norte Fluminense. Neste contexto, o presente estudo teve como objetivos determinar a adaptabilidade e a estabilidade de genótipos oriundos de famílias de meios-irmãos de capim-elefante via GGE Biplot e modelos mistos (REML/BLUP), bem como, estimar os componentes de variância e prever os valores genéticos em famílias de meios-irmãos pela melhor predição linear não viesada (BLUP), selecionar famílias e genótipos superiores e ainda, estimar o número mínimo de avaliações necessárias para que a seleção apresente confiabilidade. Para tanto, foi realizado um ensaio na Estação Experimental do Centro Estadual de Pesquisas em

Agroenergia e Aproveitamento de Resíduos (PESAGRO-RIO), no município de Campos dos Goytacazes-RJ. Foram avaliadas 12 famílias de meios-irmãos de capim-elefante em cinco cortes de avaliação e em cada um foi mensurada a produção de matéria seca (PMS). Utilizou-se o delineamento de blocos casualizados com três repetições. No primeiro capítulo análise da adaptabilidade e estabilidade genotípica foi realizada via modelos mistos (REML/BLUP) e metodologia GGE Biplot. Na classificação geral, a metodologia REML/BLUP selecionou os genótipos: 36, 111, 114, 117, 118, 146, 149, 205, 206 e 208 como os de maior adaptabilidade e estabilidade produtiva, assim como, as famílias 1, 6, 7, 9 e 11. A metodologia GGE Biplot considerou o genótipo 149 e a família 11 como aqueles mais próximos do ideótipo. As metodologias utilizadas foram consideradas adequadas e eficientes para a identificação e seleção de genótipos superiores. No segundo capítulo, verificou-se que com apenas cinco medições (cortes) pode-se realizar uma seleção com confiabilidade. As famílias 1, 9 e 11 apresentaram excelentes resultados. A seleção dos 20 melhores indivíduos possibilitou maiores ganhos preditos quando comparada à seleção de famílias. Com base nestes resultados, os melhores indivíduos identificados, foram selecionados e poderão ser utilizados como clones e/ou serem utilizados como genitores para dar sequência ao Programa de Melhoramento Genético do capim-elefante, visando à produção de forragem.

ABSTRACT

PEIXOTO, Wanessa Francesconi Stida; D.Sc.; North Fluminense State University Darcy Ribeiro; march 2022; REPEATABILITY, ADAPTABILITY, STABILITY AND PREDICTION OF GAINS BETWEEN AND WITHIN ELEPHANT GRASS HALF-SIBLING FAMILIES FOR FORAGE PURPOSES; Advisor: D.Sc. Rogério Figueiredo Daher; Counselors: D.Sc. Alexandre Pio Viana and D.Sc. Marcelo Vivas.

Elephant grass is among the most used forages in animal production systems around the world, standing out as one of the most important forage crops due to its high productive potential, carrying capacity and nutritional quality. The elephant grass genetic improvement program at the North Fluminense State University Darcy Ribeiro (UENF) aims to obtain, evaluate and select superior genotypes for forage purposes adapted to the edaphoclimatic conditions of North Fluminense. In this context, the present study aimed to determine the adaptability and stability of genotypes from elephant grass half-sib families via GGE Biplot and mixed models (REML/BLUP), as well as to estimate the variance components and predict the genetic values in half-sib families by the best unbiased linear prediction (BLUP), select superior families and genotypes and still, estimate the minimum number of evaluations necessary for the selection to present reliability. Therefore, an experiment was carried out at the Experimental Station of the State Center for Research in Agroenergy and Waste Utilization (PESAGRO-RIO), in the municipality of Campos dos Goytacazes-RJ. Twelve elephant grass half-sib

families were evaluated in five evaluation cuts and the dry matter production (DMP) was measured in each one. A randomized block design with three replications was used. In the first chapter, analysis of genotypic adaptability and stability was performed via mixed models (REML/BLUP) and GGE Biplot methodology. In the general classification, the REML/BLUP methodology selected genotypes 36, 111, 114, 117, 118, 146, 149, 205, 206 and 208 as the ones with greater adaptability and productive stability, as well as families 1, 6, 7, 9 and 11. The GGE Biplot methodology considered genotype 149 and family 11 as those closest to the ideotype. The methodologies used were considered adequate and efficient for the identification and selection of superior genotypes. In the second chapter, it was found that with only five measurements (cuts) a selection can be made reliably. Families 1, 9 and 11 showed excellent results. The selection of the 20 best individuals allowed greater predicted gains when compared to the selection of families. Based on these results, the best identified individuals were selected and could be used as clones and/or be used as parents to continue the Elephant Grass Genetic Improvement Program, aiming at forage production.

1. INTRODUÇÃO

A região Norte Fluminense possui os maiores rebanhos bovinos, a maior produção de carne e o maior faturamento com a bovinocultura de corte do estado do Rio de Janeiro. Nela concentram-se aproximadamente de 28% da produção estadual de carne (24.322,8 t) e 20% da produção total de leite (88.494.115 l). Dessa forma, pode-se observar que a bovinocultura é uma atividade de grande importância para a economia e sustentabilidade dos municípios da região do Norte Fluminense (Empresa de Assistência Técnica e Extensão Rural do Estado do Rio de Janeiro - EMATER-RIO), 2019).

Mais especificamente no município de Campos dos Goytacazes, cerca de 40% das suas propriedades têm a pecuária como sua principal atividade econômica, contribuindo assim, com aproximadamente 39 e 36% da produção total de carne e leite da região Norte Fluminense, respectivamente. Tais propriedades, em geral, são caracterizadas como um sistema de produção extensivo e ainda, como de baixa produtividade de rebanho, condição associada, por exemplo, ao baixo investimento em alimentação, nutrição e tecnificação dos produtores e da produção (Ponciano et al., 2004; EMATER-RIO, 2019).

Outra barreira enfrentada pelos produtores brasileiros é decorrente das variações climáticas que acometem a cultura durante seu período de desenvolvimento, originando dois períodos de produção contrastantes, um em que as condições climatológicas propiciam um melhor e maior desenvolvimento vegetal e onde, conseqüentemente, há grande disponibilidade de forragem verde

e nutritiva. Em contraponto, há outro período em que plantas são expostas a condições desfavoráveis e limitantes, propiciando não só uma menor produção de forragem, como também, menor qualidade. Tal condição é conhecida como estacionalidade da produção forrageira e é um dos principais responsáveis pela flutuação na produtividade dos bovinos que têm nas pastagens a principal ou única fonte de alimentação para o rebanho. Para contorná-la, tem-se concentrado esforços em buscar medidas que evitem ou amenizem tais prejuízos (Wanderley et al., 2012).

Neste cenário, o uso eficiente de forrageiras e pastagens como base da alimentação animal representa uma forma de elevar a produtividade e reduzir os custos de produção. Com base nisto, a exploração agrícola do capim-elefante (*Cenchrus purpureus* (Schumach.) Morrone) torna-se uma excelente alternativa por apresentar elevado potencial produtivo, capacidade de suporte e qualidade nutritiva, estando dentre as forrageiras mais utilizadas, promissoras e importantes nos sistemas de produção animal em todo mundo (Pereira et al., 2010; Viana et al., 2018). Dessa forma, tais características são mais do que justificativas para iniciativas do setor público e/ou privado de investir na cultura do capim-elefante.

Neste âmbito, o melhoramento genético vegetal, quando bem conduzido, torna-se uma das melhores alternativas para se elevar a oferta de forragem, contribuindo para um maior desenvolvimento da cadeia produtiva da região. Neste sentido, vale destacar a importância do desenvolvimento do Programa de Melhoramento Genético desta espécie visando à seleção de indivíduos superiores ou melhores adaptados à região Norte Fluminense do estado do Rio de Janeiro.

Outro ponto a ser analisado e, provavelmente, um dos principais fatores limitantes dos programas de melhoramento genético, é a presença da interação genótipo x ambiente (GxA). Tal interação é decorrente da resposta diferencial dos genótipos quando submetidos a diferentes condições ambientais. E diante desta existência, fazem-se necessários estudos que avaliem sua magnitude.

Sendo assim, por meio de análises de adaptabilidade e estabilidade, seria possível identificar e selecionar, enfim, genótipos que apresentem desempenho previsível e responsividade às alterações ambientais, por exemplo (Yates e Cochran, 1938; Cruz et al., 2014). É necessário ainda, durante o processo de seleção, que o melhorista utilize metodologias com maior acurácia estatística,

principalmente quando se trabalha com características com ampla variabilidade genética (Andrade et al., 2016).

A Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) vem desenvolvendo um Programa de Melhoramento Genético da cultura do capim-elefante com a obtenção de resultados promissores. Nestes estudos, em uma das primeiras pesquisas registradas pelo grupo com a vertente forrageira, quantificou-se a diversidade genética entre os acessos de capim-elefante cedidos pela Embrapa Gado de Leite para a Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro e que deram início ao Banco Ativo de Germoplasma da espécie na Universidade (até então 46 clones) (Lima et al., 2011). Após a doação de mais alguns acessos de capim-elefante, Schneider (2013) avaliou 80 genótipos com o propósito de identificar aqueles que melhor se adaptavam às condições edafoclimáticas de Campos dos Goytacazes por meio de atividades de pré-melhoramento. Tendo acesso a essas informações, Oliveira et al. (2017) estimaram a variabilidade entre os acessos mediante a caracteres morfológicos quantitativos e multivariados e assim, com os seus resultados, constituiu informações fundamentais para orientar futuros cruzamentos envolvendo os diferentes grupos heteróticos existentes. Somado a estes resultados, foi possível compor de um grupo de acessos “elite” para a característica produção de matéria seca (PMS) para fins forrageiros.

Destarte, em continuação ao programa, no presente trabalho foram obtidas 12 famílias de meios-irmãos e foram realizados estudos quanto à adaptabilidade, estabilidade e repetibilidade, estimação dos parâmetros genéticos, predição de valores genéticos e seleção das famílias e genótipos superiores.

2. OBJETIVOS

2.1. Objetivo geral

Avaliar e realizar a seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos de capim-elefante com vistas nos parâmetros de produtividade de matéria seca, adaptabilidade e estabilidade fenotípica.

2.2. Objetivos específicos

- a) Determinar a adaptabilidade e a estabilidade fenotípica via GGE *Biplot* e modelos mistos (REML/BLUP), assim como, comparar os resultados obtidos por ambas às metodologias;
- b) Estimar os componentes de variância das famílias de meios-irmãos utilizando a metodologia REML;
- c) Predizer os valores genéticos das famílias de meios-irmãos pela melhor predição linear não viesada (BLUP);
- d) Verificar, por modelos mistos, a repetibilidade da variável avaliada;
- e) Identificar e indicar as famílias e genótipos superiores para fins forrageiros.

3. CAPÍTULOS

3.1. COMPARAÇÃO DE MÉTODOS DE ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE RELACIONADOS À PRODUÇÃO DE MATÉRIA SECA EM GENÓTIPOS DE CAPIM-ELEFANTE PARA FINS FORRAGEIROS

3.1.1. INTRODUÇÃO

Em consequência ao crescimento exponencial da população mundial atrelado a limitação quanto à expansão territorial das áreas destinadas à agropecuária, ou seja, a necessidade de se aumentar a produtividade das culturas considerando uma mesma área produtiva, por exemplo, tem levado a comunidade científica a concentrar esforços na busca de alternativas que propiciem o aumento da oferta de alimentos a nível mundial de forma a mitigar o atual cenário de insegurança alimentar. No entanto, apesar deste empenho, de acordo com a FAO, mais de 820 milhões de pessoas ainda passam fome no mundo (Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO), 2019).

No Brasil, as atividades pecuárias contribuem com aproximadamente 8% do produto interno bruto (CEPEA, 2020). De acordo com o Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (IBGE, 2017), a região Sudeste do Brasil participa com 18,30% do efetivo de bovinos do território nacional e contribui com,

aproximadamente, 37,41% ou 11,261 bilhões de litros por ano para a produção de leite no Brasil. No entanto, o estado do Rio de Janeiro participa com apenas 6,29% do efetivo bovino e irrisórios 4,39% da produção de leite da região Sudeste. O baixo desempenho do seu rebanho está atrelado a uma série de fatores, entre eles os baixos índices de produtividade e baixa eficiência no uso de forrageiras e pastagens (Moreira et al., 2006; de Almeida et al., 2019; Mezzomo, 2020).

Entretanto, uma das formas de contornar tal situação fundamenta-se na escolha da espécie a ser implantada no sistema de produção, levando em consideração as condições de clima e solo da região, nível de tecnologia disponível, assim como, condições de cultivo a qual se destinam. Dentre as diversas espécies utilizadas para este fim, o capim-elefante (*Cenchrus purpureus* (Schumach.) Morrone) é uma das mais importantes e difundidas em todas as regiões tropicais e subtropicais, devido ao seu elevado potencial para produção de forragem de boa qualidade (Daher et al., 2017).

Sendo assim, considerando a necessidade do aumento de produtividade, é necessário que seja realizada a seleção de genótipos produtivos, de forma precisa (Deresz, 1999; Pereira et al., 2001; Menezes et al., 2016). Todavia, esta seleção não é uma tarefa fácil, uma vez que os caracteres como a produtividade, tem uma ação gênica complexa e sofrem alta influência do meio ambiente (Viana e Resende, 2014) e em consequência dos efeitos da interação entre genótipos e ambientes, apresentam, em geral, irregularidade de desempenho mediante as variações ambientais. Neste cenário, tornam-se necessários estudos para conhecer a fundo tal interação e orientar a tomada de decisão.

Atualmente, há diversas metodologias capazes de explicar com precisão os efeitos da interação GxA por meio da determinação dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade. Dentre estas, o método GGE *Biplot* apresenta-se como uma excelente alternativa. A metodologia GGE *Biplot* considera o efeito principal de genótipo mais a interação GxA (Yan et al., 2000) e sua análise *biplot* é baseada na técnica dos componentes principais, sendo os dois primeiros componentes representados pelos eixos do gráfico da análise multivariada (Miranda et al., 2009). É um método que realiza a análise gráfica da interação GxA dos dados em vários ambientes e permite inferir sobre o relacionamento entre genótipos e ambientes, promover o conhecimento da relação entre os

genótipos, identificando aqueles mais semelhantes entre si e o ordenamento para os parâmetros de produtividade e estabilidade, entre outros aspectos (Yan, 2011).

Da mesma forma, a metodologia de modelos mistos REML/BLUP apresenta-se como uma ótima opção. A análise por modelos mistos estima os componentes de variância via máxima verossimilhança restrita (REML) e o valor genético pelo melhor preditor linear não viesado (BLUP) (Resende, 2007). Essa metodologia permite considerar os erros correlacionados dentro de locais e também a adaptabilidade e a estabilidade na seleção de genótipos superiores. Além disso, difere dos outros métodos, pois, fornece os resultados na mesma unidade da variável utilizada, permitindo a interpretação mais fácil e direta por valores genéticos.

Diante do exposto, considerando a importância do capim-elefante para a produção animal, este estudo teve como objetivo estimar os parâmetros de adaptabilidade e estabilidade via modelos mistos (REML/BLUP) e GGE *Biplot*, entre e dentro de famílias de meios-irmãos de capim-elefante.

3.1.2. REVISÃO DE LITERATURA

3.1.2.1. Aspectos gerais da cultura do capim-elefante

A cultura do capim-elefante, assim como outras forrageiras, apresenta papel fundamental nos sistemas de produção animal, principalmente nos quesitos de produção e manutenção de ruminantes, sendo este, considerado uma das espécies mais difundida nas regiões tropicais e subtropicais devido a sua ampla adaptabilidade, elevada produção e qualidade nutritiva (Kollet et al., 2006; Pereira et al., 2017).

O capim-elefante, também conhecido como capim-napier, capim-cameroon e capim-cana, foi inicialmente descrito e classificado taxonomicamente como *Pennisetum purpureum* Schumach. (Stapt e Hubbard, 1934; Pereira et al., 2010), e após as mudanças no gênero, foi denominado *Cenchrus purpureus* (Schumach.) Morrone. Atualmente, é considerado pertencente à família Poaceae, subfamília Panicoideae e tribo Paniceae (Chemisquy et al., 2010).

Originário da África, mais especificamente das regiões de Angola, Guiné, Moçambique, Zimbábue e Sul do Quênia, o capim-elefante foi coletado pela primeira vez em 1903 pelo coronel Napier de Bulawayo. No Brasil, foram descritas duas introduções desta cultura, uma no Rio Grande do Sul, com estacas trazidas dos Estados Unidos, e outra no estado de São Paulo, nos anos de 1920 e 1921, respectivamente (Farias, 1994).

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 três a quatro dias entre a emissão dos estigmas e a abertura das anteras (Pereira, 1994), tal fato dificulta a autofecundação e facilita os cruzamentos controlados. O cultivo desta espécie é realizado, principalmente, por meio de propagação vegetativa, devido à baixa taxa de germinação e vigor de suas sementes. Neste cenário, a adoção da propagação vegetativa é tida como uma vantagem, pois possibilita que a propagação seja realizada mantendo a constituição genotípica do indivíduo (Pereira e Ledo, 2008).

3.1.2.2. Melhoramento da cultura do capim-elefante

O primeiro histórico de melhoramento de capim-elefante foi obtido no continente africano durante a década de 1930. Com o passar dos anos, algumas cultivares foram lançadas ao redor do mundo, tais como: Merckeron, Mott, Minna, Taiwan, Napier, Porto Rico, Mercker, Pusa Napier No.1 e Cameroon (Singh et al., 2013). No entanto, mesmo na atualidade, existe um número bem limitado de cultivares, destas, algumas foram obtidas no centro de diversidade da espécie, no continente africano (Freitas, 2008).

Somente onze cultivares estão no Registro Nacional de Cultivares (RNC) do Ministério de Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA). Desta porção, quatro foram desenvolvidas pela Empresa Brasileira de Pesquisa e Agropecuária - EMBRAPA (BRS Canará, BRS Capiaçú, BRS Coronel e BRS Kurumi) e seis pela Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina - EPAGRI (Empasc 305, Empasc 306, Empasc 307, Empasc 308, Empasc 309 e Empasc 310) (MAPA, 2022). Dessa forma, pode-se observar que a cultura do capim-elefante ainda está em fase inicial de melhoramento, a maioria das

cultivares é constituída de clones obtidos de genótipos selecionados e coletados nas áreas de diversidade da espécie (Pereira e Ledo, 2008).

Atualmente, o estudo da cultura do capim-elefante tem sido realizado pelos programas de melhoramento com o foco de selecionar materiais superiores aos já cultivados e adaptados uma determinada realidade ambiental. À vista disso, o processo de melhoramento da cultura pode ser conduzido visando à obtenção de genótipos superiores a partir do cruzamento de genitores que apresentem boa complementação alélica e/ou por intermédio do melhoramento populacional, isto é, explorando a divergência genética e tendo por base o aumento da frequência de genes favoráveis, resultando assim, em uma população melhorada de média superior à original (Borém et al., 2017).

De acordo com Maia et al. (2014), quando os cruzamentos são feitos com parentais geneticamente divergentes e/ou indivíduos que apresentam superioridade *per se* para a característica-alvo, a possibilidade de obtenção de ganhos genéticos por meio da variância genética aumenta, favorecendo o surgimento de segregantes superiores mediante boa complementariedade gênica.

A principal ferramenta para o melhoramento genético do capim-elefante é a hibridação (Hanna, 1984). Por meio desta, é possível, com base no vigor híbrido, obter determinado genótipo de interesse e depois multiplicá-lo via propagação vegetativa, clonal (Pereira et al., 2006).

A Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) vem conduzindo um Programa de Melhoramento Genético para o capim-elefante e ao longo deste, a partir da implementação de um Banco Ativo de Germoplasma com acessos cedidos pela Embrapa Gado de Leite, foram realizadas avaliações dos diferentes genótipos, em diferentes regimes de corte e épocas levando em consideração características morfoagronômicas, produtividade e qualidade da biomassa. Foram ainda, realizados estudos de diversidade para quantificar a variabilidade genética disponível na população e a distância genética entre os acessos. Com base nestes, foi definido um grupo de genótipos elite, levando em consideração o perfil forrageiro, a superioridade e a distância genética. Dessa forma, este grupo seletivo está sendo utilizado para dar sequência ao Programa por meio da sua utilização como genitores potenciais para fins forrageiros. Com isso, o melhoramento genético da cultura do capim-elefante com abordagem na seleção de genótipos oriundos de cruzamentos controlados vem sendo uma

estratégia para obtenção de genótipos superiores dentro deste grupo de pesquisa (Cunha et al., 2013; Oliveira et al., 2013; Schneider, 2013, Schneider et al., 2018; Stida et al., 2018).

3.1.2.3. Interação genótipo x ambiente, adaptabilidade e estabilidade

A interação genótipo x ambiente (GxA), tem por finalidade avaliar a resposta diferencial dos genótipos em relação às variações ambientais (Cruz et al., 2014; Viana e Resende, 2014). Tal interação é um grande desafio para o processo de identificação de indivíduos superiores e seleção, uma vez que, com esta, há a possibilidade do genótipo apresentar desempenho inconsistente/diferencial de acordo com o ambiente a qual está submetido, ou seja, ser o melhor em um ambiente e não o ser em outro (Fan et al., 2007). Em uma condição ideal, caso não houvesse esta interação, um único ensaio seria suficiente para fornecer todos os resultados necessários a respeito de um genótipo (Duarte e Vencovsky, 1999; Ramalho, 2012).

Dessa forma, para se obter informações com maior precisão a respeito do desempenho dos genótipos frente às variações e entender o desdobramento dos seus efeitos são necessários estudos de adaptabilidade e estabilidade. Adaptabilidade é definida como a capacidade de um genótipo aproveitar vantajosamente as variações do ambiente. Já a estabilidade refere-se à resposta do genótipo, mais especificamente à sua capacidade de se apresentar como um organismo previsível (previsibilidade de resposta) mesmo quando submetido a variações ambientais (Borém et al., 2017).

Com objetivo de explorar tal fato, vários autores propuseram diferentes metodologias biométricas, algumas alternativas e outras complementares (Cruz et al., 2014) como: a análise de variância, modelos não paramétricos, os métodos de regressão, modelos mistos, métodos baseados na análise gráfica, entre outros. A escolha do método a ser utilizado deve levar em conta os atributos de execução e interpretação, assim como, estar relacionada com o número de ambientes envolvidos, precisão requerida e o tipo de informação desejada (Rocha et al., 2005; Cruz et al., 2014). Dentre estas metodologias, o método da média harmônica relativa à performance dos valores genotípicos (MHPRVG) via REML/BLUP e o modelo Genotype plus Genotype-by-Environment (GGE *Biplot*)

têm apresentado destaque nos estudos da interação GxA (Yan et al., 2000; Resende, 2007).

A metodologia GGE *Biplot* é uma análise estatística multivariada que remove o efeito principal do ambiente, faz o agrupamento dos efeitos dos genótipos junto aos efeitos da interação genótipos x ambientes (Yan et al., 2000; Yan, 2011). A visualização conjunta destes efeitos resulta em gráficos *Biplot* de boa acurácia para seleção de genótipos quanto aos parâmetros de estabilidade e a adaptabilidade (Yan et al., 2006; Balestre et al., 2009).

Os modelos mistos, na análise da interação GxA, o método MHPRVG via REML/BLUP é um dos mais utilizados para lidar com dados desbalanceados, delineamentos não ortogonais ou com a heterogeneidade de variâncias entre os diferentes ambientes de experimentação. Este procedimento apresenta interpretações mais simples e diretas para a seleção de materiais promissores quanto à produtividade, adaptabilidade ampla e estabilidade de uma maneira simples e direta com ordenamento dos genótipos. Nesta metodologia são obtidas também estimativas da média harmônica dos valores genotípicos (MHVG) e o valor da performance relativa dos valores genotípicos (PRVG), medidas de estabilidade e adaptabilidade, respectivamente (Resende, 2007).

3.1.3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1.3.1. Obtenção das progênies

Para obtenção da população de estudo utilizou-se como genitores femininos, 12 acessos de capim-elefante provenientes do Banco Ativo de Germoplasma de Capim-elefante (BAG-CE) CCTA/UENF, selecionados com base em seu potencial produtivo, qualidade forrageira e divergência genética (Tabela 1).

Tabela 1. Identificação dos 12 genitores femininos provenientes do Banco Ativo de Germoplasma de Capim-Elefante (BAGCE) do LEAG/CCTA/UENF utilizados para obtenção de 12 famílias de meios-irmãos e 216 indivíduos. Campos dos Goytacazes, 2019-2022

Genitor Feminino	Famílias	Genótipos		
Cuba – 116	F1	1-6	73-78	145-150
Gigante de Pinda	F2	7-12	79-84	151-156
Cuba – 115	F3	13-18	85-90	157-162
CAC – 262	F4	19-24	91-96	163-168
Gramafante	F5	25-30	97-82	169-174
Três Rios	F6	31-36	83-88	175-180
Taiwan A – 46	F7	37-42	89-94	181-186
P241 Piracicaba	F8	43-38	95-100	187-192
Elefante de Pinda	F9	49-54	101-106	193-198
Porto Rico 534 – B	F10	55-60	107-112	199-204
King Grass	F11	61-66	113-118	205-210
Napierzinho	F12	67-72	119-124	211-216

Após esta definição, foi permitido que os cruzamentos ocorressem naturalmente dentro da população e após a ocorrência deste, foram realizadas coletas de sementes ao longo do período de florescimento da cultura/genótipos (entre os meses de junho e agosto de 2019), mais especificamente, ao início, meio e fim deste período para permitir a existência de plantas fruto do cruzamento entre o genitor feminino selecionado com genitores masculinos de florescimento precoce e tardio, garantindo maior variabilidade genética à população de estudo.

Após as coletas, as sementes de cada um dos acessos selecionados como genitores femininos foram misturadas, acondicionadas em papel alumínio, identificadas e armazenadas em geladeira até o momento de semeadura.

3.1.3.2. Área, delineamento e condução experimental

O experimento foi instalado na área de convênio do Centro Estadual de Pesquisas em Agroenergia e Aproveitamento de Resíduos, em Campos dos Goytacazes com a Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro -

UENF, na região Norte Fluminense, localizada a 21° 19' 23" de latitude sul e 41° 19' 40" de longitude oeste com altitude variando de 20 a 30 m, no município.

Segundo a classificação climática de Köppen, o clima da região é classificado com Aw, isto é, clima tropical úmido, com verão chuvoso, inverno seco e temperatura do mês mais frio superior a 18°C. Segundo a última Normal Climatológica do município, a temperatura média situa-se em torno de 24°C, sendo a amplitude térmica muito pequena. A região apresenta precipitação média anual de 1.055,3 mm, sendo comum a presença de veranicos nos meses de janeiro e fevereiro.

O solo da área experimental é caracterizado como: Argissolo Amarelo, distrófico, de baixa fertilidade natural.

Após a obtenção das famílias de meios-irmãos, a semeadura das sementes ocorreu no dia 18 de setembro de 2019 em bandejas de isopor com 128 células, preenchidas com substrato. O transplântio das mudas para o campo ocorreu aproximadamente 50 dias após a emergência das plântulas.

Após o transplântio realizou-se irrigação suplementar por sistema de aspersão convencional durante as fases de implantação e estabelecimento das plantas (novembro e dezembro). Foi realizado o replântio nas parcelas em que houve falha diante do não estabelecimento das plantas.

Na condução do experimento a adubação foi realizada de acordo com os resultados obtidos na análise de solo e a recomendação do manual de calagem e adubação. Na adubação de plantio foi disponibilizado para cada linha 60 g de P_2O_5 (superfosfato simples). 50 dias após o plantio, bem como imediatamente após os cortes, foi feita adubação de cobertura utilizando 70 g de ureia e 40 g de KCl por linha, correspondendo a 28,6 kg/ha de N e 24 kg/ha de K_2O .

Após a fase de estabelecimento, no dia 13 de abril de 2019, todos os genótipos foram cortados rente ao solo (corte de uniformização). Durante o experimento, o controle de plantas infestantes foi feito por capinas manuais e mecanizada.

O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados com três repetições. A parcela foi constituída por uma linha de 8,4 m com espaçamento de 1,00 m entre fileiras e 1,50 entre plantas. Foram avaliadas as seis plantas centrais da linha (área útil), considerando como bordadura a primeira e a última planta da linha, P1 e P7, respectivamente. Foram avaliados 216

genótipos de capim-elefante oriundos das 12 famílias de meios-irmãos obtidas (Tabela 1).

Foram realizados cinco cortes de avaliação nas seguintes datas: 21/07/2020, 20/10/2020, 15/12/2020, 01/03/2021 e 10/05/2021 (Figura 1).

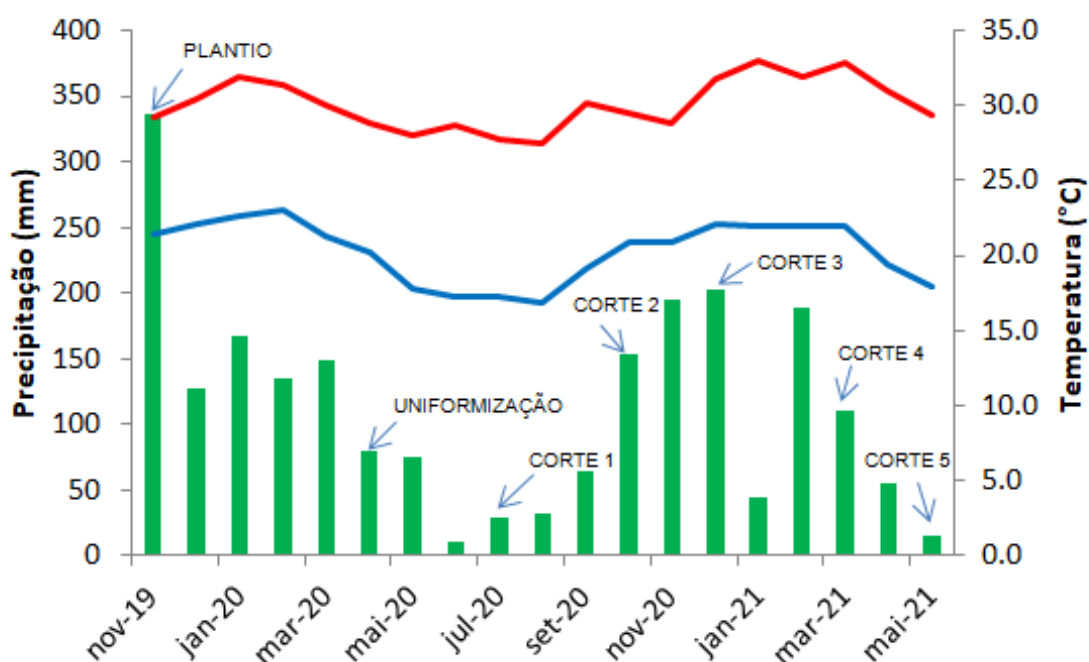


Figura 1. Temperaturas e precipitações ocorridas durante a condução do experimento de capim-elefante. Campos dos Goytacazes, 2019-2021.

3.1.3.3. Característica avaliada

As avaliações foram realizadas em seis plantas individuais, de cada parcela e foi aferida a característica produção de matéria seca (PMS). A biomassa de cada planta individual foi pesada fresca, integral, em seguida retirada subamostras, as quais foram picadas e acondicionadas em sacos de papel para secagem em estufa a 65°C. Após 72h as amostras foram novamente pesadas para obtenção do resultado das amostras secas 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.

3.1.3.4. Análises estatísticas

Para testar a significância dos efeitos aleatórios do modelo, foi realizada uma análise de deviance (ANADEV) para cada corte de avaliação e obtida por:

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

$$\ln(L) = -1/2 \ln[X^T V^{-1} X] - 1/2 \ln[V] - 1/2 (y - Xm)^T V^{-1} (y - Xm)$$

Em que: $\ln(L)$ é o ponto máximo da função logarítmica da máxima verossimilhança restrita (REML); y é o vetor da variável analisada; m é o vetor dos efeitos das mensurações, no qual são assumidas fixas e adicionadas todas as médias; X é a matriz de incidência para os efeitos fixos; e V a matriz de variância e covariância de y .

Para determinação da estabilidade e da adaptabilidade foram utilizados os seguintes métodos: (i) modelo misto – REML/BLUP; e (ii) GGE *Biplot*. Tais análises foram realizadas mediante a utilização do software Selegen REML/BLUP (Resende, 2009) e do pacote GGE *BiplotGui*, com o auxílio do software estatístico R (R Development Core Team, 2017; Wickham, 2010).

3.1.3.4.1. Modelo Misto (REML/BLUP)

As análises genético estatísticas foram realizadas via modelos mistos REML/BLUP, onde o REML (máxima verossimilhança restrita) permitiu estimar os parâmetros genéticos e BLUP (melhor predição linear não viesado) predizer os valores genéticos aditivos e genotípicos (Resende, 2007).

Para a abordagem REML/BLUP, foi utilizado o modelo 55 (um só local em várias colheitas, delineamento em blocos completos com estabilidade e adaptabilidade temporal) (Resende, 2009).

A estimação da estabilidade foi obtida pelo método MHVG (Média Harmônica dos valores genéticos) dada pelo estimador:

$$HMGV = \frac{n}{\sum_{j=1}^n \left(\frac{1}{Vg_{ij}} \right)}$$

Em que: n representa o número de ambientes ou cortes, i é o genótipo avaliado, e V_{gij} é o valor genotípico i no ambiente j .

A adaptabilidade foi mensurada pelos valores de PRVG (performance relativa dos valores genotípicos), conforme a expressão:

$$RPGV = \frac{1}{n} \times \left(\frac{\sum_{j=1}^n V_{gij}}{M_j} \right)$$

Em que: M_j é a média da variável analisada (produção de matéria seca, número de perfilhos, altura e diâmetro de colmo), no ambiente j .

Pelo método MHPRVG (média harmônica dos valores genéticos preditos) foi realizada a seleção dos melhores indivíduos que se destacaram, baseada em três aspectos: seleção baseada no valor genético predito, considerando o desempenho médio em todos os cortes (sem efeito de interação); seleção baseada no valor genético predito, considerando o desempenho médio em cada safra (com efeito da interação média) e sem efeito da interação; seleção simultânea quanto à produção, estabilidade (MHVG) e adaptabilidade (PRVG). Esta seleção conjunta é dada por:

$$HMRPGV = \frac{n / (\sum_{j=1}^n x_j)}{V_{gij}}$$

Em que: n representa o número de ambientes ou cortes, e V_{gij} é o valor do genótipo i no ambiente j expresso como uma proporção da média nesse ambiente.

3.1.3.4.2. GGE Biplot

A metodologia GGE *Biplot* (Genotype and Genotype-Environment Interaction) segue o seguinte modelo.

$$\bar{Y}_{ij} - \bar{y}_j = y_1 \epsilon_{i1} \rho_{j1} + y_2 \epsilon_{i2} \rho_{j2} + \epsilon_{ij}$$

Em que: \bar{Y}_{ij} refere-se à produção de matéria seca do genótipo i no ambiente j ; \bar{y}_j é a média geral dos genótipos no ambiente j ; $y_1 \varepsilon_1 \rho_{j1}$ é o primeiro componente principal (PC1); $y_2 \varepsilon_2 \rho_{j2}$ é o segundo componente principal (PC2); y_1 e y_2 são os valores próprios associados a IPCA1 e IPCA2, respectivamente; ε_1 e ε_2 são os valores do PC1 e PC2, respectivamente, do genótipo i ; ρ_{j1} e ρ_{j2} são os valores do PC1 e PC2, respectivamente, para o ambiente j ; e ε_{ij} é o erro associado com o modelo do i -ésimo genótipo e j -ésimo ambiente (Yan et al., 2000).

3.1.4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Por meio da Tabela 2, é possível verificar que o efeito dos quadrados médios de genótipos, foi significativo para a característica PMS ao nível de 5%. Tal resultado denota a presença de variabilidade genética nas progênes avaliadas. Tal variabilidade é ferramenta essencial para os programas de melhoramento genético e indica a possibilidade de obtenção de ganho genético diante da seleção para a característica PMS.

Tabela 2. Análise de Deviance para produção de matéria seca (PMS) em famílias de meios-irmãos de capim-elefante avaliadas em cinco cortes. Campos dos Goytacazes, 2019-2022

Fonte		PMS
Genótipo	Deviance	3112,12
	LRT	6,38*
Corte	Deviance	3582,17
	LRT	476,43**
GxC	Deviance	3110,07
	LRT	4,33*
Modelo Completo		3105,74

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

Da mesma forma, observou-se que o efeito da interação genótipos x cortes (GxA) também foi significativo para a característica avaliada ($p < 0.01$).

Diante disto e levando em consideração a natureza poligênica da característica, pode-se concluir que houve inconsistência no rendimento dos genótipos avaliados mediante as variações ambientais, ou seja, o desempenho de um ou mais genótipos foi alterado ao longo das variações de ambiente, proporcionando assim, alteração na posição relativa dos genótipos e/ou na magnitude das suas diferenças. Tal resultado dificulta a identificação de genótipos superiores durante o processo de seleção/recomendação (Falconer e Mackay, 1996).

Sendo assim, para minimizar o efeito da interação GxA são necessários estudos quanto à adaptabilidade e estabilidade de forma a propiciar a identificação de genótipos com comportamento previsível em relação às características de produção em diversas condições ambientais (Mathey et al., 2017).

3.1.4.1. Adaptabilidade e Estabilidade via Modelos Mistos

As famílias 1, 6, 7, 9 e 11 se destacaram como as cinco superiores nas três metodologias utilizadas (MHVG, PRVG e MHPRVG). Segundo tais resultados, estas famílias são não só famílias mais produtivas, como também, as que apresentaram resposta mais estável e de maior adaptabilidade. Deste modo, tal caracterização é de grande importância para a seleção das famílias que serão usadas para dar continuidade ao programa de melhoramento (Tabela 3).

Tabela 3. Análise de estabilidade e adaptabilidade pelos métodos MHVG, PRVG e MHPRVG sob a característica produção de matéria seca das 12 famílias de meios-irmãos de capim-elefante. Campos dos Goytacazes, 2019-2022

Ordem	Fam	MHVG	Fam	PRVG	PRVG*MG	Fam	MHPRVG	MHPRVG*MG
1	1	6,5992	9	1,0847	7,4978	9	1,0795	7,4620
2	6	6,5366	1	1,0592	7,3222	11	1,0580	7,3133
3	11	6,5101	11	1,0583	7,3158	1	1,0564	7,3023
4	9	6,4966	6	1,0529	7,2782	6	1,0505	7,2618
5	7	6,2110	7	1,0222	7,066	7	1,0206	7,0552
6	3	6,1414	8	1,0115	6,9921	8	1,0067	6,9591
7	5	6,1068	3	0,9904	6,8462	3	0,9896	6,8404
8	4	6,0727	5	0,9880	6,830	5	0,9873	6,8248
9	8	6,0605	4	0,9811	6,7816	4	0,9805	6,7779
10	10	5,8982	10	0,9595	6,6324	10	0,9581	6,6233
11	2	5,8137	2	0,9431	6,5191	2	0,9430	6,5182
12	12	5,1777	12	0,8492	5,8700	12	0,8478	5,8605

Segundo Pinto Júnior et al. (2006) e Resende (2007), quando os métodos MHVG, PRVG e MHPRVG apresentam concordância no ordenamento dos materiais genéticos, propiciam um refinamento na seleção, na inferência de predições seguras sobre os valores genéticos e simultaneamente para produtividade, estabilidade e adaptabilidade.

Foram selecionados também os 65 melhores indivíduos (30%) dentre a totalidade avaliada com base nas estimativas dos parâmetros de estabilidade e adaptabilidade realizada pelos métodos MHVG, PRVG, MHPRVG (Tabela 4).

O ranqueamento proposto pela MHVG leva em consideração os próprios valores da PMS penalizados pela instabilidade diante da avaliação em diversos locais/cortes. Tal particularidade facilita a seleção dos genótipos que apresentem elevada produtividade e ao mesmo tempo maior estabilidade. Nesse quesito, de acordo com a Tabela 4, os genótipos 149, 208, 118, 117, 146, 114, 36, 205, 111 e 206, nesta ordem, apresentaram destaque dentre aos demais, atendendo aos critérios expostos por Cruz et al. (1989) e Scapim et al. (2010) que afirmaram que o genótipo de comportamento ideal deve possuir elevada média e baixa sensibilidade às mudanças de ambiente. Já aquele de menor estabilidade associada à produtividade foi o genótipo 142.

A adaptabilidade é a capacidade de os genótipos responderem satisfatoriamente à melhoria do ambiente (Mariotti et al., 1976) e é fornecida pela PRVG, a qual capitaliza a capacidade de resposta de cada genótipo à melhoria ambiental. A Tabela 4 traz também a PRVG*MG, que é a PRVG multiplicada pela média geral (MG) de todos os cortes. Portanto, é um valor genotípico médio, capitalizado pela interação.

Observando a Tabela 4, constata-se que os dez genótipos mais estáveis foram também os de maior adaptabilidade genotípica, aqueles que responderam mais satisfatoriamente à melhoria dos ambientes. De forma geral, considerando o conjunto dos 65 genótipos, observou-se, aproximadamente, 43% de coincidência entre o ordenamento para estabilidade e para adaptabilidade pela análise das metodologias MHVG e PRVG, respectivamente

Tabela 4. Análise de estabilidade e adaptabilidade pelos métodos MHVG, PRVG e MHPRVG sob a característica produção de matéria seca dos 65 melhores genótipos de capim-elefante fruto de famílias de meios-irmãos de capim-elefante. Campos dos Goytacazes, 2019-2022

Ordem	Gen	MHVG	Gen	PRVG	PRVG*MG	Gen	MHPRVG	MHPRVG*MG
1	149	10,7126	149	1,6934	11,7057	149	1,6633	11,4977
2	208	10,0224	208	1,5911	10,9987	208	1,5741	10,8815
3	118	9,8869	118	1,5649	10,8176	118	1,5401	10,6461
4	117	9,3879	117	1,4896	10,2971	117	1,4741	10,1896
5	146	9,3410	146	1,4826	10,2485	146	1,4676	10,1448
6	114	9,1605	114	1,4620	10,1060	114	1,4549	10,0570
7	36	8,8990	36	1,4154	9,7838	205	1,4061	9,7197
8	205	8,8735	205	1,4147	9,7794	36	1,4045	9,7088
9	111	8,7790	111	1,3975	9,6604	111	1,3867	9,5857
10	206	8,7212	206	1,3878	9,5932	206	1,3774	9,5211
11	174	8,7146	83	1,3837	9,5651	83	1,3745	9,5011
12	83	8,6939	174	1,3806	9,5434	207	1,3667	9,4473
13	207	8,6824	207	1,3795	9,5362	174	1,3627	9,4202
14	186	8,5319	186	1,3561	9,3740	186	1,3447	9,2956
15	57	8,3897	57	1,3441	9,2910	57	1,3369	9,2414
16	162	8,3712	162	1,3395	9,2593	162	1,3340	9,2214
17	157	8,3661	157	1,3349	9,2279	157	1,3286	9,1842
18	188	8,2944	188	1,3290	9,1866	188	1,3234	9,1483
19	129	8,2624	120	1,3186	9,1152	120	1,3146	9,0874
20	53	8,2035	129	1,3185	9,1146	129	1,3118	9,0677
21	120	8,2029	49	1,3136	9,0805	49	1,3113	9,0645
22	2	8,1893	196	1,3121	9,0697	196	1,3088	9,0475
23	49	8,1748	53	1,3091	9,0493	53	1,3022	9,0016
24	196	8,1661	194	1,3040	9,0139	194	1,2975	8,9694
25	194	8,1593	2	1,3035	9,0108	179	1,2952	8,9530
26	179	8,1213	179	1,2996	8,9835	2	1,2943	8,9467
27	193	8,0333	193	1,2907	8,9221	193	1,2884	8,9062
28	34	8,0199	198	1,2864	8,8925	198	1,2837	8,8738
29	198	8,0164	183	1,2817	8,8598	183	1,2784	8,8369
30	132	8,0093	34	1,2793	8,8434	34	1,2724	8,7955
31	183	7,9801	132	1,2772	8,8286	132	1,2692	8,7735
32	173	7,9774	173	1,2742	8,8081	173	1,2682	8,7665
33	124	7,9532	124	1,2705	8,7822	124	1,2652	8,7462
34	24	7,8973	24	1,2613	8,7192	24	1,2558	8,6809
35	77	7,8895	77	1,2573	8,6913	77	1,2499	8,6400
36	78	7,7915	78	1,2437	8,5974	78	1,2374	8,5535
37	155	7,5974	126	1,2371	8,5518	126	1,2334	8,5259
38	126	7,5800	155	1,214	8,3918	46	1,2099	8,3637
39	177	7,5748	177	1,2117	8,3763	155	1,2084	8,3530
40	182	7,5663	46	1,2103	8,3666	177	1,2071	8,3440
41	99	7,5313	182	1,2075	8,3470	182	1,2019	8,3086
42	128	7,5020	99	1,2049	8,3293	99	1,2010	8,3020

Tabela 4. Cont..

Ordem	Gen	MHVG	Gen	PRVG	PRVG*MG	Gen	MHPRVG	MHPRVG*MG
43	46	7,4640	128	1,2002	8,2963	128	1,1956	8,2644
44	6	7,4447	180	1,1930	8,2468	180	1,1907	8,2311
45	161	7,4255	6	1,1916	8,2372	165	1,1897	8,2239
46	180	7,4253	165	1,1911	8,2336	6	1,1881	8,2127
47	165	7,3883	161	1,1865	8,2019	158	1,1827	8,1756
48	158	7,3748	158	1,1850	8,1912	161	1,1817	8,1688
49	51	7,3235	51	1,1711	8,0957	51	1,1663	8,0625
50	136	7,2975	136	1,1688	8,0795	136	1,1649	8,0528
51	5	7,2294	48	1,1641	8,0467	48	1,1635	8,0430
52	19	7,1952	5	1,1583	8,0070	5	1,1548	7,9830
53	204	7,1789	27	1,1501	7,9499	27	1,1491	7,9429
54	48	7,1732	19	1,1492	7,9440	204	1,1448	7,9133
55	27	7,1316	204	1,1487	7,9406	112	1,1446	7,9123
56	112	7,1163	127	1,1480	7,9355	127	1,1443	7,9104
57	134	7,1097	112	1,1463	7,9237	19	1,1442	7,9095
58	191	7,1039	134	1,1460	7,9221	134	1,1438	7,9070
59	102	7,0672	191	1,1433	7,9029	191	1,1417	7,8924
60	150	7,0632	150	1,1391	7,8741	150	1,1379	7,8658
61	32	7,0631	102	1,1358	7,8513	32	1,1340	7,8392
62	107	7,0531	32	1,1356	7,8502	102	1,1340	7,8386
63	127	6,998	107	1,1325	7,8283	107	1,1299	7,8108
64	209	6,9534	110	1,1231	7,7638	110	1,1228	7,7617
65	142	6,9484	96	1,1218	7,7548	96	1,1212	7,7507

O método MHPRVG é baseado em valores genotípicos preditos, via modelos mistos, ele agrupa em uma única estatística, a estabilidade, a adaptabilidade e a produtividade e facilita, assim, a seleção dos genótipos superiores. Os respectivos valores de MHPRVG indicam a superioridade média em relação à média do ambiente em que for cultivado, ou seja, segundo Resende (2002) é uma inferência sobre a produtividade esperada. Dessa forma, tais estimativas de MHPRVG podem ser usadas quando for considerar o plantio em vários locais com variados padrões de interação GxA.

Além da MHPRVG, a Tabela 4 apresenta a MHPRVG*MG, que é o resultado do produto da MHPRVG pela média geral de todos os cortes. Assim, a MHPRVG*MG fornece os valores genotípicos de cada genótipo, penalizados pela instabilidade e capitalizados pela adaptabilidade.

Comparando os resultados da Tabela 4, nota-se que os dez genótipos que apresentaram as maiores MHPRVG são os mesmos dos de maior MHVG e PRVG (36, 111, 114, 117, 118, 146, 149, 205, 206 e 208, em ordem crescente), apenas com uma mudança em relação ao posicionamento dos genótipos 36 e 205 no ordenamento proposto pelos dois métodos discutidos anteriormente e pelo MHPRVG. Sendo assim, pode-se concluir que estes materiais foram capazes de agregar estabilidade fenotípica, adaptabilidade e obter excelentes índices de produtividade, simultaneamente.

De acordo com a Tabela 4, pode-se observar ainda, com base no método MHPRVG, que o genótipo 149 respondeu, em média, 1,66 vezes a média dos locais em que foi cultivado, já, o 208 respondeu 1,57 vezes, e assim sucessivamente.

No geral, observou-se 72,30% de coincidência entre o ordenamento dos genótipos proposto pelo método MHPRVG com o PRVG e 35,38% entre o MHPRVG com o MHVG (Tabela 4).

Estudos dessa natureza, além de auxiliar na seleção e descarte de genótipos, com base na estabilidade, adaptabilidade e produtividade, dá segurança aos melhoristas na recomendação e seleção de genótipos para várias condições. Atroch et al. (2013), ao avaliar 36 progênies de guaraná, consideram que a estabilidade e adaptabilidade em conjunto com a produtividade (MHPRVG) deve ser o critério mais importante para seleção das melhores progênies. De acordo com Carvalho et al. (2020) o método MHPRVG é ideal para indicar os melhores genótipos ao final das gerações de seleção, pois considera simultaneamente estabilidade, adaptabilidade e rendimento dos genótipos ao longo das diferentes avaliações.

Em síntese, foi possível observar que diversos genótipos apresentaram coincidência de ordenamento junto às metodologias MHVG, PRVG e MHPRVG, sendo assim, pode-se afirmar que, dentro da população de estudo, foi possível obter materiais que apresentaram não só alta produtividade como também, adaptabilidade e estabilidade fenotípica (Tabela 4).

Tal resultado é de extrema relevância, tendo em vista que os atuais programas de melhoramento objetivam combinar genótipos com alto rendimento e

com elevada plasticidade genotípica, de forma a minimizar a vulnerabilidade aos principais fatores bióticos e abióticos, mitigando assim interferências na expressão de seu potencial genético (Streck et al., 2019).

3.1.4.2. Adaptabilidade e Estabilidade via GGE Biplot

Na Tabela 5, de acordo com relação de informação (IR) dos cinco componentes principais (CP), observa-se que os dois primeiros CPs contêm padrões ($IR_1 = 2,25 > 1$, $IR_2 = 1,34 > 1$). Portanto, o *biplot* é considerado adequado para representar os padrões dos dados.

Tabela 5. Variação explicada (VE), variação explicada acumulada (VEA) e relação da informação (RI) para a característica produção de matéria seca (PMS) em genótipos de capim-elefante. Campos dos Goytacazes, 2019-2022

Eixos Componentes	CP₁	CP₂	CP₃	CP₄	CP₅
VE (%)	44,94	26,80	13,17	9,78	5,32
VEA (%)	44,94	71,74	84,91	94,69	100
RI	2,25	1,34	0,66	0,49	0,27

Na Tabela 5, observa-se que os dois primeiros componentes representaram 71,74% da variação total, sendo assim, pode-se afirmar que a análise GGE *Biplot* apresentou elevada eficiência e que os gráficos *biplot* explicaram a maioria das somas de quadrados e interação GxA no genótipo, possibilitando assim, uma seleção eficiente de genótipos com base nesta análise multivariada (Yan, 2000) e uma interpretação segura dos resultados obtidos (Oliveira et al., 2018). De acordo com Yang et al. (2009), para uma maior confiabilidade da análise *biplot*, os dois primeiros componentes principais devem capturar mais de 60% da variação total.

O primeiro e segundo componentes estão correlacionados ao efeito principal do genótipo e a fração da PMS associado à interação GxA, respectivamente (Yan e Holland, 2010; Yan, 2011). O GGE *biplot* com base neste conjunto de dados é apresentado na Figura 2, onde os escores de CP₁ estão apresentados na abscissa do *biplot* e os de CP₂ na ordenada.

Na Figura 2 estão apresentados os gráficos GGE *Biplot* relacionados ao (a) comportamento dos genótipos nos ambientes de avaliação, (b) média de desempenho, estabilidade fenotípica e (c) ranking de desempenho.

No gráfico GGE *Biplot* “which-won-where” (quem vence onde) (Figura 2a), verifica-se em função dos vetores formados a partir da origem do gráfico *Biplot* (0,0) que este foi dividido em oito setores. Nestes, os cinco ambientes de avaliação foram divididos em dois grupos pelas linhas que saíram da origem do *Biplot*, o primeiro grupo foi formado pelo agrupamento dos ambientes V1, V2 e V5 (ambientes formados por cortes realizados durante o período da seca) e o segundo grupo pelos ambientes V3 e V4 (ambientes caracterizados como de maior disponibilidade hídrica). Dessa forma, devido a tais agrupamentos, observou-se a formação de dois mega-ambientes, mega-ambiente 1 (V1, V2 e V5) e mega-ambiente 2 (V3 e V4). Um mega-ambiente pode ser definido como a condição em que um grupo de ambientes é correlacionado positivamente e em que um ou mais genótipos são especificamente adaptados e atingem melhor desempenho (Yan et al., 2000).

Por meio dos vértices do polígono, genótipos de localização mais afastada da origem do *Biplot*, pode-se concluir sobre qual (is) apresentaram melhor desempenho e maior adaptação dentro do conjunto de dados. Diante do exposto e de acordo com o gráfico, o polígono foi delimitado pelos genótipos 114, 127, 149, 171, 174, 190, 195, 204 e 208, sendo estes, aqueles que se destacaram dentre o grupo dos genótipos avaliados (Figura 2a).

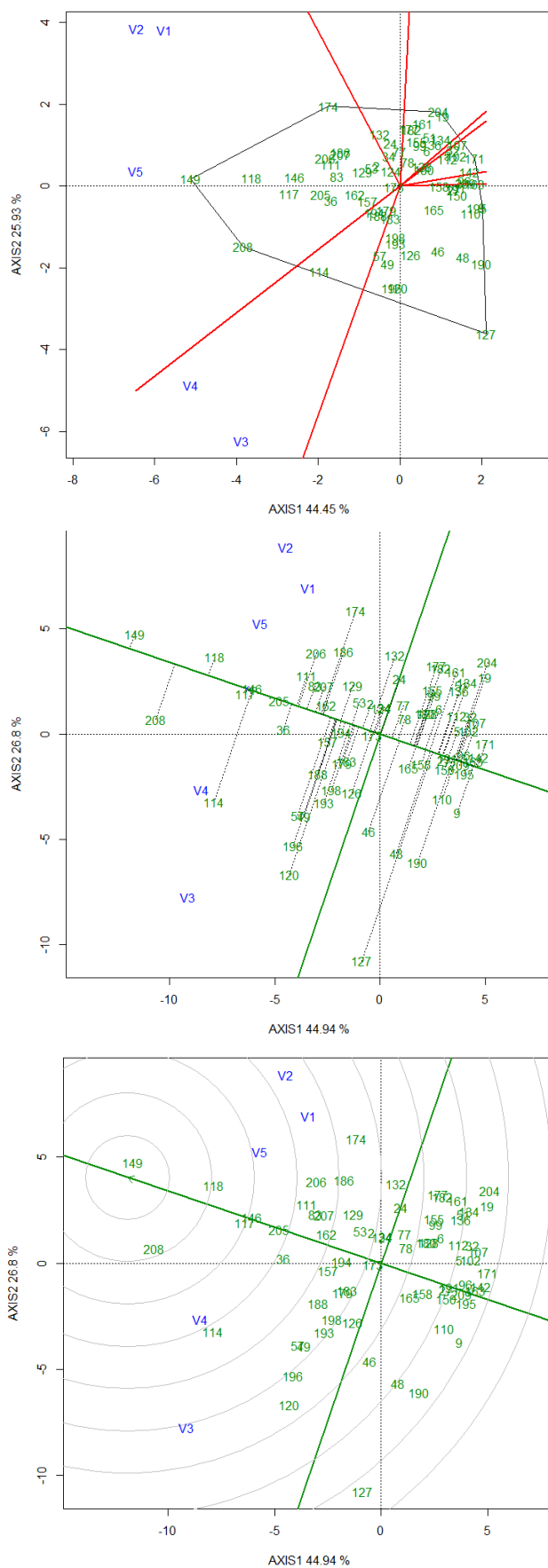


Figura 2. Gráficos GGE *biplot* (a) “which-won-where”, (b) média x estabilidade (Mean vs. Stability), e (c) genótipo ideal (Ranking Genotypes), para produção de matéria seca (PMS) em cinco cortes. Campos dos Goytacazes, RJ, 2019-2022.

Ainda, por meio da Figura 2a, pode-se observar que para o mega-ambiente1, o genótipo com melhor desempenho produtivo e de maior adaptação foi o 149. Já o genótipo 114, foi o mais produtivo e adaptado para todos os ambientes que compõem o mega-ambiente 2.

Os genótipos que estão localizados em setores que não estão associados a nenhum dos ambientes (V1 a V5), demonstraram baixa produtividade, sendo, portanto, desfavoráveis a todos os cinco ambientes-teste (Yan e Rajcan, 2002).

Um dos gráficos mais úteis na análise GGE *Biplot* é denominado “Média vs Estabilidade” (Figura 2b), com ele pode-se inferir sobre a avaliação dos genótipos sob o ponto de vista produtivo e quanto à estabilidade de desempenho. Neste, a linha verde contínua com uma única seta, denominada “eixo ambiente-média” (EAM), que aponta os genótipos que apresentaram maior desempenho médio produtivo. A segunda linha verde contínua, perpendicular ao EAM, aponta para uma menor estabilidade, sendo assim, quanto maior o comprimento dela, mais instável é o genótipo (Yan e Tinker, 2006).

Os genótipos que apresentaram maior PMS são: 149, 208, 118, 117, 146, 114, 205, 36, 111 e 206. Dentre estes, os genótipos 149, 118, 146, 111 e 206 foram classificados como altamente estáveis. De acordo com Yan e Tyker (2006), estes dois fatores são de extrema importância para o processo seletivo, visto que, tem por objetivo selecionar materiais que apresentem alta estabilidade atrelada a um nível de produtividade satisfatório.

Segundo Yan (2001), um genótipo ideal deve apresentar tanto alta performance produtiva como alta estabilidade de desempenho. Sendo assim, os genótipos que mais se aproximam do centro dos círculos concêntricos são os mais desejáveis (Figura 2c). Logo, pode-se observar que o genótipo 149 foi o que mais se aproximou desta condição, seguidos pelos genótipos 118 e 208. Os demais círculos concêntricos servem para auxiliar na visualização da distância entre o “genótipo ideal” e os demais, contribuindo para o processo de avaliação (Trethowan, 2014; Yan e Rajcan, 2002).

Na Figura 3 estão apresentados os gráficos GGE *Biplot* relacionados ao comportamento das 12 famílias de meios-irmãos nos ambientes de avaliação.

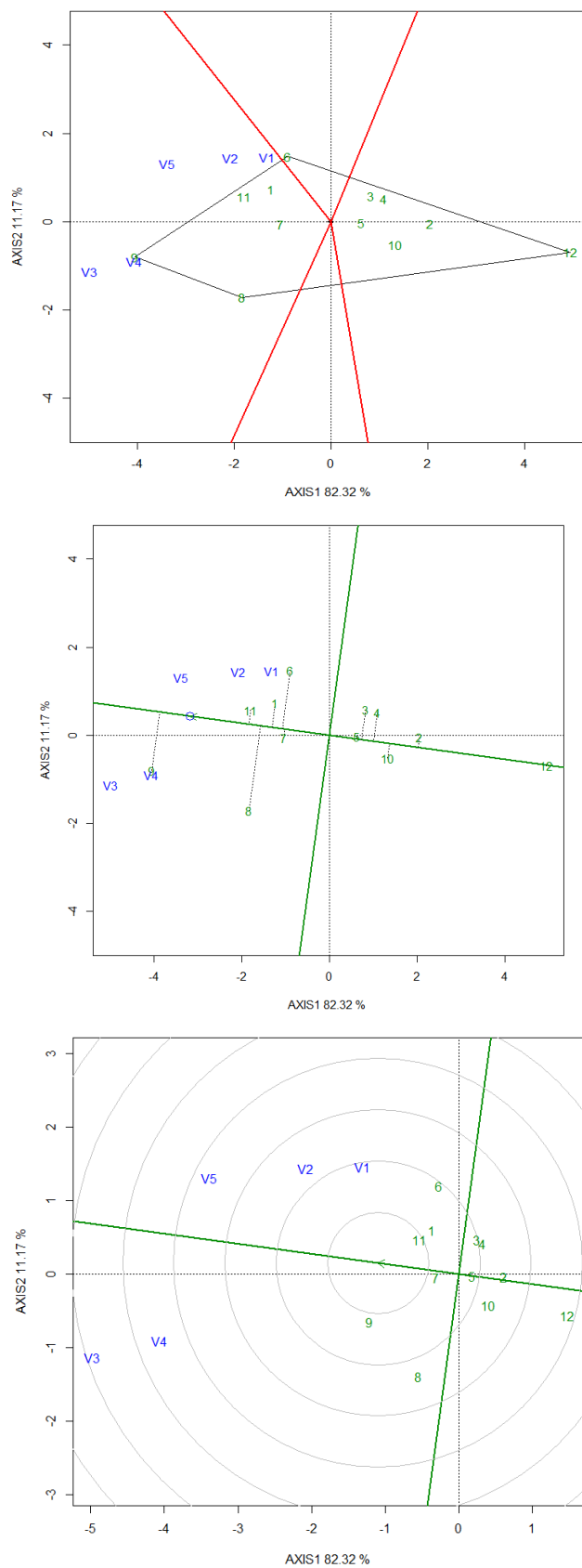


Figura 3. Gráficos GGE *biplot* (a) “which-won-where”, (b) média x estabilidade (Mean vs. Stability), e (c) genótipo ideal (Ranking Genotypes) para produção de matéria seca (PMS) das 12 famílias de meios-irmãos de capim-elefante. Campos dos Goytacazes, RJ, 2019-2022.

Na Figura 3a, pode-se observar que as famílias 9, 8 e 6, estando esta última localizada exatamente no ponto de corte do setor de agrupamento, formaram vértices do polígono do setor aonde os cinco ambientes foram agrupados. Sendo assim, foram as que apresentaram as maiores médias entre as 12 famílias de meios-irmãos avaliadas. Pode-se observar ainda que, dentre estas, que as famílias 8 e 9 apresentaram melhor desempenho junto aos ambientes V3 e V4 e que, a família 6 apresentou resposta favorável às condições propiciadas pelos ambientes V1, V3 e V5. Sendo assim, tendo como base estas inferências, tais famílias apresentaram respostas diferenciais frente às mudanças ambientais. Em contraponto, a família 12, apesar de dar origem a um vértice do polígono, não está associada a nenhum ambiente de avaliação, logo, deve ser considerada como de recomendação desfavorável por ter apresentado desempenho adverso em todos os ambientes de avaliação.

Outra análise possibilitada pelo método *GGE-Biplot*, é a relação entre produtividade e a estabilidade, representado pelo gráfico média x estabilidade (Figura 3b). Em relação a PMS, as famílias com valores superiores à média foram 9, 11, 1, 6, 8 e 7. As demais foram iguais ou inferiores à média geral. Destas, em termos de estabilidade, é possível verificar que as famílias 1, 7 e 11 foram as mais estáveis. De maneira geral, pode-se observar que as famílias 5 e 12 foram as de maior estabilidade dentre o total de famílias avaliadas, no entanto, tal estabilidade fenotípica não estava associada a um nível adequado de produtividade, sendo assim, estas famílias não apresentaram destaque. No entanto, ao considerar de maneira simultânea a produtividade e a estabilidade, as famílias 7 e 11 apresentaram-se como as de maior estabilidade dentre as mais produtivas.

O genótipo ideal deve ter simultaneamente alta produtividade e elevada estabilidade entre os ambientes e é definido pelo centro dos círculos concêntricos (Figura 3c). Neste sentido, as famílias localizadas mais próximas ao ideótipo são mais desejáveis para a seleção, sendo assim, observa-se que a família 11 apresenta ser mais próximo ao ideal, seguida pelas famílias 1, 7 e 9.

Comparando-se os resultados obtidos por ambas as metodologias, podem-se observar concordâncias e discordâncias de acordo com as particularidades de cada um.

Os métodos MHVG, PRVG, MHPRVG e os GGE-*Biplot* foram unânimes em considerar o genótipo 149 como destaque e ainda, classificaram de maneira similar os genótipos 36, 111, 114, 117, 118, 146, 149, 205, 206 e 208, em ordem crescente, como os dez melhores dentre o grupo estudado, sendo verificadas apenas, algumas alterações em relação ao ordenamento destes.

Da mesma forma, pode-se observar coincidência no ranqueamento das cinco melhores famílias nos quesitos adaptabilidade e estabilidade em função do uso das metodologias descritas, sendo estas, as famílias 1, 6, 7, 9 e 11, em ordem crescente.

Sendo assim, o uso de variados métodos com diferentes cálculos estatísticos funciona como estratégia para obter maior confiança na seleção de genótipos superiores para posterior recomendação (Vasconcelos et al., 2015; Silva e Duarte, 2006).

3.1.5. CONCLUSÕES

A interação genótipos x ambientes, significativa para a característica PMS, reflete o desempenho diferencial dos genótipos mediante as variações ambientais.

Pela metodologia REML/BLUP, as famílias 1, 6, 7, 9 e 11 foram classificadas como superiores. Já a nível de indivíduo, os genótipos 36, 111, 114, 117, 118, 146, 149, 205, 206 e 208 foram os que apresentaram maior adaptabilidade e estabilidade produtiva.

A metodologia GGE *Biplot* considerou o genótipo 149 e a família 11 dentre o conjunto de dados como aqueles mais próximos do ideótipo.

Houve concordância entre as metodologias utilizadas. Ambos os métodos são adequados e eficientes para a identificação e seleção de genótipos superiores.

3.2. REPETIBILIDADE E SELEÇÃO ENTRE E DENTRO DE FAMÍLIAS DE MEIOS IRMÃOS DE CAPIM-ELEFANTE PARA FINS FORRAGEIROS EM DIFERENTES ÉPOCAS DE CORTE

3.2.1. INTRODUÇÃO

O uso eficiente de forrageiras e pastagens como base da alimentação animal representa uma forma de se elevar a produtividade, reduzindo os custos de produção como, por exemplo, por meio do aumento da produção de leite e de carne (Pereira et al., 2001).

Nesse sentido, uma das formas de contornar tal situação fundamenta-se na escolha da espécie a ser implantada no sistema de produção, levando em consideração as condições de clima e solo da região, nível de tecnologia disponível, assim como, condições de cultivo a qual se destinam.

Dentre as diversas espécies utilizadas para este fim, o capim-elefante (*Cenchrus purpureus* (Schumach.) Morrone) é uma das mais importantes e difundidas em todas as regiões tropicais e subtropicais, devido ao seu elevado potencial para produção de forragem de boa qualidade (Daher, 2017; Freitas et al., 2019).

Neste cenário, a capineira é uma excelente alternativa para minimizar a escassez de forragem durante a época mais crítica do ano, a seca.

Sendo assim, considerando a necessidade do aumento de produtividade, é imprescindível que a seleção de genótipos produtivos seja realizada, de forma

precisa. Com isso, seria possível elevar a oferta de forragem, sobretudo na época crítica. Durante os meses de menor disponibilidade hídrica, isto é, aqueles caracterizados como uma condição de estresse hídrico, a produção vegetal é drasticamente afetada e conseqüentemente, os animais perdem muito peso, o ciclo de produção aumenta, baixos índices de produtividade são gerados e a lucratividade do setor é intensamente afetada, em especial, dos pequenos produtores (Deresz, 1999; Pereira et al., 2001).

Atualmente, um dos maiores desafios das pesquisas voltadas ao melhoramento genético da espécie refere-se à seleção dos genótipos mais adaptados a cada condição climatológica do país e, sobretudo, aqueles que apresentam melhor resposta no período de maior demanda, o período da seca.

A seleção genotípica baseada nos modelos mistos REML/BLUP tem recebido atenção especial dos pesquisadores, em função do notável progresso genético e grande precisão no processo de seleção. Sendo assim, o uso de tal metodologia torna-se uma ferramenta básica para a identificação e seleção de progênes e/ou indivíduos com maior mérito genotípico com elevada eficiência (Resende, 2007; Ramalho e Araujo, 2011). Seu uso permite ainda corrigir os dados para os efeitos ambientais; estimar os parâmetros genéticos; prever os valores genéticos; realizar comparações através do tempo e espaço e, maximizar a acurácia seletiva e o ganho genético (Viana e Resende, 2014).

O uso de modelos mistos REML/BLUP tem sido empregado com sucesso no melhoramento de diferentes culturas como: *Glycine max*, *Solanun tuberosum*, *Coffea arabica*, *Brachiaria humidicola*, *Panicum maximum*, *Saccharum officinarum*, *Eucalyptus grandis*, entre outras (Figueiredo et al., 2012; Rosado et al., 2012; Braz et al., 2013; Lucius et al., 2014; Miranda et al., 2015; Carias et al., 2016; da Silva et al., 2017). Em contraponto, existem poucos trabalhos empregando o método REML/BLUP na cultura do capim-elefante, sobretudo para fins forrageiros.

Outra vantagem da utilização da metodologia REML/BLUP é que é possível estimar o coeficiente de repetibilidade. Tal estimativa possui grande relevância, tendo em vista que a seleção, em espécies perenes, especialmente para características relacionadas à produtividade por demandar muito tempo, assim como, pela necessidade de condução de experimentos grandes e onerosos. Com o uso desta metodologia, é possível prever quantas avaliações

serão necessárias para que a seleção seja realizada com maior confiabilidade (Marçal et al., 2016)

Diante do exposto, este estudo teve como objetivo avaliar a superioridade genotípica das famílias de meios-irmãos avaliadas e prever ganhos genéticos para a característica produção de matéria seca (PMS), bem como, inferir qual o número mínimo de avaliações necessárias para se obter maiores ganhos com a seleção considerando a época da seca, das águas e durante todo o período de avaliação.

3.2.2. REVISÃO DE LITERATURA

3.2.2.1. Capim-elefante para fins forrageiros

A melhoria do potencial produtivo dos animais em um sistema de produção depende de uma alimentação eficiente e equilibrada. Dessa forma, no cenário agropecuário brasileiro, as plantas forrageiras tropicais exibem grande importância por constituírem a principal fonte de alimentação dos animais do rebanho leiteiro e de corte.

Dentre as diversas espécies utilizadas na alimentação animal, o capim-elefante (*Cenchrus purpureus* (Schumach.) Morrone) é uma das mais importantes e difundidas em todas as regiões tropicais e subtropicais, por ser reconhecidamente de alto potencial de produção de matéria seca e alto valor nutritivo (Freitas et al., 2019). O capim-elefante possui ainda como vantagem, a possibilidade de ser utilizado de diferentes formas, entre as quais estão o pastejo, uso como capineira e forragem conservada (Pereira et al., 2017).

Um dos principais entraves para a produção de forragem são as condições climáticas, pois, afetam diretamente a oferta de alimentos ao rebanho e por consequência a potencialidade pecuária. Durante a época seca, devido à escassez e irregularidade de chuvas, ocorre, em geral, acentuada queda na produtividade, disponibilidade e qualidade de pastagens e forragem. Tal fato impacta diretamente a lucratividade do setor e principalmente as pequenas propriedades que utilizam sistemas de produção extensivo (Wanderley et al., 2012).

A distribuição estacional de chuvas gera um desequilíbrio na produção de forragens, reduzindo a quantidade e qualidade do seu valor nutricional, quer seja pela ausência de precipitação ou pelo excesso de frio em determinado período. Deresz (1999) afirma que a estacionalidade da produção de forragem é atribuída às baixas precipitações, pouca luminosidade e a baixas temperaturas que ocorrem no período de inverno. Já o período das águas é capaz de acumular cerca de 70%-80% da produção total anual da cultura (Flores et al., 2013; Instituto Hórus, 2017). Tal fato foi observado por Daher et al. (2000), ao avaliar genótipos de capim-elefante no município de Campos dos Goytacazes-RJ. Segundo os autores, apenas 27% da produtividade anual, em média, ocorre na época seca do ano. Sendo assim, deve-se atentar para a produtividade e para a estabilidade dos genótipos, pois, nem sempre os mais produtivos apresentam estabilidade de desempenho e, caso isto não ocorra, estes podem propiciar uma maior oscilação na produtividade da cultura considerando os períodos águas e seca.

Olivo et al. (2007), avaliando a produtividade de capim-elefante na época da seca e das águas, observaram índices inferiores no período estival. Da mesma forma, Barreto et al. (2001), avaliando clones de capim-elefante, constataram que a altura das plantas e o número de entrenós por perfilho foram severamente reduzidos em função do estresse hídrico, evidenciando efeito inibitório do estresse hídrico sobre o alongamento do caule, a largura e o comprimento da lâmina foliar.

Nesse sentido, a escolha da forragem a ser implantada no sistema de produção deve ser pautada nas condições de clima e solo da região, pois adaptações específicas de genótipos a ambientes podem fazer total diferença entre uma boa e uma excelente cultivar. Portanto, observa-se que a pecuária tem sido desafiada a inovar e aplicar novas tecnologias que proporcionem um incremento adicional e importante na produção na época da seca possibilitando produzir, de forma eficiente, carne e leite de boa qualidade a baixo custo, em sistemas competitivos e sustentáveis.

3.2.2.2. Melhoramento de famílias de meios-irmãos

A seleção de progênes de meios-irmãos, proposta inicialmente por Lonquist (1964) e Paterniani (1967), tem por objetivo aumentar a frequência de alelos favoráveis sem elevar as taxas de endogamia. Por meio desta é possível,

ainda, aumentar a precisão da seleção intrapopulacional. Sendo assim, realizar a seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos, tem por objetivo de alterar a média populacional para uma ou mais características de acordo com o interesse do estudo (Vencovsky e Barriga, 1992).

Nas fases iniciais dos programas de melhoramento de capim-elefante considerando famílias de meios-irmãos, uma das principais dificuldades encontradas pelos melhoristas, é a seleção de genótipos promissores devido a grande quantidade de genótipos que precisam ser avaliados. Nestas fases não são usados delineamentos experimentais para indivíduos, sendo assim, cada genótipo apresenta uma única repetição. Dessa forma, para se selecionar as famílias superiores é realizado um teste de progênie, neste, a seleção é realizada com base no valor médio da progênie e posteriormente, os indivíduos potenciais dentro desta família são selecionados (Jackson e McRae, 1998).

Contudo, a tarefa de selecionar progênies superiores não é fácil uma vez que os caracteres de importância, em sua maioria quantitativos, apresentam, em geral, alta influência ambiental e ainda, são inter-relacionados de tal forma que a seleção de um, provoca uma série de mudanças em outros (Cruz e Regazzi, 2001).

Isto posto, o uso de metodologias com maior acurácia estatística é uma das alternativas que auxiliam na condução de um programa de melhoramento e nas tomadas de decisões (Borém et al., 2017).

3.2.2.3. Seleção via Modelos mistos (REML/BLUP)

Estatisticamente, dependendo da natureza amostral dos genótipos avaliados, os efeitos dos fatores de um modelo podem ser do tipo fixo ou aleatório. No modelo fixo, os níveis em estudo são escolhidos pelo pesquisador, de forma que o interesse se centra nesses níveis (Eisenhart, 1974) e as conclusões passam a ser restritas aos genótipos estudados, não podendo ser generalizadas. Já no modelo aleatório, os níveis em estudo correspondem a uma amostra aleatória de uma população de referência, permitindo estimar os componentes de variância genéticos e realizar inferências mais amplas (Fritsche-Neto et al., 2010). Além disso, o modelo pode ser ainda considerado misto, ou seja, pode possuir um ou mais efeitos fixos, além da média geral, e um ou mais efeitos aleatórios, além do erro experimental.

A utilização deste tipo de modelo como método estatístico foi proposto inicialmente para ser utilizado no melhoramento genético animal por Henderson (1949). Diante do seu uso, é possível obter estimativas para os efeitos fixos e predições para os efeitos aleatórios. Tal metodologia passou a ser empregada em diversas culturas devido às vantagens que apresenta frente às dificuldades rotineiramente encontradas em experimentos agrônômicos, tais como: perda de parcelas, heterogeneidade de variâncias ambientais, entre outras (Figueiredo et al., 2012; Rosado et al., 2012; Braz et al., 2013; Lucius et al., 2014; Miranda et al., 2015; Carias et al., 2016).

A metodologia REML/BLUP para seleção de plantas perenes é uma opção que admite gerar estimativas não tendenciosas de parâmetros pelo Método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML) e predizer os valores genéticos e genotípicos, pelo procedimento BLUP, possibilitando a maximização do ganho genético e ainda, gerenciá-lo de forma mais eficiente a fim de atingir a um processo seletivo de maior precisão e eficiência (Viana e Rezende, 2014). Tal metodologia possibilita ainda, comparar indivíduos através do tempo/espço, maximizar a acurácia seletiva, estimar os componentes de variância, o ganho genético e a eficiência de seleção, assim como, permite trabalhar com dados desbalanceados e estruturas de dados mais complexas, tais como: medidas repetidas, diferentes anos/locais de avaliação e delineamentos (Viana e Resende, 2014; Resende, 2016).

Diante do exposto, percebe-se substancial importância do uso de modelos mistos REML/BLUP no melhoramento genético de plantas, uma vez que, de posse das informações obtidas por meio deste procedimento é possível direcionar as estratégias de seleção, dentre as alternativas possíveis. No entanto, apesar de tal importância, observa-se que ainda, existem poucos trabalhos empregando o método REML/BLUP na cultura do capim-elefante, sobretudo para fins forrageiros.

3.2.2.4. Análise de medidas repetidas

É essencial para o processo de seleção de plantas ter conhecimento e convicção da superioridade genética dos indivíduos (Neves et al., 2010). Para isso, é de grande importância, realizar sucessivas medições de uma dada característica, em grupo de indivíduos, a fim de inferir se a superioridade ou

inferioridade deste, em relação aos demais, é mantida ao longo das medições (Cruz et al., 2014).

Tratando-se do melhoramento de plantas perenes, a seleção de indivíduos superiores tem sido realizada mediante sucessivas avaliações em intervalos de tempo estabelecidos. No entanto, esse processo envolve muitas etapas e demanda grande gasto em tempo, mão de obra, insumos e recursos financeiros (Oliveira et al., 2011). Dessa forma, conseguir minimizar ou eliminar o tempo e recurso gasto com a realização de avaliações (repetições) além do necessário, assim como, garantir que não sejam realizadas um número de medições aquém do devido, para evitar erros de estimação de parâmetros e falhas na identificação dos genótipos, é de fundamental importância.

Uma excelente alternativa para contornar esses desafios é a utilização do coeficiente de repetibilidade (Cruz et al., 2014). Por meio da sua definição é possível avaliar se a seleção por meio da(s) característica(s) fenotípicas de interesse será confiável e determinar o número mínimo de medições que deverão ser realizadas a fim de que tal avaliação apresente alta eficiência (Cruz et al., 2014).

Segundo Cruz e Regazzi (2001), a repetibilidade consiste na proporção da variância total que é explicada pelas variações genotípicas e alterações permanentes atribuídas ao ambiente comum. Segundo Falconer (1987), quanto maior o coeficiente de repetibilidade da variável analisada, mais precisa será a predição do valor real dos indivíduos em um número menor de medições.

O coeficiente de repetibilidade pode ser classificado como alto ($r \geq 0,60$), médio ($0,30 < r < 0,60$) e baixo ($r \leq 0,30$), segundo Resende (2002). Assim, um valor alto de repetibilidade, indica que é viável predizer o valor real do indivíduo utilizando-se um número menor de medições e em contraponto, em baixos valores de estimativas de repetibilidade é necessário aumentar o número de medições (Cruz et al., 2014).

O coeficiente de repetibilidade varia de acordo com a natureza do caráter em estudo, com a população (clones, progênies de meios-irmãos, progênies de irmãos-completos) e com as condições ambientais sob as quais os indivíduos estão submetidos (Falconer, 1987; Souza et al., 2017).

3.2.3. MATERIAL E MÉTODOS

3.2.3.1. Obtenção da população

Para obtenção da população de estudo utilizou-se como genitores femininos, 12 genótipos oriundos do Banco Ativo de Germoplasma de Capim-elefante (BAG-CE) CCTA/UENF, selecionados com base no potencial produtivo, qualidade forrageira e divergência genética (Tabela 1).

Foi permitido que os cruzamentos ocorressem naturalmente dentro desta população e após a ocorrência deste, foram realizadas coletas de sementes ao longo do período de florescimento da cultura (entre os meses de junho e agosto de 2019), mais especificamente, ao início, meio e fim do período reprodutivo, permitindo assim, a existência de plantas fruto do cruzamento entre o genitor feminino selecionado com genitores masculinos de florescimento precoce e tardio e propiciando maior variabilidade genética dentro da população obtida.

Após as coletas, as sementes de cada um dos 12 genótipos femininos selecionados foram misturadas, acondicionadas em papel alumínio, identificadas e armazenadas em geladeira até o momento de semeadura.

Tabela 1. Identificação dos genitores de capim-elefante. Campos dos Goytacazes, 2019-2022

Nº	GENÓTIPOS
1	Cuba – 116
2	Gigante de Pinda
3	Cuba – 115
4	CAC – 262
5	Gramafante
6	Três Rios
7	Taiwan A – 46
8	P241 Piracicaba
9	Elefante de Pinda
10	Porto Rico 534 – B
11	King Grass
12	Napierzinho

3.2.3.2. Área, delineamento e condução experimental

O experimento foi instalado na área de convênio do Centro Estadual de Pesquisas em Agroenergia e Aproveitamento de Resíduos, em Campos dos Goytacazes com a Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro-UENF, na região Norte Fluminense, localizado a 21° 19' 23" de latitude sul e 41° 19' 40" de longitude oeste com altitude variando no município de 20 a 30 m.

Segundo a classificação climática de Köppen, o clima da região é classificado com Aw, isto é, clima tropical úmido, com verão chuvoso, inverno seco e temperatura do mês mais frio superior a 18°C. Segundo a última Normal Climatológica do Município, a temperatura média situa-se em torno de 24°C, sendo a amplitude térmica muito pequena. A região apresenta precipitação média anual de 1.055,3 mm, sendo comum a presença de veranicos nos meses de janeiro e fevereiro.

O solo da área experimental no qual os genótipos foram cultivados se caracteriza como um Argissolo Amarelo, distrófico, de baixa fertilidade natural.

Após a obtenção das famílias de meios-irmãos, a semeadura ocorreu no dia 18 de setembro de 2019 em bandejas de isopor com 128 células, preenchidas com substrato. O transplante das mudas para o campo foi realizado aproximadamente 50 dias após a emergência das plântulas. Procedeu-se o replante nas parcelas que apresentaram falhas.

Na adubação de plantio, foi disponibilizado para cada linha 60 g de P₂O₅ (superfosfato simples). 50 dias após o plantio, bem como, imediatamente após os cortes, foi feita adubação de cobertura utilizando 70 g de ureia e 40 g de KCl por linha, correspondendo a 28,6 kg/ha de N e 24 kg/ha de K₂O.

Após a fase de estabelecimento, todos os genótipos foram cortados rente ao solo (corte de uniformização) no dia 13 de abril de 2019. O controle de plantas infestantes ao longo do experimento foi feito por capinas manuais e mecanizada.

O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados com três repetições. A parcela foi constituída por uma linha de 8,4 m com espaçamento de 1,00 m entre fileiras e 1,50 entre plantas. Foram avaliadas as seis plantas centrais da linha (área útil), considerando como bordadura a primeira e a última planta da linha, P1 e P7, respectivamente. Na condução do experimento a adubação e o manejo da cultura foram realizadas conforme recomendação da cultura.

Foram realizados cinco cortes de avaliação ao longo da condução do experimento nas seguintes datas: 21/07/2020 (Corte 1), 20/10/2020 (Corte 2), 15/12/2020 (Corte 3), 01/03/2021 (Corte 4) e 10/05/2021 (Corte 5). Tais cortes foram realizados considerando o desenvolvimento/produção da cultura em períodos de maior restrição (época da seca) e disponibilidade hídrica (período das águas). Dessa forma, foram definidos três períodos de avaliação: o período da seca - definido pelos cortes 1, 2 e 5; o período das águas - definido pelos cortes restantes (cortes 3 e 4); foi definido ainda o período total - aquele resultante da avaliação dos cinco cortes realizados, isto é, ao longo do período total de análise do experimento (cortes 1 a 5).

A precipitação pluviométrica, ocorrida durante a condução do experimento foi obtida por meio do levantamento de dados da Estação Evapotranspirométrica da UENF/PESAGRO (Figura 1).

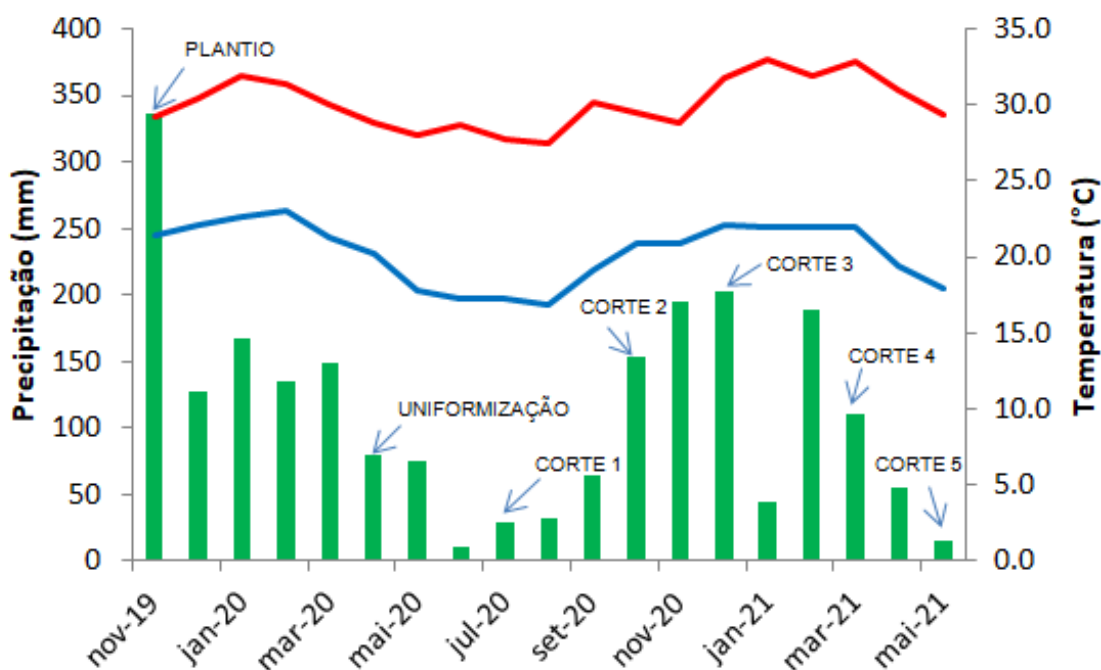


Figura 1. Temperaturas e precipitações ocorridas durante a condução do experimento de capim-elefante. Campos dos Goytacazes, 2019-2021.

Foi avaliada a característica produção de matéria seca (PMS) para o período da seca, águas e total.

3.2.3.3. Análises via modelos mistos

Para a característica avaliada, foi realizada a análise de deviance, a estimação dos parâmetros genéticos e predição dos ganhos, bem como, a análise de repetibilidade via modelos mistos (REML/BLUP). De acordo com modelo descrito em Viana e Resende (2014) a análise de deviance foi obtida da seguinte forma:

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

$$\ln(L) = -1/2 \ln[X^T V^{-1} X] - 1/2 \ln[V] - 1/2 (y - Xm)^T V^{-1} (y - Xm)$$

Em que: $\ln(L)$ é o ponto máximo da função logarítmica da máxima verossimilhança restrita (REML); y é o vetor da variável analisada; m é o vetor dos efeitos das mensurações, no qual são assumidas fixas e adicionadas todas as médias; X é a matriz de incidência para os efeitos fixos; e V a matriz de variância e 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.

A variável produção de matéria seca (PMS) foi analisada pelo software Selegen- REML/BLUP (Resende, 2009) utilizando um modelo estatístico de Delineamento em Blocos Completos com Resultado Único por Indivíduo.

$$y = Xm + Za + Wp + Ts + e$$

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 o 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;

$h_{2a} = h_2$: herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos;

r : repetibilidade individual;

$c_{2\text{parc}} = c_2$: coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas;

$c_{2\text{perm}} = c_{21}$: coeficiente de determinação dos efeitos permanentes;

Média geral do experimento.

Os indivíduos foram ranqueados de acordo com os valores genotípicos encontrados. A partir destes valores foi aplicada a seleção das melhores famílias e dos 20 genótipos mais promissores para a característica produção de matéria seca (PMS) para os cortes realizados no período da seca, águas e total.

3.2.4. RESULTADOS E DISCUSSÕES

A significância dos efeitos de genótipos, obtida por meio das análises de deviance, cujos resultados demonstram a existência de diferença significativa pelo teste da razão de verossimilhança, está apresentada na Tabela 2.

Nesta é possível verificar que o efeito dos quadrados médios de genótipos foram altamente significativos para a característica PMS em todos os períodos avaliados, onde foram detectadas diferenças significativas entre os genótipos ao nível de 1%. Tal resultado denota a presença de variabilidade genética dentro do experimento. Tal variabilidade é ferramenta essencial para os programas de melhoramento genético e indica a possibilidade de obtenção de ganho genético diante da seleção de indivíduos superiores para estas características.

Tabela 2. Análise de *Deviance* para a característica produção de matéria seca (PMS) para os cortes realizados no período da seca, águas e total em famílias de meios-irmãos de capim-elefante. Campos dos Goytacazes, 2019-2022

Fonte		SECA	ÁGUAS	TOTAL
Genótipo	Deviance	1984,26	1712,23	3788,07
	LRT	104,42*	60,23*	206,59*
Parcela	Deviance	1888,41	1666,01	3585,56
	LRT	8,57*	14,01*	4,08**
Modelo Completo	Deviance	1879,84	1652,00	3581,48

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

Com relação à variabilidade genética dentro das parcelas, é possível observar que, da mesma forma, houve efeito significativo para a característica PMS ao nível de 5% para o período total e ao nível de 1% para os demais, indicando assim, que há variabilidade genética significativa dentro da parcela e justificando assim, que a seleção dos indivíduos seja realizada dentro de famílias avaliadas.

Tais resultados servem como indícios da possibilidade de sucesso na seleção entre e dentro das famílias de meios-irmãos de capim-elefante avaliadas.

Constatou-se que a contribuição da variância genética foi mediana para os cortes realizados nos três períodos de avaliação, apresentando índices de 28,82; 30,12 e 29,33% para os períodos da seca, águas e total, respectivamente. Dessa forma, pode-se observar ainda, que os efeitos residuais temporários

predominaram nas três condições experimentais, sendo assim, a variância residual temporária foi aquela capaz de explicar a maior parte da variação fenotípica encontrada, corroborando assim para uma maior influência ambiental na característica avaliada (Tabela 3).

Tabela 3. Componentes de variância obtidos pelo REML individual para a característica produção de matéria seca (PMS) para os cortes realizados no período da seca, águas e total em famílias de meios-irmãos de capim-elefante. Campos dos Goytacazes, 2019-2022

Componentes de variância	SECA	ÁGUAS	TOTAL
V_g	2,250356	5,841946	3,651400
V_{parc}	0,121183	0,04568	0,164896
V_{perm}	0,034651	0,181472	0,030241
V_e	5,401567	13,32726	8,604443
V_f	7,807758	19,39636	12,45098
h^2_g	0,28822	0,301188	0,293262
r	0,308179	0,312899	0,308934
c^2_{parc}	0,015521	0,002355	0,013244
c^2_{perm}	0,004438	0,009356	0,002429
Média Geral	5,188241	9,499167	6,912611

V_g : variância genotípica; V_{parc} : variância ambiental entre parcelas; V_{perm} : variância dos efeitos permanentes; V_e : variância residual temporária; V_f : variância fenotípica individual; h^2_g = herdabilidade individual no sentido amplo; r : repetibilidade individual; c^2_{parc} : coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas; c^2_{perm} : coeficiente de determinação dos efeitos permanentes.

Tal resultado pode ser justificado pela natureza poligênica da característica PMS. As características quantitativas são controladas por vários genes, cada um com efeitos relativamente pequenos e são muito influenciados pelo ambiente, apresentando variações contínuas dentro das populações (Marchesi et al., 2016). Resultados similares de variância genética inferior à variação ambiental foram observados em outros estudos avaliando a cultura do capim-elefante (Rodrigues et al., 2017; Stida et al., 2018; Silva et al., 2020). Tal fato revela uma forte influência ambiental na determinação do caráter, no entanto, apesar destes resultados, a cultura do capim-elefante apresenta a vantagem de ser propagado vegetativamente com facilidade, sendo assim, tal ferramenta possibilita ao

melhorista aproveitar toda a variância genética existente, seja esta aditiva, dominante ou epistática (Cruz et al., 2014).

Conhecer a variância genética é fundamental para os programas de melhoramento, visto que indica a proporção da variação genética em uma característica específica (Cruz et al., 2014) e possibilita a seleção de genótipos com maiores valores para esta característica.

O emprego da metodologia dos modelos mistos REML/BLUP possibilita que a seleção seja baseada no valor genético predito, considerando o desempenho médio em cada corte (com efeito da interação média) e sem o efeito da interação ambiental (Viana e Resende, 2014). Dessa forma, diante da utilização deste método pode-se inferir que os ganhos genéticos associados à seleção com base na característica PMS serão significativos mesmo com a alta influência ambiental observada (Tabela 3).

A herdabilidade é um dos mais importantes parâmetros genéticos, uma vez que mede a fração de variação fenotípica que é de natureza hereditária e pode ser explorado em processos de seleção. De acordo com Resende (2009), a herdabilidade pode ser classificada como baixa ($h < 0,15$), mediana ($0,15 < h < 0,50$) e alta ($h > 0,50$).

Considerando isto, os valores de herdabilidade em nível individual foram classificados como medianos para os três períodos de avaliação, atingindo índices que variaram de 0.28 a 0.30. Esses resultados evidenciam que apenas aproximadamente 30% da variação para esta característica nos três períodos avaliados foi devido às causas genéticas, logo, pode-se inferir que a característica PMS foi bastante influenciada pelas condições ambientais dos cortes de avaliação e ainda que, apresentaram elevada magnitude da variância ambiental quando comparada proporcionalmente à variância genotípica (Tabela 3). De acordo com Fonseca et al. (2018), tendo em vista tais resultados, há necessidade de se realizar várias repetições de cada genótipo e a avaliação em diversos cortes a fim de obter uma seleção segura e eficiente.

Logo, estimar o coeficiente de repetibilidade do caráter avaliado tornar-se uma ferramenta de grande valia. Ele possibilita possível predizer o valor real dos indivíduos em um determinado número de medições e assim, verificar se haverá pouco ou elevado ganho em acurácia diante do aumento do número de medições.

O conhecimento do coeficiente de repetibilidade permite, portanto, que a fase de avaliação seja executada com eficiência e com menor dispêndio de tempo, mão de obra e recursos.

De acordo com Resende (2009), o coeficiente de repetibilidade pode ser classificado como alto ($r \geq 0,60$), médio ($0,30 < r < 0,60$) e baixo ($r \leq 0,30$). Com isso, na Tabela 3, observa-se para a característica PMS o coeficiente de repetibilidade foi de 0,3081; 0,3128 e 0,3089 para os períodos da seca, águas e total, respectivamente. Dessa forma, foi classificado como mediano para as três condições.

De acordo com a predição feita pelo Blup para 12 cortes, pode-se observar que a realização de cinco mensurações possibilitou um aumento significativo da determinação genética de 0,31 para 0,69 nas três épocas avaliadas, até o quinto corte de avaliação. Esses valores proporcionaram maiores incrementos na acurácia e eficiência. Em contraponto, ao realizar-se mais de cinco mensurações, o aumento da eficiência de seleção e acurácia foram inferiores, não sendo recomendado mediante aos custos demandados pelas avaliações, sendo o limite considerado suficiente para estimar o valor real dos indivíduos, com confiabilidade (Tabela 4).

Este resultado é muito importante para o melhoramento de plantas, uma vez que possibilita a economia de tempo e recurso na seleção de indivíduos superiores.

Ainda na Tabela 4, é possível verificar que ao realizar-se cinco medições, foi possível aumentar a eficiência seletiva (E_f) em 50, 49 e 49% para os períodos da seca, águas e total, respectivamente.

No contexto de modelos mistos, a acurácia seletiva (A_{cm}) é utilizada para avaliar a precisão experimental, e neste parâmetro inclui o coeficiente de variação experimental, o número de repetições e o coeficiente de variação genotípico. A acurácia seletiva varia de 0 a 1, sendo o limite superior os valores mais apropriados para esta, pois, quanto maior o valor da acurácia, maior é a confiança na avaliação e no valor genético predito (Alves et al., 2018).

De acordo com Sturion e Resende (2005), a acurácia seletiva depende da herdabilidade, da repetibilidade, da qualidade das informações, e da

metodologia usada para prever os valores genotípicos. Sendo assim, a acurácia seletiva pode ser considerada um dos principais componentes para o progresso genético, uma vez que é um parâmetro associado à precisão da seleção e está diretamente relacionado com o ganho genético (Resende, 2009).

Tabela 4. Eficiência das medidas repetidas preditas pelo Blup para a característica produção de matéria seca (PMS) para os cortes realizados nos períodos da seca, águas e total em famílias de meios-irmãos de capim-elefante. Campos dos Goytacazes, 2019-2022

M	SECA				ÁGUAS				TOTAL			
	h2m	R2	Acm	Ef	h2m	R2	Acm	Ef	h2m	R2	Acm	Ef
1	0,27	0,31	0,52	1,00	0,30	0,31	0,55	1,00	0,29	0,31	0,54	1,00
2	0,42	0,47	0,65	1,24	0,46	0,48	0,68	1,23	0,45	0,47	0,67	1,24
3	0,51	0,57	0,71	1,36	0,56	0,58	0,75	1,36	0,54	0,57	0,74	1,36
4	0,57	0,64	0,75	1,44	0,62	0,65	0,79	1,44	0,61	0,64	0,78	1,44
5	0,61	0,69	0,78	1,50	0,67	0,69	0,82	1,49	0,65	0,69	0,81	1,49
6	0,65	0,73	0,80	1,54	0,70	0,73	0,84	1,53	0,69	0,73	0,83	1,53
7	0,67	0,75	0,82	1,57	0,73	0,76	0,86	1,56	0,72	0,76	0,84	1,57
8	0,69	0,78	0,83	1,60	0,76	0,78	0,87	1,58	0,74	0,78	0,86	1,59
9	0,71	0,80	0,84	1,62	0,77	0,80	0,88	1,60	0,76	0,80	0,87	1,61
10	0,73	0,81	0,85	1,63	0,79	0,82	0,89	1,62	0,77	0,82	0,88	1,62
11	0,74	0,83	0,86	1,65	0,80	0,83	0,90	1,63	0,79	0,83	0,89	1,64
12	0,75	0,84	0,87	1,66	0,81	0,85	0,90	1,64	0,80	0,84	0,89	1,65

Herdabilidade da média de genótipos (h2m); Coeficiente de determinação da repetibilidade (R²), acurácia dos valores fenotípicos permanentes baseados em m cortes de avaliação (Acm) e eficiência das m avaliações, comparadas com a situação em que apenas uma avaliação é realizada (Ef).

Os valores de acurácia seletiva obtidos no presente estudo, ao se fazer cinco avaliações, foram de 0,78 (seca), 0,82 (águas) e 0,81 (total), valores estes, considerados elevados segundo Resende e Duarte (2007). Portanto, pode-se concluir que as precisões obtidas revelaram elevada qualidade experimental e possibilidade de se realizar a seleção dos genótipos superiores com segurança e credibilidade quanto à característica avaliada (Tabela 4).

Os ganhos preditos diante da seleção de famílias de meios-irmãos de capim-elefante encontrados para os três períodos de avaliação variaram de 15,67 a 0%; 22,74 a 0% e 19,45 a 0% para os períodos da seca, águas e total, respectivamente (Tabela 5).

Tabela 5. Ordenamento dos genitores em função do efeito genético, ganho genético predito e novas médias obtidas para a característica produção de matéria seca (PMS) em cortes realizados no período da seca, águas e total. Campos dos Goytacazes, 2019-2022

Ordem	SECA			ÁGUAS			TOTAL		
	F	Ganho	Nova Média	F	Ganho	Nova Média	F	Ganho	Nova Média
1	6	15,67	6,00	9	22,74	11,66	9	19,45	8,26
2	11	14,27	5,93	8	18,59	11,26	11	14,99	7,95
3	9	13,62	5,90	11	14,82	10,91	1	12,86	7,80
4	1	13,21	5,87	7	12,54	10,69	6	11,49	7,71
5	7	11,42	5,78	1	10,98	10,54	8	10,44	7,63
6	3	9,63	5,69	6	9,09	10,36	7	9,61	7,58
7	4	8,09	5,61	5	7,41	10,20	5	7,81	7,45
8	5	6,71	5,54	10	5,95	10,06	3	6,40	7,35
9	8	5,43	5,47	3	4,58	9,93	4	5,14	7,27
10	2	3,89	5,39	4	3,38	9,82	10	3,88	7,18
11	10	2,62	5,32	2	2,10	9,70	2	2,51	7,09
12	12	0,00	5,19	12	0,00	9,50	12	0,00	6,91

Ganho: ganho genético em porcentagem (%)

Vale destacar que dentre os períodos analisados neste trabalho, o período da seca é o que propicia um maior desafio para a cadeia produtiva. Segundo Stida et al. (2018), a seleção de genótipos produtivos, sobretudo, àqueles adaptados a uma condição de cultivo de maior restrição hídrica, é de grande importância para a viabilidade da produção animal por estes apresentarem uma excelente opção de reserva devido a seu elevado potencial para produção de forragem mesmo em condições climáticas desfavoráveis.

Desta forma, os esforços são concentrados para selecionar o maior número de famílias superiores para produção de matéria seca, sobretudo para tal época e, conseqüentemente, maior probabilidade de identificar indivíduos superiores. Tendo como base o exposto, observa-se que as famílias 6, 11, 9, 1 e 7, nesta ordem, apresentaram-se como as de maior potencial para uma condição de cultivo mais restrita, com menor disponibilidade hídrica, pois apesar deste fato, elas foram capazes de atingir maiores médias de produção diante das demais. Em contraponto, pode-se observar que as famílias 9, 8, 11, 7 e 1, nesta ordem, foram as que se destacaram para uma condição de cultivo “ótima”, com maior disponibilidade hídrica (Tabela 5).

Vale salientar ainda que, de maneira geral, isto é, considerando todos os períodos de avaliação, as famílias de meios-irmãos mais promissoras foram as 1,

9 e 11, apresentando destaque entre as cinco melhores nos três períodos, indicando que estas apresentaram elevada produção ao longo de um período de limitação hídrica, assim como, ao longo do período composto por meses secos e chuvosos, classificados em função de seus respectivos índices pluviométricos.

Os autores Ramalho e Araújo (2011) afirmam que a utilização de modelos mistos é estratégia adequada para melhorar a eficiência do melhoramento, por meio da identificação de progênies com maior mérito genotípico. Dentre a totalidade de genótipos avaliados, foram ranqueados os 20 melhores indivíduos, aqueles que apresentaram um maior ganho genético considerando o objetivo do trabalho proposto e as condições experimentais (Tabela 6).

Segundo Resende (2007), a metodologia do REML/BLUP proporciona o ordenamento dos genótipos potenciais para seleção explorando toda a variação genotípica.

Dessa forma, de acordo com a Tabela 6, pode-se observar que, os ganhos preditos, em nível de indivíduo, foram maiores daqueles obtidos para média das famílias para a característica PMS ao longo dos três períodos de avaliação. Tal fato está relacionado à particularidade da cultura do capim-elefante ser propagado vegetativamente com facilidade, tornando a seleção individual mais vantajosa que a seleção de famílias.

Com relação aos ganhos obtidos para cada um dos períodos de avaliação, o ganho predito durante a seca foi o menor dos encontrados, variando de 37,24 a 16,54%. Tais ganhos resultaram uma nova média predita variando de 8,73 a 6,76 t.ha⁻¹. O período das águas foi o que propiciou os maiores ganhos, com este variando de 51,16 a 26,33%. Já para o período total, foram encontrados ganhos intermediários aos demais, variando de 49,92 a 29,03% (Tabela 6).

Este estudo permitiu identificar famílias e indivíduos específicos para cada uma das condições experimentais/ambientais descritas. Além disso, os resultados obtidos poderão orientar outros estudos. Dessa forma, pode-se concluir que os 20 melhores genótipos selecionados nesse trabalho apresentam potencial para serem utilizados como genitores em novos cruzamentos, dando continuidade ao programa de melhoramento, assim como, de serem clonados para ensaios de VCU, visando o lançamento de uma nova cultivar de capim-elefante com a finalidade forrageira.

Tabela 6. Estimativas de ganhos genéticos considerando os 20 melhores indivíduos para a característica produção de matéria seca (PMS) em famílias de meios-irmãos de capim-elefante avaliadas em cinco cortes. Campos dos Goytacazes, 2019- 2022

Ordem	SECA			ÁGUAS			TOTAL		
	Genótipo	Ganho (%)	Nova Média	Genótipo	Ganho (%)	Nova Média	Genótipo	Ganho (%)	Nova Média
1	5/1/5/3	37,24	8,73	46/8/4/2	51,16	14,36	5/1/5/3	49,92	10,36
2	64/11/4/3	31,38	8,17	5/1/5/3	45,99	13,87	46/8/4/2	47,18	10,17
3	30/5/6/3	28,85	7,93	49/9/1/1	43,87	13,67	64/11/4/3	45,28	10,04
4	11/2/5/2	27,16	7,77	42/7/6/2	42,52	13,54	42/7/6/2	43,61	9,93
5	2/1/2/3	25,99	7,66	48/8/6/2	40,87	13,38	49/9/1/1	42,26	9,83
6	42/7/6/3	25,09	7,57	64/11/4/3	39,44	13,25	2/1/2/3	41,19	9,76
7	46/8/4/2	24,26	7,49	52/9/4/3	38,33	13,14	54/9/6/3	40,25	9,69
8	6/1/6/2	23,30	7,40	57/10/3/1	37,36	13,05	30/5/6/3	39,27	9,63
9	61/11/1/3	22,37	7,31	54/9/6/3	36,56	12,97	57/10/3/1	38,18	9,55
10	34/6/4/1	21,53	7,23	6/1/6/3	35,46	12,87	6/1/6/2	37,19	9,48
11	57/10/3/2	20,84	7,17	2/1/2/2	34,50	12,78	52/9/4/3	36,18	9,41
12	27/5/3/2	20,21	7,11	11/2/5/2	33,36	12,67	55/9/6/2	35,14	9,34
13	18/3/6/3	19,64	7,05	27/5/3/1	32,36	12,57	27/5/3/2	34,19	9,27
14	21/4/3/1	19,12	7,00	55/10/1/2	31,40	12,48	48/8/6/2	33,25	9,21
15	39/7/3/2	18,65	6,96	30/5/6/3	30,45	12,39	61/11/1/3	32,38	9,15
16	49/9/1/3	18,18	6,92	39/7/3/2	29,48	12,30	39/7/3/2	31,59	9,10
17	62/11/2/3	17,75	6,87	44/8/2/3	28,60	12,22	34/6/4/1	30,87	9,05
18	35/6/5/3	17,34	6,83	13/3/1/3	27,80	12,14	62/11/2/3	30,22	9,00
19	52/9/4/2	16,92	6,80	36/6/6/1	27,05	12,07	36/6/6/3	29,62	8,96
20	32/6/2/1	16,54	6,76	18/3/6/3	26,33	12,00	35/6/5/1	29,03	8,92

Genótipo: indivíduo/família/planta/bloco

3.2.5. CONCLUSÕES

Há variabilidade genética significativa para seleção dentro das famílias avaliadas.

Os valores de repetibilidade obtidos demonstram que o desempenho dos genótipos é medianamente constante entre as medições e a necessidade de se realizar sete medições para uma seleção com confiabilidade.

As famílias 1, 9 e 11 apresentaram excelentes resultados quando submetidas a condições de maior e menor disponibilidade hídrica, sendo estas, propícias para serem exploradas em programas de melhoramento.

A seleção dos 20 melhores indivíduos possibilitou ganhos preditos de 37,24 a 16,54% (seca), 51,16 a 26,33% (águas) e 49,92 a 29,03% (total). Esses indivíduos podem ser utilizados como genitores e/ou clones nos Programas de Melhoramento Genético do capim-elefante, visando à produção de forragem.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Alves, F.G da S., Silva, S.F., Santos, F.N. de S., Carneiro, M.S. de S. (2018) *Elephant Grass: a Bioenergetic Resource*, 117–130.
- Andrade Lira, M., de Melo, W.S., Carvalho, L.F.P.B., Silva, M.C., dos Santos, M.V.F., de Mello, A.C.L., ... e Dubeux Jr, J.C.B. (2016) Caracteres de *Pennisetum* spp. para seleção inicial no programa de melhoramento genético do capim-elefante. *Semina: Ciências Agrárias*.
- Atroch, A.L., Nascimento, F.J. do, Resende, M.D.V. de (2013) Seleção genética simultânea de progênies de guaranazeiro para produção, adaptabilidade e estabilidade temporal. *Revista de Ciências Agrárias - Amazon Journal of Agricultural and Environmental Sciences*, 56:347–352.
- Balestre, M., Souza, J.C., Pinho, R.G.V., Oliveira, R.L., Paes, J.M. (2009) Yield stability and adaptability of maize hybrids based on GGE *biplot* analysis characteristics. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 9:219-228.
- Barreto, G.P., Lira, M.A., Santos, M.V.F., Dubeux Júnior, J.C.B. (2001) Avaliação de Clones de Capim-elefante (*Pennisetum purpureum* Schum.) e de um Híbrido com o Milheto (*Pennisetum glaucum* (L.) R. Br.) Submetidos a Estresse Hídrico. Parâmetros Morfológicos. *Revista Brasileira de Zootecnia*, 30(1):1-6.
- Borém, A., Miranda, G.V., Fritsche-Neto, R. (2017) Melhoramento de Plantas –

7ª Edição. Editora UFV, 543p.

- Braz, T.G.D.S, Fonseca, D.M.D, Jank, L., Resende, M.D.V.D, Martuscello, J.A., Simeão, R.M. (2013) Genetic parameters of agronomic characters in *Panicum maximum* hybrids. *Revista Brasileira de Zootecnia*, 42:231-237.
- 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, I.R., Szareski, V.J., da Silva, J.A.G., Pires Nunes, A.C., da Rosa, T.C., Barbosa, M.H., Magano, D.A., Conte, G.G., Caron, B.O., de Souza, V.Q. (2020) Multivariate best linear unbiased predictor as a tool to improve multi-trait selection in sugarcane. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 55: 1–8.
- Cavalcante, M., Lira, M.A. (2010) Variabilidade genética em *Pennisetum purpureum* Schumacher. *Revista Caatinga*, 23(2):153-163.
- CEPEA (2020) PIB DO AGRONEGÓCIO BRASILEIRO. Disponível em: <<https://www.cepea.esalq.usp.br/br/pib-do-agronegocio-brasileiro.aspx>> Acessado em 10 de dezembro de 2021.
- 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*, 106(1), 107-130.
- 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, C.D., Regazzi, A.J. (2001) Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético 2.ed. rev. Viçosa: UFV. 390p.
- Cruz, C.D., Torres, R.A.A., Vencovsky, R. (1989) An alternative approach to the stability analysis proposed by Silva and Barreto. *Revista Brasileira de Genética*, 12 (3):567-580.

- Cunha, M.V. da., Lira, M. de A., Santos, M.V.F. dos., Dubeux Júnior, J.C.B., Mello, A.C.L. de., Freitas, E.V. de. (2013) Adaptabilidade e estabilidade da produção de forragem por meio de diferentes metodologias na seleção de genótipos de *Pennisetum* spp. *Revista Brasileira de Ciências Agrárias*, 8(4):681-686.
- da Silva, G.O., de Carvalho, A.D.F, da Silva Souza, Z., Ponijaleki, R.S., da Silva Pereira, A. (2017) Desempenho genotípico de clones de batata via modelos mistos. *Revista Brasileira de Ciências Agrárias (Agrária)*, 11:259-266.
- Daher, R.F., Rodrigues, E.V., Araújo, M., Pinheiro, L.S., Gravina, G.A., Ledo, F.D. S., Pereira, A. (2017) Variação sazonal na produção de forragem de clones intra e interespecíficos de capim-elefante. *Revista Agrarian*, 10(38):294–303.
- Daher, R.F., Vázquez, H.M., Pereira, A.V., Fernandes, A.M. (2000) Introdução e avaliação de clones de capim-elefante (*Pennisetum purpureum* Schum.) em Campos dos Goytacazes, RJ. *Revista Brasileira de Zootecnia*, 29(5): 1296-1301.
- de Almeida, R.G., Barbosa, R.A., Zimmer, A.H., Kichel, A.N. (2019) Forrageiras em sistemas de produção de bovinos em integração. Embrapa Gado de Corte-Capítulo em livro científico.
- 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).
- Duarte, J.B., Vencovsky, R. (1999) Interação genótipos x ambientes: uma introdução à análise AMMI. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 60p.
- Eisenhart, C. (1947) The assumptions underlying the analysis of variance. *Biometrics*, 3(1):1-21.
- Empresa de Assistência Técnica e Extensão Rural do Estado do Rio de Janeiro (EMATER RIO) (2019). Relatório de atividades – Bovinocultura. 28p.
- Falconer, D.S., Mackay, T.F.C. (1996) Introduction to quantitative genetics, 4th ed. Edinburgh : Longman Group Limited (ed). 464p.
- Fan, X., Kang, M.S., Chen, H., Zhang, Y., Tan, J., Xu, C. (2007) Yield stability of

- maize hybrids evaluated in multi-environment trials in Yunnan, China. *Agronomy Journal*, 99:220-228.
- Farias, V.P. de (1994) Formas de uso do capim-elefante. Anais do Simpósio Sobre Capim-Elefante, 2., Coronel Pacheco:EMBRAPA/CNPGL, p.139-148.
- Figueiredo, U.J.D., Nunes, J.A.R., Valle, C.B.D. (2012) Estimation of genetic parameters and selection of *Brachiaria humidicola* progenies using a selection index. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 12:237-244.
- Flores, R.A., Urquiaga, S.S., Alves, B.J.R., Collier, L.S., Boddey, R.M. (2013) Yield and quality of elephant grass biomass produced in the Cerrados region for bioenergy. *Engenharia Agrícola e Ambiental*, 32: 831-839.
- Fonseca, C.E.L., de Moraes, F.M., Gonçalves, H.M., Aquino, F. de G., Rocha, F.S. (2018) Repeatability of fruit traits from two *Hancornia speciosa* populations from the core region of the Brazilian Cerrado. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 53: 710–716.
- Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO) (2019) The state of food security and nutrition in the world. p. 239.
- Freitas, R.S., Daher, R.F., Vidal, A.K.F., Stida, W.F., Menezes, B.R.D.S., Pereira A., Vander Neto, S.A., Santos, P.R. dos, Silva, V.B. da, Gottardo, R.D. (2019) Dry Matter Yield and Nutritional Characteristics of Elephant-Grass Genotypes. *Journal of Experimental Agriculture International*, 35:1–8.
- Freitas, E.V. (2008) *Caracterização de pastos, consumo e desempenho de vacas em pastagens de Pennisetum* sp. Tese (Doutorado em Zootecnia), Recife: Universidade Federal Rural de Pernambuco, 88p.
- Fritsche-Neto, R., Gonçalves, M.C., Vencovsky, R., Souza Júnior, C.L. (2010) Prediction of genotypic values of maize hybrids in unbalanced experiments. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 10(1):32-39.
- Hanna, W.W., Gaines, T.P., Gonzalez, B., Monson, W.G. (1984) Effect of ploidy on yield and quality of pearl millet x Napier grass hybrids. *Agronomy Journal*, 76(6):969-971.

- Henderson, C.R. (1949) Estimation of changes in herd environment. *Journal Dairy Science*, 32(8):
- IBGE - Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística – Produção da Pecuária Municipal 2017. Disponível em https://biblioteca.ibge.gov.br/visualizacao/periodicos/84/ppm_2017_v45_br_informativo.pdf. Acessado em : 15 de dezembro de 2021.
- Instituto Hórus de Conservação e desenvolvimento ambiental. Disponível em: www.institutohorus.org.br. Acesso em: 20 de dezembro de 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.
- Kollet, J.L., Diogo, J.M.S.; Leite, G.G. (2006) Rendimento forrageiro e composição bromatológica de variedades de milheto (*Pennisetum glaucum* (L.) R. BR.). *Revista Brasileira Zootecnia*, 35(4):1308-1315.
- Lima, R.S., Daher, R.F., Goncalves, L.S., Rossi, D.A., do Amaral Júnior, A.T., Pereira, M.G., Lédo, F.J.S. (2011) RAPD and ISSR markers in the evaluation of genetic divergence among accessions of elephant grass. *Genetics and Molecular Research*, 10:1304-1313.
- Lonquist, J.H. (1967) Mass selection for prolificacy in maize. *Der Züchter*, 37:185-188.
- Lucius, A.S.F., de Oliveira, R.A., Daros, E., Zambon, J.L.C., Bessalho Filho, J.C., Verissimo, M.A.A. (2014) Performance of sugarcane families at different stages in the genetic improvement by REML/BLUP. *Semina: Ciências Agrárias* (Londrina), 35:101-111.
- Maia, M.C.C., Resende, M.D.V., Oliveira, L.C., Vasconcelos, L.F.L., Netos, J.F.P.L. (2014) Análise genética em genótipos de manga rosa via REML/BLUP. *Revista Agrotecnologia*, 5(1):01 – 16.
- MAPA – Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Registro Nacional de Cultivares: Disponível em: http://www.agricultura.gov.br/vegetal/registro_nacional-cultivares. Acesso em 17/02/2022.

- Marçal, T. de S., Guilhen, J.H.S., Oliveira, W.B. dos S., Ferreira, M.F. da S., Resende, M.D.V. de, Ferreira, A. (2016) Repeatability of biometric characteristics of Juçara palm fruit. *Bioscience Journal*, 890–898.
- Marchesi, J.A.P., dos Santos Silva, D.B., Borges, L.J., Stafuzza, N.B., Munari, D.P. (2016) Estudo da variabilidade genética aplicado à genômica animal. *Tópicos Especiais em Genética Aplicada*, 31.
- Mariotti, J.A., Oyarzabal, E.S., Osa, J.M.; Bulacio, A.N.R., Almada, G.H. (1976) Analisis de estabilidad y adaptabilidad de genótipos de caña de azucar. *Revista Agronomica del Noroeste Argentino*, 13(1-4):105-27.
- Mathey, M.M., Mookerjee, S., Mahoney, L.L., Gündüz, K., Rosyara, U., Hancock, J.F., Stewart, P.J., Whitaker, V.M., Bassil, N.V., Davis, T.M. Finn, C.E. (2017) Genotype by environment interactions and combining ability for strawberry families grown in diverse environments. *Euphytica*, 213.
- Menezes, B.R.D.S., Daher, R.F., Gravina, G.D.A., Silva, V.B., Rodrigues, E.V., Oliveira, M.L., ... Rocha, A.D.S. (2016) Seleção de genótipos de capim-elefante (*Pennisetum purpureum*) utilizando a metodologia REML/BLUP. *Revista de Ciências Agrárias*, 39(3), 360-365.
- Mezzomo, W., Peiter, M.X., Robaina, A.D., Kirchner, J.H., Torres, R.R., Pimenta B.D. (2020) PRODUÇÃO E EFICIÊNCIA DO CAPIM-SUDÃO SUBMETIDO A DIFERENTES LÂMINAS DE IRRIGAÇÃO. *Irriga*, 25(1):143-159.
- Miranda, A.C., Teixeira de Moraes, M.L., Mueller da Silva, P.H., Sebbenn, A.M. (2015) Genetic gain in the selection by multi-effects index in openpollinated progenies of *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden. *Scientia Forestalis*, 43:203-209.
- Miranda, G.V., Souza, L.V., Guimarães, L.J.M., Namorato, H., Oliveira, L.R., Soares, M.O. (2009) Multivariate analyses of genotype × environment interaction of popcorn. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 44:45-50.
- Moreira, L. M., Fonseca, D. M., Martuscello, J. A., Nóbrega, E. B. (2006) Adubação fosfatada e níveis críticos de fósforo no solo para manutenção da produtividade do capim-elefante (*Pennisetum purpureum* cv. Napier) *Revista*

Brasileira de Zootecnia, 35(3).

- Neves, L.G., Bruckner, C.H., Cruz, C.D., Barelli, M.A.A. (2010) Avaliação da repetibilidade no melhoramento de famílias de maracujazeiro. *Revista Ceres*, 57:480-485.
- Oliveira, T.R.A.D., Gravina, G.D.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 *BIPLOT* analysis of green bean traits. *Ciência Rural*, 48(6):1-6.
- Oliveira, M.L.F., Daher, R.F., Menezes, B.R.S., Vivas, M., Rocha, A.S., Ponciano, N.J., Amaral Junior, A.T., Araujo, M.S.B., Pereira, T.N.S., 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, A.V., Daher, R.F., da Silva Menezes, B.R., de Amaral Gravina, G., de Sousa, L.B., da Silva Gonçalves, A.C., Oliveira, M.L.F. (2013) Avaliação do desenvolvimento de 73 genótipos de capim-elefante em Campos dos Goytacazes-RJ. *Boletim de Indústria Animal*, 70 (2):119-131.
- Oliveira, T.N., Santos, M.V.F., Lira, M.A., Mello, A.C.L., Lira Júnior, M.A., Silva, N.G.M. (2011) Estimativa de repetibilidade para mancha ocular em clones de *Pennissetum*. *Arquivos de Zootecnia*, 60:797- 808.
- Olivo, C.J., Charão, P.S., Pereira, L.E.T., Ziech, M.F., Meinerz, G., Tyska, D. (2007) Produtividade e valor nutritivo de pasto de capim-elefante manejado sob princípios agroecológicos. *Revista Brasileira de Zootecnia*, 36(6).
- Paterniani, E. (1967) Selection among and within half-sib families in a brazilian population of maize (*Zea mays* L.). *Crop Science*, 7:212-216.
- Pereira, A. Vander, Lédo, F.J. da S., Machado, J.C. (2017) BRS Kurumi and BRS Capiaçú - New elephant grass cultivars for grazing and cut-and-carry system. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 17: 59–62.
- Pereira, A.V., Morenz, M.J.F., Lédo, 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, A.V., Auad, A.M., Lédo, F.J.S., Barbosa, S. (2010). *Pennisetum Purpureum*. In: Fonseca, D.M., Martuscello, J.A. (Ed.) Plantas Forrageiras, UFV, Viçosa, pp. 197-219.
- Pereira, A.V., Lédo, 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., Daher, R.F., Pereira, M. G., Lédo, F. J. S., Souza Sobrinho, F., Amaral Junior, A. T., Freitas, V. P., Pereira, T. N. S., Ferreira, C. F (2006) Análise de cruzamentos dialélicos entre capim-elefante (*Pennisetum purpureum* Schum.) e milheto (*Pennisetum glaucum* (L.) R. Br.). 1. Características morfoagronômicas. *Acta Sci. Agron. Maringá*, 28(2):267-275.
- Pereira, A.V., Valle, C.B., Ferreira, R.P., Miles, J. W. (2001) Melhoramento de forrageiras tropicais. Recursos Genéticos e Melhoramento de Plantas, 549-602.
- 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.
- Pinto Júnior, J.E., Sturion, J.A., Resende, M.D.V., Ronzelli Júnior, P. (2006) Avaliação simultânea de produtividade, adaptabilidade e estabilidade genotípica de *Eucalyptus grandis* em distintos ambientes do estado de São Paulo. *Boletim de Pesquisa Florestal*, 53:79-108.
- Ponciano, N.J., Souza, P.M.D., Mata, H.T.D.C., Vieira, J.R., Morgado, I.F. (2004). Análise de viabilidade econômica e de risco da fruticultura na região Norte Fluminense. *Revista de economia e sociologia rural*, 42(4), 615-635.
- 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.

- Ramalho, A.M., Araújo, L.C.A. de (2011) Breeding self-pollinated plants. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 1:1-7.
- Resende, M.D.V. (2016) Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 16: 330–339.
- Resende, M.D.V. de (2009) Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes EMBRAPA (ed). 975p.
- Resende, M.D.V. (2007) Selegen-Reml/Blup: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos. Colombo: Embrapa Florestas, 2007.
- Resende, M.D.V., Duarte, J.B. (2007) Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, 37:182-194.
- Resende, M.D.V. (2002) Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 975p.
- Rocha, R.B., Muro-Abad, J.I., Araújo, E.F., Cruz, C.D. (2005). Avaliação do método centroide para estudo de adaptabilidade ao ambiente de clones de *Eucalyptus grandis*. *Ciência Florestal*, 15(3):255-266.
- Rodrigues, E.V., Daher, R.F., Santos, A., Vivas, M., Machado, J.C., Gravina, G.A., Souza, Y.P., Vidal, A.K.F., Avelino, S.R., 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.
- Rosado, A.M., Rosado, T.B., Alves, A.A., Laviola, B.G., Bhering, L.L. (2012) Seleção simultânea de clones de eucalipto de acordo com produtividade, estabilidade e adaptabilidade. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 47(7), 964-971.
- Scapim, C.A., Pacheco, C.A.P., Amaral Júnior, A.T., Vieira, A., Pinto, R.J.B., Conrado, T.V. (2010) Correlations between the stability and adaptability statistics of popcorn cultivars. *Euphytica*, 174:209-218.

- Schanck, S.C. (1999) *Propagação vegetativa e sexual do capim-elefante*. In: Passos, L.P., Carvalho, L.A., Martins, C.E., Bressan, M., Pereira, A.V. (Ed.).
- Schneider, L.S.A., Daher, R.F., Menezes, B.R.S., Freitas, R.S., Sousa, L.B., Silva, V.B., Furlani, E.P., Vidal, A.K.F. (2018) Selection of Elephant-Grass Genotypes for Forage Production. *Journal of Agricultural Science*, 10:148.
- Schneider, L.S.A. (2013) *Avaliação morfoagronômica, adaptabilidade e estabilidade da produção de forrageira de capim-elefante*. Dissertação - (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Campos dos Goytacazes – RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF, 72p.
- Silva, V.B., Daher, R.F., de Souza, Y.P., da Silva Menezes, B.R., Azevedo Santos, E., Souza Freitas, R., da Silva Oliveira, E., Francesconi Stida, W., Cassaro, S. (2020) Assessment of energy production in full-sibling families of elephant grass by mixed models. *Renewable Energy*, 146: 744–749.
- Silva, W.C.J., Duarte, J.B. (2006) Métodos estatísticos para estudo de adaptabilidade fenotípica em soja. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 41(1):23-30.
- 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.
- 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.
- Stida, W.F., Daher, R.F., Viana, A.P., Vidal, A.K.F., Freitas, R.S., da Silva, V.B., Pereira, A. Vander, 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.

- Streck, E.A., Júnior, A.M. de M., Aguiar, G.A., Facchinello, P.H.K., Fagundes, P.R.R. (2019) Genotypic performance, adaptability and stability in special types of irrigated rice using mixed models. *Revista Ciência Agronômica*, 50:66–75.
- 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.
- Trethowan, R.M. (2014) Defining a genetic ideotype for crop improvement. In *Crop Breeding* (pp. 1-20). Humana Press, New York, NY.
- Vasconcelos, F.M.T., Vasconcelos, R.A., Luz, L.N., Cabrali, N.T., Oliveira Júnior, J.O. L., Santiago, A.D., Sgrillo, E., Farias, F.J.C., Filho, P.A.M., Santos, R.C. (2015) Adaptabilidade e estabilidade de genótipos eretos de amendoim cultivados nas regiões Nordeste e Centro-Oeste. *Ciência Rural*, 45:1375-1380.
- Vencovsky, R., Barriga, P. (1992) Genética Biométrica no Fitomelhoramento. Ribeirão Preto SP: SBG, 496p.
- Viana, B.L., Mello, A.C.L. de, Guim, A., Lira, M. de A., Dubeux Júnior, J.C.B., Santos, M.V.F., Cunha, M.V. da. (2018) Morphological characteristics and proportion of leaf blade tissues of elephant grass clones under sheep grazing. *Pesquisa. Agropecuária. Brasileira*, 53(11):1268-1275.
- Viana, A.P., Resende, M.D.V. de (2014) Genética Quantitativa no Melhoramento de Fruteiras Interciência (ed). 282p.
- Wanderley, W.L., Ferreira, M. de A., Batista, Â.M.V., Vêras, A.S.C., Santos, D.C. dos, Urbano, S.A., Bispo, S.V. (2012) Silagens e fenos em associação à palma forrageira para vacas em lactação. Consumo, digestibilidade e desempenho. *Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal*, 13:745–754.
- Wickham, H. (2010) ggplot2: elegant graphics for data analysis. *J Stat Softw*,

35(1):p. 65-88.

- Yan, W. (2011) GGE *Biplot* vs. AMMI Graphs for Genotype-by-Environment Data Analysis. *Journal of the India Society of Agricultural Statistics*, 65(2):p.181-193.
- Yan, W., Holland, J.B. (2010) A heritability-adjusted GGE *biplot* for test environment evaluation. *Euphytica*, 171(3):355-369.
- Yan, W., Tinker, A. (2006) *Biplot* analysis of multi environment trial data: principles and applications. *Canadian Journal of Plant Science*, 86(3):623-645.
- Yan, W., Kang, M.S. (2003) GGE *biplot* analysis: a graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists. Florida: Boca Raton. 286p.
- Yan, W., Rajcan, I. (2002) *Biplot* evaluation of test sites and trait relations of soybean in Ontario. *Crop Science*, 42:11-20.
- Yan, W., Hunt, L. A., Sheng, Q. L., Szlavnic, Z. (2000) Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE *Biplot*. *Crop Science*, 40:597-605.
- 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.
- Yates, F., Cochran, W.G. (1938) The analysis of groups of experiments. *The Journal of Agriculture Science*, 28:556-580.