

**PREDIÇÃO DE GANHOS GENÉTICOS COM SELEÇÃO ENTRE E
DENTRO DE FAMÍLIAS DE IRMÃOS COMPLETOS DE CAPIM-
ELEFANTE PARA FINS ENERGÉTICOS**

VERÔNICA BRITO DA SILVA

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

**CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ
MARÇO – 2016**

PREDIÇÃO DE GANHOS GENÉTICOS COM SELEÇÃO ENTRE E
DENTRO DE FAMÍLIAS DE IRMÃOS COMPLETOS DE CAPIM-
ELEFANTE PARA FINS ENERGÉTICOS

VERÔNICA BRITO DA SILVA

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 – 2016

PREDIÇÃO DE GANHOS GENÉTICOS COM SELEÇÃO ENTRE E
DENTRO DE FAMILIAS DE IRMÃOS COMPLETOS DE CAPIM-
ELEFANTE PARA FINS ENERGÉTICOS

VERÔNICA BRITO DA SILVA

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 21 de março de 2016.

Comissão Examinadora:

Dr. Flávio Dessaune Tardin (D.Sc., Produção Vegetal) – EMBRAPA

Prof. Messias Gonzaga Pereira (PhD., Plant Breeding) – UENF

Prof. Geraldo de Amaral Gravina (D.Sc., Fitotecnia) – UENF

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

*“A mente que se abre para novos conhecimentos,
jamais retornar ao seu tamanho original.”*

Albert Einstein

A Deus por me abençoar muito mais do que mereço.

Aos meus pais Francisco e Maria Lina.

As minhas irmãs Lígia, Marina, Lídia e Lília.

Dedico com carinho

AGRADECIMENTOS

A Deus por está sempre comigo e possibilitar sabedoria e discernimento nos momentos de aflição;

À Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro e ao Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de plantas pela oportunidade concedida;

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pela concessão da bolsa de Doutorado;

Ao Professor Rogério Figueiredo Daher pela orientação, confiança e momentos de descontração;

Aos Professores Geraldo de Amaral Gravina e Messias Gonzaga Pereira, e ao Pesquisador Flavio Tardin pelas sugestões para aperfeiçoar o trabalho;

Às professoras Ângela Celis Lopes e Regina Lúcia Gomes, por serem exemplos de motivação e conduta profissional;

Aos professores do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas pela grande contribuição para meus conhecimentos durante o doutorado;

Ao secretário José Daniel, por ser sempre tão solícito e competente;

Ao Dorian Peres, Enildo, Fernando, José Manoel, Júlio Cesar, Romildo Gottardo pela enorme contribuição na realização dos árduos trabalhos de campo;

Ao Professor Ricardo Augusto Mendonça Vieira por ceder o Laboratório de Zootecnia (LZO) para análises da composição química;

Ao Almir Ribeiro de Carvalho Junior pela boa vontade, paciência, ajuda imprescindível nas análises químicas e momentos de descontração, alegrias e confusões;

Ao Professor Messias Gonzaga Pereira por ceder o Laboratório de Marcadores Moleculares de DNA para análise molecular do capim-elefante;

À Marcela Boechat e Vitória pelos conhecimentos transmitidos na molecular, e por todo suporte na execução dos meus experimentos. Ajuda de vocês jamais esquecerei.

Aos amigos do capim-elefante: Avelino Rocha, Brunno Almeida, Erina Rodrigues, Lilia Gravina, Maria do Socorro Araújo, Rafael Freitas, Yure Pequeno, Derivaldo Pureza, Bruna Menezes, Maria Lorraine, Liliane Souza, Larissa Schneider agradeço pelas contribuições prestadas e momentos de alegrias;

Aos amigos do LZO: Almir Ribeiro, Davi Barbosa, Elisabeth Processi, Flávio Henrique, Karla Rodrigues, Jhone, Laila Ramos, Marcelo Cabral, Matheus Abreu, Nardelle Rohem, Raphael Gomes, Renata Tavares, Tadeu Silva e Yara Lisbôa pela hora do café com bolo;

As amigas da missa de domingo: Gabrielle Mafra, Gerbeli Salgado, Ivana Fernandes, Joviana Lerin, Nayara Norrone e Suzane Souza;

Aos amigos do grupo Deus Mais: Alinne Nunes, Andrea Barros, Carlos Diego, Carlos Misael, Cintia Machado, Claudia Lougon, Claudia Roberta, Eileen Santos, Gislanne Brito e Ligia Renata;

As amigas do Centro Espírita Culto Pedro: Cynthia Guimarães, Ellen Moura e Tamara Figueiredo;

Aos demais amigos pelos momentos de estudos e diversão, Amanda Gonçalves, Andressa Leal, Artur Medeiros, Asaph Kurosawa, Cássio Vittorazzi, Daniele Viana, Diederson Bortolini, Elba Honorato, Glaúcia Michelle, Hellen Moura, Jocarla Ambrósio, José Arantes, Kariane Sousa, Luciano Vespoli, Marilene Hilma, Milaine, Milene Figueiredo, Pakizza Sherma, Pollyanna Santiago, Railan Kurosawa, Raimundo Oliveira, Samy Pimenta, Tathianne Pastana, Yuri Kurosawa e outros;

A toda minha família pelo incentivo, amor e carinho em todos os momentos de minha vida;

E, a todos aqueles que, direta ou indiretamente, contribuíram para a conclusão desse trabalho.

SUMÁRIO

RESUMO	viii
ABSTRACT	x
1. INTRODUÇÃO	1
2. OBJETIVOS	3
3. REVISÃO DE LITERATURA	4
3.1. Aspectos gerais da cultura capim-elefante	4
3.2. Importância econômica da cultura	5
3.3. Uso como fonte alternativa de energia.....	6
3.4. Melhoramento Genético de capim-elefante	7
3.5. Seleção de famílias e individual	9
3.6. Metodologia REML/BLUP na seleção de plantas perenes.....	10
3.7. Índices de seleção	12
4. MATERIAL E MÉTODOS	14
4.1. Local, instalação e delineamento experimental	14
4.2. Características avaliadas	18
4.3. Análises genético-estatísticas.....	20
5. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	26
5.1. Seleção entre e dentro de famílias de irmãos completos de capim-elefante para fins energéticos	26
5.2. Seleção de genótipos via metodologia REML/BLUP em uma população segregante obtida de cruzamento intraespecífico de capim-elefante	34

5.3. Predição de ganhos genéticos por RELM/ BLUP em famílias de irmãos completos de capim-elefante sob índice de seleção.....	44
6. CONCLUSÕES	49
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	50

RESUMO

SILVA, Verônica Brito da; D. Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; Março, 2016. PREDIÇÃO DE GANHOS GENÉTICOS COM SELEÇÃO ENTRE E DENTRO DE FAMÍLIAS DE IRMÃOS COMPLETOS DE CAPIM-ELEFANTE PARA FINS ENERGÉTICOS; Orientador: Rogério Figueiredo Daher; Conselheiros: Messias Gonzaga Pereira e Geraldo de Amaral Gravina.

Nos últimos anos, o capim-elefante tem despertado o interesse do setor energético por apresentar potencial para produção de carvão vegetal e biocombustível. Não há relatos de cultivares especificamente registrada para produção de biomassa energética no Brasil. Assim, é importante investir em programas de melhoramento dessa espécie, pois há uma grande variabilidade genética, por isso pode-se supor a existência de uma excelente oportunidade para o sucesso em processos de seleção de cultivares e a otimização de insumos visando um alto potencial de biomassa para fins energéticos. Diante do exposto, o presente estudo teve por objetivos: i) estimar parâmetros e valores genotípicos pelo procedimento REML/BLUP em nível de planta dentro de progênie; ii) predizer ganhos genéticos por meio de diferentes índices de seleção via metodologia RELM/BLUP; iii) selecionar famílias e indivíduos superiores em famílias de irmãos completos em capim-elefante para fins energéticos por meio de estratégias de seleção entre e dentro e índice de seleção. O experimento foi conduzido em Campos dos Goytacazes-RJ, utilizou-se o delineamento em blocos ao acaso, com três repetições. Foram avaliadas oito famílias de irmãos completos (FMI), sendo cada parcela composta por cinco plantas. Os critérios de seleção empregados

nos dois cortes foram: seleção direta e indireta, índice clássico de Smith e Hazel. Também foram verificadas diferenças significativas para as famílias e os indivíduos em relação às características produção de matéria-seca (PMS), número de perfilhos(NP), diâmetro do colmo(DC), altura de plantas(ALT) e fibra de detergente neutro(FDN) avaliadas nos dois cortes. O índice de Smith e Hazel mostrou-se promissor para seleção simultânea das características avaliadas, deste modo, favorecendo a seleção de famílias e progênes superiores. Parâmetros genéticos e valores genotípicos foram estimados para cinco características morfoagronômicas por meio do procedimento REML/BLUP, sendo avaliados os híbridos intraespecíficos. A análise via metodologia REML/BLUP e o modelo utilizado mostraram-se adequados para predição de ganhos e com boas perspectivas de avanço genético. As altas estimativas de herdabilidade e acurácia seletiva foram verificadas para produção de matéria seca, o que contribuiu para a obtenção de alto percentual de ganho genético para essa variável. O índice Mulamba e Mock mostrou eficiência de seleção de genótipos superiores de capim-elefante, podendo aumentar a chance de sucesso às fases subsequentes. A melhor família foi a 3, para PMS, NP, ALT e FDN, cujos parentais são IJ7179 x BAG 86, com ganhos de 10,34%; 15,84%; 15,04%; 0,1331%; 0,4584% e 3,0019%, respectivamente. Na seleção individual via REML/BLUP para PMS, as plantas de nº 5 da família 1 do bloco 2 e nº 3, família 2 do bloco 3 foram as melhores, com ganho genético de 3,15 e 8,37, respectivamente. Enquanto que, para FDN, as plantas 3 da família 5 do bloco 1, com ganho de 1,015 e 3 da família 4 do bloco 5 com ganho de 10,64 foram os melhores indivíduos.

ABSTRACT

SILVA, Verônica B.; D.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; March of 2016. PREDICTION OF GENETIC GAINS WITH SELECTION AMONG AND WITHIN FULL-SIBS FAMILIES OF ELEPHANT GRASS FOR ENERGY PURPOSES; Advisor: Rogério Figueiredo Daher; Committee members: Messias Gonzaga Pereira and Geraldo de Amaral Gravina.

In recent years the elephant grass has aroused the interest of the energy sector to present potential for charcoal production and biofuel. There cultivar accounts registered specifically for biomass energy production in Brazil. Thus, it is important to invest in this species breeding programs because there is a large genetic variability, so it can be assumed that there is a great chance for success in cultivar selection processes and optimization of inputs, for a high potential biomass for energy purposes. Given the above, this study aimed to: i) estimate parameters and genotypic values by REML / BLUP procedure at plant level within progeny; ii) predict genetic gains through different levels of selection via RELM / BLUP methodology; iii) select superior families and individuals in full-sib families in elephant grass for energy purposes by selection strategies between and within and selection index. The experiment was conducted in Campos dos Goytacazes-RJ, in a randomized block design with three replications. The eight full-sib families were evaluated (IMF), each portion consisting of five plants. Employees selection criteria in the two cuts were: direct and indirect selection; classical index of Smith and Hazel. There were significant differences for families and individuals regarding the characteristics production of raw dry (PRD), number of tillers (NT), stem

diameter (SD), plant height (PH) and neutral detergent fiber (NDF) evaluated in two cuts. Smith and Hazel index showed promise for simultaneous selection of the evaluated characteristics, favoring the selection of families and superior progenies. Genetic parameters and genotypic values were estimated for five agronomic characteristics through the REML / BLUP procedure, and evaluated the intraspecific hybrids. The analysis via REML / BLUP methodology and model used proved to be suitable for predicting earnings and good prospects for genetic improvement. The high heritability estimates and selective accuracy have been checked for dry matter production, which contributed to obtain high rates of genetic gain for this variable. The Mulamba and Mock index showed efficiency of selection of superior genotypes of elephant grass, and may increase the chance of success at subsequent stages. The best family was 3 for PRD, NT, PH and NDF, whose parent are IJ7179 BAG x 86, with 10.34% gains; 15.84%; 15.04%; 0.1331%; 0.4584% and 3.0019%, respectively. In individual selection via REML / BLUP for PMS, the plant 5, family 1, block 2 and plant 3, family 2, block 3 were the best, with genetic gain of 3.15 and 8.37, respectively. While, for NDF, plants 3, family 5, block 1, with a gain of 1.015 and 3, family 4, block 1 and gain 0.64, they had the best individuals.

1. INTRODUÇÃO

O problema da demanda energética tornou-se uma preocupação mundial. A utilização de combustíveis fósseis e seus derivados ocasionam graves consequências, porquanto são fontes finitas de energia e contribuem para o aumento do efeito estufa (Morais et al., 2009). Diante disso, muitas são as pesquisas e os investimentos em prol do desenvolvimento e aprimoramento de novas formas de obtenção de energia limpa (Anderson e Akin, 2008).

No Brasil, cerca de 30% das necessidades energéticas é suprida pela biomassa sob forma de lenha para queima de cerâmicas, carvão vegetal para redução de ferro gusa em fornos das siderúrgicas e lenha sustentável para fábricas de cimento no nordeste (Marafon et al., 2012). O uso da biomassa no país auxilia na redução de impactos naturais negativos pela exploração de recursos naturais, além de contribuir com o aumento da economia, geração de emprego e renda (Osava, 2007).

Assim, com as crescentes possibilidades de utilização nos diversos setores da indústria e a alta demanda por biomassa, muitas instituições têm direcionado suas pesquisas para culturas com alto índice de produtividade de biomassa (Marafon et al., 2012). Dentre as espécies tropicais, o capim-elefante (*Pennisetum purpureum* Schum.) é uma das que apresentam uma alternativa de biomassa para utilização como insumo energético (Daher et al., 2014; Oliveira et al., 2014; Rossi et al., 2014; Menezes et al., 2015; Rocha et al., 2015).

Essa planta de origem africana possui características que beneficiam a qualidade da biomassa como crescimento rápido, maior capacidade de acumulação de matéria seca, elevado teor de fibras, alta relação C/N e alto poder calorífico (Jakob et al., 2009; Lee et al., 2010; Daher et al., 2014; Rocha et al., 2015). O uso do capim-elefante para produção de energia deverá promover um aumento significativo da área cultivada com esta espécie (Cunha et al., 2013). Assim sendo, o melhoramento genético desta deverá considerar o uso de novos critérios de seleção (Pereira et al., 2008) e a exploração da variabilidade existente na própria espécie (Cavalcante e Lira, 2010).

A utilização de técnicas adequadas para a seleção permite a maximização dos ganhos que serão gerenciados mais eficientemente pelos programas de melhoramento (Cruz e Carneiro, 2014). O ganho genético a partir da seleção de famílias seguida da seleção individual de clones é maior do que o ganho com a simples seleção de clones ou de famílias (Oliveira et al., 2008).

Neste contexto, a seleção entre e dentro e índice de seleção surgem como opções. A seleção entre e dentro de famílias é uma alternativa interessante, pois seleciona tanto as melhores famílias quanto os melhores indivíduos dentro das famílias (Cruz e Carneiro, 2014). Enquanto que, os índices de seleção possibilitam agregar múltiplas informações visando à seleção com base em um conjunto de variáveis que reúna vários atributos de interesse econômico simultaneamente (Cruz et al., 2012).

A utilização de modelos mistos para análises de dados vem sendo de grande aplicabilidade na seleção de genótipos superiores (Laviola et al., 2010). Esses modelos permitem a estimação de componentes de variância e a predição dos valores genéticos via máxima verossimilhança restrita (REML) e melhor preditor linear não viciado (BLUP), respectivamente (Duarte e Vencovsky, 2001; Rodrigues et al., 2013; Viana e Rezende, 2014). Com isso, esses modelos contemplam simultaneamente as informações de família e de indivíduo com elevados valores genotípicos, em que haveria maior probabilidade de seleção de clones potenciais (Xavier et al., 2014). No entanto, não foram encontrados trabalhos utilizando essas metodologias em capim-elefante.

2. OBJETIVOS

Objetivo geral:

Avaliar famílias de irmãos completos e plantas dentro de famílias, visando à seleção.

Objetivos específicos:

Estimar ganhos genéticos pela seleção entre e dentro via direta e indireta e com base no índice de seleção de Smith e Hazel;

Obter estimativas de parâmetros genéticos e prever valores genéticos via RELM/BLUP de famílias de irmãos completos em capim-elefante;

Selecionar plantas segregantes para clonagem de capim-elefante para a produção de energia.

3. REVISÃO DE LITERATURA

3.1. Aspectos gerais da cultura capim-elefante

O gênero *Pennisetum* é um dos mais representativos gêneros da família Poaceae a qual possui distribuição cosmopolita, incluindo cerca de 650 gêneros e 9000 espécies, sendo que no Brasil ocorrem cerca de 180 gêneros e 1500 espécies (Souza Sobrinho et al., 2005). Inclui espécies forrageiras, cereais e ornamentais. Dentre as forrageiras destaca-se o capim-elefante que é classificado na família Poaceae, subfamília Panicoideae, tribo Paniceae, gênero *Pennisetum* e seção *Penicillaria* (Bruken, 1977).

A África Tropical é apontada como centro de origem e diversidade do capim-elefante. Atualmente se encontra adaptado às regiões tropicais e subtropicais (Gomide, 1994). Os países africanos Guiné, Moçambique, Angola, Zimbábue e sul do Quênia são relacionados como principais áreas de variabilidade genética desta forrageira (Ferreira e Pereira, 2005). No Brasil, sua introdução ocorreu por volta de 1920 no Rio grande do Sul e São Paulo, vindo dos Estados Unidos e Cuba (Rodrigues et al., 2001)

O capim-elefante é um alotetraploide com número básico de cromossomos $x=7$ ($2n = 4x = 28$), com comportamento diploide normal e genomas A'A'BB (Martel et al., 1996). Predominantemente alógama, protogínica e com taxa de polinização cruzada que depende da época de florescimento dos genótipos. Além disso, o intervalo médio de tempo decorrido entre o aparecimento dos

estigmas e a abertura das primeiras anteras é de 3 a 4 dias. A variação deste intervalo entre genótipos permite classificá-los em precoces, intermediários e tardios (Pereira, 1994).

As principais características morfológicas e fenológicas do capim-elefante são ciclo perene, de hábito de crescimento cespitoso, atingindo de 3 a 5 metros de altura com colmos eretos dispostos em touceira aberta ou não. Possuem rizomas curtos, folhas com inserções alternas, de coloração verde escura ou clara e roxo, que podem ser pubescentes ou não. As folhas apresentam nervura central larga e brancacenta, bainha lanosa, invaginante, fina e estriada, lígula curta, brancacenta e ciliada (Nascimento Júnior, 1981; Alcântara e Bufarah, 1983; Deresz, 1999).

Sua inflorescência é uma panícula primária e terminal, sedosa e contraída, ou seja, com racemos espiciformes em forma de espiga, podendo ser solitária ou aparecendo em conjunto no mesmo colmo. A panícula tem, em média, 15 cm de comprimento, formada por espiguetas envolvidas por um tufo de cerdas de tamanhos desiguais e de coloração amarelada ou púrpura (Nascimento Junior, 1981; Alcântara e Bufarah, 1983; Deresz, 1999).

Propagação vegetativa é o principal método de reprodução, o que possibilita isolar e propagar plantas superiores resultantes de cruzamentos para testes e eventuais lançamentos. Enquanto que, a produção de sementes no capim-elefante é inconsistente e apresenta baixa viabilidade (a taxa de germinação varia de 23 a 36%) (Holm et al., 1977). Segundo Pereira et al., (2001), a depressão endogâmica oriunda deste processo seria um dos principais fatores responsáveis pela baixa germinação das sementes e plantas de baixo vigor no capim-elefante propagado por sementes.

3.2. Importância econômica da cultura

O capim-elefante está entre as forrageiras mais utilizadas nos sistemas intensivos de produção animal, o que faz dele uma das mais importantes forrageiras do mundo (Pereira, 1994). Pelo seu elevado potencial produtivo e qualidade nutritiva, tem sido considerado uma das forrageiras tropicais mais promissoras para utilização em sistemas de intensificação da produção de leite e pasto (Pereira et al., 2008).

Por apresentar grande potencial de produção de matéria seca associado a seu valor nutritivo, seu uso mais frequente ocorre em regime de corte (capineiras), podendo ser utilizado também para ensilagem (Pires et al., 2009; Monteiro et al., 2011), feno e em pastejo rotacionado. Embora a maioria dos programas de melhoramento do capim-elefante esteja direcionada ao seu uso como forrageira, essa espécie também pode ser avaliada como fonte alternativa de energia (Flores et al., 2012).

À vista disso, muitas pesquisas são conduzidas em vários estados do Brasil, visando identificar cultivares mais produtivas e adaptadas a diferentes condições edafoclimáticas das regiões brasileiras. Monteiro et al. (2011) avaliaram o capim-elefante para silagem e observaram um aumento nas médias da matéria-seca aditivada com produtos alternativos.

3.3. Uso como fonte alternativa de energia

Atualmente a maioria dos países está promovendo ações para que as energias alternativas renováveis tenham participação significativa em suas matrizes energéticas. A motivação para essa mudança de postura é a necessidade de redução no consumo dos derivados de petróleo, associado a diminuição da emissão de gases promotores do efeito estufa (Monti et al., 2007).

A 21ª Conferência do Clima (COP 21), realizada em Paris em 2015, implementou esforços para redução de emissões de carbono e contenção dos efeitos do aquecimento global. Nesse sentido, a biomassa vegetal se torna uma alternativa energética segura, principalmente por ser sustentável e permitir o reaproveitamento de resíduos, o que não ocorre em outras fontes de energia, como o petróleo ou o carvão. Além disso, apresenta um baixo custo de produção (Anderson et al., 2008; Jakob et al. 2009; Lee et al., 2010).

No Brasil, o capim-elefante tem despertado o interesse dos pesquisadores, devido ao fato de ser altamente eficiente na fixação de CO₂ atmosférico durante o processo de fotossíntese (Azevedo et al., 2012; Flores et al., 2012; Oliveira et al., 2014; Rossi et al., 2014; Menezes et al., 2015). Essa planta de origem africana possui características que beneficiam a qualidade da biomassa como crescimento rápido, menor extensão de áreas para plantio, maior capacidade de acumulação de matéria seca, teor de fibras elevado, alta relação

C/N e alto poder calorífico (Jakob et al., 2009; Lee et al., 2010; Daher et al., 2014; Rocha et al., 2015).

Esse alto potencial de produção de biomassa resulta da combinação de diversos fatores, tais como: eficiência na interceptação da luz solar, eficiência fotossintética, capacidade de rebrotar e perfilhar, armazenamento de carboidratos de reserva, absorção de nutrientes e eficiência no uso da água, dentre outros (Rossi et al., 2014). Por ser uma planta que apresenta boa rusticidade, o capim-elefante apresenta capacidade de se desenvolver bem e crescer em áreas marginais às grandes culturas (Morais et al., 2009).

Uma característica muito importante para determinação da viabilidade da produção do capim-elefante com finalidades energéticas são os teores de fibras, mais especificamente dos componentes ricos em carbono e com elevado poder calorífico, como a celulose e a lignina, sendo estes teores frequentemente maiores nos colmos que nas folhas (Quesada et al., 2004).

Daher et al., (2014) avaliaram o uso do capim-elefante para produção de energia em Campos dos Goytacazes/RJ, em que os efeitos genéticos aditivos estavam presentes para as características da qualidade da biomassa como Fibra de detergente neutro, Fibra de detergente ácido, celulose, hemicelulose e lignina.

Oliveira et al., (2015) avaliaram as características morfoagronômicas e qualidade da biomassa em capim-elefante para energia em que a produção de matéria-seca anual alcançou o valor de 35,03 t ha⁻¹ e para as características da qualidade da biomassa o coeficiente de variação genético foi elevado, indicando que essas características tem coeficiente de herdabilidade alto.

3.4. Melhoramento Genético de capim-elefante

O capim-elefante encontra-se distribuído pelas diferentes regiões brasileiras, e é utilizado tanto sob corte quanto pastejo. Por ser uma espécie que apresenta alta variabilidade no seu germoplasma, existe a possibilidade de selecionar genótipos com características desejáveis. Com isto, por meio do melhoramento genético, é possível proporcionar aos agricultores cultivares adequadas para diferentes sistemas de utilização e ambientes (Souza Sobrinho et al., 2005).

O melhoramento do capim-elefante visa atualmente diversificar a base genética. Neste sentido, o melhoramento dessa cultura tem sido conduzido por obtenção de clones e melhoramento populacional. A obtenção de clones consiste em identificar um genótipo superior que será mantido por propagação vegetativa. Enquanto que o melhoramento populacional se baseia no aumento da frequência alélica favorável, resultando numa população superior a original (Pereira et al., 2008).

As cultivares de capim-elefante têm sido divididas em grupos de acordo com características morfológicas:

- Grupo Anão: cultivares mais adaptadas para pastejo em função do menor comprimento dos entrenós. As plantas desse grupo apresentam porte baixo (1,5 m) e elevada relação lâmina foliar: colmo. Um exemplo é a cultivar Mott.
- Grupo Cameroon: representados por plantas de porte ereto, colmos grossos, predominância de perfilhos basilares, folhas largas, florescimento tardio (maio a julho) ou ausente, e touceiras densas. Têm-se como exemplo as cultivares Cameroon, Piracicaba, Vruckwona e Guaçu.
- Grupo Mercker: Caracterizado por apresentar plantas de menor porte, colmos finos, folhas finas, menores e mais numerosas, e época de florescimento precoce (março a abril). As cultivares Mercker, Mercker comum, Mercker Pinda fazem parte deste grupo.
- Grupo Napier: As cultivares deste grupo apresentam variedades de plantas com colmos grossos, folhas largas, época de florescimento intermediária (abril a maio) e touceiras abertas. Têm exemplares como as cultivares Napier, Mineiro e Taiwan A-146.
- Grupo dos Híbridos: Resultantes do cruzamento entre espécies de *Pennisetum*, principalmente *P. purpureum* e *P. americanum*.

A identificação das cultivares é importante, pois permite uma recomendação mais próxima da correta, para o manejo e sistema de utilização.

Apesar de sua importância econômica, o número de cultivares existentes de capim-elefante no mercado é pequeno. Algumas cultivares como Napier, Cameroon, Mercker e Roxo foram obtidas no centro de diversidade da espécie, no continente africano (Freitas, 2008). Apenas oito materiais oriundos de programas de melhoramento encontram-se registrados no Registro Nacional de Cultivares do Ministério de Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Duas delas

foram desenvolvidas pela EMBRAPA (BRS Canará e BRS Kurumi) e seis, pela EPAGRI (Empasc 305, Empasc 306, Empasc 307, Empasc 308, Empasc 309 e Empasc 310) (MAPA, 2015).

Recentemente, a Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) vem realizando estudos com capim-elefante, tanto para a produção animal (Silva, 2011a; Schneider, 2013) quanto para a produção de energia (Santos et al., 2014(a); Santos et al., 2014(b); Oliveira et al., 2014; Daher et al., 2014; Rossi et al., 2014; Menezes et al., 2014; Rocha et al., 2015). Dentre estes trabalhos, encontra-se a hibridação intraespecífica (Silva et al., 2011b; Menezes et al., 2015).

Cunha et al. (2013) buscando-se selecionar materiais com melhor adaptação às diferentes condições ambientais, avaliaram diferentes metodologias de adaptabilidade e estabilidade na seleção de clones de *Pennisetum* para produção de forragem. Os pesquisadores observaram que quatro clones apresentaram média de 31,416 t/ano, superior a média geral de produção de forragem.

Silva et al. (2014) estimaram os efeitos da capacidade geral de combinação (CGC) dos genitores e da capacidade específica de combinação (CEC) de híbridos de capim-elefante por meio de análise dialélica para produção de forrageira. Notaram diferença significativa entre os genótipos, para a maioria das características avaliadas, indicando a presença de variabilidade genética entre os híbridos e genitores avaliados.

3.5. Seleção de famílias e individual

A identificação de famílias capazes de produzir genótipos superiores é altamente desejável para o desenvolvimento de novas variedades, especialmente quando se considera um período relativamente longo, para a sua liberação (Melo et al., 2006). Vantagem adicional com os estudos de famílias refere-se à possibilidade de inferir sobre os valores genéticos dos genitores utilizados nos cruzamentos, com base no desempenho de suas respectivas progênes. Com isso, os melhores genitores poderiam ser explorados em cruzamentos preferenciais (Xavier et al., 2014).

Neste tipo de avaliação, selecionam-se as famílias superiores e também indivíduos superiores dentro da cada família. Assim, a seleção de famílias aumenta a probabilidade de identificar genótipos superiores e, assim, melhorar a eficiência do uso dos recursos disponíveis para condução do programa de melhoramento (Cruz et al., 2012).

A seleção por famílias é mais recomendada quando boa parte dos caracteres para a seleção apresentam coeficientes de herdabilidade de valores considerados baixos. Assim, a seleção por famílias tende a propiciar ganhos maiores, já que aumenta consideravelmente os valores dos coeficientes de herdabilidade (Gonçalves et al., 2007).

A seleção direta entre e dentro de famílias é uma alternativa interessante, pois seleciona tanto as melhores famílias quanto os melhores indivíduos dentro das famílias (Santos et al., 2008). Nas seleções direta e indireta, a princípio, espera-se obter ganhos em um único caráter sobre o qual se pratica a seleção, podendo ocorrer respostas favoráveis ou desfavoráveis nos caracteres de importância secundária.

3.6. Metodologia REML/BLUP na seleção de plantas perenes

Nos programas de melhoramento genético se faz necessária a utilização de metodologias específicas que traduzam fielmente a herdabilidade dos genitores a serem selecionados, resultando em plantas sucessoras produtivas. Para tanto, a adoção de métodos precisos de seleção, além da variabilidade genética são muito importantes (Resende et al., 2000).

Uma alternativa para seleção de plantas perenes é a metodologia REML/BLUP que permite gerar estimativas não tendenciosas de parâmetros, pelo Método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML) e predição dos valores genéticos e genotípicos pelo procedimento BLUP, conduzindo à maximização do ganho genético, por avaliar e ordenar os candidatos à seleção com precisão. (Viana e Rezende, 2014).

As principais vantagens do REML/BLUP são: possibilidade de comparar indivíduos ou variedades ao longo do tempo e espaço; possibilidade de correção simultânea dos efeitos ambientais, de estimação de componentes de variância e de predição de valores genéticos; possibilidade de trabalhar com estruturas

complexas de dados (medidas repetidas, diferentes anos, locais e delineamentos); aplicabilidade a dados desbalanceados; e gerando estimativas e previsões mais concisas (Henderson, 1984; Resende, 2002; Viana e Resende, 2014).

Outra grande vantagem é a possibilidade de fazer a predição de efeitos aleatórios na presença de efeitos fixos (Resende, 2002). Essas vantagens certamente são importantes para o melhoramento de plantas perenes, uma vez que os conjuntos de dados que antes não podiam ser usados passaram a ser aproveitados, permitindo maior precisão na seleção, portanto, maiores ganhos genéticos (Quintal, 2013).

A predição de valores genéticos usando o BLUP assume que os componentes de variância sejam conhecidos na população-base não selecionada. Entretanto, na prática, não se conhecem os verdadeiros valores dos componentes de variância, que são estimados com o procedimento da máxima verossimilhança restrita (REML), que interagem nas equações de modelos mistos do procedimento BLUP (Henderson, 1984; Resende, 2002; Viana e Resende, 2014).

Matricialmente, a expressão que generaliza essa e outras modelagens mistas alternativas pode ser escrita a partir do vetor $y_{(nx1)}$ de observações, na forma do chamado modelo linear misto geral:

$$y = X\beta + Z\gamma + \varepsilon; \text{ com:}$$

$$\varepsilon \sim N(\varphi, R);$$

$$\gamma \sim N(\varphi, G);$$

$$E(y)=X\beta; \text{ e } \text{Var}(y)= V(n) = ZGZ' + R.$$

Neste caso tem-se: todos os efeitos fixos reunidos no vetor paramétrico $\beta_{(px1)}$; os efeitos aleatórios no vetor paramétrico $\gamma_{(qx1)}$, exceto os erros que compõem o vetor $\varepsilon_{(nx1)}$; $X_{(n \times p)}$ e $Z_{(n \times q)}$ são as matrizes de incidências dos efeitos contidos em β e γ , respectivamente; e $G_{(q)}$ e $R_{(n)}$ são as matrizes de variâncias-covariâncias dos vetores aleatórios γ e ε , respectivamente, as quais compõem $V_{(n)}$, a matriz de variâncias-covariâncias das observações.

As covariâncias entre vetores diferentes são assumidas nulas (Henderson, 1984). Aqui, por simplificação, adotar-se-á: $G=I_{(a)} \sigma_g^2$ e $R=I_{(n)} \sigma_e^2$; onde $I_{(.)}$ denota uma matriz identidade e $a=q$ (número de níveis do fator aleatório).

A metodologia REML/BLUP tem sido utilizada com sucesso no melhoramento genético vegetal (Alves et al., 2010; Mi et al., 2011; Xavier et al., 2014; Assunção et al., 2015; Santos et al., 2015).

3.7. Índices de seleção

Em programas de melhoramento é comum a avaliação de muitas características com o objetivo de praticar a seleção em várias delas, simultaneamente (Silva e Viana, 2012). Uma alternativa é o uso dos índices de seleção, que utilizam técnicas multivariadas para associar informações relativas a vários caracteres de interesse agrônomo com as propriedades genéticas da população avaliada (Krause et al., 2012).

Além disso, o uso dos índices de seleção é uma ótima alternativa para a obtenção de ganho de seleção para mais de um caráter, simultaneamente, permitindo obter genótipos com padrões adequados para diversas características de forma mais rápida do que a seleção truncada (Neves et al., 2011). Associado a isto, a seleção baseada em um ou poucos caracteres podem gerar alterações indesejáveis em outras, devido a correlações genéticas negativas entre elas (Cruz et al., 2014).

A teoria dos índices de seleção baseia-se no fato de que cada indivíduo possui um valor genético global (H) que lhe é peculiar (Hazel e Lush 1942). Tal valor genético, para fins de seleção, corresponde ao somatório dos valores de melhoramento associado a n caracteres de importância econômica, ponderados por valores econômicos relativos (a_i) correspondentes a cada caráter (Smith 1936; Hazel 1943; Kempthorne, 1957).

O Índice de Smith (1936) e Hazel (1943) é uma função linear dos valores fenotípicos observados nas várias características de importância econômica, cujos coeficientes de ponderação são estimados de modo a maximizar a correlação entre o índice de seleção e o agregado genotípico. O agregado genotípico é estabelecido por outra combinação linear, envolvendo os valores genéticos, os quais são ponderados por seus respectivos valores econômicos.

No entanto, uma alternativa a ser empregada na construção de índices e que pode resultar em um processo de seleção mais acurado é o emprego de componentes de variância estimados por máxima verossimilhança restrita (REML)

e valores genéticos ou genotípicos preditos pelo melhor preditor linear não viciado (BLUP) (Resende, 2002).

O índice de seleção utilizando valores genéticos preditos via modelos mistos permite que os indivíduos possam ser classificados de acordo com seu valor genético. Quando esses valores do caráter ou do agregado genético, ou seja, todos os caracteres relacionados ao objetivo, os valores genéticos preditos de vários caracteres auxiliares podem ser utilizados na construção de um índice de seleção para cada indivíduo, incorporando-se os pesos econômicos e as covariâncias genéticas entre os caracteres (Viana e Resende, 2014).

Índices de seleção visando ganho em um agregado genotípico formado por vários caracteres podem ser obtidos por meio de três abordagens alternativas: (a) índice aditivo em que são fornecidas as importâncias econômicas relativas ou pesos dos caracteres; (b) índice multiplicativo, em que o agregado genotípico refere-se ao produto dos caracteres; (c) índice de *rank* médio, adaptado de Mulamba e Mock, em que os valores genotípicos são classificados para cada caráter e a média dos *rankings* de cada genótipo para todos os caracteres é apresentada como resultado final. O índice aditivo trabalha com os valores genéticos padronizados.

Conforme Cruz et al.(2014), os pesos econômicos devem ser estabelecidos respeitando-se a proporcionalidade de valores econômicos relativos dos caracteres envolvidos. Entretanto, esta não tem sido uma tarefa fácil e alternativas para evitar a falta de precisão na fixação dos pesos econômicos têm sido relatadas. O índice multiplicativo é construído pela multiplicação dos valores padronizados de cada caráter avaliado.

Pedrozo et al. (2009) compararam a eficiência de três índices de seleção construídos a partir de componentes de variância estimados e valores genotípicos preditos pela metodologia REML/BLUP, em três populações de primeira geração clonal de cana-de-açúcar. Concluíram que o índice multiplicativo mostrou maior eficiência de seleção, uma vez que, apresentou maior coeficiente de coincidência de genótipos selecionados com a estratégia de seleção para o caráter teor de Brix por hectare, maiores ganhos diretos de seleção e maiores ganhos indiretos para teor de Brix por hectare.

4. MATERIAL E MÉTODOS

4.1. Local, instalação e delineamento experimental

O experimento foi desenvolvido na Estação Experimental do Centro Estadual de Pesquisas em Agroenergia e Aproveitamento de Resíduos (PESAGRO-RIO), situada a 21° 19' 23" Sul e 41° 19' 40" Oeste, numa altitude média de 25 m, município de Campos dos Goytacazes, região Norte do Estado do Rio de Janeiro.

O clima da região Norte Fluminense é do tipo Aw, tropical quente e úmido, com período seco no inverno e chuvoso no verão (Köppen, 1948), com precipitação anual média em torno de 1.152mm. Os dados de precipitações pluviométricas e temperaturas médias anuais dos ambientes de estudo são apresentados nas figuras 1 e 2, respectivamente.

O solo da área experimental é caracterizado como Argissolo distrófico (Santos et al., 2013) e apresentou na camada de 0-20 cm de profundidade as seguintes características: pH (água) 5,5; P (mg dm^{-3}) 18; K(mg dm^{-3}) 83; Ca (c mol c dm^{-3}) 4,6; Mg (c mol c dm^{-3}) 3,0; Al (c mol c dm^{-3}) 0,1; H + Al (c mol c dm^{-3}) 21,2.

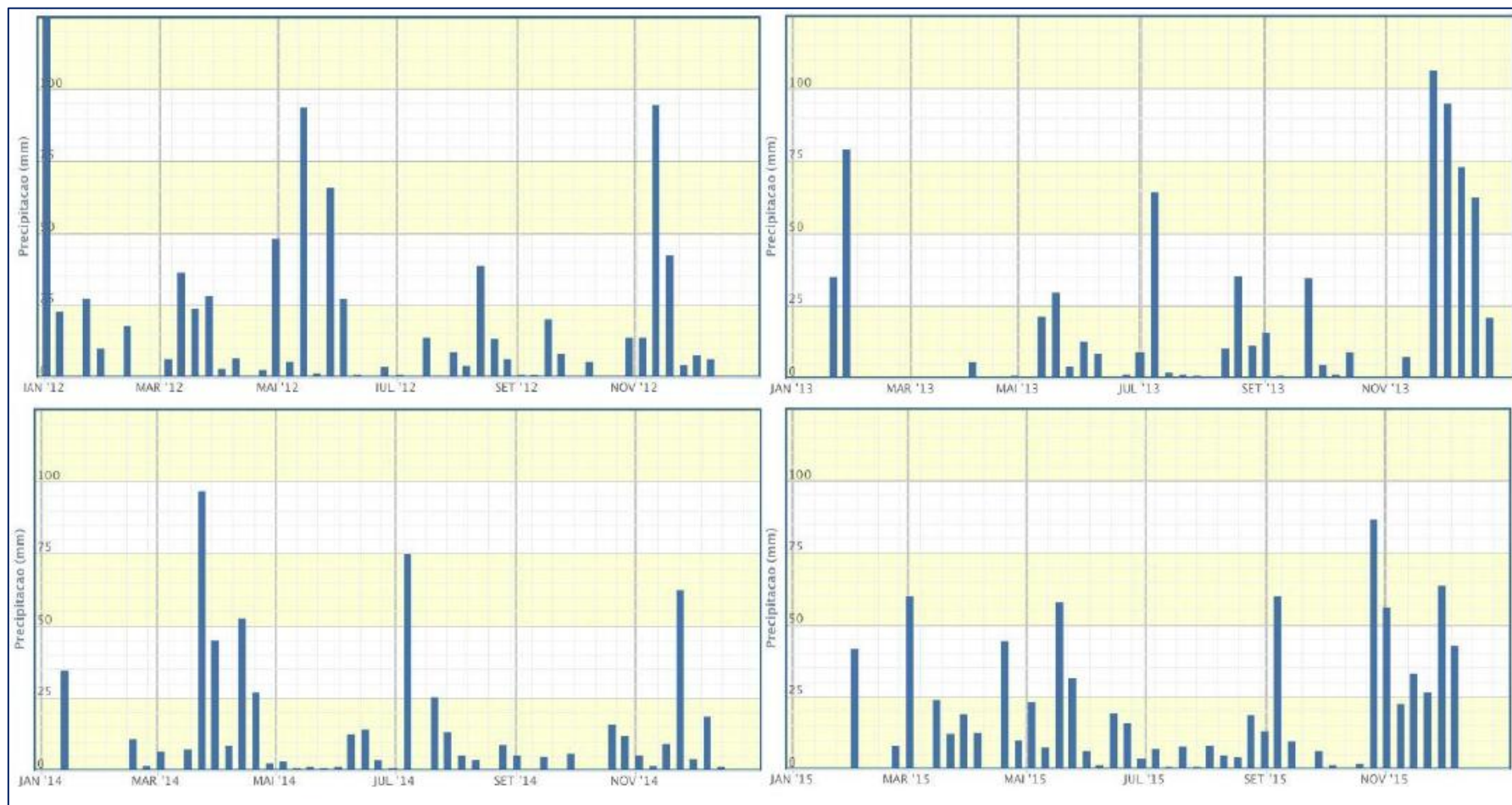


Figura 1. Precipitações pluviométricas médias (mm) dos anos 2012, 2013, 2014 e 2015, em Campos dos Goytacazes, RJ.
 Fonte: INMET - Instituto Nacional de Meteorologia (2016).

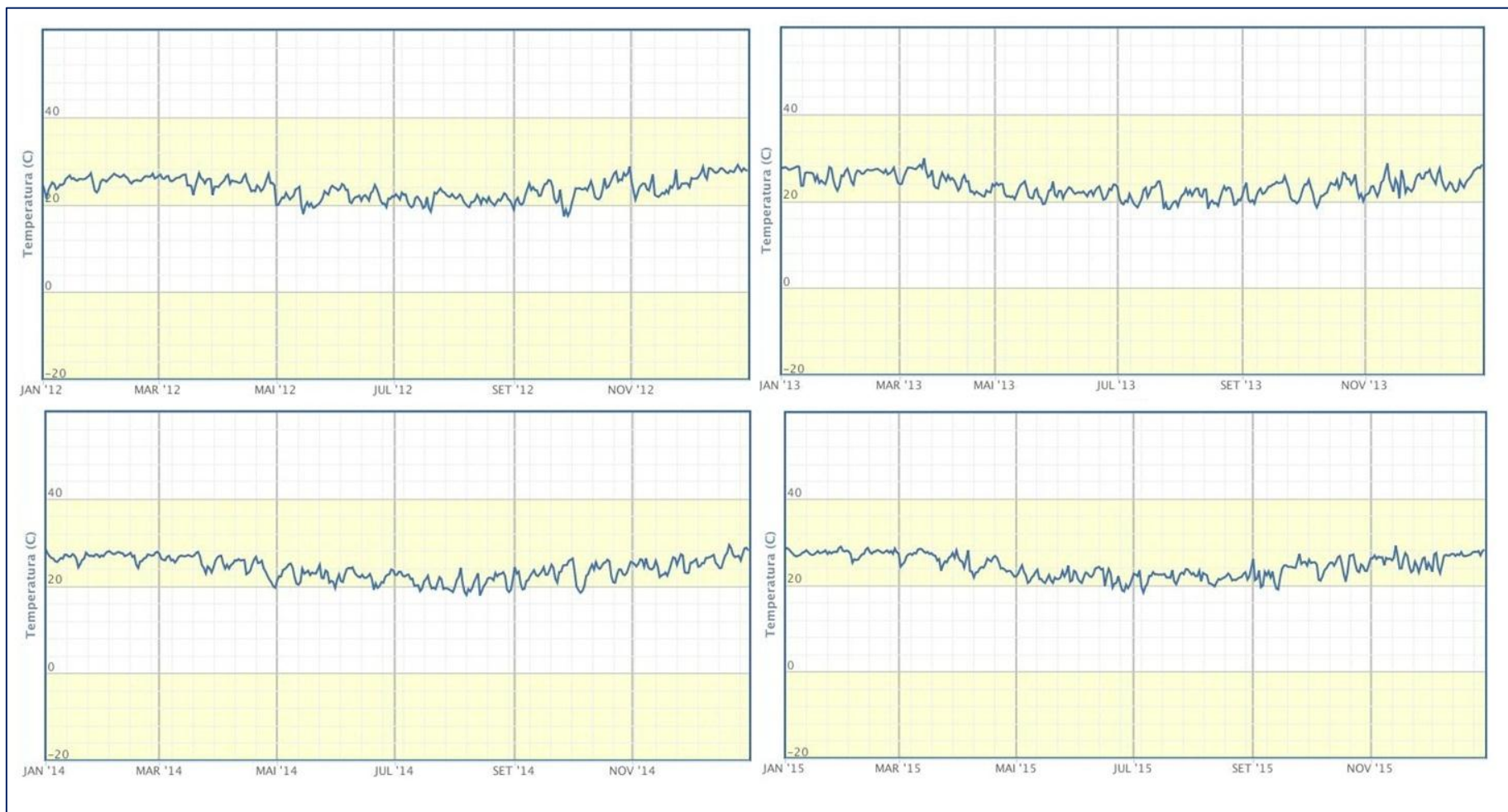


Figura 2. Temperaturas médias (°C) dos anos 2012, 2013, 2014 e 2015, em Campos dos Goytacazes, RJ.
 Fonte: INMET - Instituto Nacional de Meteorologia (2016).

Foram realizados cruzamentos dirigidos entre acessos de capim-elefante, para obtenção das combinações híbridas entre genótipos promissores. Oito acessos de capim-elefante pertencentes ao Banco de germoplasma da Universidade Estadual do Norte Fluminense (UENF) foram à base para a escolha dos genitores femininos e masculinos (tabela 1). Estes foram selecionados com base no florescimento tardio, alta produção de matéria seca e maior diâmetro do colmo (Lima et al., 2011).

Os cruzamentos manuais foram dirigidos de modo que os grãos de pólen dos genótipos de capim-elefante (genitor masculino) fossem coletados em sacos de papel, sendo então levados aos genótipos genitores femininos no momento em que suas inflorescências, devidamente protegidas com saco de papel (Figura 2), apresentassem os estigmas receptivos. Os cruzamentos foram efetuados no horário entre 8 e 10 horas no ano de 2013.

Após o cruzamento manual entre genitores e colheita das sementes híbridas, realizou-se a semeadura dos híbridos em bandejas de isopor com 128 células, preenchidas com substrato Florestal. O transplântio das plântulas para o campo foi realizado quando as mesmas atingiram 20 cm de altura, cerca de 40 dias após a germinação, em dezembro 2013.

O delineamento experimental utilizado foi em blocos ao acaso, com três repetições, sendo cada bloco composto de oito famílias de irmãos completos (FIC). A parcela foi composta por cinco plantas espaçadas de 1 m entre e dentro das linhas. Foram realizados dois cortes de avaliação (ambientes), o primeiro corte com 12 meses e o segundo corte com 8 meses de crescimento.

De acordo com a análise química do solo e com o manual de adubação do Estado do Rio de Janeiro – RJ (Almeida et al., 1988), foi realizada a adubação no plantio com 100 kg.ha^{-1} de P_2O_5 (Superfosfato Simples). Após o corte de uniformização, realizou-se nova adubação de cobertura, utilizando-se 25 kg.ha^{-1} de N (Sulfato de Amônio) e 25 kg.ha^{-1} de K_2O (Cloreto de Potássio).

Tabela 1. Genótipos utilizados nos cruzamentos intraespecíficos e os indivíduos gerados para obtenção de famílias de irmãos-completos de capim-elefante.

Ind.	Planta	Família	Bloco	Ind.	Planta	Família	Bloco	Ind.	Planta	Família	Bloco
1	1	1	1	41	3	1	3	81	6	1	2
2	2	1	1	42	3	2	3	82	6	2	2
3	3	1	1	43	3	3	3	83	6	3	2
4	4	1	1	44	3	4	3	84	6	4	2
5	5	1	1	45	3	5	3	85	6	5	2
6	1	1	2	46	1	4	1	86	6	1	3
7	2	1	2	47	2	4	1	87	6	2	3
8	3	1	2	48	3	4	1	88	6	3	3
9	4	1	2	49	4	4	1	89	6	4	3
10	5	1	2	50	5	4	1	90	6	5	3
11	1	1	3	51	1	4	2	91	1	7	1
12	1	2	3	52	2	4	2	92	2	7	1
13	1	3	3	53	3	4	2	93	3	7	1
14	1	4	3	54	4	4	2	94	4	7	1
15	1	5	3	55	5	4	2	95	5	7	1
16	1	2	1	56	4	1	3	96	7	1	2
17	2	2	1	57	4	2	3	97	7	2	2
18	3	2	1	58	4	3	3	98	7	3	2
19	4	2	1	59	4	4	3	99	7	4	2
20	5	2	1	60	4	5	3	100	7	5	2
21	1	2	2	61	1	5	1	101	7	1	3
22	2	2	2	62	2	5	1	102	7	2	3
23	3	2	2	63	3	5	1	103	7	3	3
24	4	2	2	64	4	5	1	104	7	4	3
25	5	2	2	65	5	5	1	105	7	5	3
26	2	1	3	66	5	1	2	106	1	8	1
27	2	2	3	67	5	2	2	107	2	8	1
28	2	3	3	68	5	3	2	108	3	8	1
29	2	4	3	69	5	4	2	109	4	8	1
30	2	5	3	70	5	5	2	110	5	8	1
31	1	3	1	71	5	1	3	111	8	1	2
32	2	3	1	72	5	2	3	112	8	2	2
33	3	3	1	73	5	3	3	113	8	3	2
34	4	3	1	74	5	4	3	114	8	4	2
35	5	3	1	75	5	5	3	115	8	5	2
36	1	3	2	76	1	6	1	116	8	1	3
37	2	3	2	77	2	6	1	117	8	2	3
38	3	3	2	78	3	6	1	118	8	3	3
39	4	3	2	79	4	6	1	119	8	4	3
40	5	3	2	80	5	6	1	120	8	5	3

4.2. Características avaliadas

Características morfoagronômicas

As famílias foram avaliadas em corte anuais no período de dois anos, sendo o primeiro corte (dezembro de 2014) e o segundo corte (agosto de 2015). Foram obtidas características morfoagronômicas de cada ano avaliado, conforme descrição a seguir:

a) Altura das plantas (ALT) – foram tomadas as medidas de três plantas, ao acaso, de cada parcela, obtidas pela medição com régua graduada e expressa em metros;

b) Diâmetro do colmo (DC) – utilizando-se um paquímetro digital, foram medidos os diâmetros do colmo de três plantas, ao acaso, de cada parcela cerca de 10 cm do solo e os resultados expressos em centímetros;

c) Número de perfilhos por metro linear (NP) - realizada por meio da contagem individual do número de perfilhos nas cinco plantas dentro da parcela;

d) Produtividade de matéria seca (PMS), em $t \cdot ha^{-1} \cdot ano^{-1}$: estimada pelo produto do peso da matéria verde das plantas integrais (kg), obtido em balança digital suspensa, provenientes de cada área útil ($1m^2$), pela percentagem de matéria seca (%MS) obtida de amostragem destas plantas.

Foram pesados ainda, na área experimental, os perfilhos provenientes das cinco plantas individuais. Após a pesagem, foram coletadas amostras de dois perfilhos, sendo estes passados em picadeira e embalados em sacos de papel. Os materiais (folhas e colmos) de cada parcela pesados e devidamente identificados foram secados em estufa de ventilação forçada, a $65^{\circ}C$ por 72 horas. Em seguida, as amostras foram novamente pesadas para obtenção da amostra seca ao ar (ASA), de acordo com a metodologia descrita por Silva e Queiroz (2002). O material seco (folha e colmo) foi moído em moinho tipo Willey com peneira de 1 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 $105^{\circ}C$ por 12 horas e, posteriormente, novamente pesados. A partir disso, foram obtidas as seguintes variáveis:

e) porcentagem de massa seca (%MS) – obtida pela multiplicação dos valores da amostra seca ao ar e da amostra seca em estufa;

f) produção de matéria seca (PMS) – estimada a partir da porcentagem de matéria seca e do peso de perfilhos de cada planta individual dentro da parcela. Os resultados obtidos foram transformados para que fossem expressos em t.ha⁻¹.

As análises da composição química da biomassa foram efetuadas no Laboratório de Zootecnia (LZO) da UENF, para os dois cortes, seguindo procedimentos abaixo descritos:

g) Percentagem de fibra em detergente neutro (%FDN): obtida pelo método de Van Soest (1963) e o método da Filter Bag Technique da Ankom® (FBT), de acordo com Ankom® (2012).

Para o método do Filter Bag Technique da Ankom® (FBT) utilizou-se 0,5 g da amostra de cada indivíduo das oito famílias de capim-elefante, as quais foram acondicionadas dentro do filtro F57, sendo este posteriormente lacrado a quente com utilização de seladora. Os filtros F57 lacrados com as amostras foram acondicionados com detergente neutro, obtidos pelo método convencional de Van Soest (1963), respectivamente, e alocados no determinador de fibra modelo TE-149 Tecnal® semelhante ao Fiber Analyzer-Ankom 220. Foi utilizado aproximadamente 2.300 mL da solução detergente neutro para cada bateria com capacidade de 30 filtros F57. Os filtros F57 ficaram em fervura durante 60 minutos e após este tempo procedeu quatro lavagens com água destilada em fervura por 10 minutos cada e em seguida os filtros foram retirados do determinador de fibra e lavados com acetona para serem alocados na estufa a 105 °C por oito horas, para posterior obtenção do resíduo (FDN).

4.3. Análises genético-estatísticas

Análise de variância

Para análise estatística dos dados, as características foram submetidas à análise de variância individual com base no modelo a seguir:

$$Y_{ijk} = m + G_i + B_j + D_{ij} + E_{ijk}.$$

Em que:

Y_{ijk}: observação obtida no k-ésimo indivíduo da i-ésima família de irmão completo (FIC) avaliada no j-ésimo bloco;

m: média geral;

G_i : efeito da i -ésima família de irmão completo;

B_j : efeito do j -ésimo bloco;

D_{ij} : efeito aleatório da variação entre parcelas;

E_{ijk} : efeito aleatório da variação entre plantas dentro de parcela.

O esquema da análise de variância para o modelo estatístico apresentado anteriormente, com as respectivas somas de quadrados e quadrados médios é apresentado na tabela 2.

Tabela 2. Esquema da análise de variância para experimento em blocos ao acaso com informação dentro de parcela.

FV	GL	SQ	QM	F
Blocos	$r - 1$	SQB	QMB	
FIC	$g - 1$	SQG	QMG	QMG/QME
Entre parcelas	$(r - 1)(g - 1)$	SQE	QME	
Dentro de parcelas	$(n - 1)gr$	SQD	QMD	

Seleção direta e indireta

Nas seleções direta e indireta, a princípio, espera-se obter ganhos em um único caráter sobre o qual se pratica a seleção, podendo ocorrer respostas favoráveis ou desfavoráveis nos caracteres de importância secundária.

As estimativas de ganhos foram obtidas na seleção direta segundo o estimador: $GS_x = DS_x h^2$, em que GS_x é o ganho direto predito na variável X ; DS_x é o diferencial de seleção da variável X , e h^2 é o coeficiente de herdabilidade da variável X , no sentido amplo. O ganho porcentual de seleção foi obtido segundo a seguinte expressão: $GS_x \% = (GS_x * 100) / X_0$.

As estimativas de ganhos obtidas na seleção indireta foram obtidas segundo o estimador: $GS_{y(x)} = DS_{y(x)} \cdot h^2_{y(x)}$, em que $GS_{y(x)}$ é o ganho de seleção em Y pela seleção na variável X ; $DS_{y(x)}$ é o diferencial de seleção indireto, em que a média dos selecionados é obtida em relação às progênies, que apresentam superioridade para a variável auxiliar X , e h^2_Y é o coeficiente de herdabilidade da

variável principal. O ganho porcentual de seleção foi obtido segundo a seguinte expressão: $GS_{y(x)} \% = (GS_{x(y)} * 100) / X_0$.

Índice de Smith (1936) e Hazel (1943)

Esse índice de seleção paramétrico foi concebido como uma função linear dos valores fenotípicos observados nas várias características de importância econômica, cujos coeficientes de ponderação são estimados de modo a maximizar a correlação entre o índice de seleção e o agregado genotípico. O agregado genotípico é estabelecido por outra combinação linear, envolvendo os valores genéticos, os quais são ponderados por seus respectivos valores econômicos.

O índice de seleção (I) e o agregado genotípico (H) são descritos por:

$$I = b_1x_1 + b_2x_2 + \dots + b_nx_n = \sum_{i=1}^n b_i x_i = b'x \quad \text{Eq. 1}$$

$$H = a_1g_1 + a_2g_2 + \dots + a_ng_n = \sum_{i=1}^n a_i g_i = a'g \quad \text{Eq. 2}$$

Em que:

n: número de caracteres avaliados;

p: número de genótipos avaliados;

b': vetor de dimensão 1 x n dos coeficientes de ponderação do índice de seleção a ser estimado;

x: matriz de dimensão n x p de valores fenotípicos dos caracteres;

a': vetor de dimensão 1 x n de pesos econômicos previamente estabelecidos;

g: matriz de dimensão n x p de valores genéticos desconhecidos dos n caracteres considerados.

O vetor b é estimado por:

$$b = P^{-1}G_a \quad \text{Eq. 3}$$

Em que:

b: estimador do vetor de dimensão 1 x n dos coeficientes de ponderação do índice de seleção;

P⁻¹: inversa da matriz de dimensão, de dimensão n x n, de variância e covariâncias fenotípicas entre os caracteres; e

G_a : matriz, de dimensão $n \times n$, de variância e covariâncias genéticas entre os caracteres.

O ganho esperado para o caráter j , quando a seleção é praticada sobre o índice, é expresso por:

$$\Delta g_{j(i)} = DS_{j(i)} h_j^2 \quad \text{Eq. 4}$$

Em que:

$\Delta g_{j(i)}$: ganho esperado para o caráter j , com a seleção baseada no índice I ;

$DS_{j(i)}$: diferencial de seleção do caráter j , com a seleção baseada no índice I ;

h_j^2 : herdabilidade do caráter j .

p_j : peso econômico atribuído ao j -ésimo caráter.

A intensidade de seleção praticada foi de 15% nos 120 indivíduos, que corresponde a 18 progênies selecionadas. Os pesos econômicos foram estabelecidos com os Desvios padrão, Coeficiente de variação genético e pesos aleatórios (100, 90, 90, 80 e 100), respectivamente para as características PMS, NP, ALT, DC e FDN em ambos os cortes. Os pesos aleatórios foram atribuídos por tentativa até que se conseguissem ganhos equilibrados em todas as variáveis de interesse. Todas as análises estatísticas foram realizadas utilizando-se o programa GENES (Cruz et al., 2013).

Metodologia REML/BLUP

As análises de estimativas dos componentes de variância e predição dos ganhos genéticos via REML/BLUP foram realizadas pelo programa Selegen-REML/BLUP (Resende, 2007).

O modelo utilizado foi:

$$y = X_r + Z_g + W_p + e,$$

Em que:

y é o vetor de dados;

r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral;

g é o vetor dos efeitos genotípicos individuais (assumidos como aleatórios);

p é o vetor dos efeitos de parcela e o vetor de erros ou resíduos (aleatórios).

X, Z e W são matrizes de incidência conhecidas, formadas por valores 0 e 1, as quais associam as incógnitas r, g e p ao vetor de dados y, respectivamente.

Foram estimados os seguintes componentes de variância (REML Individual):

δ^2_g : variância genotípica entre progênies de irmãos completos, equivalendo a 1/2 da variância genética aditiva mais 1/4 da variância genética de dominância, ignorando-se a epistasia;

δ^2_f : variância fenotípica individual;

h^2_a : herdabilidade individual no sentido restrito, obtida ignorando se a fração (1/4) da variância genética de dominância;

h^2_{mp} : herdabilidade da média de progênies, assumindo sobrevivência completa;

Ac_{prog} : acurácia da seleção de progênies, assumindo sobrevivência completa;

h^2_{ad} : herdabilidade aditiva dentro de parcela, obtida ignorando -se a fração (1/4) da variância genética de dominância e média geral do experimento.

Uma vez que o material genético utilizado neste estudo é derivado de cruzamento intraespecífico, as análises foram realizadas utilizando o modelo estatístico 147 do programa Selegen, sendo este o que mais se aproximou da real estrutura genética das progênies analisadas. Este modelo é designado para avaliação de indivíduos em progênies de irmãos completos de plantas alógamas.

Índices de seleção via RELM/BLUP

Para a utilização dos índices de seleção no Selegen, uma primeira abordagem é realizada via estimação de parâmetros e valores genéticos individuais, segundo o modelo escolhido, as características das progênies envolvidas e o delineamento estatístico utilizado. Nesta primeira condição, a análise é realizada para cada variável estudada, sendo os valores genéticos estimados usados na composição dos índices propostos.

Os índices de seleção clássico (IC), multiplicativo (IM) e com base na média de postos (MR), construídos a partir da metodologia REML/BLUP são sucintamente apresentados a seguir:

$$IC = Pvar1 \times VGvar1 + Pvar2 \times VGvar2 + \dots Pn \times VGn$$

$$IM = VGvar1 \times VGvar2 \times \dots + VGn$$

$$MR = rVGvar1 + rVGvar2 + \dots + rVGn$$

Em que:

p: peso econômico estabelecido para o caráter;

VG: valor genotípico predito;

r: posto do genótipo;

var: variável analisada.

Estes índices são obtidos como combinações lineares das medidas de diversos caracteres, podendo ser eficientes, uma vez que, permitem a avaliação de todas as informações disponíveis, atribuem diferentes pesos aos caracteres estudados e valorizam atributos julgados de maior importância pelo pesquisador (Falconer, 1996).

Todos os procedimentos necessários, para a construção dos índices de seleção, foram realizados pelo programa Selegen (Resende, 2007).

5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.1. Seleção entre e dentro de famílias de irmãos completos de capim-elefante para fins energéticos

Houve diferença significativa entre as famílias para os dois cortes, em todas as características avaliadas, exceto para altura de planta, diâmetro de colmo e Fibra de detergente Neutro (tabela 3). Essa diferença significativa entre as FIC indica haver variabilidade genética e potencial para realização da seleção. O que confirma a diversidade dessa espécie para características relacionadas com a produção de biomassa. Daher et al., (2014), observaram variabilidade em 16 híbridos para as mesmas características morfoagronômicas para fins energéticos.

As estimativas dos coeficientes de herdabilidade em nível de média de famílias superaram aquelas em nível de plantas dentro de famílias em todas as características mensuradas (tabela 3). As maiores estimativas de herdabilidade foram observadas para as características PMS e NP no primeiro corte com valores de 0,67 e 0,88, respectivamente (tabela 3).

As características NP e FDN apresentaram estimativas de herdabilidade relativamente altas no segundo corte 0,95 e 0,86, respectivamente. Esse resultado é indicativo de boa possibilidade de ganho genético com a seleção. Porém, as estimativas variaram de 19 a 74%, para herdabilidade dentro de progênies.

Tabela 3. Análise individual de quadrados médio (QM), médias, coeficiente de variação experimental e herdabilidade para as características Produção de matéria-seca (PMS), Número de perfilhos (NP), Diâmetro do colmo (DC), Altura de plantas (ALT) e Fibra de detergente Neutro (FDN) em oito famílias de irmãos completos de capim-elefante. Campos dos Goytacazes, RJ, 2014-2015.

Quadrados médios												
		PMS(t ha ⁻¹ ano ⁻¹)		NP		DC(mm)		ALT(m)		FDN(%)		
FV	GL	C1	C2	C1	C2	C1	C2	C1	C2	C1	C2	
BL	2	40,1	141,1	264,07	60,31	9,07	20,48	0,97	0,49	25,0	40,8	
FIC	7	1562,5*	1717,8**	1175,8**	1030,2**	3,28 ^{ns}	55,7**	0,55 ^{ns}	2,79**	88,5 ^{ns}	218,81**	
Entre Parcela	14	512,4	273,47	131,41	47,21	7,80	8,61	0,48	0,53	41,8	28,8	
Dentro Parcela	96	355,9	370,11	138,55	125,55	4,39	2,16	0,22	0,17	29,6	8,32	
Média		59,26	57,07	31,79	26,52	14,99	12,35	3,03	3,49	68,42	77,01	
CV _(%)		17,08	12,95	16,12	11,58	8,33	10,62	10,2	9,36	2,42	3,12	
h ² _m		0,67	0,84	0,88	0,95	0	0,84	0,12	0,80	0,52	0,86	
h ² _d		0,61	0,41	0,50	0,68	0	0,74	0,02	0,75	0,40	0,997	

C₁ : corte 1; C₂: corte 2; FIC: famílias de irmãos-completos; CV_%: Coeficiente de variação; h²_m: herdabilidade média da família; h²_d: herdabilidade individual. ns: não significativo, * e ** : significativos a 5% e 1%, respectivamente.

Tabela 4. Análise conjunta de quadrados médio (QM), médias, coeficiente de variação experimental e herdabilidade para as características Produção de matéria-seca (PMS), Número de perfilhos (NP), Diâmetro do colmo (DC), Altura de plantas (ALT) e Fibra de detergente Neutro (FDN) em oito famílias de irmãos completos de capim-elefante. Campos dos Goytacazes, RJ, 2014-2015.

FV	GL	Quadrados médios				
		PMS (t ha ⁻¹ ano ⁻¹)	NP	ALT (cm)	DC (mm)	FDN (%)
Blocos(B)	2	17,12	253,12	0,80	11,63	62,68
Famílias(F)	7	2958,10**	2119,24*	2,68*	40,80**	200,23*
Erro A	14	642,12	136,68	0,83	6,85	51,20
Cortes(C)	1	289,23 ^{ns}	1664,37**	12,71 **	419,44**	4427,11**
Erro B	16	146,35	45,61	0,25	10,62	17,53
F x C	7	322,24 ^{ns}	86,86**	0,660*	18,26 ^{ns}	107,09*
Erro dentro	192	363,03	132,05	0,20	3,28	19,00

Segundo Rosado et al., (2009), o que indica que a seleção com base nas médias das famílias deve ser mais eficiente que dentro de famílias, considerando uma mesma intensidade de seleção. Nesse caso, pode-se combinar a seleção entre e dentro, para explorar adequadamente a variabilidade, elevando o ganho genético total. Cabe ressaltar que todo valor negativo de herdabilidade foi considerado como nulo (zero). A característica DC apresentou herdabilidade igual à nula, conforme (Jung, 2008), é um indicativo de baixa variância genética para esta característica.

Os resultados da análise conjunta em ambos os cortes estão apresentados na tabela 4. As famílias apresentaram variação para todas as características em relação a ambos os cortes. Em relação à produção da matéria seca, esta, não apresentou variação para os cortes e nem houve interação, enquanto que diâmetro do colmo não apresentou variação para interação.

Verificaram-se maiores ganhos diretos pela seleção entre e dentro para a maioria das características em relação aos ganhos indiretos (tabelas 5 e 6). A seleção entre e dentro direta proporcionou ganhos totais previstos para primeiro corte de PMS (5,74), NP (5,27) e para o segundo corte PMS (6,42) e NP (5,08).

Vale ressaltar que em algumas situações os ganhos indiretos foram maiores do que ganhos diretos em ambos cortes, para característica DC (2,57 e

8,57) e FDN (11,7 e 15,5) (tabela 6). Este resultado é possível, se a herdabilidade da característica auxiliar é maior do que da característica principal sob seleção e quando a correlação genética entre ambos é de grande magnitude. Os ganhos indiretos foram baixos para seleção de ALT. Para algumas variáveis, os ganhos de seleção indireta foram negativos, indicando que a seleção indireta para uma variável para o ganho em outra é inviável, porque haverá uma perda na variável indiretamente selecionada (Verardi et al., 2014).

Todas as características apresentaram número de condição (NC) igual a 7, que, segundo Cruz et al.,(2014), a colinearidade é classificada como de natureza fraca (NC < 100). Além disso, ressaltam que, em presença de multicolinearidade moderada (100 < NC < 1000) a severa (NC > 1000), as variâncias associadas a certos estimadores, inclusive índice de seleção, podem atingir valores demasiadamente grandes, sendo evidência de estimativas pouco confiáveis.

Tabela 5. Estimativas de ganho em resposta a seleção direta das características: Produção de matéria-seca (PMS), Número de perfilhos (NP), Diâmetro do colmo (DC), Altura de plantas (ALT) e Fibra de detergente Neutro (FDN) em oito famílias de irmãos completos de capim-elefante. Campos dos Goytacazes, RJ, 2014-2015.

	PMS(t ha ⁻¹ ano ⁻¹)		NP		ALT(cm)		DC(mm)		FDN(%)	
	C1	C2	C1	C2	C1	C2	C1	C2	C1	C2
X _o	59,2	57,07	31,79	26,52	3,03	3,49	14,49	12,35	68,42	77,01
X _s	67,8	64,71	37,73	31,85	3,17	3,74	15,02	12,95	69,6	78,81
h ²	67,2	84,08	88,82	95,41	12,42	80,82	-137,9	84,56	52,67	86,79
GS _t	5,74	6,42	5,27	5,08	0,01	0,2	-0,03	0,5	0,62	1,55
GS _%	9,69	11,26	16,6	19,15	0,58	5,83	-0,25	4,08	0,91	2,02

X_o: média inicial; X_s: média dos selecionados; h²: herdabilidade, em porcentagem; GS_t: ganho de seleção total; GS_%: porcentagem de ganho de seleção total; C₁: corte 1; C₂: corte 2.

Altos ganhos diretos utilizando-se pressão de seleção a 15% foram observados em ambos os cortes, excepcionalmente para PMS e NP na FIC (tabela 5). Este fato já era esperado, desde que a seleção foi conduzida priorizando essas características com altos coeficientes de herdabilidade e variância genética, considerados mais importantes.

Observa-se que a predição de ganhos foi de igual magnitude para os três

primeiros índices utilizados. Esses resultados são decorrentes do fato de que, apesar dos diferentes pesos econômicos adotados na construção dos índices, estes sempre indicaram como superiores às mesmas famílias e indivíduos dentro dessas famílias, resultando então, em estimativas de ganhos muito próximas, nas características originais (tabela 5). Esse resultado é semelhante aos resultados obtidos com outras culturas como milho-pipoca (Freitas Júnior et al., 2009, Amaral Junior et al., 2010), *Panicum maximum* (Martuscello et al., 2009), maracujá (Gonçalves et al., 2007, Santos et al. 2015) e trigo (Cargnin et al., 2007).

A maximização dos ganhos preditos, com base no índice clássico, utilizando como pesos econômicos o coeficiente de variação genética, o desvio-padrão genético ou o coeficiente de herdabilidade em nível de famílias, ocorreu para todas as características. Teixeira et al. (2012) avaliaram 25 progênies de açazeiro e observaram pequenos ganhos para produção de frutos. Tais resultados foram alcançados quando os pesos econômicos foram coeficiente variação genético e herdabilidade média da progênie.

Tabela 6. Estimativas de ganho em porcentagem em resposta a seleção indireta de oito famílias de irmãos completos de capim-elefante. Campos dos Goytacazes, RJ, 2014-2015.

	GS	PMS(t.ha ⁻¹ ano ⁻¹)		NP		ALT(cm)		DC(mm)		FDN(%)	
		C ₁	C ₂	C ₁	C ₂	C ₁	C ₂	C ₁	C ₂	C ₁	C ₂
PMS	GS _e	-	-	4,73	4,39	0,11	0,26	0,11	0,86	0,86	2,09
	GS _d	-	-	5,64	5,46	0,13	0,32	0,13	5,07	1,02	2,6
	GS _t	-	-	10,4	9,85	0,24	0,58	0,24	5,93	1,88	4,69
NP	GS _e	4,52	5,37	-	-	0,065	0,37	0,04	0,39	0,365	1,32
	GS _d	5,92	9,6	-	-	0,086	0,2	0,58	0,7	0,478	2,37
	GS _t	10,4	15	-	-	0,151	0,57	0,62	1,09	0,843	3,69
ALT	GS _e	5,92	5,34	3,49	3,5	-	-	-0,1	0,81	0,69	1,75
	GS _d	0,96	5,62	0,56	3,68	-	-	0	0,85	0,11	1,84
	GS _t	6,88	11	4,05	7,18	-	-	-0,1	1,66	0,8	3,59
DC	GS _e	2,17	3,58	0,89	11,3	-0,05	0,16	-	-	-0,19	1,64
	GS _d	0,4	4,99	0,16	1,86	-0,01	0,22	-	-	-0,03	2,29
	GS _t	2,57	8,57	1,05	13,2	-0,06	0,38	-	-	-0,22	3,93
FDN	GS _e	5,74	4,75	4,73	2,27	0,11	0,19	0,11	0,9	-	-
	GS _d	5,92	10,8	7,15	5,59	0,086	0,44	0,06	2,04	-	-
	GS _t	11,7	15,5	11,9	7,86	0,196	0,63	0,17	2,94	-	-

GS_e: ganho de seleção entre famílias; GS_d: ganho de seleção dentro de famílias; GS_t: ganho de seleção total; C₁: corte 1; C₂: corte 2. Produção de matéria-seca (PMS), Número de perfilhos (NP), Diâmetro do colmo (DC), Altura de plantas (ALT) e Fibra de detergente Neutro (FDN).

Tabela 7. Estimativas dos percentuais do ganho genético baseado no índice de Smith e Hazel em dois cortes em famílias de irmãos completos de capim-elefante. Campos dos Goytacazes, RJ, 2014-2015.

	ISH C ₁			ISH C ₂		
	DP	CV _g	PA	DP	CV _g	PA
PMS	25,38	25,09	24,78	35,53	30,71	31,90
NP	47,66	49,95	45,85	76,99	71,43	68,12
ALT	4,33	5,23	5,75	5,07	5,52	6,19
DC	-0,52	-0,248	0,21	-0,89	-0,28	0,32
FDN	1,71	1,69	2,16	2,04	1,76	2,38

ISH: Índice de Smith e Hazel; C₁: corte 1; C₂: corte 2; DP: desvio padrão; CV_g: Coeficiente de variação; PA: Pesos aleatórios; Produção de matéria-seca (PMS), Número de perfilhos (NP), Diâmetro do colmo (DC), Altura de plantas (ALT) e Fibra de detergente Neutro (FDN).

No primeiro e segundo corte o índice baseado em Smith e Hazel com peso econômico desvio padrão (DP) proporcionou respectivamente, maiores ganhos para o caráter NP (49,95 e 76,99%) (tabela 7), valores superiores aos apresentados pela seleção direta e indireta para esta característica. Costa et al. (2008), obtiveram altos ganhos genéticos por índice de seleção em 32 famílias de soja utilizando como peso econômico DP.

Em ambos os cortes utilizando como peso econômico, pesos aleatórios (PA) proporcionou resultado bastante favorável ao processo seletivo, com ganho positivo para o caráter DC (0,21% e 0,32%), além de trazer resultados superiores para FDN (2,16% e 2,38%); ALT (5,75% e 6,19%). A utilização de índice de seleção estimou ganhos genéticos satisfatórios e maiores para as características DC, FDN e ALT do que a seleção direta e indireta (tabelas 5,6 e 7).

Para a característica PMS, a mais importante para produção de energia, o uso de índice de seleção resultou em ganhos superiores em relação aos ganhos direto e indireto. A melhor alternativa de seleção ocorreu ao se utilizar o peso econômico DP que apresentou ganhos de 25,38 e 35,53% para o primeiro e segundo corte, respectivamente. Isso se deve ao fato dessa modalidade de seleção maximizar o ganho desse caráter sem, contudo, ocasionar perda significativa nas demais características.

Tabela 8. Progênies selecionadas por meio do índice clássico de Smith e Hazel. Campos dos Goytacazes, RJ, 2014-2015.

Progênies selecionadas										
Seleção entre e dentro										
C1	4	5	6	7	9	12	14	23	36	39
	40	45	52	55	59	81	82	83		
C2	4	5	6	7	9	11	14	15	18	32
	34	44	45	48	49	51	52	53		
Smith e Hazel										
C1	4	6	7	11	13	14	15	45	49	51
	52	55	81	87						
C2	4	5	6	7	12	29	46	51	53	55
	62	84								

C₁: corte 1; C₂: corte 2.

Costa et al. (2008), na seleção entre e dentro FIC em soja, verificaram ganhos diretos similares ao ganhos pelos índice de seleção, assim como os resultados observados nesse trabalho.

Os resultados obtidos com diferentes pesos econômicos para Smith e Hazel, apesar de pouco diferenciado, permitiu a inferência que o uso dos índices é vantajoso em relação à seleção direta e indireta, uma vez que os ganhos preditos foram maiores em todas as características avaliadas.

Foram selecionadas as famílias 1, 2 e 3 (tabela 8) utilizando tanto a seleção direta e indireta quanto o índice de Smith e Hazel, indicando que essas famílias são promissoras, em termos de produção de biomassa, para a seleção de genótipos superiores. Dentro destas famílias, os indivíduos 4, 6 e 7 foram considerados os mais promissores nas avaliações tanto pela seleção entre e dentro quanto pelo índice de Smith e Hazel.

5.2. Seleção de genótipos via metodologia REML/BLUP em uma população segregante obtida de cruzamento intraespecífico de capim-elefante

5.2.1. Estimativa dos parâmetros genéticos

As estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos para os atributos avaliados encontram-se na tabela 9. Os parâmetros genéticos possibilitam identificar a variabilidade genética de uma população e avaliar a eficiência de diferentes estratégias de melhoramento para obtenção de ganhos genéticos e manutenção de uma base genética adequada.

Os valores estimados para variância genotípica variaram de 79,09 a $7,7 \cdot 10^{-3}$ para avaliação anual e de 90,66 a 0,1712 para avaliação com 8 meses (tabela 8). Os maiores valores foram obtidos para os caracteres NP (69,21 e 50,43) e PMS (90,66 e 79,09) em ambos os cortes, indicando que a população avaliada apresenta alta variabilidade genética em relação a esses caracteres (tabela 9).

Dessa forma, pode-se deduzir que há possibilidade de selecionar genótipos com maior número de perfilhos e alta produção de matéria-seca. Por outro lado, valores com pequena magnitude foram obtidos para DC (segundo corte) e em ambos os cortes para ALT e DC (tabela 9). O conhecimento da variância genotípica tem muita importância para programas de melhoramento, por indicar a amplitude de variação genética de um caráter, tendo em vista a possibilidade do seu melhoramento (Cruz et al., 2014).

As estimativas de σ_f variaram de 501,97 a 0,307 (tabela 9). Os maiores valores foram encontrados para PMS (501,97 e 493,21) e NP (224,06 e 216,99 respectivamente) indicando maior influência do ambiente na expressão dessas características.

Tabela 9. Estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos para as características Produção de matéria-seca (PMS), Número de perfilhos (NP), Diâmetro do colmo (DC), Altura de plantas (ALT) e Fibra de detergente neutro (FDN) pelo procedimento RELM em famílias de irmãos completos de capim-elefante. Campos dos Goytacazes, RJ, 2014-2015.

Primeiro corte					
Parâmetros	PMS(t.ha ⁻¹ ano ⁻¹)	NP	DC(mm)	ALT(cm)	FDN(%)
δ_g^2	79,09	69,21	7, 7.10 ⁻³	0,019	3,82
δ_f^2	501,97	224,06	5,33	0,307	38,94
h_a^2	0,31 +-0,2050	0,61+-0,3277	0,0029+- 0,0197	0,12+- 0,1308	0,19+-0,1617
h_{mf}^2	0,66	0,82	0,014	0,41	0,53
Ac_{prog}	0,81	0,90	0,12	0,64	0,72
h_{ad}^2	0,21	0,50	0,0016	0,07	0,12
Média	59,26	31,79	14,99	3,03	68,42
Segundo corte					
Parâmetros	PMS(t.ha ⁻¹ ano ⁻¹)	NP	DC(mm)	ALT(cm)	FDN(%)
δ_g^2	90,66	50,93	3,52	0,17	13,85
δ_f^2	493,21	216,99	6,87	0,42	26,16
h_a^2	0,36 +-0,2214	0,46 +-0,2921	1,023+-0,2098	0,81 +-0,3295	1,05 +-0,375
h_{mf}^2	0,70	0,46	0,91	0,81	0,92
Ac_{prog}	0,83	0,69	0,95	0,93	0,95
h_{ad}^2	0,25	0,34	1,17	0,77	1,26
Média	57,07	27,06	12,35	3,49	77,01

Variância genotípica (δ_g^2); variância fenotípica individual (δ_f^2); herdabilidade individual no sentido restrito (h_a^2); herdabilidade da média de família (h_{mf}^2); acurácia da seleção de progênies (Ac_{prog}); herdabilidade aditiva dentro de parcela (h_{ad}^2).

A herdabilidade entre famílias é superior a plantas individuais. No entanto, caso se selecione famílias sem considerar a variância genética dentro de cada cruzamento corre-se o risco de descartar indivíduos superiores em populações com médias inferiores, mas com ampla variabilidade (Moraes et al., 2010).

As estimativas de herdabilidade restrita e a hereditariedade familiar para a característica NP foram altas em ambos os cortes (tabela 9). Este resultado mostra que uma grande porção da variância foi associada à ação aditiva dos genes. Em geral, os valores de herdabilidade individual variaram no primeiro corte (0,61 a 0,0029) e herdabilidade média da família (0,82 a 0,014). No segundo corte, a herdabilidade individual variou de (0,36 a 1,05) e na herdabilidade média de (0,92 a 0,46).

Quanto as estimativas de herdabilidade individual, os maiores valores foram obtidos para NP e PMS no primeiro corte (0,61 e 0,31, respectivamente) e ALT e NP no segundo corte (0,81 e 0,46, respectivamente). Por outro lado, as menores estimativas foram obtidas para ALT, DC e FDN no primeiro corte e FDN, PMS e DC no segundo corte (tabela 9).

Ao considerar a herdabilidade em relação às médias de famílias, observam-se magnitudes significativamente superiores, ocorrendo em médias do que a herdabilidade individual. As maiores estimativas para h^2_{mp} foram observadas para PMS, NP e DC (0,66; 0,82 e 0,53, respectivamente) no primeiro corte e no segundo corte foram DC (0,91), ALT (0,81) e FDN (0,92) (tabela 9). Nessa situação, a seleção pode ser mais efetiva utilizando-se as informações das progênies, visto que genótipos com estas características podem representar ganhos, em produção em biomassa, adequados para fins energéticos.

A acurácia seletiva refere-se à correlação entre o valor genotípico verdadeiro do material genético e aquele estimado ou predito a partir das informações dos experimentos de campo, sendo tanto mais alto quanto menores forem os desvios absolutos entre esses valores (Costa et al., 2008). Esta estatística varia de 0 a 1 e, conforme Resende e Duarte (2007) pode ser classificada como muito alta ($Ac \geq 0,90$), alta ($0,70 \leq Ac < 0,90$), moderada ($0,50 \leq Ac < 0,70$) e baixa ($Ac < 0,50$).

A qualidade da avaliação genotípica deve ser inferida preferencialmente com base na acurácia. Neste estudo, os valores de acurácia variaram de 0,12 a 0,90, no primeiro corte e de 0,69 a 0,95 no segundo corte, sendo consideradas de

baixa a muito alta magnitude (tabela 9). Os maiores valores foram obtidos para PMS, ALT e FDN, em ambos os cortes, enquanto estimativas de baixa magnitude foram observadas para DC (0,12) no primeiro corte (tabela 9). De acordo Resende e Duarte (2007), a acurácia acima de 90% só é possível para caracteres com alta herdabilidade. Valores de acurácia maiores que 0,70 são suficientes para propiciar uma inferência precisa sobre o valor genético das progênes. Por ser uma medida associada à precisão na seleção, a acurácia é o principal elemento do progresso genético que pode ser alterado pelo homem, visando maximizar o ganho genético (Resende, 2002).

5.2.2. Seleção dos genótipos e estimativas dos ganhos

Considerando os ganhos preditos dos cruzamentos, as melhores famílias foram: FIC 3 para PMS (1 corte), NP (ambos os cortes), ALT (ambos os cortes) e FDN (2 cortes), cujos parentais são IJ7179 x BAG 86 com ganhos de 10,34%; 15,84%; 15,04%; 0,1331%; 0,4584% e 3,0019%, respectivamente. A família FIC 2 para PMS (2 cortes), NP(1 corte), cujos parentais são IJ7179 x Cubano Pinda com ganhos de 10,12. A família 1(IJ7179 x Cameroon) destacou-se para a característica FDN (1 corte), cujo ganho foi 1,52. Para a característica DC destacaram as famílias 5, IJ7179 x Vrukwna (2 cortes) e 7 IAC-Campinas x Capim D'Africa (1 corte) com ganhos de 1,14 e 0,015, respectivamente.

Entre as oito famílias, a FIC 3 foi a melhor, tanto para produção PMS, NP, ALT quanto para qualidade da biomassa FDN (tabela 10), sendo que o parental feminino IJ7179 está presente em três famílias, que também se destacaram 1, 2 e 5. Xavier et al. (2014) afirmam que a seleção de famílias por meio de modelos mistos REML/BLUP pode ser uma estratégia importante para identificar famílias com elevados valores genotípicos, em que haveria maior probabilidade de seleção de clones potenciais.

Além disso, é importante destacar a característica da qualidade da biomassa que avalia o teor de fibra, o que se torna imprescindível nas avaliações para seleção tanto de famílias quanto de progênes, permitindo caracterização e possibilitando a identificação de genótipos com perfil para a produção de bioenergia.

Tabela 10. Predições por meio de BLUP dos valores genotípicos (Vg), ganho genético e Nova média das oito famílias de irmãos completos de capim-elefante. Campos dos Goytacazes, RJ, 2014-2015.

PMS(T.ha ⁻¹ /ano ⁻¹)								
Primeiro corte					Segundo corte			
Ordem	Família	Vg	Ganho	Nova Média	Família	Vg	Ganho	Nova Média
1	3	10,3044	10,3044	69,5727	2	10,126	10,126	67,199
2	1	8,1619	9,2332	68,5014	3	7,7742	8,9501	66,023
3	4	5,1228	7,863	67,1313	1	7,7293	8,5432	65,6161
4	2	2,3752	6,4911	65,7593	7	-1,4205	6,0523	63,1252
5	7	-2,9811	4,5966	63,8649	4	-1,829	4,476	61,5489
6	6	-3,3674	3,2693	62,5376	5	-2,0412	3,3898	60,4627
7	5	-8,545	1,5815	60,8498	6	-4,5403	2,2569	59,3299
8	8	-11,0708	0	59,2682	8	-15,7986	0	57,0729

NP								
Primeiro corte					Segundo corte			
Ordem	Família	Vg	Ganho	Nova Média	Família	Vg	Ganho	Nova Média
1	3	15,8403	15,8403	47,633	3	15,0403	15,0403	41,5661
2	1	4,0679	9,9541	41,7468	2	5,7478	10,394	36,9199
3	2	4,0679	7,992	39,7848	1	1,8415	7,5432	34,069
4	8	-2,2916	5,4211	37,2139	4	-2,716	4,9784	31,5042
5	4	-2,9956	3,7378	35,5305	5	-3,1303	3,3567	29,8825
6	6	-4,5601	2,3548	34,1476	7	-3,7221	2,1769	28,7027
7	5	-4,9527	1,3109	33,1036	8	-6,498	0,9376	27,4634
8	7	-9,1761	0	31,7927	6	-6,5631	0	26,5258

Tabela 10, cont.

ALT(m)								
Primeiro corte					Segundo corte			
Ordem	Família	Vg	Ganho	Nova Média	Família	Vg	Ganho	Nova Média
1	1	0,1331	0,1331	3,165	3	0,4584	0,4584	3,9504
2	3	0,0884	0,1108	3,1426	2	0,2988	0,3786	3,8707
3	2	0,0705	0,0974	3,1292	1	0,1085	0,2886	3,7807
4	7	0,0366	0,0822	3,114	4	0,0717	0,2344	3,7264
5	4	0,0097	0,0677	3,0995	7	0,0625	0,2	3,6921
6	5	-0,07	0,0447	3,0766	5	0,0576	0,1763	3,6683
7	6	-0,1108	0,0225	3,0544	6	-0,1965	0,123	3,6151
8	8	-0,1576	0	3,0318	8	-0,8611	0	3,4921

DC(mm)								
Primeiro corte					Segundo corte			
Ordem	Família	Vg	Ganho	Nova Média	Família	Vg	Ganho	Nova Média
1	7	0,0151	0,0151	15,0143	5	1,1414	1,1414	13,4961
2	3	0,0094	0,0123	15,0115	7	1,1042	1,1228	13,4775
3	5	0,0046	0,0097	15,0089	3	0,8953	1,0469	13,4017
4	2	0,0039	0,0083	15,0074	4	0,7502	0,9728	13,3275
5	6	-0,0005	0,0065	15,0057	1	0,34	0,8462	13,201
6	4	-0,0053	0,0045	15,0037	6	0,2397	0,7451	13,0999
7	1	-0,0054	0,0031	15,0023	2	-0,0821	0,6269	12,9817
8	8	-0,0218	0	14,9992	8	-4,3886	0	12,3548

Tabela 10, cont.

FDN (%)								
Primeiro corte					Segundo corte			
Ordem	Família	Vg	Ganho	Nova Média	Família	Vg	Ganho	Nova Média
1	1	1,5236	1,5236	69,9525	3	3,0019	3,0019	80,0206
2	7	0,853	1,1883	69,6172	1	2,2824	2,6421	79,6609
3	5	0,7572	1,0446	69,4735	4	2,1513	2,4785	79,4973
4	4	0,5742	0,927	69,3559	6	0,9771	2,1032	79,1219
5	2	0,5699	0,8556	69,2845	2	0,8441	1,8514	78,8701
6	3	0,3843	0,777	69,206	7	0,6966	1,6589	78,6777
7	8	-1,3272	0,4764	68,9054	5	-1,6892	1,1806	78,1994
8	6	-3,3351	0	68,4289	8	-8,2643	0	77,0187

Produção de matéria-seca (PMS), Número de perfilhos (NP), Altura de plantas (ALT), Diâmetro do colmo (DC) e Fibra de detergente Neutro (FDN).

Tabela 11. Predição de Ganho genético e Nova média via BLUP dos 18 melhores híbridos intraespecíficos obtidos de cruzamentos de capim-elefante para cinco características com 12 meses de crescimento. Campos dos Goytacazes, RJ, 2014-2015.

Ordem	PMS(t.ha ⁻¹)		NP		ALT(m)		DC(mm)		FDN(%)	
	Ganho	Nova Média	Ganho	Nova Média	Ganho	Nova Média	Ganho	Nova Média	Ganho	Nova Média
1	3,15	63,90(5/1/2)	31,01	64,39(5/1/2)	0,017	3,2056(1/1/3)	0,022	15,1401(3/7/2)	1,015	69,157(3/5/1)
2	3,09	63,84(4/3/2)	28,85	62,24(4/3/3)	0,017	3,2052(2/1/1)	0,021	15,1396(1/7/2)	0,850	68,9925(2/5/1)
3	3,00	63,75(3/3/3)	27,82	61,20(1/3/2)	0,017	3,2051(4/1/1)	0,021	15,1393(4/7/2)	0,791	68,9336(4/5/1)
4	2,94	63,69(4/1/1)	26,14	59,53(5/3/2)	0,017	3,205(3/1/3)	0,020	15,1387(3/6/2)	0,760	68,9018(1/5/1)
5	2,90	63,65(4/3/3)	25,14	58,52(2/3/2)	0,017	3,2049(5/1/3)	0,019	15,138(4/7/1)	0,729	68,8716(1/5/2)
6	2,86	63,61(5/3/2)	24,19	57,58(2/2/3)	0,016	3,2047(2/1/3)	0,019	15,1375(2/3/1)	0,704	68,8461(5/5/2)
7	2,79	63,54(4/3/1)	23,51	56,90(3/3/3)	0,016	3,2045(1/1/1)	0,019	15,1371(3/7/3)	0,660	68,8024(4/7/1)
8	2,74	63,49(1/3/2)	22,93	56,31(5/3/1)	0,016	3,2041(3/1/2)	0,018	15,1368(2/7/2)	0,617	68,7593(4/7/3)
9	2,69	63,44(5/3/3)	22,47	55,85(4/1/1)	0,015	3,2038(4/1/3)	0,018	15,1365(1/7/3)	0,582	68,7241(5/7/1)
10	2,64	63,39(1/3/1)	21,90	55,29(4/3/1)	0,015	3,2035(5/1/1)	0,018	15,1361(1/7/2)	0,554	68,6959(1/4/1)
11	2,60	63,35(4/1/2)	21,38	54,77(5/1/1)	0,015	3,2032(2/1/2)	0,017	15,1357(2/6/2)	0,530	68,6722(4/4/1)
12	2,56	63,32(4/1/3)	20,92	54,30(4/3/2)	0,015	3,203(5/1/2)	0,017	15,1354(3/6/1)	0,510	68,6523(4/8/1)
13	2,53	63,28(5/3/1)	20,50	53,89(1/3/3)	0,014	3,2027(3/1/1)	0,017	15,135(4/7/3)	0,493	68,6351(2/8/1)
14	2,50	63,25(3/3/1)	20,05	53,43(5/3/3)	0,014	3,2025(4/1/2)	0,016	15,1348(5/7/1)	0,478	68,6205(3/4/1)
15	2,47	63,22(3/3/2)	19,48	52,87(2/2/1)	0,014	3,2022(3/2/3)	0,016	15,1345(5/7/2)	0,465	68,6072(2/7/2)
16	2,43	63,19(2/3/1)	18,93	52,31(3/3/2)	0,014	3,202(2/3/1)	0,016	15,1343(4/3/2)	0,453	68,5949(1/7/1)
17	2,41	63,16(2/3/3)	18,43	51,81(2/8/1)	0,013	3,2017(1/1/2)	0,015	15,134(1/6/1)	0,441	68,5836(3/7/2)
18	2,37	63,12(2/3/2)	17,97	51,35(2/3/3)	0,013	3,2014(2/2/1)	0,015	15,1337(4/6/2)	0,431	68,5735(4/7/2)

Produção de matéria-seca (PMS), Número de perfilhos (NP), Altura de plantas (ALT), Diâmetro do colmo (DC) e Fibra de detergente Neutro (FDN). Entre parênteses: indivíduo/família/bloco.

Tabela 12. Predição de Ganho genético e Nova média via BLUP dos 18 melhores híbridos intraespecíficos obtidos de cruzamentos de capim-elefante para cinco características com 8 meses de crescimento. Campos dos Goytacazes, RJ, 2014-2015.

PMS(t.ha ⁻¹)		NP		ALT(m)		DC(mm)		FDN(%)	
Ganho	Nova Média	Ganho	Nova Média	Ganho	Nova Média	Ganho	Nova Média	Ganho	Nova Média
8,37	69,5153(3/2/3)	0,11	48,5188(2/3/1)	20,66	4,7727(5/3/1)	0,8382	13,7986(3/7/1)	10,64	87,6633(3/4/5)
7,24	68,3861(1/2/1)	0,11	48,517(5/2/1)	19,28	4,3470(4/3/1)	0,7311	13,6915(1/7/2)	10,09	87,1077(3/1/4)
6,70	67,8506(4/2/1)	0,11	48,5152(4/2/1)	18,75	4,5816(2/3/2)	0,6841	13,6445(1/3/1)	9,680	86,6983(1/1/5)
6,28	67,4279(2/2/1)	0,11	48,5133(3/4/1)	18,49	4,5550(3/3/2)	0,6485	13,6089(5/3/2)	9,446	86,465(2/3/1)
6,00	67,1453(4/1/1)	0,11	48,5112(3/4/3)	18,26	4,5322(1/3/2)	0,6206	13,581(5/7/2)	9,276	86,2944(3/4/2)
5,77	66,9186(4/1/1)	0,11	48,5093(4/4/2)	17,98	4,5048(1/3/3)	0,6007	13,5611(1/3/3)	9,014	86,0329(3/4/3)
5,58	66,7316(4/1/3)	0,10	48,5072(2/2/1)	17,79	4,4853(5/3/3)	0,5864	13,5468(5/3/3)	8,761	85,7794(3/3/1)
5,42	66,5667(2/2/3)	0,10	48,5050(5/4/2)	17,34	4,4409(5/3/2)	0,5756	13,536(1/7/3)	8,453	85,4721(2/3/2)
5,28	66,4278(1/2/3)	0,10	48,5028(1/2/3)	16,99	4,4055(1/2/1)	0,5667	13,5271(4/3/1)	8,187	85,2058(3/6/3)
5,16	66,3033(5/3/2)	0,10	48,5006(1/4/1)	16,70	4,3766(1/3/1)	0,5591	13,5195(2/7/2)	7,949	84,9674(1/5/5)
5,04	66,1854(1/2/2)	0,09	48,4984(3/2/1)	16,44	4,3508(2/3/3)	0,5528	13,5132(3/7/3)	7,733	84,7521(3/3/4)
4,94	66,0871(3/2/2)	0,09	48,4963(2/4/2)	16,2	4,3263(4/3/3)	0,5467	13,5071(2/3/1)	7,547	84,5658(2/7/2)
4,83	65,9778(1/3/1)	0,09	48,4943(2/2/2)	15,97	4,3033(4/3/2)	0,5399	13,5003(2/7/3)	7,389	84,4076(2/4/2)
4,73	65,8777(4/2/2)	0,09	48,4923(3/2/3)	15,76	4,2826(5/1/2)	0,5334	13,4938(1/5/1)	7,240	84,2585(1/3/3)
4,64	65,782(5/2/1)	0,09	48,4903(1/8/1)	15,57	4,2637(4/1/1)	0,5274	13,4878(4/7/3)	7,097	84,1153(2/2/1)
4,55	65,6943(5/3/1)	0,08	48,4882(4/2/2)	15,38	4,2444(3/3/3)	0,5215	13,4819(4/4/2)	6,961	83,9802(1/1/1)
4,46	65,6025(1/3/2)	0,08	48,4863(4/2/2)	15,16	4,2227(3/3/1)	0,5154	13,4758(3/3/3)	6,839	83,8574(3/1/2)
4,36	65,5116(1/3/3)	0,08	48,4845(1/4/3)	14,86	4,1922(2/2/1)	0,5091	13,4695(1/5/2)	6,728	83,7464(2/6/5)

Produção de matéria-seca (PMS), Número de perfilhos (NP), Altura de plantas (ALT), Diâmetro do colmo (DC) e Fibra de detergente Neutro (FDN). Entre parênteses: indivíduo/família/bloco.

Na seleção individual para PMS (tabelas 11 e 12), todas as 18 plantas pertencentes às famílias foram classificadas como detentoras de melhor ganho genético para esta característica. A planta de nº 5 da família 1 do bloco 2 foi a melhor progênie, com ganho genético de 3,15 e nova média de 63,90, respectivamente (tabela 11) no primeiro corte e no segundo corte (tabela 12), destacou-se a planta de nº 3, família 2 do bloco 3 com ganho predito de 8,37 e nova média de 69,51.

De acordo com a tabela 11 para NP, a planta nº 5 da família 1 do bloco 2 foi superior com ganho predito 31,01 e de nova média 64,39 para 1 corte. Com 8 meses de crescimento (tabela 12) destacou-se a planta nº 2 da família 3 do bloco 1 com ganho predito de 0,11 e média 48,51.

O indivíduo superior para ALT foi a planta nº 1 da família 1 do bloco 3 com ganho genético 0,017 com média nova 3,205 no primeiro corte. Enquanto para o segundo corte destacou-se a planta de nº 5, família 3 e bloco 1 com ganho predito de 20,62 e média nova de 4,772 (tabelas 11 e 12).

Para a característica DC, os melhores indivíduos pertencem às famílias 3, 4, 5, 6, e 7 em ambos os cortes. Os melhores indivíduos foram plantas 3 da mesma família 7 só que em blocos diferente do bloco 2 e 1 para primeiro e segundo corte, respectivamente. Esses apresentaram ganhos de 15,14 e 13,79 e média nova de 13,79.

A seleção de famílias e indivíduos por meio de modelos mistos REML/BLUP apresentou-se como uma importante estratégia para identificar indivíduos com elevados valores genotípicos, com maior probabilidade de seleção de materiais potenciais, ou mesmo, de geração de híbridos (Quintal, 2013).

As progênies da família 3 originadas da combinação entre os parentais IJ7179 x BAG 86 associaram altos teores de produção. Quanto a FDN, a melhor progênie no primeiro corte, foi a planta 3 da família 5 do bloco 1, com ganho de 1,015. Enquanto para o segundo corte foi planta 3 da família 4 do bloco 5 com ganho de 10,64 de matéria-seca e fibra, dessa forma, esse cruzamento é uma provável fonte para a seleção de genótipos que atendam ao perfil bioenergético.

5.3. Predição de ganhos genéticos por RELM/ BLUP em famílias de irmãos completos de capim-elefante sob índice de seleção

Os índices de seleção são geralmente utilizados com o propósito de escolher materiais superiores, com base em um complexo de variáveis que reúna atributos de interesse do melhorista, de modo a resultar em melhores ganhos simultâneos (Cruz et al., 2014). Os ganhos percentuais preditos por índices empregados para seleção de 15% das famílias superiores de irmãos completos em capim-elefante avaliados em dois cortes são apresentados nas tabelas 13.

Avaliação das oito famílias pelo índice de seleção via RELM/BLUP percebe-se que a família 3 (IJ7139 x BAG-86) foi a melhor ranqueada pelos três índices, em ambos os cortes. Com maiores ganhos em percentagem por Mulamba e Mock com 60,71% (corte 1) e 181,25% (corte 2). Segundo Cruz et al., (2012) por meio da predição de ganhos, é possível orientar de forma mais efetiva o programa de melhoramento e predizer o sucesso da seleção.

A família 1(IJ7139 x Cameroon) (tabela 13) teve também umas das melhores posições, pelo índice clássico foi classificada em segundo lugar com maior ganho de 22,18% no primeiro corte. Enquanto que no segundo corte ficou ranqueada em terceiro lugar com maior ganho de 43,62% por meio de Mulamba e Mock. A pior família classificada (tabela 13) foi 6 originada do cruzamento (CPAC X Cameroon) com ganhos nulos por Mulamba e Mock em ambos os cortes.

Em termos de ganhos percentuais, os índices foram capazes de proporcionar ganhos consideráveis, ressaltando-se que esses ganhos são no sentido positivo para todas as características avaliadas. Pereira et al. (2014) a fim de verificar os ganhos em população de café a partir do diferente número de medições, observaram que a seleção das 12 melhores progênies proporcionaram um ganho médio de 70,4%.

O uso do índice clássico permitiu, após várias tentativas, atribuindo pesos variados, obter ganhos percentuais favoráveis nas características de 15,02 com corte anual (tabela 14) e 14, 52 com 8 meses de avaliações (tabela 15).

Tabela 13. Ordenamento de oito famílias baseado nos ganhos genéticos esperados utilizando o índice clássico (IC), o multiplicativo (IM) e os baseados na

soma dos postos (ISR) para cinco características na 1ª e 2ª avaliações. Campos dos Goytacazes, RJ, 2014-2015.

Primeiro corte								
IC				IM		ISR		
Ordem	Família	Ganho	Ganho%	Família	Ganho%	Família	Ganho	Ganho %
1	3	175,93	0,25	3	47,76	3	2,80	60,71
2	1	175,72	0,13	8	28,62	8	3,40	32,35
3	5	175,64	0,09	1	22,18	1	3,73	20,54
4	8	175,61	0,07	2	18,41	2	3,90	15,38
5	7	175,58	0,05	5	12,93	5	4,00	12,50
6	2	175,56	0,04	4	8,52	7	4,10	9,76
7	6	175,53	0,02	6	4,09	4	4,29	5,00
8	4	175,49	0,00	7	0,00	6	4,50	0,00

Segundo corte								
IC				IM		ISR		
Ordem	Família	Ganho	Ganho%	Família	Ganho%	Família	Ganho	Ganho %
1	3	16,50	4,37	3	72,80	3	1,60	181,25
2	5	16,23	2,64	2	39,58	5	2,70	66,67
3	1	16,11	1,91	1	28,12	1	3,13	43,62
4	7	16,02	1,33	5	18,49	2	3,45	30,43
5	4	15,96	0,93	7	11,77	7	3,68	22,28
6	2	15,92	0,65	4	7,10	4	3,90	15,38
7	6	15,87	0,35	8	3,34	8	4,23	6,42
8	8	15,81	0,00	6	0,00	6	4,50	0,00

O índice multiplicativo permitiu obter ganhos superiores ao do índice clássico, porém inferiores ao observados pela soma dos postos. Os ganhos foram de 32,86% para o genitor 40. Pedrozo et al.,(2009) que compararam a eficiência de três índices de seleção construídos a partir de componentes de variância estimados e valores genotípicos preditos pela metodologia REML/BLUP, em três populações (A, B e C) de primeira geração clonal de cana-de-açúcar, concluíram que o índice multiplicativo foi o que mostrou maior eficiência de seleção, uma vez que, apresentou maior coeficiente de coincidência de genótipos selecionados com a estratégia de seleção para o caráter teor de Brix por hectare, com maiores ganhos diretos e indiretos para seleção.

Tabela 14. Ordenamento de 18 indivíduos selecionados com base nos ganhos genéticos esperados utilizando o índice clássico (IC), o multiplicativo (IM) e os da

soma dos postos (ISR) para cinco características com 12 meses. Campos dos Goytacazes, RJ, 2014-2015.

Ordem	IC			IM		ISR		
	Indivíduo	Ganho	Ganho%	Indivíduo	Ganho%	Indivíduo	Ganho	Ganho %
1	40	15,02	4,43	40	32,86	46	17,00	161,76
2	49	14,92	3,72	49	26,07	45	18,20	144,51
3	46	14,87	3,36	78	23,42	66	18,80	136,70
4	45	14,84	3,15	45	21,92	73	19,35	129,97
5	78	14,82	3,01	46	20,99	49	19,72	125,66
6	72	14,79	2,83	72	20,06	40	20,53	116,72
7	83	14,77	2,68	77	19,26	62	21,29	109,06
8	77	14,75	2,56	83	18,42	52	21,88	103,43
9	23	14,74	2,45	7	17,60	48	22,36	99,06
10	7	14,73	2,36	4	16,63	83	22,74	95,69
11	28	14,71	2,26	28	15,78	7	23,15	92,26
12	58	14,70	2,15	79	15,03	63	23,70	87,76
13	47	14,68	2,07	47	14,35	72	24,18	84,00
14	66	14,67	1,99	23	13,72	2	24,66	80,48
15	79	14,66	1,92	66	13,18	78	25,08	77,43
16	63	14,65	1,86	48	12,67	19	25,49	74,60
17	62	14,65	1,81	73	12,19	55	25,87	72,01
18	2	14,64	1,76	52	11,76	4	26,26	69,49

Assim, visando aumentar a confiabilidade dos resultados obtidos, foi utilizado índice com base na média de *ranks* (Mulamba e Mock). Na tabela 14 são listados os 18 melhores indivíduos que apresentaram maiores ganhos simultâneos para as cinco variáveis avaliadas. Verifica-se que a progênie 46 (com *rank* médio nas cinco variáveis iguais a 17) apresentou ganho de 161,76%, indicando que é possível promover o efetivo aumento simultâneo da concentração de alelos favoráveis.

Os índices possuem diferentes princípios para promoverem a seleção e obtiveram ganhos distintos (Viana e Resende, 2014). Como o objetivo deste trabalho foi melhorar PMS, NP, ALT, DC e FDN, uma comparação simples entre os resultados do ganho demonstra que os três índices empregados proporcionaram ganhos satisfatórios até 161,76% no primeiro corte e 33,38% no segundo corte. No entanto, a eficiência de seleção ao se utilizar um determinado índice é característica inerente à população estudada. Com as variáveis as

progênes 40, 45, 46 e 49 tiveram as primeiras posições nos três índices avaliados.

São apresentados na tabela 15, o ordenamento e os ganhos genéticos das progênes com base nos índices aditivo, multiplicativo e índice de *rank* médio associados às cinco características no 2º ano de avaliação.

Tabela 15. Ordenamento de 18 indivíduos selecionadas com base nos ganhos genéticos esperados, utilizando o índice clássico (IC), o multiplicativo (IM) e os baseados na soma dos postos (ISR) para cinco características com 8 meses. Campos dos Goytacazes, RJ, 2014-2015.

Ordem	IC			IM		ISR		
	Indivíduo	Ganho	Ganho%	Indivíduo	Ganho%	Indivíduo	Ganho	Ganho %
1	4	27,11	1,92	4	28,20	4	10,00	343,00
2	11	27,05	1,69	6	26,98	11	12,00	269,17
3	75	27,03	1,61	15	23,58	49	12,87	244,30
4	79	27,01	1,56	40	21,76	75	13,85	219,86
5	6	27,00	1,52	49	20,54	79	14,64	202,60
6	49	27,00	1,49	7	19,71	84	15,43	187,04
7	84	26,99	1,46	75	19,07	77	16,20	173,46
8	47	26,97	1,41	79	18,59	45	17,00	160,59
9	45	26,96	1,38	11	18,10	69	17,67	150,75
10	14	26,96	1,35	45	17,62	47	18,32	141,81
11	69	26,95	1,31	14	17,22	71	18,89	134,50
12	77	26,94	1,29	47	16,82	6	19,43	127,96
13	71	26,93	1,26	71	16,46	14	19,91	122,53
14	67	26,93	1,24	83	16,14	46	20,37	117,46
15	15	26,92	1,22	46	15,82	7	20,95	111,49
16	7	26,92	1,20	73	15,53	53	21,53	105,81
17	46	26,91	1,18	72	15,19	62	22,05	100,93
18	40	26,91	1,15	84	14,87	83	22,54	96,50

Em todas as estimações, o índice Mulamba e Mock foi o que proporcionou maiores ganhos em ambos os cortes, possibilitando inferir quanto à superioridade do método Mulamba e Mock por meio do ganho de seleção para a grande maioria das famílias e concluir que este método é interessante e valioso para que se obtenha a classificação dos materiais candidatos às fases subsequentes de avaliação dentro do programa de melhoramento.

Amaral Júnior et al. (2010) verificaram melhores resultados com o uso do índice da soma de postos, em comparação ao clássico, em populações de milho-pipoca originadas de quatro ciclos de seleção recorrente. Freitas Júnior et al. (2009) também relataram superioridade do índice da soma de postos quando comparado ao clássico, ao índice base, e a outros índices, na seleção simultânea para 12 caracteres avaliados em milho-pipoca. Teixeira et al. (2012) buscando determinar a estratégia seletiva mais adequada para o incremento simultâneo de componentes da produção de frutos em açazeiro, relataram que o índice de Mulamba e Mock é mais eficiente para estimar ganhos nos componentes da produção de frutos de açazeiro.

Com oito meses destacou para o índice multiplicativo e o índice Mulamba e Mock o genótipo 4 (planta 4 da família 1 e bloco1). A ordenação na seleção individual para as variáveis PMS e ALT coincidiu esse mesmo genótipo. Em goiaba, Quintal et al. (2013) observou que as primeiras progênies selecionadas para a primeira e segunda época colheita coincidiram com as primeiras progênies ordenadas na seleção individual para as variáveis analisadas, demonstrando sua eficiência.

6. CONCLUSÕES

Os resultados obtidos para os ganhos com a seleção, permitem inferir que tanto a utilização dos índices quanto os ganhos obtidos pela seleção direta e indireta mostram-se de grande utilidade no cálculo dos ganhos com a seleção. O uso dos índices de seleção via modelos mistos é vantajoso em capim-elefante, uma vez que estes proporcionam ganhos com a seleção elevados, distribuídos entre todos os caracteres avaliados, situação mais adequada aos programas de melhoramento.

Pelos resultados de estimativas de ganho apresentados, pode-se constatar que os cruzamentos mais adequados foram FIC 1(ij7139 x Cameroon), FIC 2(ij7139 x Cubano Pinda) e FIC 3(IJ7179 x BAG 86) são prováveis fontes para a seleção de genótipos que atendam ao perfil bioenergético, por apresentar altos ganhos predito tanto para produção de matéria-seca quanto para fibra.

As progênies 4, 6,7,11 derivadas do cruzamento ij7139 x Cameroon, obtiveram destaque com maiores ganhos para Produção matéria-seca e Fibra de detergente neutro.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Alcântara, P. B.; Bufarah, G. Plantas forrageiras: gramíneas e leguminosas. São Paulo, Editora Nobel, 2. Ed., 1983. 150p.
- Almeida, D. L.; Santos, G. A.; DePolli, H.; Cunha, L. H.; Freire, L. R.; Amaral Sobrinho, N. M. B.; Pereira, N. N. C.; Eira, P. A.; Blaise, R. M.; Salek, R. C. (1988) Manual de adubação para o Estado do Rio de Janeiro. Itaguaí: Editora Universidade Rural. 179p.
- Alves, R. M., Resende, M. D. V. D., Bandeira, B. D. S., Pinheiro, T. M., Farias, D. C. R. (2010). Avaliação e seleção de progênies de cupuaçuzeiro (*Theobroma grandiflorum*), em Belém, Pará. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 32, 204-212.
- Amaral, A.T., Júnior, S. F., Rangel, R. M., Pena, G. F., Ribeiro, R. M., Morais, R. C., Schuelter, A. R. (2010). Improvement of a popcorn population using selection indexes from a fourth cycle of recurrent selection program carried out in two different environments. *Genetics and Molecular Research*, 9(1), 340-370.
- Anderson WF, Dien BS, Brandon SK and Peterson JD (2008) Assessment of Bermuda grass and bunch grasses as feedstocks for conversion to ethanol. *Appl. Biochem. Biotechnol. Applied Biochemistry Biotechnology* 145: 13-2.

- Anderson, W. F., Akin, D. E (2008) Structural and chemical properties of grass lignocelluloses related to conversion for biofuels. *Journal of industrial microbiology & biotechnology*, 35 (5), 355-366.
- ANKOM. Frequently asked questions. Wichita: Ankon Technology, 2012. Disponível em: <<http://www.ankom.com/faqs.html>>. Acesso em: 20 maio 2012.
- Assunção, A.; Brasil, E. M.; Oliveira, J. P.; Reis, A. J. S.; Pereira, A. F.; Bueno, L. G.; Ramos, M. R. (2010) Heterosis performance in industrial and yield components of sweet corn. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 10:183-190.
- Azevedo ALS, Costa PP, Machado JC, Machado MA, Pereira AV and Ledo FJ da S (2012) Cross Species Amplification of Pennisetum glaucum Microsatellite Markers in Pennisetum purpureum and Genetic Diversity of Napier Grass Accessions. *Crop Science* 52: 1776-1785.
- Brunken, J.N.(1977) A systematic study of *Pennisetum* Sect. *Pennisetum* (Gramineae). *American Journal of Botany*, 64(2): 161-76.
- Cargnin, A., de Souza, M.A., Machado, C.G., Pimentel, A.J.B. (2007) Genetic gain prediction for wheat with different selection criteria. *Crop Breeding and Applied Technology* 7: 334.
- Cavalcante, M., Lira, M. A (2010) Variabilidade genética em *Pennisetum purpureum* Schumacher. *Revista Caatinga* 23: 153-163.
- Costa, M. M., Di Mauro, A. O., Unêda-Trevisoli, S. H., Arriel, N. H. C., Bárbaro, I. M., Da Silveira, G. D., Muniz, F. R. S. (2008). Analysis of direct and indirect selection and indices in soybean segregating populations. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 47-55.
- Cruz, C. D., Regazzi, A. J., Carneiro, P. C. S. (2012) Métodos biométricos aplicados ao melhoramento genético: volume 1. Viçosa: UFV, Imprensa Universitária. 514p.

- Cruz, C. D., Regazzi, A. J., Carneiro, P. C. S. (2014) Métodos biométricos aplicados ao melhoramento genético: volume 2. Viçosa: UFV, Imprensa Universitária. 668p
- 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 clones de *Pennisetum* spp. *Revista Brasileira de Ciências Agrárias* 8: 681-686.
- Daher, R. F., Souza, L. B., Gravina, G. A., Machado, J. C., Ramos, H. C., Silva, V. Q. e Gottardo, R. D. (2014). Use of elephant grass for energy production in Campos dos Goytacazes-RJ, Brazil. *Genetics and molecular research: GMR*, 13(4), 10898.
- Derez, F. (1999) Capim-elefante manejado em sistema rotativo para produção de leite e carne. In: Passos. L. P.; Martins, C.E; Bressan, M.; Pereira, A.V. (Ed) *Biologia e manejo do capim-elefante*. Juiz de Fora: Embrapa Gado de Leite, p. 161-172.
- Duarte, J. B.; Vencovsky, R.(2001). Estimação e predição por modelo linear misto com ênfase na ordenação de médias de tratamentos genéticos. *Scientia Agricola*, v. 58, n. 1, p. 109-117.
- Falconer, D.S. e Mackay, T.F.C. (1996). *Introduction to quantitative genetics*. 4th ed. Essex (UK): Longmans Green, Harlow.
- Ferreira, R. P.; Pereira, A. V. Melhoramento de forrageiras. In: Borém, A. (Ed.). *Melhoramento de espécies cultivadas*. Viçosa: UFV, 2005, p.781-812.
- Flores, R. A.; Urquiaga, S.; Alves, B. J. R.; Collier, L. S.; Boddey, R. M. (2012) Yield and quality of elephant grass biomass produced in the Cerrados region for bioenergy. *Engenharia Agrícola*,32(5):831-839.
- Freitas Júnior, S.D.P., do Amaral Júnior, A.T., Rangel, R.M., Viana, A.P. (2009). Genetic gains in popcorn by full-sib recurrent selection. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 9(1), p. 1-7.

- 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.
- Gomide, J.A. (1994) Formação e utilização de capineira de capim-elefante. In: Carvalho, M.M., Alvim, M.J., Xavier, D.F. (Eds.). Capim-elefante: produção e utilização. Coronel Pacheco, MG: Embrapa-CNPGL. P.81-115.
- Gonçalves, G. M., Viana, A. P., Bezerra Neto, F. V., Pereira, M. G., Pereira, T. N. S. (2007). Seleção e herdabilidade na predição de ganhos genéticos em maracujá-amarelo. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 42(2), 193-198.
- Henderson, C.R. (1984) Applications of linear models in animal breeding. Guelph: University of Guelph, 462p.
- Holm, L.G., Plucknett, D.L. ; Pancho, J.V.; Herberger, J.P. (1977) The World's
- Jakob, K., Zhou, F., Paterson, A.H (2009) Genetic improvement of C4 grasses as cellulosic biofuel feedstocks. *In Vitro Cellular e Developmental Biology-Plant* 45: 291-305.
- Jung, M.S., Vieira, E.A., Brancker, A., Nodari, R.O. (2008) Herdabilidade e ganho genético em caracteres do fruto do maracujazeiro-doce. *Revista Brasileira de Fruticultura* 30: 209-214.
- Köppen, W. (1948) Climatologia: con un estudio de los climas de La Tierra, México: Fondo de Cultura Economica, 479 p
- Krause, W., de Souza, R. S., Neves, L. G., da Silva Carvalho, M. L., Viana, A. P., Faleiro, F. G. (2012). Ganho de seleção no melhoramento genético intrapopulacional do maracujazeiro-amarelo. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 47(1), 51-57.
- Laviola, B.G., Rosado, T.B., Bhering, L.L., Kobayashi, A.K. (2010) Genetic parameters and variability in physic nut accessions during early developmental stages. *Pesquisa agropecuária brasileira*, 45(10):1117–1123.

- Lee, M.K., Tsai, W.T., Tsai, Y.L., Lin, S.H (2010) Pyrolysis of napier grass in an induction-heating reactor. *Journal of Analytical and Applied Pyrolysis*. 88: 110-116.
- Lima, R. S. N.; Daher, R. F.; Gonçalves, L. S. A.; Rossi, D. A.; 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(3):1304-1313.
- MAPA – Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Registro Nacional de Cultivares: [http// www.agricultura.gov.br/ vegetal/ registro nacional-cultivares](http://www.agricultura.gov.br/vegetal/registro_nacional-cultivares) em 22/02/2016 página mantida pelo Governo Federal.
- Marafon, A. C., Marinho, T. M., Rangel, A. (2012). Cenário energético brasileiro e o potencial do capim elefante como fonte de matéria prima para a produção de energia renovável. *Embrapa–Tabuleiros Costeiros, Aracaju*.
- Martel, E.; Richroch, A.; Sarr, A. Assessment of genome organization among diploid species ($2n = 2x = 14$) belonging to primary and tertiary gene pools of pearl millet using fluorescent in situ hybridization with rDNA probes. *Genome*, v. 39, n. 4, p. 680-687, 1996.
- Martuscello, J. A., Faria, D. J. G., Fonseca, D. M. D., Cunha, D. D. N. F. V. (2009). Adubação nitrogenada e partição de massa em plantas de *Brachiaria brizantha* cv. xaraés e *Panicum maximum* x *Panicum infestum* cv. massai. *Ciência agrotecnologia*,(Impr.), 33(3), 663-667.
- Mello, A. C. L; Lira, M. A; Dubeux Júnior, J. C. B.(2006) Degradação ruminal da matéria seca de clones de capim-elefante em função da relação folha/colmo ,*Revista Brasileira de Zootecnia*, 35(4):1316-1322.
- Menezes, B.R., Daher, R.F., Gravina, G.D.A., Pereira, A.V., Sousa, L.B., Rodrigues, E. V., Silva, V.B., Gottardo, R.D., Schneider, L.S.A., Novo A.A (2015) Estimates of heterosis parameters in elephant grass (*Pennisetum purpureum* Schumach.) for bioenergy production. *Chilean Journal of Agricultural Research*, 75: 395-401.

- Mi, X., Wegenast, T., Utz, H.F., Dhillon, B.S., Melchinger, A.E (2011) Best linear unbiased prediction and optimum allocation of test resources in maize breeding with doubled haploids. *Theoretical and Applied Genetics* 123:1-10
- Monteiro, I. J. G., Abreu, J. G., Cabral, L. D. S., Ribeiro, M. D., Reis, R. H. P. (2011). Silagem de capim-elefante aditivada com produtos alternativos. *Acta Scientiarum. Animal Sciences*, 33(4), 347-352.
- Monti, A., Fazio, S., Lychnaras, V., Soldatos, P., Venturi, G. A. (2007). full economic analysis of switch grass under different scenarios in Italy estimated by BEE model. *Biomass and Bioenergy*, v.31, p.177-185.
- Moraes, M. F. D., Bastos, G. Q., Anunciação Filho, C. J. D., Melo, L. J. O. T. D., Reis, O. V. D. (2010). Avaliação agroindustrial e parâmetros genético de progênies de cana-de-açúcar em fase inicial na Zona Canavieira do Litoral Norte de Pernambuco. *Ciência agrotecnologia*,(Impr.), 34(5), 1086-1092.
- Morais, R. F., Souza, B. J. D., Leite, J. M., Soares, L. H. D. B., Alves, B. J. R., Boddey, R. M., e Urquiaga, S. (2009). Elephant grass genotypes for bioenergy production by direct biomass combustion. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 44(2), 133-140.
- Nascimento Junior, D. Informações sobre plantas forrageiras. Viçosa, MG, UFV, Imprensa Universitária, 1981. 56p.
- Oliveira, É.S., Daher, R. F., Ponciano, N. J., de Amaral Gravina, G., de Almeida Sant'ana, J. A., Gottardo, R. D., Silva, V.B., Rocha, A.S.. (2015). Variation of Morpho-Agronomic and Biomass Quality Traits in Elephant Grass for Energy Purposes According to Nitrogen Levels. *American Journal of Plant Sciences*, 6(11), 1685.
- Oliveira, M. L. F., Daher, R. F., Gravina, G. D. A., da Silva, V. B., Viana, A. P., Rodrigues, E. V., e Rocha, A. D. S. (2014). Pre-breeding of elephant grass for energy purposes and biomass analysis in Campos dos Goytacazes-RJ, Brazil. *African Journal of Agricultural Research*, 9(36), 2743-2758.

- Oliveira, R. A., Daros, E., Bespalhok Filho, J. C., Zambon, J. L. C., Ido, O. T., Weber, H., Resende, M. D.V., Neto, H. Z. (2008). Seleção de famílias de cana-de-açúcar via modelos mistos. *Scientia agraria*, 9(3), 269-274.
- Osava, M. (2007). Capim elefante, novo campeão em biomassa no Brasil. *Agrosoft Brasil*, 549-602.
- Pedrozo, C.A., Benites, F.R.G., Barbosa, M.H.P., Resende, M.D.V., Silva, F.L. (2009). Eficiência de índices de seleção utilizando a metodologia REML/BLUP no melhoramento da cana-de-açúcar. *Scientia Agraria*, v.10, n.1, p.031-036.
- Pereira, A. V. (1994) Germoplasma e diversidade genética do capim elefante. In: *Simpósio sobre Capim Elefante*, 2., Juiz de Fora. Anais Coronel Pacheco: EMBRAPACNPGL, 1994. p. 111.
- Pereira, A. V.; Valle, C. B.; Ferreira, R. P.; Miles, J. W. Melhoramento de forrageiras tropicais. In: Nass, L. L.; Valois, A. C. C.; Melo, I. S.; Valadares Inglis, M. C.(2001) Recursos genéticos e melhoramento. Rondonópolis, p. 549 – 602.
- Pereira, A.V., Machado, MA, Azevedo ALS, Nascimento CS, Campos AL and Lédo FJS (2008) Diversidade genética entre acessos de capim-elefante obtida com marcadores moleculares. *Revista Brasileira de Zootecnia* 37: 1216-1221.
- Pereira, T.B., Mendes, A.N.G., Botelho, C.E., de Rezende, J.C., Vilela, D.J.M., Resende, M.D.V. (2014). Seleção de progênies F4 de cafeeiro obtidas de cultivares do grupo ICATU. *Coffee Science*, 8(3), 337-346.
- Pires, A. J. V.; Carvalho, G. G. P.; Garcia, R.; Carvalho Junior, J. N.; Ribeiro, L. S. O.; Chagas, D. M. T. (2009) Capim-elefante ensilado com casca de café, farelo de cacau ou farelo de mandioca. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v. 38, n. 1, p. 34-39.
- Quesada, D. M.; Boddey, R. M.; Reis, V.M.; Urquiaga, S. (2004) Parâmetros qualitativos de genótipos de capim-elefante (*Pennisetum purpureum* Schum.) estudados para a produção de energia através da biomassa. Circular Técnica 8, Seropédica, RJ.

- Quintal, S.S.R (2013) Melhoria da goiabeira p. guajava via metodologia de Modelos. Tese (Doutorado em Produção Vegetal) – Campos dos Goytacazes – RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense – UENF, 180p.
- Resende, M.D.V. (2002). Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 975 p.
- Resende, M.D.V., Duarte, J.B. (2007). Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, Goiânia, v. 37, p. 182-194.
- Rocha, A.S., Daher, R.F., Gravina, G.A., Pereira, A.V., Rodrigues, E.V., Viana AP and Oliveira ES (2015) Comparison of stability methods in elephant-grass genotypes for energy purposes. *African Journal of Agricultural Research* 10: 4283-4294.
- Rodrigues, L.R.A.; Monteiro, F.A.; Rodrigues, T.J.D. (2001) Capim-elefante. In: Peixoto, A.M., Pedreira, C.G.S., Moura, J.V., Faria, V.P. (Eds.) *Simpósio sobre manejo da pastagem*, 17, Piracicaba, 2ª edição. Anais... Piracicaba:FEALQ, p.203-224.
- Rodrigues, W. P., Vieira, H. D., Barbosa, D. H., Souza Filho, G. R., Candido, L. S. (2013). Adaptability and genotypic stability of Coffea arabica genotypes based on REML/BLUP analysis in Rio de Janeiro State, Brazil. *Genetics and Molecular Research*, 12(3), 2391-2399.
- Rosado, A.M., Rosado, T.B., Júnior, M.F.R.R., Bhering, L.L., Cruz ,C.D. (2009) Ganhos genéticos preditos por diferentes métodos de seleção em progênies de Eucalyptus urophylla. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 44: 1653-1659.
- Rossi, D. A., Menezes, B. D. S., Daher, R. F., Gravina, G. D. A., de Lima, R. S. N., Lédo, F. D. S., e de Souza, C. L. M. (2014). Canonical correlations in elephant grass for energy purposes. *African Journal of Biotechnology*, 13(36), 3666-3671.
- Santos, C. E. M., Pissioni, L. L. M., Morgado, M. A. D. O., Cruz, C. D., & Bruckner, C. H. (2008). Estratégias de seleção em progênies de maracujazeiro-amarelo

quanto ao vigor e incidência de verrugose. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 30(2).

Santos, E. A., Viana, A. P., de Oliveira Freitas, J. C., Rodrigues, D. L., Tavares, R. F., Paiva, C. L., Souza, M. M. (2015). Genotype selection by REML/BLUP methodology in a segregating population from an interspecific *Passiflora* spp. crossing. *Euphytica*, 204(1), 1-11.

Santos, H.G., Jacomine, P.K.T, Anjos, L.H.C, Oliveira, V.Á., Lumbrreras, J.F., Coelho, M.R., Almeida, J.Á., Cunha, T.J.F. e Oliveira, J.B. (2013) Sistema brasileiro de classificação de solos. 3. ed. Brasília, DF: Embrapa, 353p.

Santos, M. M. P., Daher, R. F., Ponciano, N. J., de Amaral Gravina, G., Vander Pereira, A., de Almeida Sant'Ana, J. A., Santos, C. L. (2014a). Características produtivas de capim-elefante sob doses de fósforo e nitrogênio para fins energéticos. *Científica*, 42(4), 354-365.

Santos, M. M. P., Daher, R. F., Ponciano, N. J., Gravina, G. A., Pereira, A. V., Santos, C. L. (2014b). Respostas do capim-elefante sob doses de adubação azotada de cobertura para fins energéticos. *Revista de Ciências Agrárias*, 37(1), 100-108.

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 – UENF, 72p.

Silva, D. J.; Queiroz, A. C. (2002) Análise de alimentos: métodos químicos e biológicos. 3. ed. Viçosa. 235p.

Silva, M. D. M., Viana, A. (2012). Alternativas de seleção em população de maracujazeiro-azedo sob seleção recorrente intrapopulacional. *Revista Brasileira de Fruticultura*, Jaboticabal, 34(2), 525-531.

Silva, V. Q. R. (2011a) Dialelo parcial em capim-elefante: Capacidade combinatória em caracteres morfoagronômicos e bromatológicos em Campos dos Goytacazes, RJ. Tese (Doutorado em Produção Vegetal) Universidade Estadual do Norte Fluminense – UENF. Campos dos Goytacazes. 110p.

- Silva, V. Q. R., Damer, R. F., de Amaral Gravina, G., da Silva Ledo, F. J., Tardin, F. D., de Souza, M. C. (2011b) Capacidade combinatoria de capim elefante com base em caracteres morfoagronomicos. *Boletim de Indústria Animal*, 71(1), 63-70.
- Silva, V. Q. R.; Amaral Júnior, A. T.; Gonçalves, L. S. A.; Freitas Júnior, S. P.; Ribeiro, R. M. (2011) Heterotic parameterizations of crosses between tropical and temperate lines of popcorn. *Acta Scientiarum. Agronomy*, 33(2):243-249.
- Souza Sobrinho F.; Pereira A. V.; Ledo, F. J. S.; Botrel, M. A.; Oliveira, J. S.; Xavier, D. F. (2005) Avaliação agrônômica de híbridos interespecíficos entre capim-elefante e milho. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 40(9):873-880.
- Souza Sobrinho, F. de; Pereira, A. V.; Ledo, F. J. da S.; Botrel, M. A., Oliveira, J. S., Xavier, D. F. (2005) Avaliação agrônômica de híbridos interespecíficos entre capim-elefante e milho *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v.40, n.9, p.873-880.
- Teixeira, D. H. L., de Oliveira, M. D. S. P., Gonçalves, F. M. A., Nunes, J. A. R. (2012). Índices de seleção no aprimoramento simultâneo dos componentes da produção de frutos em açaizeiro. *Pesquisa agropecuária brasileira*, Brasília, 47(2), 237-243.
- Van Soest, P. J. (1963) Use of detergents in the analysis of fibrous feeds. A rapid method for the determination of fiber and lignin. *Journal of the Association Official Agricultural Chemists*, v. 46, n. 5, p. 829-835
- Verardi, C.K., Resende, M.D.Z.V., Costa, R.B., Gonçalves, P.S. (2014) Adaptabilidade e estabilidade da produção de borracha e seleção em progênies de seringueira. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 44: 1277-1282.
- Viana, A.P, Resende, M.D.V. (2014) Genética quantitativa no melhoramento de fruteiras. 1. ed. Rio de Janeiro: Interciencia, 296p.
- Worst Weeds. Distribution and Biology. Honolulu: University Press of Hawaii, 609p.
- Xavier, M. A., Perecin, D., de Toledo Alvim, K. R., de Andrade Landell, M. G., Arantes, F. C. (2014). Seleção de famílias e progênies de irmãos completos

de cana-de-açúcar para atributos tecnológicos e de produção pelo método de REML/BLUP. *Bragantia*, 73(3), 253-262.